

Caracterización de recursos fitogenéticos de borraja (*Borago officinalis*) conservados en el Banco de Germoplasma Hortícola de Zaragoza (BGHZ-CITA)
Cristina Mallor Giménez^{1,2}, Ana María Sánchez Gómez^{1,2}

1 Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón CITA

2 Instituto Agroalimentario de Aragón IA2, CITA-Universidad de Zaragoza, Zaragoza

Autor para correspondencia: cmallor@cita-aragon.es

Palabras Clave:

Biodiversidad, hortaliza, mejora genética

RESUMEN:

La borraja es una hortaliza de hoja que se cultiva ampliamente en el valle medio del Ebro, siendo prácticamente desconocida en el resto del territorio nacional. La colección de recursos fitogenéticos más importante de borraja se encuentra conservada en el Banco de Germoplasma Hortícola del CITA (BGHZ-CITA), constituyendo una fuente de diversidad de gran interés para agricultores, investigadores y mejoradores. La disponibilidad de un material genético bien caracterizado permite una utilización más eficaz y eficiente de estos recursos en los programas de mejora genética para el desarrollo de nuevas variedades. Con este objetivo, en el presente trabajo se realiza la caracterización de 20 muestras conservadas en el BGHZ-CITA considerando caracteres agronómicos, que complementan la caracterización primaria ya existente. El ensayo se llevó a cabo en Zaragoza, en la parcela de un agricultor, utilizando las técnicas de cultivo habituales para la borraja en la huerta zaragozana. Las plantas se cultivaron en dos túneles de plástico, utilizados a modo de repetición. Durante el cultivo se evaluaron los siguientes parámetros en cinco plantas por muestra y repetición: longitud y peso de la planta, peso de los peciolo (parte habitualmente aprovechable para el consumo), número de hojas y rendimiento, calculado como la relación entre el peso de los peciolo y el peso de la planta. Los resultados ponen de manifiesto la existencia de variabilidad dentro y entre las poblaciones estudiadas. La variabilidad intrapoblacional se debe a que, excepto una, ninguna de las muestras ha sido sometida previamente a un proceso formal de mejora genética. Por otro lado, la variabilidad entre las muestras ha permitido identificar poblaciones candidatas para su utilización en futuros programas de mejora genética.