

VARIABILIDAD GENÉTICA DEL TOMATE ‘ROSA DE BARBASTRO’

Garcés-Claver A., Closa I., Mallor C.

Unidad de Tecnología en Producción Vegetal Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria.
Avda Montañana 930. 50059. Zaragoza

Palabras clave: microsatélites, tomate rosa, *Solanum lycopersicum*

INTRODUCCIÓN

El tomate ‘Rosa de Barbastro’ (*Solanum lycopersicum* L.) es una variedad local tradicional de las comarcas del Somontano, Sobrarbe y Ribagorza, provincia de Huesca, que ha adquirido gran importancia a nivel regional y está comenzando su proyección nacional. Se caracteriza por presentar frutos grandes y con una piel fina de color rosado, además de ser aromáticos, carnosos, compactos y poseer escasas semillas. La calidad de este producto autóctono está siendo actualmente demandada y, entre otras actuaciones, se ha comenzado el proceso de obtención del sello oficial de calidad ‘C’alial’ otorgado por el Gobierno de Aragón. El CITA ha participado en la caracterización de este material vegetal evaluando aspectos productivos, morfológicos, físico-químicos y organolépticos (Bruna et al., 2012). En este trabajo se presentan los resultados obtenidos de la caracterización molecular de entradas pertenecientes a esta variedad tradicional y su comparación con otros tipos varietales.

MATERIAL Y MÉTODOS

Para el análisis molecular se han utilizado 31 entradas de tomate ‘Rosa de Barbastro’, 5 de tomates rosas de Huesca y Teruel, y otras 7 pertenecientes a otros tipos varietales y variedades comerciales. También se utilizó una entrada de la especie silvestre relacionada *S. pimpinellifolium* L. Las entradas de tomate ‘Rosa de Barbastro’ se obtuvieron de distintos agricultores de la zona, salvo algunas que proceden del Banco de Germoplasma de Hortícolas de Zaragoza (BGHZ). Las entradas de tomate rosa de Huesca y Teruel también se suministraron por el BGHZ y se prospectaron en Mas de las Matas (Teruel), Huesca, Bárcabo (Huesca), Aínsa (Huesca) y Tardienta (Huesca). La entrada de tomate Zaragozano es una selección de este tipo de tomate realizada en el CITA. Los tomates comerciales corresponden a las variedades Chery, Raf, Muchamiel, Candido, Caramba y Jack. El ADN genómico se extrajo a partir de una mezcla de hojas jóvenes de varias plantas de la misma entrada. Se utilizaron 21 marcadores SSRs, seleccionados a partir de los publicados por He et al., (2003). El análisis de los microsatélites se realizó mediante un analizador genético de 16 capilares ABI 3130xl Genetic Analyzer.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

De los 21 marcadores SSRs utilizados se encontraron un total de 12 SSRs polimórficos, que amplificaron adecuadamente y produjeron un total de 49 alelos en las 44 entradas estudiadas. El dendrograma resultante del agrupamiento mediante UPGMA mostró 6 grupos diferenciados (Fig. 1): el grupo I, formado por las entradas de tomate rosa y la variedad Muchamiel (44), la presencia de esta variedad dentro del grupo del tomate rosa podría deberse a su origen también tradicional; el grupo II, formado únicamente por la entrada de la variedad Cherry; el grupo III que incluyó dos entradas de tomate ‘Rosa de Barbastro’ (23 y 29) y la entrada del tipo Zaragozano; los grupos IV y V que incluyeron las entradas pertenecientes al tipo Raf y los tipos Caramba y Jack, respectivamente; y finalmente el grupo VI, formado únicamente por la entrada perteneciente a la especie silvestre *S. pimpinellifolium*. Hay entradas del tipo rosa que no han podido ser diferenciadas: i) 13 entradas pertenecientes al tomate ‘Rosa de Barbastro’ (5, 7, 8,

10, 11, 12, 13, 16, 18, 19, 20, 21 y 24) y la variedad ‘Candido’, descrita por sus obtentores como una selección del tomate ‘Rosa de Barbastro’; ii) 4 entradas: dos ‘Rosas de Barbastro’ (4 y 22) y dos rosas de Huesca (35 y 36) prospectadas por el BGHZ en las comarcas del Sobrarbe y de la Hoya de Huesca respectivamente; iii) una entrada ‘Rosa de Barbastro’ (25) y otra de tipo de rosa Huesca (38) y iv) una entrada ‘Rosa de Barbastro’ (6) y una rosa de Teruel (34). De estos resultados se concluye, que el tomate ‘Rosa de Barbastro’ presenta una baja variabilidad genética, ya que no se han diferenciado todas las entradas con el número y/o tipo de marcadores utilizados. Por otro lado, la variación encontrada en las entradas (23, 29 y 2) podría explicarse por la adscripción errónea del material vegetal o por la generación de híbridos espontáneos derivados de la polinización cruzada, entre otras razones.

Los resultados obtenidos, junto con los ya conseguidos en las anteriores evaluaciones (morfológicas, físico-químicas, organolépticas y productivas) han contribuido al conocimiento de este material, aportando información para el inicio de un programa de selección con el objetivo de aunar las características históricas de la variedad con características agronómicas de interés para el tomate.

AGRADECIMIENTOS

Esta investigación ha sido financiada por el Gobierno de Aragón (Grupo de Investigación A16 y Programa de Desarrollo Rural para Aragón 2007-2013 [DER-2011-02-50-729003-553]) y con fondos de la Unión Europea (FEADER)

REFERENCIAS

Bruna P., Mañor C, Llamazares A. 2012. Informaciones Técnicas N° 234 12 pp
 He C, Poysa V, Yu K. 2003. Developemnt and characterization of simple sequence repeat (SSR) markers and their use in determining relationships among *Lycopersicon esculentum* cultivars. Theor Appl. Genet 106: 363-373

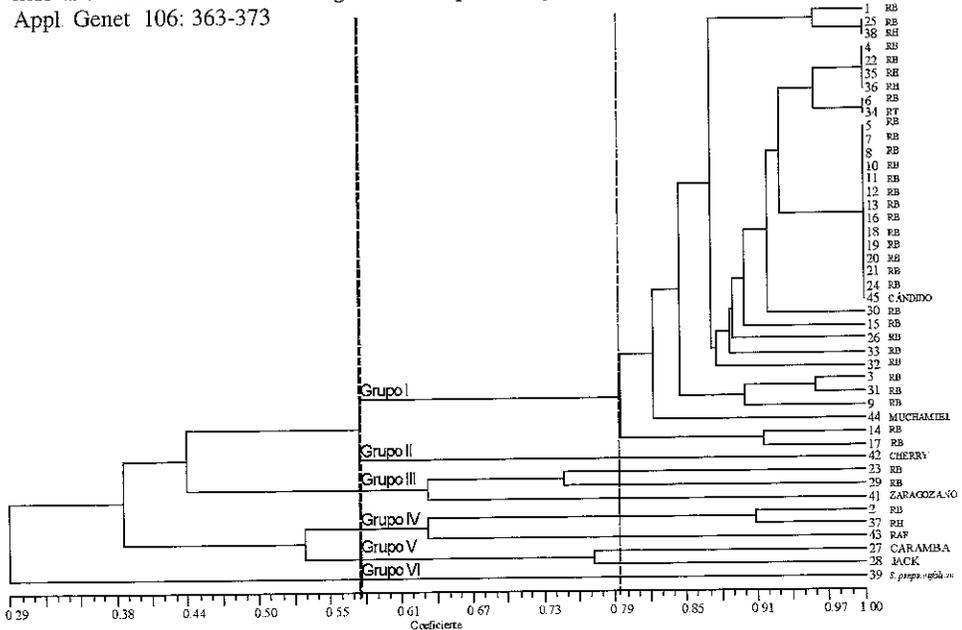


Figura 1. Dendrograma obtenido a partir 12 SSRs RB: ‘Rosa de Barbastro’; RH: rosa de Huesca; RT: rosa de Teruel