



UNIVERSITAT
POLITÈCNICA
DE VALÈNCIA



MÁSTER INTERUNIVERSITARIO OFICIAL EN MEJORA GENÉTICA VEGETAL

**DESARROLLO Y FENOTIPADO DE DOS
GENERACIONES PARA LA CONSTRUCCIÓN
DE LÍNEAS DE INTROGRESIÓN DE *Solanum
incanum* EN EL FONDO GENÉTICO DE LA
BERENJENA (*Solanum melongena*).**

Tesis para la obtención del título de Máster presentada por:

Ignacio Antonio Sotomayor Cantos

Tutor académico:

Santiago Vilanova Navarro

Tutor experimental:

Pietro Gramazio

Valencia, Julio del 2016

RESUMEN:

La berenjena es un cultivo con una estrecha base genética. Esto puede ser debido a que la domesticación de la berenjena se realizó a partir de un acervo genético limitado, lo cual pudo originar un cuello de botella, que contribuiría a que las variedades de berenjena cultivada presenten una baja diversidad genética. Contrariamente a otros cultivos importantes como el tomate, el uso de especies silvestres en la mejora de berenjena ha sido muy limitada. En la actualidad se está desarrollando una colección de líneas de introgresión (MIILs) de *S. incanum* en el fondo genético de *S. melongena* que junto con la selección asistida por marcadores (MAS) permitirán dilucidar el control genético e identificar QTLs de caracteres tan importantes como la forma, tamaño y color del fruto, el contenido de antocianinas y polifenoles de la carne, la espinosidad, resistencias y tolerancias a estreses bióticos y abióticos, etc. Para el desarrollo de esta colección es necesario realizar varios ciclos de retrocruzamientos (BC) así como autofecundaciones (S) para al final del proceso poder fijar las líneas. Por otra parte, en estas generaciones también es conveniente fenotipar las plantas de manera que podamos estimar la variabilidad en los caracteres de las familias que se van obteniendo. Lo cual ayudará a decidir que caracteres son más interesantes al finalizar las líneas. La caracterización fenotípica y fenómica realizada en el presente trabajo mostró una considerable variabilidad en los caracteres evaluados entre las MIILs, lo cual ofrece valiosas oportunidades para la selección en programas de mejora, ya que permitirá seleccionar aquellas que sean representativas de acuerdo a cada carácter de interés y las posibilidad de cruzarlas entre sí para aumentar o mejorar dichos caracteres, y posteriormente evaluar su comportamiento en diferentes ambientes. La caracterización detallada de la forma del fruto utilizando el software Tomato Analyzer proporcionó datos cuantitativos sobre muchos caracteres que no se obtienen utilizando descriptores morfológicos medidos manualmente. Otro de los objetivos importantes en el desarrollo de la colección de MIILs es estudiar el control genético de acumulación de polifenoles, en particular del ácido clorogénico. Los resultados del presente trabajo mostraron que las MIILs presentaron contenidos en ácido clorogénico muy diferentes entre ellas y algunas superaron claramente los contenidos de los parentales, en particular a de *S. melongena*. Por lo cual, dichas líneas se podrían cruzar entre ellas de forma que se pueden obtener materiales con un contenido mejorado en dicho carácter de interés nutracéutico.