



XLIV CONGRESO DE LA SOCIEDAD ESPAÑOLA DE GENÉTICA (SEG2025)

Libro de abstracts

Organiza:



Universidad
Politécnica
de Cartagena

Patrocina:

Novogene

 IDT
INTEGRATED DNA TECHNOLOGIES

 STAB vida
The Home for Gene Technology

 cnag

centre nacional d'anàlisi genòmica
centro nacional de análisis genómico

 CeGaT

S6-P12 Introducción de resistencia a virus en tomate Flor de baladre y tipo Pimiento

Santiago García-Martínez (1), Pedro Carbonell (1), José Ángel Cabrera (2), Adrián Grau (1), Juan Francisco Salinas (1), Aranzazu Alonso (1), Asunción Amorós (1), Juan José Ruiz (1)

(1) Centro de Investigación Agroalimentaria y Agroambiental (CIAGRO-UMH), Carretera de Beniel km 3,2, 03312, Orihuela-Alicante. (2) Instituto Murciano de Investigación y Desarrollo Agrario y medioambiental (IMIDA), Calle Mayor s/n, 30150, La Alberca-Murcia.

En 2020 comenzó un programa de mejora genética de tomate de los tipos varietales Flor de baladre y Pimiento, originarios de la Región de Murcia y seleccionados del banco de germoplasma BAGERIM (IMIDA). El método elegido fue una introducción asistida por marcadores, utilizando la línea UMH1200 (obtenida en el CIAGRO-UMH) como parental donante de los genes de resistencia *Tm-2a*, *Ty-1* y *Sw-5*, que confieren resistencia a ToMV, TYLCV y TSWV, respectivamente. Se utilizan marcadores SNP visualizados mediante la técnica HRM (High Resolution Melting). En cada ciclo, se seleccionan fenotípicamente las plantas con mejores características de cuajado, forma del fruto, producción, etc., para obtener la siguiente generación. En la segunda mitad del año 2024 se realizó el cribado de 10 familias de retrocruzamiento de 7^a generación (5 de tipo Pimiento y 5 de Flor de baladre), se cultivaron en un invernadero en sacos de perlita, junto con las variedades tradicionales (3 tipo Pimiento y 5 de Flor de baladre) y se evaluó la producción y el peso medio de los frutos. La mayor parte de los retrocruces no mostraron diferencias significativas con las variedades tradicionales para los caracteres evaluados. La autofecundación de las mejores familias se cribará con marcadores moleculares para fijar en homocigosis los genes de resistencia introducidos. Este trabajo se ha realizado gracias a los proyectos I+D+i PID2019-110221RR-C33 y PID2022-137735OR-C32, financiados por MICIU/AEI /10.13039/501100011033 y por FEDER, UE.