Agrociencia Uruguay 2019 | Volume 23 | Supplement: doctoral theses | Article e1579
DOI: 10.31285/AGRO.23.1579
ISSN 2730-5066

Doctoral Thesis Abstract

Application of phenotypic, molecular and genomic tools to the identification of tomato candidate genes: Doctoral thesis abstract

Doctorando/a
González Arcos, Matías

Director/a
Silva Boiteux, Leonardo
Universidad de Brasilia, Brasil

Codirector/a
Castro Tabó, Ariel
Universidad de la República, Facultad de Agronomía, Uruguay

Abstract

A tomato (Solanum lycopersicum L.) breeding program must use the knowledge and technology available for the development of efficient strategies to solve different problems in the crop value chain. In this work, we start with four phenotypes of commercial interest: (i) ToCV (Crinivirus) tolerance, (ii) resistance to the herbicide metribuzin, (iii) increase in the vitamin C content and (iv) erect growth habit (erectoid leaf). Applying a working model that integrates different tools at the phenotypic, molecular, and genomic level, we set out to to advance in the identification of candidate genes. The strategy included the following steps: definition of the trait, study of its genetic basis, primary location of the genetic factor in the physical map, identification of candidate genes and genetic validation. The presence of four alleles with a major effect in the described phenotypes was confirmed: cvt, mtz and Vtc and Erl. For cvt and mtz, sufficient information was generated to achieve its primary location. For Vtc, progress was made in the identification of two candidate genes that must be confirmed and validated. Erl was related to a gene not yet characterized, which we call SlTAC1. The applied strategy allowed to advance successfully in the identification of candidate genes, generating information that facilitates the use in tomato breeding of new interest traits. At the same time, new research hypotheses are proposed to complement and deepen the generated knowledge.

Keyword: Solanum lycopersicum, germplasm characterization, inheritance studies, genomic mapping

CC BY

González Arcos M. Application of phenotypic, molecular and genomic tools to the identification of tomato candidate genes: Doctoral thesis abstract [Resumen en Internet]. 2019 [cited dd mmm yyyy];23(Suppl.):e1579. Doi: 10.31285/AGRO.23.1579.

Aplicación de herramientas fenotípicas, moleculares y genómicas para la identificación de genes candidatos en tomate: Resumen de tesis doctoral

Resumen

Un programa de mejoramiento genético de tomate (Solanum lycopersicum L.) debe utilizar el conocimiento y la tecnología disponible en el desarrollo de estrategias eficientes para resolver diferentes problemas en la cadena de valor. En este trabajo partimos de cuatro fenotipos de interés comercial: i) tolerancia a ToCV (Crinivirus) ii) resistencia al herbicida Metribuzin iii) aumento del contenido de vitamina-C y iv) hábito de planta erecto (hoja erecta). Aplicando una estrategia de trabajo que integra herramientas a nivel fenotípico, molecular y genómico, nos propusimos avanzar en la identificación de genes candidatos. La estrategia comprendió los siguientes pasos: definición de la característica, estudio de su base genética, localización primaria del factor en el mapa físico, identificación de genes candidatos y validación genética. Se confirmó la presencia de cuatro alelos con efecto principal para los fenotipos descritos: cvt, mtz y Vtc y Erl. Para cvt y mtz se generó información suficiente para lograr su localización primaria. Para Vtc se avanzó en la identificación de dos genes candidatos que deberán ser confirmados y validados. Erl fue relacionado con un gen aún no caracterizado al que denominamos SlTAC1. La estrategia aplicada permitió avanzar con éxito en la identificación de genes candidatos, generando información que facilita el uso en mejoramiento de nuevos caracteres de interés para la producción de tomate. A la vez, se plantean nuevas hipótesis de investigación para complementar y profundizar el conocimiento generado.

Palabras clave: Solanum lycopersicum, caracterización de germoplasma, estudio de herencia, mapeo genómico

Fecha de la defensa: 10 de julio de 2019

Tribunal:

Presidente	Relator/a	Relator
Sabina Vidal *Universidad de la República, Facultad de Ciencias, Uruguay*	Esteban Vicente *Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Uruguay*	Silvia Germán *Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Uruguay*