



Estudio genético de 15.504 accesiones de tomate y establecimiento y caracterización de la colección nuclear resultante

David Alonso, Giuseppe Aprea, Paola Ferrante, Fain V. Vanessa, Cristina Casanova, María Figás, Salvador Soler, Ivanka Tringovska, Stanislava Grozeva, Daniela Ganeva, et al.

► To cite this version:

David Alonso, Giuseppe Aprea, Paola Ferrante, Fain V. Vanessa, Cristina Casanova, et al.. Estudio genético de 15.504 accesiones de tomate y establecimiento y caracterización de la colección nuclear resultante. X CONGRESO DE MEJORA GENÉTICA DE PLANTAS, Sep 2022, Pontevedra, España. hal-03737981

HAL Id: hal-03737981

<https://hal.inrae.fr/hal-03737981>

Submitted on 25 Jul 2022

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



Distributed under a Creative Commons Attribution 4.0 International License

POSTER

NAME: X CONGRESO DE MEJORA GENÉTICA DE PLANTAS

DATES: 19 to 22 of September, 2022

PLACE: Pazo da Cultura, Pontevedra, Spain

WEB: <http://sech.info/pontevedra2022/>

Estudio genético de 15.504 accesiones de tomate y establecimiento y caracterización de la colección nuclear resultante

David Alonso^{1*}, Giuseppe Aprea², Paola Ferrante², Vanessa V. Fain³, Cristina Casanova¹, María Figás¹, Salvador Soler¹, Ivanka Tringovska⁴, Stanislava Grozeva⁴, Daniela Ganeva⁴, Gancho Pashev⁴, Olivia Demurtas², Manuela Costanzo², Saleh Alseekh⁵, Alisdair R. Fernie⁵, Jose Luis Rambla^{6,7}, Antonio Granell⁶, Lorenzo Barchi⁸, Roland Schafleitner⁹, Andreas Börner¹⁰, Jeremy Salinier¹¹, Arnaud Bovy¹², Filiz Boyaci¹³, Véronique Lefebvre¹¹, Nils Stein¹⁰, Jaime Prohens¹, María José Díez Niclós¹, Giovanni Giuliano²

¹Instituto de Conservación y Mejora de la Agrodiversidad Valenciana (COMAV) – Universitat Politècnica de València (UPV), Valencia, Spain.

²Italian National Agency for new Technologies, Energy and Sustainable Economic Development (ENEA), Casaccia Res. Ctr., Rome, Italy

³Department of Science, University of Rome “Roma Tre”, Rome, Italy

⁴Maritsa Vegetable Crops Research Institute (MVCRI), Agricultural Academy, Plovdiv, Bulgaria

⁵Max Planck Institute of Molecular Plant Physiology, Potsdam-Golm, Germany

⁶Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (IBMCP) – Universitat Politècnica de València (UPV), Valencia, Spain.

⁷Departamento de Ciencias Agrarias y del Medio Natural, Universitat Jaume I, 12071 Castellón de la Plana, Spain.

⁸Dipartimento di Scienze Agrarie, Forestali e Alimentari (DISAFA), University of Torino, Grugliasco, Turin, Italy

⁹The World Vegetable Center (AVRDC), Shanhua, Tainan, Taiwan

¹⁰Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), Gatersleben, Germany

¹¹INRAE, GAFL, Montfavet, France

¹²Wageningen University and Research (WUR), Wageningen, The Netherlands

¹³Bati Akdeniz Agricultural Research Institute (BATEM), Antalya, Turkey

*Autor para la correspondencia: daalmar8@upv.es

Palabras clave: germoplasma, tomate, colección nuclear, SPET, metabolómica

La variabilidad genética de tomate conservada en los bancos de germoplasma a nivel mundial constituye uno de los recursos más importantes de genes de interés para la mejora vegetal. Sin embargo, la falta de precisión en los datos de pasaporte y la escasa información fenotípica y genotípica de las colecciones suponen una de las principales limitaciones para su explotación. En el marco del proyecto europeo G2P-SOL, 15.504 accesiones de tomate, cultivado y de especies silvestres relacionadas, se han inventariado y genotipado mediante un panel de 5.000 sondas a través de la plataforma SPET. Esto ha permitido la construcción de una colección nuclear compuesta de 383 accesiones de tomate cultivado y 49 silvestre relacionadas basada en información genotípica y fenotípica que ha sido fenotipada en dos ambientes distintos: Plovdiv (Bulgaria) y Alboraya (Valencia). También se realizaron análisis metabólicos para compuestos semi polares, lípidos y volátiles. La caracterización genotípica de

colecciones tan grandes puede ayudar a mejorar el manejo de los materiales en los bancos de germoplasma mediante la identificación de duplicados y accesiones mal clasificadas. Se ha identificado aproximadamente un 12% de duplicados dentro y entre bancos de germoplasma. Respecto a la caracterización fenotípica y metabolómica de la colección nuclear, se ha encontrado una gran diversidad relacionada con la arquitectura de la planta y características del fruto como el tamaño, la forma, la firmeza, el color y los °Brix. En cuanto a los perfiles metabolómicos, se ha identificado y evaluado la expresión de 162 compuestos semi polares, 195 lípidos y 55 compuestos volátiles. Estos resultados representan la base de análisis GWAS con el objetivo de identificar QTLs que expliquen el control de los principales caracteres de interés agronómico, así como estudios de domesticación y diversificación del cultivo.