

Alelo con pérdida de función de un gen tipo *TAC-1* (*SITAC1*) localizado en el cromosoma 10 de tomate es candidato para el mutante Hoja Erecta (*Erl*)

González-Arcos M¹, Fonseca MEN¹¹, Zandonadi DB¹³, Peres LEP¹⁴, Arruabarrena A^{1,3}, Ferreira DS¹⁶, Kevei Z¹⁶, Mohareb F¹⁶, Thompson AJ¹⁶, Boiteux LS¹¹

matgon@inia.org.uy

La base genética del fenotipo hoja erecta fue investigada en distintas poblaciones, incluida la derivada de *Solanum lycopersicum* 'LT05' (con hoja erecta y maduración uniforme, genotipo uu) × *S. pimpinellifolium* 'TO-937' (con fenotipo de hoja salvaje o normal y fruta con hombros verdes, genotipo UU). El fenotipo hoja erecta fue heredado en forma semidominante y cosegregando con el alelo *u* del gen *SIGLK2* (*Solyc10g008160*). Esta información coincide con la ya descrita mutación semidominante *Erectoid leaf* (*Erl*). Los genomas de LT05, TO-937 y otras cuatro líneas de tomate portadoras de fenotipo salvaje (alelo *Erl*⁺) fueron resecuenciados con el objetivo de identificar genes candidatos. Del análisis comparativo de estos genomas se identificó un polimorfismo de un solo nucleótido (SNP) exclusivo del fenotipo hoja erecta dentro del gen *Solyc10g009320*. Este SNP provoca un cambio entre el codón glutamina (CAA, presente en todos los genotipos *Erl*⁺) y un codón de parada (TAA, presente en el genotipo *Erl*). El cambio resulta en una versión más pequeña de la proteína codificada, pasando de 279 a 221 aminoácidos. El gen previamente anotado como desconocido, fue identificado dentro de la familia de genes denominada *TILLER ANGLE CONTROL 1* (*TAC1*). El ligamiento entre *Erl* y *Solyc10g009320* fue confirmado mediante la secuencia de los amplicones generados por PCR de la región genómica que contiene el SNP. No se detectaron variantes en un total de 256 individuos F₂ analizados. Líneas isogenéticas (S₇) contrastantes para el fenotipo hoja erecta fueron homocigotas para cada uno de los alelos del gen, reforzando que el gen *Solyc10g009320* es un fuerte candidato para la identidad de *Erl*. Estos resultados deberán ser confirmados por una validación funcional del gen y abren la posibilidad de realizar un control fino de la arquitectura de la planta de tomate por los programas de mejoramiento.