

Resumen

La familia Solanaceae incluye cultivos de gran importancia económica mundial como la berenjena (*Solanum melongena* L.) y el tomate (*S. lycopersicum* L.). Estos cultivos desempeñan un papel importante en la dieta de la mayoría de la población mundial y se caracterizan por sus propiedades nutraceuticas gracias a su rica composición de compuestos bioactivos. Aunque ambos cultivos muestran tendencias positivas en producción, rendimiento y consumo, actualmente se encuentran bajo la amenaza constante de múltiples estreses abióticos y bióticos, debido al estrechamiento y uniformidad genética de las variedades comerciales modernas de alto rendimiento. Como consecuencia de los procesos de domesticación y de los programas de mejora, habitualmente se ha producido una importante pérdida de variabilidad genética en las especies cultivadas, lo que conlleva un aumento del riesgo de pérdidas de rendimiento frente a las amenazas y una disminución de las fuentes de variabilidad para la mejora del cultivo. En este sentido, el estudio e introducción de especies silvestres en los programas de mejora representa una fuente de nueva diversidad genética.

Por ello, en la presente tesis doctoral, se propone el aprovechamiento del potencial oculto de los parentales silvestres mediante la construcción de poblaciones experimentales inter-específicas Multi-parent Advanced Generation InterCross (MAGIC) que combinen germoplasma cultivado, semidomesticado y silvestre para contribuir en el rescate de parte de la variabilidad perdida en berenjena y tomate y la identificación de genes candidatos y polimorfismos causales que controlen caracteres cuantitativos de interés.

En el primer capítulo de esta tesis, nos propusimos presentar la primera población MAGIC de berenjena desarrollada hasta el momento, a partir de siete accesiones de berenjena común de diferentes orígenes y una accesión de la especie silvestre *S. incanum*. Los ocho parentales utilizados para la construcción de esta población mostraron una amplia diversidad genética según los datos de resecuenciación genómica, fenotípica, de fruto, agronómica y de caracteres de resistencia al estrés. Esta población interespecífica fue fenotipada para diferentes caracteres y genotipada mediante la plataforma de Single Primer Enrichment Technology (SPET). Los resultados se utilizaron para la elucidación de los genes responsables de los diferentes patrones de pigmentación del fruto, incluyendo la biosíntesis de antocianinas y clorofilas uniformes, y la malla verde irregular del fruto. Comprender los mecanismos por los que se sintetizan los pigmentos de los frutos podría ser de gran utilidad para impulsar futuros programas de mejora centrados no sólo en la demanda específica de diversificación de frutos por parte de los consumidores, sino también en el desarrollo de nuevas variedades que presenten una mayor calidad nutricional y resistencia para hacer frente a los retos medioambientales que se avecinan. Esto es posible gracias a la relación de los pigmentos con las propiedades antioxidantes, la fotosíntesis y la biología del estrés de las plantas, entre otras.

En el segundo capítulo de esta tesis, se abordó el desarrollo de una población MAGIC de tomate utilizando cuatro accesiones de la especie silvestre más cercana semidomesticada *S. lycopersicum* var. *cerasiforme*, y cuatro accesiones de *S. pimpinellifolium*, el ancestro del tomate cultivado. Estas especies se han utilizado poco en la mejora genética del tomate y no se ha explotado todo su potencial a pesar de su gran diversidad genética, su amplia variabilidad climática y ecológica y su proximidad al tomate cultivado. Las poblaciones MAGIC anteriores se desarrollaron combinando accesiones de tomate común de tipo cherry y de fruto más grande. Sin embargo, los resultados indican que estos ocho parentales no representan la variabilidad genética andina de *S. l.* var. *cerasiforme* perdida durante el proceso de domesticación y, por lo tanto, la población propuesta es complementaria a la ya desarrollada. La población interespecífica final también se genotipó mediante un panel SPET y se realizó una prueba de concepto para comprobar el potencial de la población fenotipándola para tamaño de fruto, pigmentación de la planta,

morfología de la hoja y precocidad. Como resultado, se identificaron genes candidatos previamente identificados y otros nuevos, lo que demuestra que la población es un recurso valioso para la mejora genética del tomate.

En conjunto, ambas poblaciones interespecíficas MAGIC de berenjena y tomate constituyen un recurso útil para estudios genéticos para la comunidad científica. Los individuos finales incluyen una enorme diversidad fenotípica y genética, que podría explotarse directamente no sólo por su potencial intrínseco, sino también como donantes portadores de combinaciones de múltiples caracteres de interés. Estas poblaciones abren las puertas a futuros ensayos de detección de alelos interesantes en un contexto multiambiental o multicaráctes.