

## BASE GENÉTICA DE LA CALIDAD DE FRUTA EN ‘GUAYABO DEL PAÍS’

García, R., Quezada, M., Pritsch, C.  
Laboratorio de Biotecnología, Depto de Biología Vegetal, Facultad de Agronomía, Udelar  
[mquezada@fagro.edu.uy](mailto:mquezada@fagro.edu.uy)

**Palabras clave:** QTL, guayabo, fruta, mapa genético

*Acca sellowiana*, una mirtácea nativa conocida como ‘guayabo del país’, es una promisoriosa especie frutícola que ha despertado un creciente interés local e internacional debido a las cualidades nutricionales, aroma y sabor de sus frutos. La generación de conocimiento de las bases genéticas de los caracteres agronómicos como calidad de fruta permite contribuir sustancialmente a la mejor comprensión de la expresión de dichos fenotipos así como al diseño de estrategias de mejoramiento genético en la especie. Recientemente reportamos el primer mapa genético consenso, de alta densidad del ‘guayabo del país’, formado por 11 grupos de ligamiento correspondientes a los 11 cromosomas de la especie. En este trabajo, identificamos QTL (loci de caracteres cuantitativos) que afectan la calidad de fruta en *A. sellowiana*. Para ello, durante tres años, se caracterizaron fenotípicamente dos poblaciones de mejoramiento F1 (H5 y H6) conectadas por el progenitor materno para siete variables de fruto que describen tamaño y peso, acidez titulable y sólidos solubles totales. Las poblaciones H5 y H6 se localizan en el departamento de Salto, Uruguay, en la Estación Experimental Salto (Facultad de Agronomía, Udelar) y en la Estación Experimental Salto Grande (INIA), respectivamente. El análisis de QTL en cada población se realizó utilizando los mapas genéticos integrados de H5 y H6, con 1236 y 1302 marcadores moleculares SNP, respectivamente. En total, se detectaron 36 asociaciones entre marcadores y características relacionadas a calidad de fruta. Para las variables diámetro de fruta, peso de fruta y peso de pulpa se encontró el mayor número de QTLs, seis para cada variable, considerando las poblaciones H5 y H6. La proyección de los QTLs de H5 y H6 en el mapa consenso, reveló la co-localización de QTL de un mismo carácter incluyendo QTLs asociados a peso de pulpa (en el grupo de ligamiento 2), relación altura-diámetro (grupo de ligamiento 8) y altura de fruto (grupo de ligamiento 11). Para cada variable, el porcentaje de la varianza fenotípica explicado por los QTLs varió desde 3,79% hasta 12,72% en la población H5, con un rango similar (2,92% a 8,11%) en la población H6. Además, nuestro equipo está actualmente desarrollando estudios genómicos pioneros en la especie, que comprenden el ensamblado y anotación funcional del genoma. El análisis de QTL y los estudios genómicos en curso resultan claves para comprender la base genética de los caracteres de calidad de fruta y, facilitar el desarrollo de herramientas de mejoramiento asistido por genómica.