

Resumen

Las hortalizas son una fuente importante de compuestos nutraceuticos y la berenjena (*Solanum melongena* L.) se encuentra entre las diez hortalizas con mayores contenidos en compuestos bioactivos. El compuesto más importante que proporciona capacidad nutraceutica a la fruta de berenjena es el ácido clorogénico, que es un ácido fenólico que deriva del ácido cinámico. Los compuestos fenólicos del fruto de la berenjena también están relacionados con el pardeamiento y los caracteres relacionados con el color de la pulpa de la fruta. La mejora del contenido en compuestos fenólicos del fruto de la berenjena se puede realizar a través de varios enfoques de mejora genética, como los convencionales, biotecnológicos y basados en la genómica. Antes del inicio de esta tesis, la información disponible sobre el uso de parientes silvestres de cultivos en el desarrollo de genotipos de berenjena ricos en compuestos fenólicos era limitada. La información sobre la genética de importantes características morfológicas y bioquímicas de la berenjena también fue limitada. Además, no había ningún protocolo estandarizado para realizar un estudio de agroinfiltración en frutos de berenjena. Por lo tanto, sobre la base de estos antecedentes, se plantearon varios objetivos para obtener información sobre estos temas en berenjena utilizando los parientes silvestres de cultivos y las variedades cultivadas tradicionales.

En el primer capítulo, se caracterizó una colección de seis accesiones de berenjenas, 21 accesiones de 12 especies silvestres (la única especie del germoplasma primario *S. insanum* y 11 especies del germoplasma secundario) y 45 híbridos interespecíficos de berenjena con especies silvestres utilizando 27 descriptores morfológicos y 20 descriptores morfométricos de frutos basados en la herramienta fenómica Tomato Analyzer. Observamos diferencias significativas entre los tres grupos, con híbridos que muestran valores intermedios para la mayoría de los descriptores. Las especies silvestres mostraron una amplia diversidad para ampliar la base genética de la berenjena.

En el segundo capítulo, el mismo material se caracterizó para el contenido en compuestos fenólicos del fruto, el color de la pulpa de la fruta y los caracteres relacionados con el pardeamiento. Los parientes silvestres mostraron una mayor diversidad para los contenidos en compuestos fenólicos del fruto que la berenjena cultivada. Mientras que el ácido fenólico predominante en la berenjena cultivada fue el ácido clorogénico (> 65.0%), en los parientes silvestres fue de menos del 50% del área del pico del cromatograma HPLC. Las variedades cultivadas presentaron un color de carne más claro y baja actividad de polifenol oxidasa (PPO). Los híbridos interespecíficos fueron intermedios para todos los caracteres

estudiados. Curiosamente, no encontramos correlaciones significativas entre el contenido de compuestos fenólicos totales o ácido clorogénico y el pardeamiento de la pulpa de la fruta.

En el tercer capítulo, realizamos un estudio genético Línea por Probador ($L \times P$) utilizando dos líneas cultivadas, una con citoplasma oriental y otra occidental con cuatro probadores que representan tres especies silvestres: *S. insanum*, *S. anguivi* y *S. lichtensteinii*. Además, evaluamos el material para 3 descriptores bioquímicos, 12 morfológicos y 8 de Tomato Analyzer. Encontramos diferencias significativas para los 23 caracteres estudiados. Los valores más altos para la componente SCA se determinaron en comparación con la componente GCA. En general, los probadores del genepool secundarios fueron mejores para la mejora de los caracteres bioquímicos, mientras que las especies de genepool primarias fueron mejores para los caracteres morfológicos.

En el cuarto capítulo, para obtener información sobre la genética de caracteres importantes en la berenjena, realizamos el primer estudio genético detallado de la berenjena con 10 genotipos diversos de berenjena, entre ellos una accesión de *S. insanum*, mientras que el resto fueron variedades tradicionales con forma del fruto muy diversa. Cuando se cruzaron en un diseño de medio dialelo, los 10 padres produjeron un conjunto de 45 híbridos. Evaluamos padres e híbridos para 14 descriptores de características morfológicas y 14 características morfométricas del fruto. También determinamos las distancias genéticas utilizando 7,335 marcadores de SNP polimórficos. En el estudio de la herencia de los caracteres morfológicos importantes para el desarrollo de híbridos en berenjena, se encontró que la distancia genética entre los padres tiene un valor limitado para predecir el rendimiento de los híbridos en este cultivo.

Del mismo modo, en el quinto capítulo, estudiamos los compuestos fenólicos del fruto, el color de la pulpa del mismo y los caracteres relacionados con el pardeamiento en el mismo material. Se determinó que la accesión de *S. insanum* accession INS2 presenta valores altamente significativos para los compuestos fenólicos totales y el contenido de ácido clorogénico. Se encontraron efectos significativos para la aptitud combinatoria específica y general para los caracteres bioquímicos estudiados. De manera similar a lo encontrado anteriormente, la distancia genética entre los padres no fue útil para predecir el comportamiento de los híbridos.

Finalmente, en el sexto capítulo, hemos desarrollado un protocolo de agroinfiltración para la expresión transitoria de un gen en el fruto de la berenjena utilizando GUS; Vector pCAMBIA1304. Posteriormente, para probar la utilidad del protocolo, utilizamos la hidroxicinamoil CoA-quinato transferasa (SmHQT) de berenjena, que es la enzima central

estudiada para aumentar el contenido de ácido clorogénico, en la construcción del gen con el promotor específico en un vector de transformación de plantas (pBIN19). Además, en nuestro casete, también coexpresamos la proteína P19 del *Tomato bushy stunt virus* para sobreexpresar la proteína.

En esta tesis proporcionamos información sobre los parientes silvestres de berenjenas para caracteres morfológicos y bioquímicos. A partir de ellos, hemos proporcionado la base genética de la herencia de importantes caracteres cuantitativos en berenjena, en particular para alto contenido en compuesto fenólicos de interés nutracéutico. También hemos desarrollado una aplicación con un enfoque de ingeniería genética en berenjena. Esperamos que esta información sea útil para alcanzar un ideotipo de berenjena exitoso.