

Resumen

Alimentar a la futura población en crecimiento en un contexto de cambio climático exige nuevos enfoques y herramientas de mejora genética para desarrollar nuevas variedades de cultivos que sean resilientes y eficientes en el uso de los recursos. Entre las hortalizas, la berenjena (*Solanum melongena*) es reconocida como un cultivo importante y como tal está incluida en el Anexo 1 del Tratado Internacional sobre los Recursos Fitogenéticos para la Alimentación y la Agricultura, que incluye 34 cultivos considerados como los más relevantes para la humanidad. Antes del inicio de esta tesis, se disponía de pocas herramientas genéticas y genómicas para la mejora genética de la berenjena, las cuales se revisan en un capítulo introductorio. Asimismo, hemos reconocido la importancia de los parientes silvestres de la berenjena, que apenas se han utilizado en la mejora genética de la misma. A este respecto, para hacer un uso más eficiente de los parientes silvestres en la mejora genética, propusimos un enfoque ambicioso, llamado "introgressiomics", que consiste en un desarrollo sistemático y masivo de materiales que lleven introgresiones de parientes silvestres (CWR), los cuales generalmente son una fuente inexplorada e desaprovechada de variación genética. Los trabajos realizados en esta tesis están relacionados con la aplicación de este enfoque a la berenjena.

En este marco, los objetivos generales de la tesis son el desarrollo de la información y herramientas genéticas y genómicas en el acervo genético de la berenjena, utilizando un enfoque multidisciplinario y multifacético para la mejora genética en el desarrollo de nuevas variedades mejoradas y resistentes usando especies relacionadas como fuente de variación. Concretamente, en el primer capítulo de esta tesis, secuenciamos el

transcriptoma de dos especies relacionadas con la berenjena, la silvestre *Solanum incanum* y la especie cultivada africana *S. aethiopicum*, que tienen un gran interés en la mejora genética de la berenjena. Los transcriptomas se ensamblaron en 83,905 y 87,084 unigenes para *S. incanum* y *S. aethiopicum* respectivamente, los cuales fueron extensivamente anotados estructuralmente y funcionalmente. La búsqueda de variantes alélicas identificó decenas de miles de polimorfismos intraespecíficos e interespecíficos, así como alrededor de un millar de SSRs en cada especie.

En el segundo capítulo, un subconjunto de esos marcadores (11 SSRs y 35 SNPs) se analizaron para confirmar su utilidad para la huella genética, la evaluación de la diversidad y el establecimiento de relaciones entre las berenjenas cultivadas (común, escaleta y gboma). Observamos que los SSRs y los SNPs proporcionaron resultados diferentes en el establecimiento de las relaciones, lo que sugiere que cada tipo de marcador muestreó diferentes niveles de variación genética. Sin embargo, aunque ambos marcadores proporcionaron un nivel similar de información, los SNPs parecen proporcionar una mejor resolución que los SSRs para materiales filogenéticamente más distantes.

En el tercer capítulo, para ampliar la estimación de la diversidad genética y las relaciones genéticas entre y dentro de las especies silvestres y cultivadas pertenecientes al complejo berenjena, realizamos un genotipado masivo, mediante un enfoque de genotipado por secuenciación, de 76 accesiones pertenecientes a 17 especies del acervo genético primario, secundario y terciario de la berenjena común. De los 75,399 sitios polimórficos identificados, 12,859 se asociaron a regiones CDS y se usaron para establecer una evaluación exhaustiva y detallada de la diversidad alélica natural y las relaciones genéticas en el acervo genético de la berenjena

utilizando tres enfoques diferentes (estructura jerárquica de la población, dendrograma basado en UPGMA y análisis de PCoA).

En el cuarto capítulo, desarrollamos un mapa genético interespecífico entre *S. incanum* y *S. melongena*, vinculado a otros cuatro mapas anteriores de berenjena y a un mapa de tomate. Se mapearon con éxito un total de 243 marcadores moleculares que consistían en 42 COSII, 99 SSRs, 88 AFLPs, 9 CAPS, 4 SNPs y un marcador morfológico, abarcando 1085 cM distribuidos en 12 grupos de ligamiento. Basándose en la sintenia con tomate, se localizaron los genes candidatos involucrados en la ruta metabólica de síntesis del ácido clorogénico en berenjena (*PAL*, *C4H*, *4CL*, *HCT*, *C3'H*, *HQT*), cinco genes de polifenol oxidasas (*PPO1*, *PPO2*, *PPO3*, *PPO4*, *PPO5*), así como dos genes implicados en la forma del fruto (*OVATE*, *SISUNI*).

Finalmente, en el quinto capítulo, desarrollamos la primera población de líneas de introgresión (ILs) en berenjena utilizando *S. incanum* como parental donante. Se desarrolló un conjunto de 73 materiales de retrocruzamiento avanzado, que cubrieron el 99% del genoma de *S. incanum*. Además, se obtuvieron 25 líneas de introgresión inmortales, cada una con un único fragmento introgresado en homocigosis, que en conjunto abarcaron el 61,7% del genoma de *S. incanum*. Además, sesenta y ocho genes candidatos involucrados en la tolerancia a la sequía se identificaron en el conjunto de IL.

En resumen, en esta tesis hemos proporcionado herramientas, conocimientos, enfoques y materiales avanzados de mejora genética para desarrollar variedades de berenjenas mejoradas y resistentes, utilizando la valiosa diversidad genética de las especies silvestres y la precisión y eficiencia de las técnicas de secuenciación de alto rendimiento. Consideramos que la información presentada en este trabajo será útil tanto para la comunidad

investigadora que trabaja en berenjena, como para los mejoradores, con el fin de obtener una nueva generación de variedades de berenjena capaces de hacer frente a los retos de la mejora genética presente y futura.