

## RESUMEN

El impacto del cambio climático en los cultivos hortícolas es cada vez más evidente, lo que ha llevado a la pérdida y erosión de diversidad genética de manera drástica. Esto plantea importantes desafíos para la mejora de los cultivos, que requiere la exploración de los recursos fitogenéticos conservados en los bancos de germoplasma y el desarrollo de tecnologías que permitan evaluar el valor fenotípico y genotípico de estos materiales. Sin embargo, la situación actual de las colecciones de germoplasma es la existencia de duplicados no identificados entre colecciones, errores en la clasificación taxonómica, documentación insuficiente y no disponible para investigadores y mejoradores, añadido a la falta de financiación para la conservación y gestión adecuadas. Esto dificulta enormemente la utilización de estos recursos. En la presente Tesis se aborda este problema comenzando por la unificación de datos de pasaporte, fenotipado e imágenes de las principales colecciones de tomate, pimiento y berenjena en un mismo repositorio. El genotipado de la colección y el análisis conjunto de los datos de genotipado generados ha permitido la construcción de colecciones nucleares que han sido fenotipadas con detalle, aumentando su conocimiento acerca de la variabilidad genotípica y fenotípica y, consecuentemente, su aprovechamiento por parte de los investigadores y mejoradores.

En el primer capítulo, se ha realizado el inventariado, estandarización y revisión de los datos de pasaporte y fenotípicos disponibles de las accesiones de tomate, pimiento y berenjena conservados en los principales bancos de germoplasma europeos y no europeos, con el objeto de mejorar la eficiencia del manejo de los recursos fitogenéticos.

El segundo capítulo se centra en el desarrollo y optimización de un método de extracción de ADN genómico de alta calidad, rápido y económico que combina las ventajas del método de extracción basado en el CTAB, añadido a la purificación de los ácidos nucleicos en una matriz de sílice. Es un método universal que puede utilizarse para diferentes especies y tejidos. Se ha evaluado la eficiencia del ADN genómico resultante en diferentes plataformas de secuenciación como SPET (*Single Primer Enrichment Technology*) y Oxford Nanopore, generando resultados muy prometedores. Esto facilita el paso previo al genotipado de las colecciones que es la extracción de ADN.

En el tercer capítulo se aborda el genotipado de las colecciones. El elevado número de accesiones de cada cultivo, en particular el tomate, supone un problema de tipo económico, en ocasiones irresoluble. Por ello, el tercer capítulo está orientado a la evaluación del potencial de la tecnología de secuenciación SPET, más económica que otras conocidas, para el genotipado de alto rendimiento de colecciones de



germoplasma de tomate y berenjena. SPET es una tecnología de genotipado dirigida basada en la secuenciación de una región que flanquea a un cebador único, secuenciando al SNP y las regiones que rodean al SNP diana, lo que permite descubrir miles de SNP nuevos estrechamente relacionados. Los resultados revelan que el genotipado SPET es una tecnología robusta y de alto rendimiento para estudios genéticos, incluyendo la posibilidad de identificación de duplicados y errores de clasificación taxonómica en las entradas conservadas en los bancos. Con la información generada en los primeros tres capítulos se establecieron las colecciones nucleares para cada cultivo, abarcando la máxima diversidad genética y fenotípica en un conjunto de 450 individuos.

Finalmente, en el cuarto capítulo, se analiza y describe la colección nuclear de tomate a nivel genético y fenotípico, mediante un enfoque basado en el establecimiento de grupos genéticos basados en su proximidad genética. El análisis de la diversidad genética y fenotípica reveló patrones de variación distintos entre diferentes grupos genéticos, contradiciendo afirmaciones anteriores que proponían una disminución en la diversidad genética como consecuencia de la mejora genética y descubriendo correlaciones entre rasgos morfológicos únicas dentro de los diferentes grupos. El estudio destaca la importancia de considerar tanto la diversidad genética como la fenotípica en las iniciativas de mejora del tomate, con especial énfasis en aspectos como el tamaño, la forma, el color y la calidad del fruto.

En definitiva, los trabajos realizados en esta Tesis aumentan, por un lado, el conocimiento y la accesibilidad a las principales colecciones de solanáceas conservadas en los bancos de germoplasma, y por otro, generan herramientas moleculares que permiten su evaluación genotípica. Además, los hallazgos obtenidos destacan el papel crucial de los bancos de germoplasma como reservorios de diversidad genética, así como los desafíos a los que se enfrentan: disponibilidad limitada de datos, duplicaciones, accesiones erróneamente clasificadas y la falta de consenso en las caracterizaciones, que enfatizan la necesidad de mantener los esfuerzos en la recopilación, revisión y estandarización de los datos. En resumen, estos avances suponen una base para el futuro, proporcionando información valiosa para la propia conservación de las colecciones y para su uso en programas de mejora.