

## **RESUMEN**

La berenjena (*Solanum melongena* L.) es uno de los cultivos comerciales de hortalizas solanáceas más importantes que se cultiva ampliamente en Asia y la región del Mediterráneo. A pesar de su importancia económica, la disponibilidad de poblaciones experimentales y herramientas genómicas para el mejoramiento es aún muy limitada en comparación con otros cultivos importantes. Debido a la alteración progresiva del ecosistema global por el cambio climático, las plantas están constantemente expuestas a condiciones ambientales estresantes que impactan negativamente en su productividad. El cuello de botella genético ocurrido durante la domesticación de la berenjena, que limita la disponibilidad de recursos genéticos para su mejoramiento genético, hace que este cultivo sea extremadamente vulnerable al cambio climático, por lo que se requieren nuevas estrategias para reducir su erosión genética. En este contexto, los parientes silvestres de los cultivos (CWRs) han demostrado ser un recurso genético válido para la mejora vegetal, ya que su uso permite ampliar la diversidad genética de los cultivos y, en paralelo, desarrollar variedades mejoradas adaptadas al cambio climático. Para lograr este objetivo, en esta tesis doctoral informamos sobre el desarrollo y la evaluación de materiales avanzados de berenjena obtenidos mediante el uso de parientes silvestres.

En el primer capítulo, realizamos una evaluación fenotípica en dos ambientes de un conjunto de 16 ILs de berenjena con introgresión de *S. incanum*, un pariente silvestre. Se evaluaron diecisiete caracteres agronómicos para comparar el rendimiento de las ILs con el parental recurrente e identificar QTLs para los caracteres investigados. Encontramos diferencias morfológicas significativas entre los parentales, y el híbrido resultó heterótico para los caracteres de vigor. A pesar de que la interacción entre genotipo y ambiente (G x E) resultó significativa para la mayoría de los caracteres, en general las ILs mostraron pocas diferencias fenotípicas con el progenitor receptor, incluso en presencia de grandes fragmentos de introgresión del progenitor silvestre. Se encontraron valores de heredabilidad bajos a moderados para los caracteres agronómicos. En total, detectamos diez QTLs estables, dos de los cuales estaban relacionados con caracteres de planta y cuatro para caracteres de flor y fruto. En general, las introgresiones de *S. incanum* mejoraron los valores medios de la mayoría de los caracteres de planta y flor, y disminuyeron el de los caracteres de fruto. Para tres QTLs relacionados con la longitud del pedicelo del fruto y con el peso del fruto, encontramos evidencia de sintenia con otros QTLs identificados previamente en poblaciones de berenjena. Siete QTLs eran nuevos, de los cuales cuatro relacionados con la altura de la planta, con la espinosidad del cáliz de la flor y con la longitud del pedicelo del fruto no colocalizaron con ningún QTL previamente identificado en las poblaciones de berenjena, y tres relacionados con el diámetro del tallo, con la longitud del

pedúnculo y del estigma, fueron los primeros identificados en berenjena para estos caracteres.

En el segundo capítulo, el conjunto de IL de berenjena con introgresiones de *S. incanum* se evaluó para la forma del fruto en dos ambientes. Específicamente, realizamos un fenotipado detallado de los frutos de los parentales, del híbrido y de las ILs utilizando 32 descriptores morfológicos de la herramienta fenómica Tomato Analyzer. Se encontraron grandes diferencias morfológicas en los frutos de los parentales, y el híbrido presentó valores negativos de heterosis para muchos de los caracteres de forma del fruto, siendo fenotípicamente más cercano al parental *S. incanum*. Para la mayoría de los descriptores de forma del fruto observamos diferencias significativas entre las ILs y el parental receptor, incluso en presencia de pequeños fragmentos de introgresión del parental silvestre. A pesar de que la contribución del ambiente y la interacción  $G \times E$  fueron significativas para casi todos los descriptores, encontramos que sus efectos sobre la forma del fruto fueron relativamente bajos y que las variaciones observadas estaban reguladas sobre todo genéticamente. El agrupamiento jerárquico reveló nueve grupos de caracteres altamente correlacionados y seis grupos de ILs. Se mapearon un total de 41 QTLs. De estos, dieciséis asociados a los descriptores de Basic Measurements y Fruit Shape Index resultaron sinténicos a otros identificados previamente en varias poblaciones intraespecíficas e interespecíficas de berenjena, mientras que veinticinco QTLs relacionados con los descriptores de Blockiness, Homogeneity, Asimmetry y Internal Eccentricity, fueron nuevos. Además, en las regiones genómicas donde se identificaron QTL estables, detectamos la presencia de mutaciones deletéreas en genes de las familias *SUN*, *OVATE* y *FAS* descritos en tomate, proponiendo once potenciales genes candidatos implicados en el control de la variación de forma del fruto en berenjena.

Finalmente, en el tercer capítulo, describimos el desarrollo de la primera población MAGIC de berenjena, obtenida cruzando siete accesiones de *S. melongena* de diferentes orígenes que presentaban diferentes características morfológicas, y una del pariente silvestre *S. incanum*. Se utilizó un esquema de “embudo”, en el que se obtuvieron cuatro híbridos F1, para partir de las cuales se obtuvieron dos generaciones de híbridos dobles. Una generación de híbridos dobles presentaba el citoplasma de *S. melongena*, mientras que la otra presentaba el citoplasma de *S. incanum*. Estos híbridos dobles segregantes (149 individuos por híbrido doble) se cruzaron utilizando un esquema de polinización en cadena para desarrollar la generación híbrida cuádruple (S0), que se formó con 209 progenies. Para cada progenie S0 se autofecundaron dos plantas para obtener la progenie S1 (n=402) y durante dos generaciones más se utilizó un enfoque de descendencia de semilla única para obtener 391 progenies S2 y 305 progenies S3. Por cada progenie S3 se cultivaron dos individuos. Para aquellas progenies S3 que eran

fenotípicamente uniformes, se tomaron muestras de una planta para la extracción de ADN, mientras que para aquellas que mostraban alguna segregación, se tomaron muestras de dos plantas, llegándose a un total de 420 individuos S3 (348 con citoplasma de *S. melongena* y 72 con citoplasma de *S. incanum*) muestreados. La distribución sesgada probablemente reflejaba los efectos negativos sobre la fertilidad resultantes de la interacción del citoplasma de *S. incanum* con un genoma nuclear mayoritariamente de *S. melongena*. Los individuos S3 se genotiparon con la plataforma SPET (Single Primer Enrichment Technology) de 5k sondas de berenjena, la cual produjo 7.724 SNP. Los resultados del genotipado revelaron una baja heterocigosidad (6,9%) y falta de estructura genética, sin diferenciación genética entre los dos grupos de citoplasma. La inferencia de bloques de haplotipos del genoma nuclear reveló una representación desequilibrada de los genomas de los fundadores, lo que sugiere una selección críptica a favor o en contra de genomas parentales específicos.

En resumen, la presente tesis doctoral demuestra que hemos desarrollado y evaluado materiales avanzados de gran interés para la mejora de la berenjena. Consideramos que la información, los conocimientos y las herramientas que se presentan este trabajo sientan las bases para futuros estudios y contribuirán al desarrollo de una nueva generación de variedades de berenjena adaptadas al cambio climático.