

RESUMEN

El Banco de Germoplasma del Instituto de Conservación y Mejora de la Agrodiversidad Valenciana (COMAV) mantiene, como colección activa, 135 entradas de pepino (*Cucumis sativus* L. var. *sativus*), conservando y suministrando semilla. Todos los materiales han sido registrados durante su recolección como variedades tradicionales o cultivares primitivos, de forma que la colección del COMAV representa el 5% de las variedades tradicionales de pepino que figuran en GENESYS.

El objeto de las colecciones de germoplasma es conservar la diversidad genética y permitir el acceso a esta a mejoradores, investigadores y otros usuarios. Como alternativa para reducir los costes de mantenimiento de las mismas, se plantea su racionalización, es decir, la reducción del tamaño. De esta forma, se incrementa la eficiencia en el manejo y uso de las mismas, se garantiza una correcta conservación y al menos parte de los materiales se hacen accesibles a los usuarios.

Esta tesis se enmarca en un proyecto cuyo objetivo es la racionalización de la colección de pepino español del Banco de Germoplasma del COMAV. Para alcanzar este objetivo, se planteó en primer lugar una caracterización por caracteres de planta y fruto de un conjunto de entradas de pepino español, para a continuación seleccionar un subconjunto de las mismas para su análisis mediante marcadores moleculares de tipo microsatélite (*Simple sequence repeats*, SSR).

La caracterización morfológica se llevó a cabo empleando 206 entradas de pepino, 195 de ellas de origen español (116 procedentes del COMAV, 79 proporcionadas por el Banco de Germoplasma de Hortícolas de Zaragoza-BGHZ). Se caracterizaron 5 plantas por entrada, empleando 17 descriptores cualitativos y nueve cuantitativos, ocho de ellos de planta y 18 de fruto. Los caracteres de fruto se evaluaron en al menos 25 frutos por entrada. Las entradas analizadas se clasificaron en cinco tipos según las características de fruto: “blanco”, “corto”, “francés”, “largo” y “muy largo”. El análisis de componentes principales permitió comprobar que, con pocas excepciones, las entradas se agrupaban según su similitud fenotípica. En cualquier caso, la variabilidad observada dentro de cada uno de los grupos puso de manifiesto el potencial de los materiales evaluados para la mejora de distintos atributos. El mantenimiento de la colección resulta de especial interés, dado que la variabilidad que contiene no se encuentra conservada en otras colecciones europeas y constituye una fuente de genes de interés para la mejora del pepino.

Un subconjunto representativo de las entradas evaluadas por características morfológicas se seleccionó para la caracterización molecular. En concreto, se evaluó la diversidad genética de 131 entradas españolas, empleando 23 marcadores SSRs. Dieciocho de los SSRs fueron polimórficos en la colección: los valores medios para el número de alelos, la heterocigosidad observada y el contenido en información polimórfica fueron de 3,2, 0,065 y 0,229, respectivamente. Aproximadamente el 60% de los alelos mostraron una frecuencia superior a 0,05, mientras que solo uno de los alelos para el marcador SSR31399 mostró una frecuencia inferior a 0,01. Se identificaron tres alelos específicos de entradas. En el análisis de agrupamientos las entradas no se agruparon según el tipo ni según el área geográfica. Estos resultados demostraron que la diversidad molecular de la colección de pepino no refleja la variabilidad fenotípica.

Los resultados de ambas caracterizaciones aportan información para la racionalización de la colección de pepino español del COMAV.