

## PERFILES METABÓLICOS COMO HERRAMIENTA PARA DETERMINAR RASGOS DE CALIDAD EN FRUTOS DE TOMATE

Ester Marina Insani<sup>1</sup>, Pablo Cortina<sup>2</sup>, Ramón Asís<sup>2</sup>, Iris Peralta<sup>3</sup>, Pablo Asprelli<sup>4</sup>, Mariana López<sup>1</sup>, Mariana Conte<sup>1</sup>, Ana Santiago<sup>2</sup> y Fernando Carrari<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Instituto de Biotecnología, CICVyA, INTA; <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Nacional de Córdoba; <sup>3</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Cuyo; <sup>4</sup>EEA La Consulta, INTA

Dr. Nicolas Reppetto y De los Reseros (B1686), Hurlingham; Bs As, Argentina;

[insani.ester@inta.gob.ar](mailto:insani.ester@inta.gob.ar)

### Introducción

El tomate (*Solanum lycopersicum*) constituye un importante cultivo y una parte integral en la dieta humana. Su consumo está asociado a la prevención de enfermedades crónicas de alta prevalencia en la población. Las preferencias de los consumidores acerca de la calidad y las propiedades nutritivas del fruto están exigiendo nuevas estrategias y objetivos de mejoramiento como la selección de cultivares con buen aroma y sabor y contenido de antioxidantes, entre otros. Sin embargo, la producción de tomate en Argentina no ha logrado por el momento cumplir con estos estándares debido en parte a la falta de conocimiento acerca de los factores que determinan la calidad de los frutos y a la falta de diversidad genética presente en los materiales cultivados a gran escala. La agricultura familiar ha preservado parte del acervo genético de la especie por herencia y tradición. Por ello, uno de los objetivos es contar con materiales locales de polinización abierta, empleando recursos genéticos tradicionales locales o variedades “criollas”. El rescate de estos cultivares fue realizado a partir de colectas que se detallan en un catálogo publicado por Peralta *et al.* en un intento tanto por preservar la diversidad de los recursos de especies hortícolas como la de re-valorizar su utilización para la producción. En este trabajo se presentan resultados que integran datos de perfiles metabólicos que incluyen compuestos del metabolismo del carbono/nitrógeno (metabolismo primario –MePs-) e intermediarios del metabolismo secundario (mayormente volátiles –MeVs-). Las cantidades relativas de estos compuestos y las relaciones entre ellos determinan, en última instancia, los caracteres nutricionales de los frutos maduros.

### Materiales y métodos

Se evaluaron 52 cultivares de tomate incluyendo las variedades “criollas” para consumo en fresco y para industria, testigos comerciales y dos genotipos de referencia (M82 –*Solanum lycopersicum*- y LA1589 –*Solanum pimpinellifolium*, especie silvestre-). Los perfiles metabólicos de los frutos fueron obtenidos por cromatografía gaseosa acoplada a espectrometría de masas de tiempo de vuelo. Los cromatogramas y espectros de masas fueron procesados utilizando el programa ChromaTOF con deconvolución espectral (LECO Instruments). La identificación y cuantificación relativa normalizada de los compuestos se realizó con el programa TagFinder 4.0 (Luedemann *et al.*, 2008). Los espectros obtenidos fueron analizados por comparación con librerías de compuestos depositadas en la base de datos metabólicos del Max Planck Institute, Alemania.

La extracción de los MeVs se realizó por medio de micro-extracción en fase sólida y fueron analizados por cromatografía gaseosa acoplada a espectrometría de masas de trampa iónica.

Los datos de los perfiles metabólicos se analizaron integrando variables a partir de la aplicación de análisis estadísticos multivariados.

## Resultados

En la determinación del perfil de MePs se identificó un total de 90 compuestos: 20 ácidos orgánicos, 11 azúcares y azúcar-alcoholes, 16 aminoácidos, 31 analitos de identidad desconocida y 12 otros compuestos intermediarios.

Para los ácidos orgánicos, piroglutámico, 4-amino-butanoico (GABA), dehidroascórbico y málico fueron los que presentaron mayor variabilidad entre los cultivares. Para el grupo de los azúcares, la sacarosa mostró un rango de valores de 3,2 a 802,5 de intensidad relativa (cultivares 4741 y *S. pimpinellifolium*, respectivamente) lo cual representa un cambio de más de 250 veces (X). Para los aminoácidos, se destacó la variabilidad para glicina N-cinamoil (78X), glutamato (41X) y asparagina (28X), entre otros.

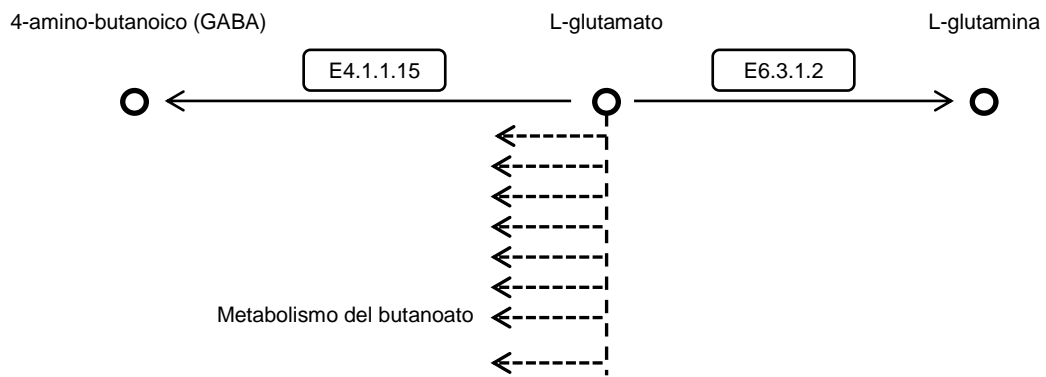
La presencia de analitos de identidad desconocida representa una fuente de información valiosa para continuar explorando dado que algunos de estos compuestos presentaron una diferencia entre los cultivares de hasta 200X lo cual podría estar asociado a diferencias en la calidad sensorial y nutricional de los frutos.

El análisis estadístico multivariado de Componentes Principales, seleccionando los 43 MePs más significativos (auto-valores >60%) explicó el 76,5% de la varianza en dos componentes y mostró una distribución de los genotipos que guarda relación con la morfología/uso de los cultivares (tipo perita/industrial; tipo redondo/fresco; tipo cherry). En cuanto a la asociación genotipos-MePs, los cultivares tipo perita destacan por mayor contenido de algunos aminoácidos en tanto que los cherries presentan mayor abundancia de los compuestos de identidad desconocida.

Por otra parte, se evaluaron 47 metabolitos volátiles (MeVs) de 11 de los cultivares más contrastantes. El análisis de conglomerados combinando MePs y MeVs nuevamente agrupa por morfología/uso notándose que los MePs son los que más influyen en la separación por tipo.

Un análisis de correlación (Spearman) entre MePs y MeVs ( $r > 0,8$ ) muestra a los MeVs 3-metilbutanal y 3-metilbutanol en correlación positiva con el metabolismo de la glutamina y al heptanal negativamente correlacionado con ese aminoácido. El 2-etilfurano, un derivado del metabolismo de ácidos grasos, correlaciona en forma positiva con ácidos orgánicos, principalmente.

La vía metabólica del glutamato parecería ser un punto de divergencia entre los materiales analizados, dado que tanto los contenidos de este aminoácido como los de GABA (reacción sustrato-producto mediada por la enzima glutamato decarboxilasa) resultaron altamente variables en la población analizada. A su vez, los MeVs derivados de esta vía (metabolismo del butanoato) también mostraron variaciones significativas entre los materiales analizados.



### Conclusión

Los perfiles metabólicos resultan una herramienta válida para la caracterización de recursos genéticos de tomate con potencialidad para ser usada en el mejoramiento genético. Los MePs, que son los más estables en el metabolismo, dominan la robustez en la clasificación de los cultivares.

### Referencias

- Peralta *et al.* (2008). Publicaciones INTA  
 Luedemann *et al.* (2008). *Bioinformatics*, 24:732  
 Tikunov *et al.* (2005). *Plant Physiol.* 139: 1125.