El aumento de la diversidad genética del cultivo de tomate puede mejorar la tolerancia a sequía

Maria J. Asins[1*], Eser Celiktopuz[2], İlknur Solmaz[2], Nebahat Sarı[2], Emilio A. Carbonell[1] and Sevilay Topcu[2]

[1] Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias, Carretera de Moncada a Náquera Km 4.5, Apartado Oficial, 46113 Moncada, Valencia, España.

[2] Universidad de Cukurova, Facultad de Agricultura, 01330 Adana, Turquía.

*Contacto: mjasins@ivia.es

Resumen

El desarrollo de cultivos tolerantes a la sequía es una estrategia importante para mitigar los impactos del cambio climático. La función moduladora del sistema radicular brinda oportunidades para mejorar el rendimiento de los cultivos sometidos a estreses bióticos y abióticos. Con este objetivo, se injertó una variedad de tomate comercial, híbrida, sobre una población de 123 líneas puras recombinantes (RIL) derivadas de la especie silvestre *Solanum pimpinellifolium*, y se compararon con los controles (la variedad sin injertar e injertada sobre ella misma), utilizado dos niveles de riego (100% y 70% de evapotranspiración del cultivo). La tolerancia a la sequía se analizó genéticamente evaluando caracteres de desarrollo vegetativo y número de flores de la variedad. Bajo déficit hídrico, alrededor del 25% de las RIL confirieron a la variedad un mayor desarrollo vegetativo en términos de peso seco que los controles. Los caracteres vegetativos y de floración bajo déficit hídrico mostraron relación con el contenido de agua de los brotes. Esta asociación fue respaldada genéticamente por su vinculación a 4 regiones del genoma del tomate. Por lo tanto, el injerto de variedades comerciales en patrones seleccionados derivados de *S. pimpinellifolium* proporciona una estrategia viable para mejorar la tolerancia a la sequía en tomate.

Planteamiento-Hipótesis

-Hasta ahora la Mejora ha seleccionado materiales altamente productivos bajo condiciones óptimas sin regatear recursos ni contar con su entorno y reduciendo el acervo genético de las variedades en cultivo.
-En la actualidad la Mejora debe tener en cuenta los efectos del cambio climático ofreciendo materiales eficientes en el uso de recursos, resilientes y que permitan un mejor equilibrio con la naturaleza respetando su diversidad biológica.
-Es necesario ampliar el acervo genético cultivado a partir del rico germoplasma silvestre, adaptado durante la evolución a hábitats deficitarios en recursos de agua y nutrientes.
-Dado que la raíz es el principal órgano implicado en la adquisición de agua y nutrientes, proponemos el uso de portainjertos de tomate, con genes de la especie silvestre *Solanum pimpinellifolium* para mejorar el uso del agua en el cultivo de variedades híbridas.

Objetivo

Probar el efecto beneficioso del patrón, portador de genes de tolerancia a déficit hídrico de *S. pimpinellifolium,* en el cultivo deficitario (70% ETc) de una variedad híbrida, comercial, de tomate injertada

Materiales y Métodos





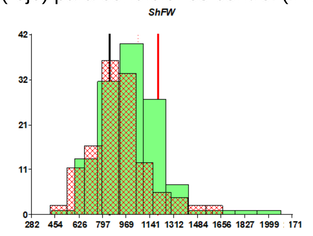

-Utilizamos, como portainjerto, 123 líneas F10 (Lineas Recombinantes Puras, RILs) derivadas del cruzamiento entre *S. lycopersicum* var. Cerasiforme y *S. pimpinellifolium.*
-Se injertaron con la variedad comercial Boludo (UNIGENIA Bioscience SLV, Murcia) y el cultivo fue en invernadero, en Adana, Turquía, con dos tratamientos de riego: 100% y 70% de evotranspiración de la planta (Asins et al. 2021).
-Se utilizaron 2 controles, la variedad sin injertar (Bol) e injertada sobre si misma (Bol/Bol), y se determinaron los pesos totales de brotes y hojas en fresco (ShFW y LFW) y en seco (ShDW y LDW) y se utilizaron esta medidas en condiciones de déficit hídrico (WD) para estimar la tolerancia a la sequía mediada por el portainjerto (ShFW_WD y LFW_WD). Se calcularon dos parámetros del contenido de agua de los brotes: el contenido total de agua de los brotes (ShWC en g) como la diferencia entre ShFW y ShDW, y la proporción de agua en el brote (ShWp), como la proporción de ShWC a ShFW. También se registró el área de la quinta hoja en cm2 (LA) y el número de flores (FlN) al final del experimento.
-Se analizó genéticamente la variación inducida por el patrón mediante varios procedimientos de análisis de QTLs (Quantitative Trait Loci) ya que las RILs se encuentran genotipadas para 7720 SNPs del panel SolCAP de tomate (Illumina BeadXhip WG-401-1004) y estudiamos los diversos genes existentes dentro de las agrupaciones de QTLs para identificar candidatos funcionales.

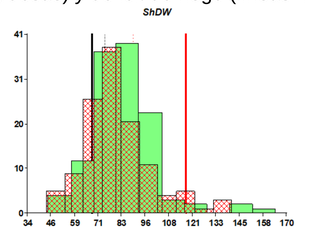
Referencia

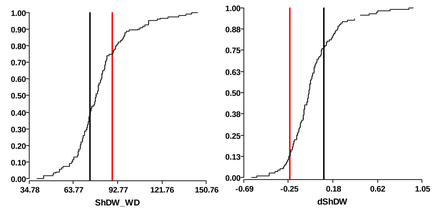
Asins MJ, Albacete A, Martínez-Andújar C, Celiktopuz E, Solmaz ˙I, Sarı N, Pérez-Alfocea F, Dodd IC, Carbonell EA Topcu S (2021) Genetic Analysis of Root-to-Shoot Signaling and Rootstock-Mediated Tolerance to Water Deficit in Tomato. Genes 12, 10. https://dx.doi.org/10.3390/genes12010010

Resultados

Abajo se muestran las distribuciones de los caracteres ShDW y ShFW bajo control (histograma de barras verdes), y déficit hídrico (histograma de barras cruzadas rojas. También se indican con líneas verticales las posiciones de los controles: Bol (negro) y Bol/Bol (rojo) para condiciones control (líneas gruesas) y déficit de riego (líneas finas).







A la izquierda, las distribuciones acumuladas muestran que bajo déficit hídrico, alrededor del 25% de las RILs confirieron mayor ShDW que el control Bol/Bol. La misma proporción de RILs confirió un mayor grado de tolerancia, medido como el cambio proporcional en ShDW entre niveles de riego (dShDW), que ambos controles.

La tabla de la derecha muestra la lista de QTLs (nombrados por el carácter, el régimen de riego: C o WD, y el cromosoma, Crom.) que se detectaron mediante el procedimiento MQM (nivel de significación general del 5%) y los SNP correspondientes (en su mayoría SNP de SolCAP nombrados por el número) en el pico del LOD. Se indican sus posiciones en el mapa (cM), dentro de cada cromosoma. El valor aditivo estimado es **a,** el porcentaje de varianza explicada, PEV y la región genómica física donde coinciden varios QTLs estrechamente ligados se indica con un número romano (Cluster).

Cluster	QTL	Crom.	Posición	SNP	LOD	PEV	a
	FlN_C_4	4	39.43	17956	5	13	0.5
	FlN_C_5	5	60.93	CL017527	3	7.8	0.3
	FlN_C_6	6	0.18	26804	2.6	6.7	-0.3
	FlN_C_8	8	102.43	58992	2.1	5.3	0.3
I	FlN_WD_1	1	47.25	51462	3	4.9	0.3
	FlN_WD_11	11	40.37	9508	2.4	3.8	0.2
III	FlN_WD_3	3	52.87	30678	3.2	5.3	0.3
	FlN_WD_4.1	4	39.43	17956	4.1	6.9	0.5
V	FlN_WD_4.2	4	49.35	47259	2.4	3.9	-0.4
	FlN_WD_5	5	32.53	23804	4.8	8.2	0.3
	FlN_WD_8	8	86.59	65161	2.4	3.5	-1.7
IX	FlN_WD_9.1	9	18.63	57922	2.7	4.4	0.3
X	FlN_WD_9.2	9	93.84	36845	2.6	4.2	0.3
	LA_C_11	11	24.63	66141	2.3	6.4	32.2
	LA_C_4	4	3.09	21317	2.7	7.8	-36.1
	LA_C_6	6	101.99	54183	3.2	9.3	-39.5
V	LDW_C_4	4	59.66	47590	2.5	8.5	3.1
IX	LDW_WD_9	9	21.40	39886	2.3	7.6	3.4
V	LFW_C_4	4	56.52	47487	2.8	9.3	39.3
X	LFW_WD_9	9	94.89	69503	2.5	8.7	37.5
V	ShDW_C_4	4	56.52	47487	2.5	8.6	5.2
III	ShDW_DW_3	3	52.65	30704	3.2	9	5.6
V	ShFW_C_4	4	56.52	47487	2.4	8.4	68.8
X	ShFW_WD_9	9	83.51	58234	2.4	8.6	61.7
V	ShWC_C_4	4	56.52	47487	3.1	9.8	68.3
	ShWC_WD_1	1	12.42	60303	2.3	6	-49.6
	ShWC_WD_3	3	91.56	62473	2.3	5.7	-52.1
V	ShWC_WD_4	4	63.87	3872	2.8	7.3	53.7
X	ShWC_WD_9	9	94.89	69503	3.9	10	64.9
	ShWp_C_12	12	88.20	32743	2.9	7.1	0.0
	ShWp_C_3.1	3	4.08	63211	4.2	10	0.0
	ShWp_C_3.2	3	90.08	62473	2.4	5.8	0.0
	ShWp_C_9	9	103.79	69686	3.2	7.9	0.0
	ShWp_WD_1	1	78.32	27588	2.8	6.8	0.0
	ShWp_WD_6.	6	51.44	27197	2.2	5.2	0.0
	ShWp_WD_6.	6	60.18	42119	6.5	17	0.0
	ShWp_WD_6.	6	74.59	57435	2.9	7.2	0.0
X	ShWp_WD_9	9	84.78	58253	3	7.3	0.0

Conclusiones

Alrededor del 25% de las RILs derivadas de *S. pimpinellifolium,* y al menos 4 regiones genómicas podrían ser relevantes para la mejora del cultivo de tomate mediada por el patrón en situaciones de escasez de agua. Estas regiones correspondían a los grupos de QTLs en III (cromosoma 3), V (cromosoma 4) y IX y X en el cromosoma 9. En todas, se encontraron factores de transcripción asociados con la respuesta al estrés y genes relacionados con varias vías de señalización de fitohormonas. Se encontraron también genes relacionados con la señalización de péptidos en las regiones III, V y X, y componentes de la cascada MAPK en las regiones V y IX. Por lo tanto, la variabilidad genética natural de *S. pimpinellifolium* que confiere tolerancia a la sequía a la variedad injertada parece ser multigénica y distribuida en unos pocos grupos de ligamiento lo que facilitaría su uso en Mejora de patrones.

Financiación

-Proyecto 101000716 (HARNESSTOM) subvencionado por la Unión Europea, SFS-28-2020
-Proyecto 289365 (ROOTOPOWER) subvencionado por la Unión Europea, FP7-KBBE-2011-5
-Proyecto AGL2014-56675-R subvencionado por Ministerio de Economía y Competitividad