

Caratterizzazione genetica, biochimica e di struttura del germoplasma di pomodoro della regione Puglia nel panorama della biodiversità italiana di pomodoro

Gaetano Giudice^{1*}, Marzia Guerriero¹, Francesco Arcieri¹, Marco Santo Cannarella¹, Francesco Fabiano Montesano², Anna Maria Stellacci¹, Miriana Durante³, Marcello Salvatore Lenucci⁴, Chiara Delvento¹, Luigi Ricciardi¹, Concetta Lotti⁵, Stefano Pavan¹

e-mail dell'autore di riferimento*: gaetano.giudice@uniba.it

¹Università degli Studi di Bari Aldo Moro, Via Amendola 165/A, 70126 Bari, Italia

²Consiglio Nazionale delle Ricerche-Istituto di scienze delle produzioni alimentari (ISPA), Via Amendola 122/O, 70126 Bari, Italia

³Consiglio Nazionale delle Ricerche-Istituto di scienze delle produzioni alimentari (ISPA), Via Provinciale Lecce-Monteroni, 73100 Lecce, Italia

⁴Università del Salento, Via Monteroni, 73100 Lecce, Italia

⁵Università di Foggia, Via Napoli, 71122 Foggia, Italia

XV Giornate Scientifiche SOI



Pisa, 25-27 giugno 2025

Considerazioni preliminari e obiettivo del lavoro

La **Puglia** è un centro secondario di diversità per il pomodoro (*Solanum lycopersicum* L.). Questo studio esplora la **diversità genetica e fenotipica** di una collezione di 55 popolazioni di pomodoro pugliese. Alcune (6) di queste sono denominate "**Pomodoro di Manduria**" (**PM**) (Fig.1), riconosciuto come Prodotto Agricolo Tradizionale (PAT) e presidio Slow Food.

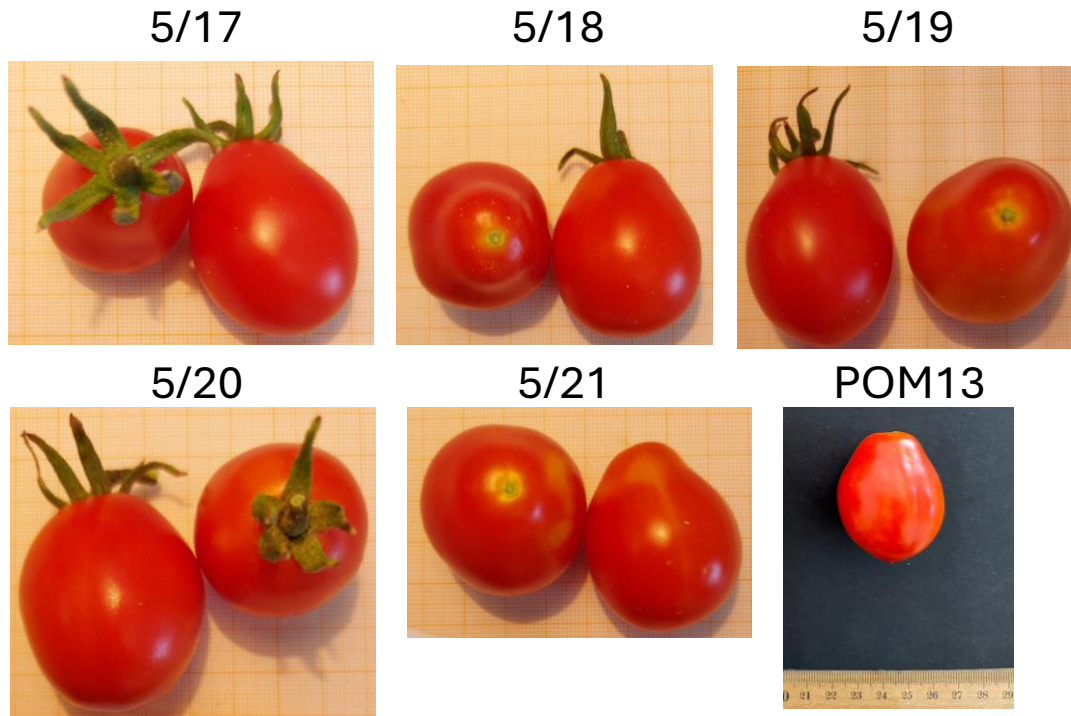


Fig.1 Popolazioni denominate "Pomodoro di Manduria"

Materiali e Metodi

Una prova di campo a blocchi randomizzati è stata condotta presso l'azienda sperimentale dell'Università di Bari. Diversi caratteri morfo-agronomici sono stati registrati secondo i descrittori UPOV (Unione Internazionale per la Protezione delle Nuove Varietà Vegetali).

A partire da 21 delle 55 accessioni sono state quindi ottenute salse di pomodoro utilizzando un protocollo standardizzato. Queste sono state caratterizzate per diversi parametri fisico-chimici, in particolare pH, attività antiossidante, contenuto in zuccheri solubili, composti fenolici e isoprenoidi.

La collezione è stata infine genotipizzata mediante il chip Axiom Tomato 51K. Dopo aver effettuato controlli di qualità per varianti e popolazioni, utilizzando il software TASSEL v.5, i dati SNP sono stati integrati con dati di polimorfismo derivanti dall'analisi del genoma di 35 cultivar italiane, disponibili sul database NCBI, e utilizzati per studiare la struttura genetica utilizzando il software ADMIXTURE.

Risultati e Discussione

Sono state ottenuti 4.654 varianti SNP. Le popolazioni PM sono state dichiarate geneticamente identiche tra loro e con la popolazione 5/34, denominata "Pomodoro d'inverno rosso", ad indicare un caso di sinonimia. L'analisi della struttura genetica ha identificato tre gruppi ancestrali (K1-K3). La maggior parte delle popolazioni pugliesi (evidenziate in giallo in Fig. 2) è risultata associata al gruppo K2, mentre sei popolazioni (evidenziate in verde in Fig. 2) hanno mostrato un'origine ancestrale mista. Le analisi fisico-chimiche hanno confermato l'omogeneità delle salse ottenute dalle popolazioni PM, e la netta distinzione tra queste e le salse ottenute da altre popolazioni (Fig. 3). I genetici e fenotipici prodotti da questo studio sono utili alla valorizzazione e tracciabilità di popolazioni locali di pomodoro pugliesi, oggi conservate presso la GeneBank dell'Università di Bari.

Fig. 2

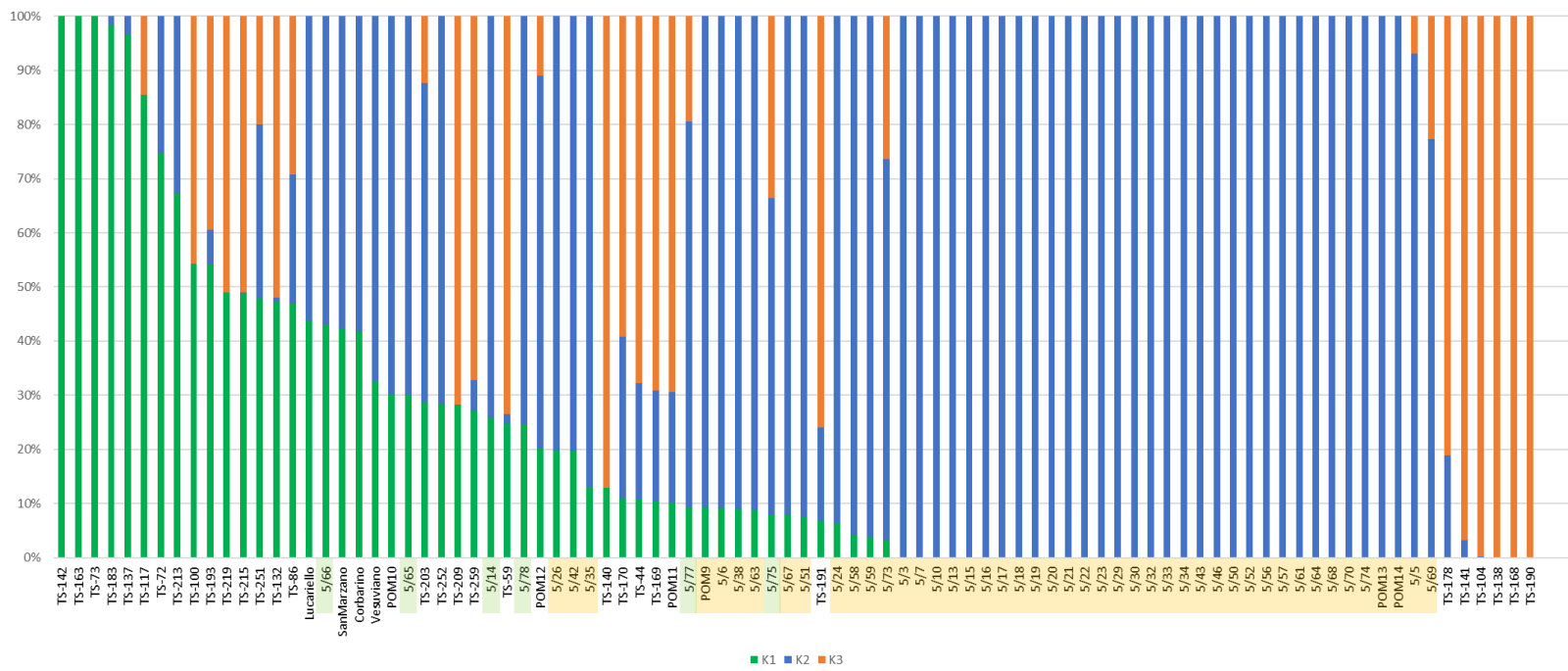
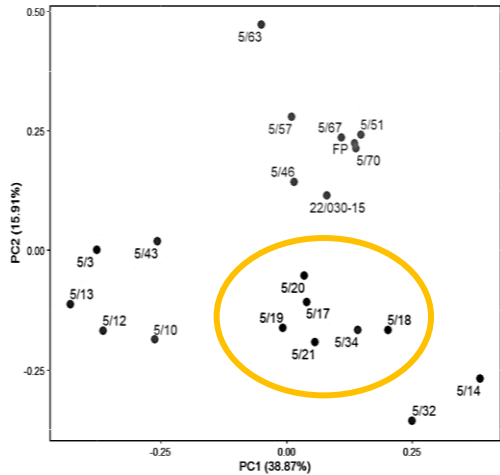


Fig. 3



5/34



5/19



Ringraziamenti

Questo lavoro è stato condotto nell'ambito del Centro Nazionale di Ricerca Agritech, ricevendo finanziamenti dall'Unione Europea Next-Generation EU [PIANO NAZIONALE DI RIPRESA E RESILIENZA (PNRR) – MISSIONE 4 COMPONENTE 2, INVESTIMENTO 1.4 – D.D. 1032 17/06/2022, CN00000022]. Questa ricerca è stata anche finanziata dal progetto DAJS (Distretto Agroalimentare di qualità Jonico Salentino) e dal progetto BiodiverSO Karpos.

