



# FRUIT QUALITY IMPROVEMENT THROUGH THE INCORPORATION OF WILD SPECIES GENES IN THE TOMATO (*Solanum lycopersicum* L.)

## MEJORAMIENTO DE LA CALIDAD DEL FRUTO POR LA INCORPORACIÓN DE GENES DE ESPECIES SILVESTRES EN EL TOMATE (*Solanum lycopersicum* L.)

Pereira da Costa J.H.<sup>1,2</sup>, Cambiaso V.<sup>1</sup>, Picardi L.A.<sup>1,3</sup>, Pratta G.R.<sup>1,2</sup>, Rodríguez G.R.<sup>1,2</sup>

### ABSTRACT

The genetic improvement of tomato (*Solanum lycopersicum* L.) has achieved an increase for yield and other agronomic traits in a short period of time. As a consequence, genetic diversity has been notably reduced. Wild germplasm has been mostly used as a source of resistance genes for diseases and pests. Our group started in the 1990' a breeding program in tomato for improving fruit quality, with special emphasis on increasing fruit shelf life and broadening the genetic variability with the incorporation of wild genes. We have developed different populations from the interspecific cross between the Argentine cultivar Caimanta of *S. lycopersicum* and the accession LA0722 of *S. pimpinellifolium* L. Through crosses between these selected parents and the subsequent generational selection advance, we attempted to elucidate the genetic bases that underlie tomato fruit quality. To do that, we use state-of-the-art technology available in the field of genetics and breeding programs, including genomic, post-genomic and bioinformatic data. At the same time, we have developed four new cultivars with improved fruit quality traits compared to commercial hybrids. To conserve and study the tomato diversity, we have developed a germplasm collection that currently contains 162 tomato genotypes from different species and origins. In addition, we have started a direct transfer of our cultivars to urban and peri-urban community orchards to facilitate them the access to genotypes that were developed in Argentine public institutions.

**Key words:** *Solanum pimpinellifolium*, fruit shelf life, molecular markers, germplasm bank, agroecological orchards

### RESUMEN

En el mejoramiento del tomate (*Solanum lycopersicum* L.) se ha logrado un incremento significativo para el rendimiento y otras características productivas en un período corto de tiempo. Como consecuencia se redujo notablemente la diversidad genética. Si bien el germoplasma silvestre se ha utilizado principalmente como fuente de genes de resistencia para enfermedades y plagas, nuestro grupo inició en la década de 1990, un programa de mejoramiento genético en tomate para mejorar la calidad del fruto con especial énfasis en incrementar la vida poscosecha y también ampliar la variabilidad genética con la incorporación de estos genes al gran cultivo. Hemos desarrollado diferentes poblaciones a partir del cruzamiento interespecífico entre el cultivar argentino Caimanta de *S. lycopersicum* y la accesión LA0722 de *S. pimpinellifolium* L. Mediante la generación de cruzamientos entre estos padres selectos y el posterior avance generacional de la selección se ha tratado de dilucidar las bases genéticas que definen la calidad del fruto. Para ello se integraron al programa de mejoramiento información obtenida de datos genómicos, posgenómicos y bioinformáticos. Al mismo tiempo hemos desarrollado cuatro nuevos cultivares con características de calidad de fruto superiores al ser comparados con híbridos comerciales. Para conservar y estudiar la diversidad del cultivo también estamos desarrollado una colección de germoplasma que en la actualidad cuenta con 162 genotipos de tomate de diferentes especies y orígenes. Además, se ha iniciado la transferencia directa de plantines a huertas urbanas y periurbanas para favorecer el acceso a semillas de estos cultivares desarrollados en instituciones públicas.

**Palabras clave:** *Solanum pimpinellifolium*, vida poscosecha de los frutos, marcadores moleculares, banco de germoplasma, huertas agroecológicas

<sup>1</sup> Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario. Campo Experimental Villarino, (S2125ZAA) Zavalla, Santa Fe, Argentina.

<sup>2</sup> Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR), Campo Experimental Villarino, (S2125ZAA) Zavalla, Santa Fe, Argentina.

<sup>3</sup> Consejo de Investigaciones de la Universidad Nacional de Rosario (CIUNR). Universidad Nacional de Rosario. Maipú 1065, (S2000CGK) Rosario, Santa Fe, Argentina.

Corresponding author:  
Gustavo R. Rodríguez.  
grodrig@unr.edu.ar

ORCID 0000-0002-4171-4099

### Cite this article as:

Pereira da Costa J.H., Cambiaso V., Picardi L.A., Pratta G.R., Rodríguez G.R. 2021. FRUIT QUALITY IMPROVEMENT THROUGH THE INCORPORATION OF WILD SPECIES GENES IN THE TOMATO (*Solanum lycopersicum* L.). BAG. Journal of Basic and Applied Genetics Vol XXXII Issue 2: 40–47.

Received: 07/16/2021

Revised version received: 08/26/2021

Accepted: 09/01/2021

General Editor: Elsa Camadro

DOI: 10.35407/bag.2021.32.02.06

ISSN online version: 1852-6233

## SOBRE EL CULTIVO DEL TOMATE

### Origen y domesticación

El tomate cultivado (*Solanum lycopersicum* L.) pertenece a la familia de las solanáceas que incluye a más de 3.000 especies, muchas con importancia económica como la papa, berenjena, petunia, tabaco y pimiento, entre otras. Es originario de América y las 12 especies silvestres relacionadas se encuentran distribuidas desde el centro de Ecuador, pasando por Perú hasta el norte de Chile como así también en las Islas Galápagos (Spooner *et al.*, 2005). Estas especies crecen en una gran variedad de hábitats desde el nivel del mar a lo largo de la costa del Pacífico a más de 3.300 metros en los valles del lado occidental de los Andes, desde climas áridos a climas lluviosos. La gran diversidad encontrada en las especies silvestres se expresa tanto en características morfológicas, como fisiológicas y sexuales, y las convierte en recursos genéticos muy valiosos. La primera fase de domesticación habría ocurrido en manos de los primeros agricultores en Ecuador o el norte de Perú y luego selecciones adicionales habrían tenido lugar en México a partir de poblaciones pre-domesticadas y nuevamente en Sudamérica luego de una reintroducción (Razifard *et al.*, 2020; Blanca *et al.*, 2021). Desde Centroamérica, el tomate fue llevado a Europa por los españoles y luego se extendió por todo el mundo. Se considera que *S. pimpinellifolium* L. sería el antecesor silvestre más cercano del tomate cultivado y que *S. lycopersicum* var. *cerasiforme* es un intermediario evolutivo entre *S. pimpinellifolium* y el cultivado. Desde una perspectiva evolutiva, la domesticación y la selección artificial a manos del hombre indujo importantes cambios fisiológicos y redujo notablemente su diversidad genética. Las consecuencias más importantes de este proceso han sido la modificación del sistema reproductivo, el incremento del tamaño del fruto y la reducción de la base genética (Warnock, 1991).

### Historia del mejoramiento del cultivo

Los primeros registros que describen los intentos de seleccionar los mejores tipos varietales fueron realizados en Europa en la segunda mitad del siglo XIX. Durante los primeros treinta años del siglo XX, se fundaron varias empresas de mejoramiento y producción de semillas de tomate que se establecieron por todo el mundo. El mejoramiento de las variedades adaptadas a la cosecha mecánica se inició en 1943, pero la liberación al mercado recién ocurrió en la década de 1960 (Rasmussen, 1968). Esta especialización del mercado ha llevado a la diferenciación de las variedades de tomate que hoy se producen (Sim *et al.*, 2009). En la década de 1940 se liberaron al mercado los cultivares híbridos de tomate que garantizaban uniformidad de plantas y frutos, resistencia y altos rendimientos. Estudios recientes

han demostrado la recuperación de la riqueza alélica a partir de la década de 1960 con la introgresión de genes para resistencia a enfermedades e insectos desde *S. peruvianum* L., *S. pennellii* Correll, *S. chilense* Dunal Reiche y *S. habrochaites* Knaap & Spooner. En la década de 1980 también se incorporaron genes alternativos para tamaño de fruto, color y sabor (Sim *et al.*, 2012; Schouten *et al.*, 2019).

En Argentina, recién en 1946 se comenzó un plan de mejora en tomate y según Gallardo (2012), es muy probable que las selecciones obtenidas de tomate platense (Cattáneo *et al.*, 2020) y las realizadas en la EEA Tucumán, hayan sido las primeras resultantes de la aplicación de un método científico. En la actualidad, el país posee un perfil netamente importador de semillas de tomate. En tomate se comercializan dos tipos de estructuras genéticas: híbridos F<sub>1</sub> o líneas puras o variedades. El desarrollo de nuevos genotipos ha quedado relegado a las universidades y las estructuras de I+D públicas, tal es así que de los 351 genotipos registrados en los últimos 10 años ante el Instituto Nacional de Semillas (INASE), sólo hubo 12 variedades desarrolladas en nuestro país. De estas, diez son variedades o cultivares mejorados cuyo objetivo de producción es la industria y la Institución que tiene los derechos de obtentor es el INTA y las dos restantes son cultivares mejorados para destinar la producción al consumo en fresco cuyo derecho de obtentor pertenece a la Facultad de Ciencias Agrarias de la Universidad Nacional de Rosario. Las semillas importadas satisfacen los requerimientos buscados por los productores locales pero, además del alto costo, son cultivares que fueron desarrollados para otros ambientes y condiciones de cultivo y, sobre todo, carecen de la calidad demandada por los consumidores.

### Producción mundial y nacional de tomate

La producción mundial de tomates frescos ha sido liderada desde 1960 por China en Asia, por Italia y España en Europa y por los Estados Unidos, México y Brasil en el continente americano. La misma ha aumentado sostenidamente desde mediados de los años 1990 hasta superar en 2019 los 180 millones de toneladas a nivel mundial y los 6,5 millones de toneladas en Sudamérica. En nuestro país la producción se ha mantenido estable desde 1996 a la fecha en valores cercanos a 1,1 millones de toneladas anuales, cosechadas en unas 17 mil ha productivas (FAO STAT, 2021). Aproximadamente el 60-70% de la producción nacional se destina a consumo en fresco mientras que el 30-40% restante, a la elaboración de productos industrializados. Esta actividad está concentrada principalmente en la región de Cuyo y algunos años resulta deficitaria requiriendo generalmente de la importación de productos desde Chile e Italia. En cambio, el mercado interno nacional se mantiene provisto de tomates para consumo en fresco

durante todo el año a pesar de la estacionalidad del cultivo. Esto se logra gracias a la amplia distribución de las zonas productivas que van desde Salta y Jujuy, al Sur de la provincia de Buenos Aires y a las diferentes estrategias de manejo aplicadas (Ministerio de Agricultura, Ganadería y Pesca, 2020).

El Cinturón Hortícola de Rosario (CHR) se destaca no sólo por su nivel de producción, sino también por la comercialización, ya que concentra y abastece a más de 2 millones de habitantes. Por convicción comunitaria o imposición legislativa, la zona productiva lindante o integrada a la ciudad de Rosario, así como también a otras ciudades del país en las que existen producciones hortícolas se han convertido recientemente a la agroecología. Este sistema de producción amerita la generación de nuevos conocimientos y desarrollos tecnológicos.

## PROGRAMA DE MEJORAMIENTO PARA CALIDAD DE FRUTO EN LA UNIVERSIDAD NACIONAL DE ROSARIO

Este programa se inició en la década de 1990 para mejorar la calidad del fruto en tomate, con especial énfasis en incrementar la vida poscosecha y ampliar la variabilidad genética con la incorporación de genes silvestres al gran cultivo. La vida poscosecha (Vp), definida como los días que transcurren desde la cosecha del fruto cuando se visualiza el cambio de color en superficie hasta que el mismo es comercialmente inaceptable por presentar síntomas de deterioro tales como arrugamiento o exceso de ablandamiento, es un carácter de fundamental importancia cuando el fruto de tomate se destina al consumo en fresco. Las estrategias de mejoramiento para extender este carácter se basan en la utilización de parentales que portan mutaciones que alteran la madurez. Mutantes tales como el *nor* (*non ripening*), *rin* (*ripening inhibitor*) y *cnr* (*colorless non-ripening*) exhiben efectos pleiotrópicos indeseables sobre el color, la textura y la jugosidad del fruto incluso en condición heterocigota (Vrebalov *et al.*, 2002; Manning *et al.*, 2006; Wang *et al.*, 2019). Otra estrategia que retrasa la maduración del fruto es el uso de la ingeniería genética que ha buscado modificar las proteínas de la pared celular (Brummell y Harpster, 2001; Meli *et al.*, 2010; Uluisik *et al.*, 2016; Yang *et al.*, 2017) o incluso editar genéticamente estos genes mutantes por la metodología CRISPR/Cas9 (Yu *et al.*, 2017). Aunque estas estrategias han tenido éxito científico, carecen de la aceptación del consumidor y no son aceptadas por leyes existentes en diferentes países (Ishii y Araki, 2016; Schmidt *et al.*, 2020).

Hemos demostrado que los frutos de las formas silvestres de *S. pimpinellifolium* y *S. lycopersicum* var. *cerasiforme* tienen mayor vida poscosecha que los

cultivares comerciales de tomate (aunque menor que los genotipos homocigotos para los mutantes de madurez del fruto tales como los ya mencionados *nor* y *rin*). Además, presentan para este carácter una acción génica de tipo aditivo lo que permite una respuesta a la selección (Zorzoli *et al.*, 1998; Pratta *et al.*, 2000; Rodríguez *et al.*, 2006a; Rodríguez *et al.*, 2010; Pereira da Costa *et al.*, 2013; Cambiaso *et al.*, 2019a). En este contexto se han desarrollado diferentes poblaciones a partir del cruzamiento interespecífico entre el cultivar argentino Caimanta de *S. lycopersicum* y la accesión LA0722 de *S. pimpinellifolium*: poblaciones F<sub>2</sub>, líneas endocriadas recombinantes (RIL, *Recombinant Inbred Lines*), Híbridos de Segundo Ciclo (HSC) y líneas casi isogénicas (NIL, *Near Isogenic Lines*) (Rodríguez *et al.*, 2006b; Cabodevila *et al.*, 2017; Di Giacomo *et al.*, 2020).

Con la generación de cruzamientos entre estos padres y el avance de la selección generacional se han realizado distintas experiencias para dilucidar las bases genéticas involucradas en los caracteres que definen la calidad del fruto contando con la generación y utilización de datos genómicos, posgenómicos y bioinformáticos.

## MÉTODOS DE MEJORAMIENTO UTILIZADOS

### *Obtención de Líneas Endocriadas Recombinantes (RIL) por el método genealógico.*

La población base fue la F<sub>2</sub> del cruzamiento interespecífico entre el cultivar Caimanta de *S. lycopersicum* y la línea LA0722 de *S. pimpinellifolium*. El cultivar fue provisto por la Estación Experimental Agropecuaria de INTA Cerrillos, Salta, Argentina y la línea silvestre por el TGRC (*Tomato Genetic Resources Center, Department of Vegetable Crops, University of California, Davis, USA*). Para el proceso se utilizó el método genealógico (Hallauer, 1981). Al final de dicho proceso, se obtuvieron 18 líneas recombinantes (RIL) (autofecundadas F<sub>2:6</sub>) generadas a través de los distintos ciclos por selección antagónica - divergente de la vida poscosecha (Vp) y el peso (P) de los frutos (Zorzoli *et al.*, 2000). El criterio de selección se basó en obtener genotipos con las combinaciones de ambos caracteres: 1) larga Vp y alto P, 2) corta Vp y bajo P, 3) larga Vp y bajo P, y 4) corta Vp y alto P. Así se obtuvieron estos 18 cultivares o RIL discrepantes para el peso, la vida poscosecha y otros atributos que hacen a la calidad de los frutos (Rodríguez *et al.*, 2006 a, b) (Figura 1). Estos cultivares fueron caracterizados por RMN-<sup>1</sup>H demostrando que *S. pimpinellifolium* amplió la variabilidad para la composición química de los frutos y para algunos metabolitos relacionados con el sabor y componentes nutricionales (López *et al.*, 2015). Estas RIL son líneas homocigotas que tienen en su constitución

genética fragmentos recombinados al azar del genoma de ambos progenitores a lo largo de los 12 pares de cromosomas. Estos 18 nuevos cultivares presentan mejores características de calidad de fruto que el progenitor cultivado del cual derivan y su tamaño y peso se ajustan al de los llamados tomates tipo *cherry*.

Esta población de *RIL* junto a sus progenitores fueron caracterizados por marcadores de ADN tales como *AFLP* (*Amplified Fragment Length*), *SRAP* (*Sequence Related Amplified Polymorphism*), microsatélites o *SSR* (*Simple Sequence Repeats*), *InDel* (inserción/ deleción), *SNP* (*Single Nucleotide Polymorphism*) y marcadores funcionales para la forma y el peso de los frutos (Pratta *et al.*, 2011; Mahuad *et al.*, 2013; Cambiaso *et al.*, 2019a; Cabodevila *et al.*, 2021). También fueron caracterizados por marcadores proteicos (Gallo *et al.*, 2010). Todos estos estudios han permitido identificar polimorfismos de ADN y proteínas asociados a los cambios fenotípicos para la calidad de los frutos.

#### Obtención de Líneas casi Isogénicas (*NIL*) por retrocruzas

Inicialmente, se evaluó la  $BC_1$  obtenida de cruzar la  $F_1$  (Caimanta x LA0722) por el progenitor Caimanta. Todos los caracteres evaluados (Vp, P, forma, acidez, contenido en sólidos solubles, entre otros) mostraron una amplia variación, confirmando la diversidad genética entre los progenitores y la segregación posterior (Pereira da Costa *et al.*, 2013). A partir de estos resultados se comenzó un proceso de detección, validación e introgresión, en el contexto genético del cultivar Caimanta, de *QTL* (*Quantitative Trait Loci*) asociados a caracteres de calidad de fruto de tomate aportados por regiones genómicas de la accesión LA0722 de *S. pimpinellifolium*. Se continuó con el proceso de introgresión obteniendo las generaciones  $BC_3$  y  $BC_4$ , seleccionando en cada generación aquellas plantas en las que al menos un marcador *SSR* estuviera segregando. Actualmente se dispone de 22 *NIL* (*Near Isogenic Lines*), cada una de las cuales difiere con el progenitor Caimanta en un segmento cromosómico señalado por 22 marcadores *SSR* distintos (Figura 1). Las diferencias observables entre las *NIL* y el cultivar Caimanta (Di Giacomo *et al.*, 2020) se deben exclusivamente a la región introgresada desde la especie donante o silvestre.

#### Cruzamientos dialélicos para el estudio de la variabilidad genética, el efecto recíproco y la heterosis en caracteres de fruto.

Cinco de las *RIL* seleccionadas por sus valores contrastantes fueron evaluadas en un diseño de cruzamiento dialélico (Híbridos de Segundo Ciclo, HSC) para el P, la Vp, el contenido en sólidos solubles y la acidez titulable, entre otros. La existencia de alta

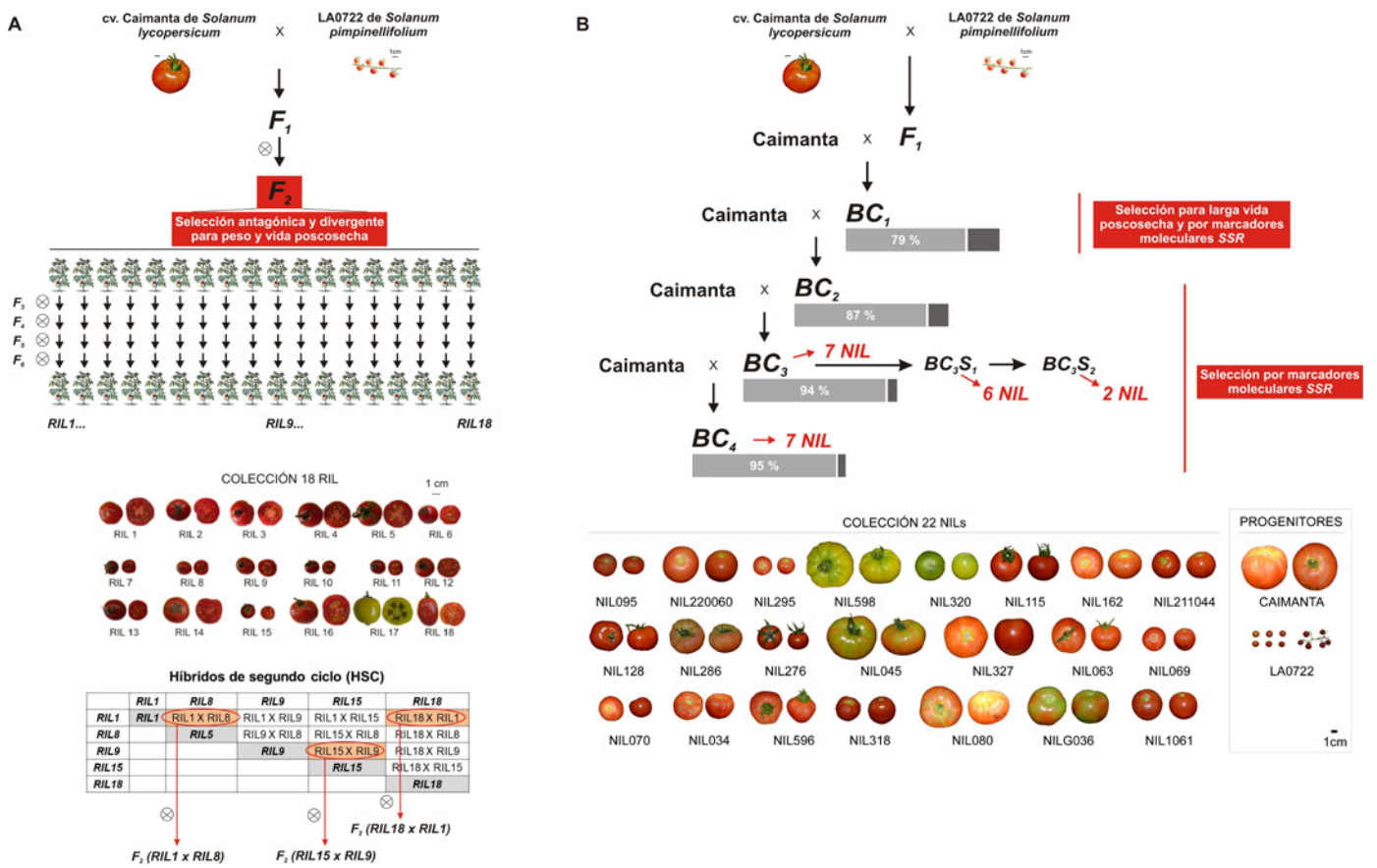
variabilidad entre las *RIL* y la aparición de distintos tipos de efectos génicos en los HSC, que incluyó el fenómeno de heterosis, demostró que la variación fenotípica observada responde en gran medida a componentes genéticos (Marchionni Basté *et al.*, 2010). Estudios recientes que incluyeron cruzamientos entre tres de nuestras *RIL* y dos cultivares de origen estadounidense siguiendo un dialélico completo demostraron que la calidad y el contenido de metabolitos en los frutos de híbridos de tomate son afectados por la dirección del cruzamiento y la presencia de heterosis (Fortuny *et al.*, 2021).

En poblaciones segregantes derivadas de HSC se detectó variabilidad fenotípica y genética para varios caracteres de calidad de fruto demostrando que es posible continuar seleccionando genotipos para obtener nuevos cultivares con características fenotípicas superiores (Cabodevila *et al.*, 2021).

#### Conservación y divulgación del germoplasma de Tomate (*CodiGo TomATe*).

La biodiversidad presente en las especies silvestres de tomate está aún subexplotada en los programas de mejoramiento del cultivo especialmente para enriquecer las bases genéticas con alelos nuevos que mejoren la productividad, calidad de los frutos y la adaptación del cultivo a distintas condiciones ambientales. Estudios recientes han detectado que en las especies silvestres de tomate existen 10 millones más de polimorfismos de una única base (*SNP*) comparado con la diversidad presente en la especie cultivada, es decir que la diversidad en el germoplasma silvestre es 20 veces superior (Aflitos *et al.*, 2014). Para conservar y estudiar esta diversidad nuestro grupo está creando una colección de germoplasma que en la actualidad cuenta con 162 genotipos de tomate de diferentes especies y orígenes y con variabilidad para características de fruto. Entre estas tenemos 92 genotipos cultivados de *S. lycopersicum* y 70 especies silvestres (7 *S. arcanum* Peralta, 3 *S. chilense*, 5 *S. corneliomulleri* Macbr, 4 *S. galapagense* Darwin & peralta, 25 *S. habrochaites*, 2 *S. pennelli*, 5 *S. peruvianum*, 2 *S. chmielewskii* Rick, Kesicki, Fobes & Holle, 1 *S. neorickii* Rick, Kesicki, Fobes & Holle, 3 *S. huaylense* Peralta y 13 *S. pimpinellifolium*). Se multiplican, se cultivan y se recolectan datos fenotípicos e imágenes con los que se desarrolla el catálogo de variedades del Banco de Germoplasma de la Cátedra de Genética FCA-UNR. Las actividades de divulgación del grupo se ilustran en la Figura 2. Además, esta información junto a otras actividades académicas, de divulgación y experimentales se difunden a través de la página web [www.codigotomate.com.ar](http://www.codigotomate.com.ar).





**Figura 1.** Esquemas de las metodologías de mejoramiento utilizadas en el Programa de mejoramiento para calidad de fruto de la Universidad Nacional de Rosario. A) Obtención de RIL (líneas endocriadas recombinantes) por el método genealógico aplicando selección antagonista-divergente para el peso y la vida poscosecha de los frutos. B) Obtención de NIL (líneas casi isogénicas) por el método de las retrocruzas aplicando selección para larga vida poscosecha y por marcadores moleculares del tipo SSR.



**Figura 2.** Actividades para la conservación y divulgación del germoplasma de tomate. A) Frutos de especies silvestres y cultivadas de tomate presentes en el catálogo de variedades del Banco de Germoplasma de la Cátedra de Genética FCA-UNR. La línea blanca horizontal representa la escala de 1 cm. B) Entrega y trasplante de plantines durante jornada de extensión en huertas agroecológicas del periurbano de Rosario. C) Presentación del proyecto CodiGo TomATE en jornadas académicas.

## CULTIVARES DESARROLLADOS

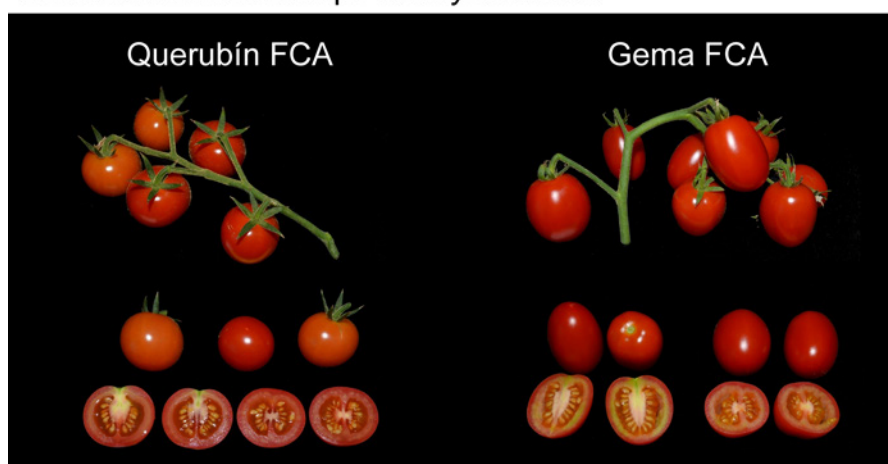
### *Cultivares inscriptos de tomate tipo cherry.*

De las 18 RIL, dos líneas resultaron las más promisorias por sus características organolépticas, por lo que se han inscripto en el Registro Nacional de Propiedad de Cultivares (RNPC) del INASE. Ellas son: GEMA FCA y Querubín FCA (expedientes N° 79929/12 y N° 79928/12 publicados en el Boletín Oficial de la República Argentina Año CXX Número 32.449). En la Figura 3 se muestran frutos representativos de ambas líneas. Gema FCA y Querubín FCA presentan mayor vida poscosecha y contenido en azúcares en los frutos que el híbrido comercial Zatará (Florensa Argentina) de amplia difusión en nuestro país y utilizado en este ensayo como testigo. Gema FCA, además, produce frutos más ácidos (Tabla 1).

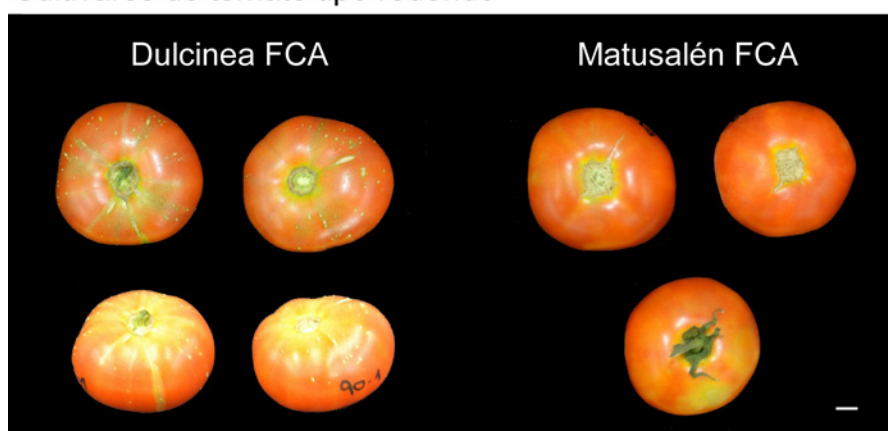
### *Cultivares experimentales de tomate tipo redondo.*

De las 22 líneas casi Isogénicas (NIL) de tomate, dos líneas resultaron las más promisorias por lo que se encuentran en evaluación para ser inscriptas en el RNPC del INASE. Ellas son: Matusalén FCA y Dulcinea FCA. En la Figura 3 se muestran frutos representativos de ambas líneas: Matusalén FCA y Dulcinea FCA producen frutos grandes, pero más chicos que el híbrido comercial Houdini utilizado como testigo (Florensa Argentina). Matusalén FCA presenta mayor vida poscosecha y Dulcinea FCA mayor contenido de azúcares en los frutos. Además, ambas poseen mayor contenido en azúcares y un color más anaranjado que el testigo (Tabla 2).

### Cultivares de tomate tipo *cherry* o cereza



### Cultivares de tomate tipo redondo



**Figura 3.** Frutos representativos de los cultivares tipo *cherry* Gema FCA y Querubín FCA y tipo *redondo* Dulcinea FCA y Matusalén FCA obtenidos en el Programa de Mejoramiento para calidad de fruto de tomate de la Universidad Nacional de Rosario. La línea horizontal representa la escala de 1 cm.

**Tabla 1.** Valores medios  $\pm$  error estándar para caracteres de calidad de fruto en los cultivares tipo *cherry* Querubín FCA y Gema FCA obtenidos en el Programa de Mejoramiento Genético FCA/IICAR-CONICET/UNR y el testigo Zatará.

Carácter <sub>a</sub>	Cultivar		
	Querubín FCA	Gema FCA	F <sub>1</sub> Zatará
<b>P</b>	15,74 $\pm$ 9,51 a <sup>b</sup>	17,31 $\pm$ 8,51 a	13,51 $\pm$ 8,51 a
<b>Vp</b>	18,59 $\pm$ 1,96 a	17,08 $\pm$ 1,76 a	11,06 $\pm$ 1,76 b
<b>a/b</b>	0,44 $\pm$ 0,05 a	0,44 $\pm$ 0,05 a	0,43 $\pm$ 0,05 a
<b>Firmeza</b>	70,36 $\pm$ 3,39 a	71,57 $\pm$ 3,03 a	64,96 $\pm$ 3,03 a
<b>SS</b>	7,03 $\pm$ 0,17 a	6,99 $\pm$ 0,13 a	6,27 $\pm$ 0,09 b
<b>At</b>	6,77 $\pm$ 0,36 a	4,57 $\pm$ 0,15 b	6,67 $\pm$ 0,36 a

<sup>a</sup>P: peso (en g), Vp: vida poscosecha (en días), a/b: índice de color, SS: contenido en sólidos solubles (en °Brix), At: acidez titulable.

<sup>b</sup>Diferencias significativas al 5% se indican con letras diferentes.

**Tabla 2.** Valores medios  $\pm$  error estándar para caracteres de calidad de fruto en los cultivares tipo *redondo* Matusalén FCA y Dulcinea FCA obtenidas por el Programa de Mejoramiento Genético FCA/IICAR-CONICET/UNR y el testigo Houdini.

Carácter <sub>a</sub>	Cultivar		
	Matusalén FCA	Dulcinea FCA	F <sub>1</sub> Houdini
<b>P</b>	52,33 $\pm$ 15,02 b <sup>b</sup>	75,06 $\pm$ 15,53 ab	116,02 $\pm$ 10,06 a
<b>Vp</b>	16,44 $\pm$ 2,42 a	10,09 $\pm$ 0,95 b	9,58 $\pm$ 1,40 b
<b>a/b</b>	0,28, $\pm$ 0,01 c	0,61 $\pm$ 0,15 b	1,04 $\pm$ 0,02 a
<b>Firmeza</b>	66,92 $\pm$ 1,36 a	52,77 $\pm$ 3,11 b	46,17 $\pm$ 2,49 b
<b>SS</b>	5,07 $\pm$ 0,12 a	5,49 $\pm$ 0,61 a	4,15 $\pm$ 0,25 b
<b>pH</b>	4,98 $\pm$ 0,10 a	4,41 $\pm$ 0,08 b	4,64 $\pm$ 0,12 b

<sup>a</sup>P: peso (en g), Vp: vida poscosecha (en días), a/b: índice de color, SS: contenido en sólidos solubles (en °Brix), At: acidez titulable.

<sup>b</sup>Diferencias significativas al 5% se indican con letras diferentes.

## INCORPORACIÓN DE NUEVAS TECNOLOGÍAS AL PROGRAMA DE MEJORA

Las innovaciones tecnológicas en el área de la genética y el mejoramiento tales como los secuenciadores de última generación de genomas y transcriptomas completos, la edición génica, la adquisición de datos fenotípicos a gran escala (fenómica), entre otros, generan en la actualidad un crecimiento exponencial del volumen de los datos que necesitan nuevas metodologías para su análisis impactando en los programas de mejora.

El análisis integral de estos datos no sólo permite ampliar los conocimientos básicos de los determinantes genéticos que hacen a la calidad del fruto de tomate, sino que directamente pueden ser la base para el desarrollo de nuevos cultivares con características mejoradas y adaptados a los sistemas productivos de nuestro país.

Hemos recientemente secuenciado el genoma completo del cv. argentino Caimanta y la entrada LA0722 de *S. pimpinellifolium*, los que fueron alineados al genoma de referencia de tomate cv. Heinz 1706 (The Tomato Genome Consortium, 2012). En base a las listas de polimorfismos se desarrollaron marcadores moleculares

para construir mapas de ligamiento genético y detección de *QTL* en diferentes poblaciones del programa (Cambiaso *et al.*, 2019 a,b; Cabodevila *et al.*, 2021). En cuanto a estudios a nivel transcriptómico, se analizaron los transcritos expresados en diferentes estados de madurez en los genotipos Caimanta y LA0722 por la técnica de cDNA-AFLP (Pereira da Costa *et al.*, 2018) y por la técnica de RNA-seq (Cacchiarelli *et al.*, 2021). A nivel proteómico hemos caracterizado genotipos uniformes y poblaciones segregantes por polipéptidos resueltos en 1-DE y 2-DE, para la detección de *QTL* para calidad de fruto y la identificación de un polipéptido asociado con cambios en el pH que mostró homología con una ATPasa cloroplastídica en los pericarpios de frutos (Rodríguez *et al.*, 2008; Gallo *et al.*, 2010, 2011; Pereira da Costa *et al.*, 2014, 2017). En cuanto a fenómica, se ha avanzado en el uso del análisis a tres modos (Análisis Factorial Múltiple y Análisis Procrustes Generalizado) para caracterizar generaciones segregantes de híbridos de segundo ciclo y estimar en ellas una heredabilidad multivariada para caracteres de interés agronómico (Del Medico *et al.*, 2019, 2020). Estas aproximaciones ómicas permiten identificar genes o familias génicas con roles fundamentales en la determinación de características organolépticas del fruto de tomate, conocer su nivel de expresión ante cambios ambientales o de contextos genéticos y retroalimentan el programa de mejoramiento para obtener genotipos superiores que satisfagan las demandas de productores y consumidores.

## TRANSFERENCIA DE DESARROLLOS TECNOLÓGICOS AL MEDIO SOCIO-PRODUCTIVO

La horticultura urbana y periurbana es una actividad que aporta múltiples ventajas territoriales ya que se asocia al mercado de cercanía, ideal para alimentos perecederos como lo es el tomate, genera puestos de trabajo, y los productores se convierten en potenciales custodios de los recursos naturales que utilizan contribuyendo además a preservar los espacios verdes frente al avance de la urbanización (Mitidieri y Corbino, 2012). Las huertas urbanas y periurbanas están demandando nuevas metodologías de producción; entre estas, nuevos cultivares, especialmente de polinización abierta y adaptados a sistemas de producción agroecológicos. Por esta razón, hemos iniciado un proyecto que busca una transferencia directa de tecnología de semilla de tomate hacia el medio socio-productivo y de conocimientos a partir de actividades de extensión y vinculación con los huerteros urbanos y periurbanos de ciudades importantes de nuestro país (Figura 2). De esta manera se contribuye a la soberanía alimentaria favoreciendo el acceso a semillas de cultivares de tomates desarrollados

en instituciones públicas y permitiendo a los productores multiplicar las semillas para su propio uso. Los genotipos que se transfieren han sido mejorados para características organolépticas, resistencia a plagas y enfermedades y algunos de ellos tienen características nutricionales diferenciales en cuanto al tipo de azúcares, ácidos orgánicos y aminoácidos. Estas características nutricionales diferenciales, evaluadas en condiciones experimentales, se confirmarán mediante ensayos en sistemas reales de producción agroecológica.

## BIBLIOGRAFÍA

- Aflitos S., Schijlen E., de Jong H., de Ridder D., Smit S., Finkers R., Wang J., Zhang G., Li N., Mao L., Bakker F., Dirks R., Breit T., Gravendeel B., Huits H., Struss D., Swanson-Wagner R., van Leeuwen H., van Ham R.C.H.J., Peters S. (2014) Exploring genetic variation in the tomato (*Solanum* section *Lycopersicon*) clade by whole-genome sequencing. *Plant J.* 80: 136–148.
- Blanca J., Sanchez-Matarredona D., Ziarsolo P., Montero-Pau J., van der Knaap E., Díez M.J., Cañizares J. (2021) Haplotype analyses reveal novel insights into tomato history and domestication to show long-distance migrations and latitudinal adaptations. *BioRxiv.* 1–41.
- Brummell D.A. and Harpster M.H. (2001) Cell wall metabolism in fruit softening and quality and its manipulation in transgenic plants. *Plant Mol. Biol.* 47(1–2): 311–339.
- Cabodevila V.G., Cambiaso V., Rodríguez G.R., Picardi L.A., Pratta G.R., Capel C., Lozano R., Capel J. (2021) A segregating population from a tomato second cycle hybrid allows the identification of novel *QTL* for fruit quality traits. *Euphytica.* 217:6.
- Cabodevila V.G., Picardi L.A., Pratta G.R. (2017) A multivariate approach to explore the genetic variability in the F2 segregating population of a tomato second cycle hybrid. *BAG. J. Basic Appl. Genet.* 28:7–18.
- Cacchiarelli P., Arce D.P., Tapia, E., Pratta G.R. (2021) Structural and functional analysis of two sHSP subfamilies in tomato ripening. *Plant Gene.* 27:100297.
- Cambiaso V., Gimenez M.D., Pereira da Costa J.H., Vazquez D.V., Picardi L.A., Pratta G.R., Rodríguez G.R. (2019a) Selected genome regions for fruit weight and shelf life in tomato RILs discernible by markers based on genomic sequence information. *Breed. Sci.* 69(3): 447–454.
- Cambiaso V., Pratta G.R., Pereira da Costa J.H., Zorzoli R., Francis D.M., Rodríguez G.R. (2019b) Whole genome re-sequencing analysis of two tomato genotypes for polymorphism insight in cloned genes and a genetic map construction. *Sci. Hortic.* 247: 58–66.



- Cattáneo A.R., McCarthy A.N., Feingold S.E. (2020) Evidence of genetic diversity within *Solanum Lycopersicum* L. 'Platense' landrace and identification of various subpopulations. *Genet. Resour. Crop Ev.* 67(8): 2057–2069.
- Del Medico A.P., Cabodevila V.G., Vitelleschi M.S., Pratta G.R. (2019) Multivariate estimate of heritability for quality traits in tomatoes by the multiple factor analysis. *Pesqui. Agropecu. Bras.* 54: e00064.
- Del Medico A.P., Cabodevila V.G., Vitelleschi M.S., Pratta G.R. (2020) Characterization of tomato generations according to a three-way data analysis. *Bragantia.* 79(1): 8–18.
- Di Giacomo M., Luciani M.D., Cambiaso V., Zorzoli R., Rodríguez G.R., Pereira da Costa J.H. (2020) Tomato near isogenic lines to unravel the genetic diversity of *S. pimpinellifolium* LA0722 for fruit quality and shelf life breeding. *Euphytica.* 216(8): 126.
- FAO STAT (2021) <http://www.fao.org/home/es/> (accessed June 2021).
- Fortuny A.P., Bueno R.A., Pereira da Costa J.H., Zanon M.I., Rodríguez G.R. (2021) Tomato fruit quality traits and metabolite content are affected by reciprocal crosses and heterosis. *J. Exp. Bot.* <https://doi.org/10.1093/jxb/erab222>.
- Gallardo G.S. (2012) Desarrollo institucional y política científica: el caso de la producción nacional de semilla hortícola. Tesis para optar al grado académico de Magister en la Maestría en Gestión de la Ciencia, Tecnología e Innovación de la Universidad Nacional de General Sarmiento, Buenos Aires, Argentina.
- Gallo M., Picardi L.A., Rodríguez G.R., Pratta G.R., Zorzoli R. (2010) Proteómica de la madurez del tomate: Identificación de dos estados de madurez del fruto por perfiles proteicos totales del pericarpio en RILs de tomate. *Rev. FCA UNCuyo.* 42(2): 119–133.
- Gallo M., Zorzoli R., Rodríguez G.R., Pratta G.R. (2011) Ligamiento genético entre variables asociadas a calidad del fruto de tomate y polipéptidos expresados en dos estados de madurez. *Rev. FCA UNCuyo.* 43(2):145–156.
- Hallauer, A.R. (1981) Selection and breeding methods. In: K.J. Frey (Ed.). *Plant breeding II.* Iowa State Univ. Press, Ames, pp. 3–55.
- Ishii T., Araki M. (2016) Consumer acceptance of food crops developed by genome editing. *Plant Cell Rep.* 35(7): 1507–1518.
- López M.G., Zanon M.I., Pratta G.R., Stegmayer G., Boggio S.B., Conte M., Bermúdez L., Coluccio Leskow C., Rodríguez G.R., Picardi L.A., Zorzoli R., Fernie A.R., Milone D., Asís R., Valle E.M., Carrari F. (2015) Metabolic analyses of interspecific tomato recombinant inbred lines for fruit quality improvement. *Metabolomics.* 11: 1416–1431.
- Mahuad S.L., Pratta G.R., Rodríguez G.R., Zorzoli R., Picardi L.A. (2013) Preservation of *Solanum pimpinellifolium* genomic fragments in recombinant genotypes improved the fruit quality of tomato. *J. Genet.* 92(2): 195–203.
- Manning K., Tör M., Poole M., Hong Y., Thompson A.J., King G.J., Giovannoni J.J., Seymour G.B. (2006) A naturally occurring epigenetic mutation in a gene encoding an SBP-box transcription factor inhibits tomato fruit ripening. *Nat. Genet.* 38(8): 948–952.
- Marchionni Basté E., Liberatti D.R., Mahuad S.L., Rodríguez G.R., Pratta G.R., Zorzoli R., Picardi L.A. (2010) Diallel analysis for fruit traits among tomato recombinant inbred lines derived from an interspecific cross *Solanum lycopersicum* x *S. pimpinellifolium*. *J. Appl. Hortic.* 12(1): 21–25.
- Meli V.S., Ghosh S., Prabha T.N., Chakraborty N., Chakraborty S., Datta A. (2010) Enhancement of fruit shelf life by suppressing N-glycan processing enzymes. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 107(6): 2413–2418.
- Ministerio de Agricultura, Ganadería y Pesca (2020) La Producción de Tomate en Argentina. <https://www.argentina.gov.ar/sites/default/files/produccion-tomate-argentina-diciembre-2020.pdf> (accessed June 2021).
- Mitidieri M.S., Corbino G.B. (2012) Manual de horticultura periurbana. Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, San Pedro, Buenos Aires, Argentina.
- Pereira da Costa J.H., Rodríguez G.R., Picardi L.A., Zorzoli R., Pratta G.R. (2018) Genome-wide expression analysis at three fruit ripening stages for tomato genotypes differing in fruit shelf life. *Sci. Hortic.* 229: 125–131.
- Pereira da Costa J.H., Rodríguez G.R., Pratta G.R., Picardi L.A., Zorzoli R. (2013) QTL detection for fruit shelf life and quality traits across segregating populations of tomato. *Sci. Hortic.* 156: 47–53.
- Pereira da Costa J.H., Rodríguez G.R., Pratta G.R., Picardi L.A., Zorzoli R. (2014) Pericarp polypeptides and SRAP markers associated with fruit quality traits in an interspecific tomato backcross. *Genet. Mol. Res.* 13(2): 2539–2547.
- Pereira da Costa J.H., Vega T.A., Pratta G.R., Picardi L.A., Zorzoli R., Rodríguez G.R. (2017) A 54-kDa polypeptide identified by 2D-PAGE and bulked segregant analysis underlies differences for pH values in tomato fruit. *Acta Physiol. Plant.* 39: 78.
- Pratta G., Zorzoli R., Picardi L.A. (2000) Interacciones genéticas entre germoplasma silvestre y cultivado de *Lycopersicon* spp. con efectos sobre la calidad del fruto de tomate. *Plant Genet. Resour. Newsl.* 124: 7–12.
- Pratta G.R., Rodríguez G.R., Zorzoli R., Valle E.M., Picardi L.A. (2011) Phenotypic and molecular characterization of selected tomato recombinant inbred lines derived from the cross *Solanum lycopersicum* x *S. pimpinellifolium*. *J. Genet.* 90(2): 229–237.
- Rasmussen W.D. (1968) Advances in American Agriculture: The Mechanical Tomato Harvester as a Case Study. *Technol. Cult.* 9(4): 531–543.
- Razifard H., Ramos A., Della Valle A.L., Bodary C., Goetz E., Manser E.J., Li X.,

- Zhang L., Visa S., Tieman D., van der Knaap E., Caicedo A.L. (2020) Genomic evidence for complex domestication history of the cultivated tomato in Latin America. *Mol. Biol. Evol.* 37(4): 1118–1132.
- Rodríguez G.R., Pratta G.R., Liberatti D.R., Zorzoli R., Picardi L.A. (2010) Inheritance of shelf life and other quality traits of tomato fruit estimated from F1's, F2's and backcross generations derived from standard cultivar, nor homozygote and wild cherry tomato. *Euphytica*. 176(1): 137–147.
- Rodríguez G.R., Pratta G.R., Zorzoli R., Picardi L.A. (2006a) Evaluación de caracteres de planta y frutos en líneas recombinantes autofecundadas de tomate obtenidos por cruzamiento entre *Lycopersicon esculentum* y *L. pimpinellifolium*. *Cienc. Investig. Agrar.* 33(2): 133–141.
- Rodríguez G.R., Pratta G.R., Zorzoli R., Picardi L.A. (2006b) Recombinant lines obtained from an interspecific cross between *lycopersicon* species selected by fruit weight and fruit shelf life. *J. Am. Soc. Hortic. Sci.* 131(5): 651–656.
- Rodríguez G.R., Sequin L., Pratta G.R., Zorzoli R., Picardi L.A. (2008) Protein profiling in F1 and F2 generations of two tomato genotypes differing in ripening time. *Biol. Plant.* 52(3): 548–552.
- Schmidt S.M., Belisle M., Frommer W.B. (2020) The evolving landscape around genome editing in agriculture. *EMBO Reports*. 21(6): 19–22.
- Schouten H.J., Tikunov Y., Verkerke W., Finkers R., Bovy A., Bai Y., Visser R.G.F. (2019) Breeding Has Increased the Diversity of Cultivated Tomato in The Netherlands. *Front. Plant Sci.* 10: 1–12.
- Sim S.C., Robbins M.D., Chilcott C., Zhu T., Francis D.M. (2009) Oligonucleotide array discovery of polymorphisms in cultivated tomato (*Solanum lycopersicum* L.) reveals patterns of SNP variation associated with breeding. *BMC Genomics*. 10: 466.
- Sim S.C., van Deynze A., Stoffel K., Douches D.S., Zarka D., Ganai M.W., Chetelat R.T., Hutton S.F., Scott J.W., Gardner R.G., Panthee D.R., Mutschler M., Myers J.R., Francis D.M. (2012) High-density SNP genotyping of tomato (*Solanum lycopersicum* L.) reveals patterns of genetic variation due to breeding. *PloS One*. 7(9): e45520.
- Spooner D.M., Peralta I.E., Knapp S. (2005) Comparison of AFLPs with other markers for phylogenetic inference in wild tomatoes [*Solanum* L. section *Lycopersicon* (Mill.) Wettst.]. *Taxon*. 54(1): 43–61.
- The Tomato Genome Consortium. (2012). The tomato genome sequence provides insights into fleshy fruit evolution. *Nature*. 485(7400): 635–641.
- Uluşık S., Chapman N.H., Smith R., Poole M., Adams G., Gillis R.B., Besong T.M.D., Sheldon J., Stieglmeier S., Perez L., Samsulrizal N., Wang D., Fisk I.D., Yang N., Baxter C., Rickett D., Fray R., Blanco-Ulate B., Powell A.L.T., Seymour G.B. (2016) Genetic improvement of tomato by targeted control of fruit softening. *Nat. Biotechnol.* 1(9): 1–11.
- Vrebalov J. (2002) A MADS-Box Gene Necessary for Fruit Ripening at the Tomato Ripening-Inhibitor (Rin) Locus. *Science*. 296(5566): 343–346.
- Wang D., Samsulrizal N., Yan C., Allcock N.S., Craigon J., Blanco-Ulate B., Ortega-Salazar I., Marcus S.E., Bagheri H.M., Perez-Fons L., Fraser P.D., Foster T., Fray R.G., Knox J.P., Seymour G.B. (2019) Characterisation of CRISPR mutants targeting genes modulating pectin degradation in ripening tomato. *Plant Physiol.* 179: 544–557.
- Warnock S.J. (1991) Natural Habitats of *Lycopersicon* Species. *HortScience*. 26(5): 466–471.
- Yang Y., Zhu G., Li R., Yan S., Fu D., Zhu B., Tian H., Luo Y., Zhu H. (2017) The RNA editing factor SLORRM4 is required for normal fruit ripening in tomato. *Plant Physiol.* 175(4): 1690–1702.
- Yu Q.H., Wang B., Li N., Tang Y., Yang S., Yang T., Xu J., Guo C., Yan P., Wang Q., Asmutola P. (2017) CRISPR/Cas9-induced Targeted Mutagenesis and Gene Replacement to Generate Long-shelf Life Tomato Lines. *Sci. Rep.* 7(1): 1–9.
- Zorzoli R., Pratta G.R., Picardi L.A. (1998) Efecto de los mutantes nor y rin y de genes silvestres sobre características del fruto en *Lycopersicon*. *Mendeliana*. 13: 12–19.
- Zorzoli R., Pratta G.R., Picardi L.A. (2000) Variabilidad para la vida postcosecha y el peso de los frutos en tomate para familias F3 de un híbrido interespecífico. *Pesqui. Agropecu. Bras.* 35: 2423–2427.