



69

SEPTIEMBRE  
2014

## ACTAS DE HORTICULTURA

Comunicaciones Técnicas  
Sociedad Española de Ciencias Hortícolas

# VII CONGRESO DE MEJORA GENÉTICA DE PLANTAS

ZARAGOZA 2014

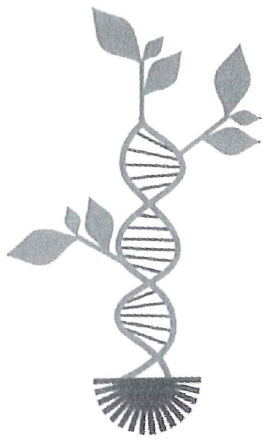
XIX Jornadas de Selección y Mejora  
de Plantas Hortícolas

VII Seminario de Mejora General Vegetal

Editores: José María Álvarez  
Mayte Espiau  
Ana Garcés  
Cristina Mallor  
María José Rubio  
Rafael Socías i Company

Zaragoza  
16-18 de septiembre de 2014





VII CONGRESO DE  
**MEJORA  
GENÉTICA  
DE PLANTAS**

**16 al 18** septiembre  
Zaragoza **2014**

## ACTAS DE HORTICULTURA N.º 69

### Comunicaciones Técnicas

VII Congreso de Mejora Genética de Plantas

VIII Seminario de Mejora Genética Vegetal

XIX Jornadas de Selección y Mejora de Plantas Hortícolas

ZARAGOZA  
16-18 de Septiembre de 2014

© Textos: autores

Editores:

José M<sup>a</sup> Álvarez

Mayte Espiau

Ana Garcés

Cristina Mallor

María José Rubio

Rafael Socías i Company

ISBN: 978-84-8380-321-9

Depósito Legal: Z 1261-2014

Impresión: INO reproducciones

## DESARROLLO DE MATERIALES DE INTROGRESIÓN DE *SOLANUM INCANUM* EN EL FONDO GENÉTICO DE *S. MELONGENA* COMO HERRAMIENTA PARA LA MEJORA

**P. Gramazio, J. Prohens, M. Plazas, I. Andújar, F.J. Herraiz, S. Vilanova**

Instituto de Conservación y Mejora de la Agrodiversidad Valenciana, Universitat Politècnica de València, Camino de Vera 14, 46022 Valencia

**Palabras clave:** mapa genético, polifenoles, *Solanum incanum*, *Solanum melongena*

### INTRODUCCIÓN

La berenjena (*Solanum melongena* L.) destaca por su elevado contenido en polifenoles, entre ellos el ácido clorogénico, el cual le confiere una alta bioactividad y un papel importante en la prevención de enfermedades importantes como el cáncer y la diabetes tipo II (Plazas et al., 2013). Las variedades comerciales actuales presentan un menor contenido en polifenoles y consecuentemente un menor valor funcional con respecto a su ancestro silvestre (*Solanum incanum* L.). Esta especie silvestre da híbridos totalmente fértiles con la berenjena, por lo que es una fuente de variación de interés para la mejora de la calidad nutracéutica (Plazas et al., 2013). Con objeto de introgresar el alto contenido de polifenoles de *S. incanum* en *S. melongena*, en la actualidad estamos en las fases finales del desarrollo de una colección de líneas de introgresión de *S. incanum* en el fondo genético de *S. melongena*. En la actualidad nos encontramos en la quinta generación de retrocruzamiento (BC5).

### MATERIAL Y MÉTODOS

Los parentales usados para el desarrollo de la colección de los materiales de introgresión han sido *S. incanum* accesión MM577 como parental donante y *S. melongena* accesión AN-S-26 como parental recurrente. MM577, recolectada en Israel, presenta frutos verdes, pequeños y de forma subovoide y espinas en el tallo, hojas y cáliz. AN-S-26 es una variedad tradicional andaluza sin espinas con frutos morados, grandes y de forma obovoide. El híbrido F<sub>1</sub> se obtuvo usando AN-S-26 como parental femenino y MM577 como masculino, y presentó características morfológicas y de contenido en polifenoles intermedias entre los dos parentales. Seguidamente el híbrido F<sub>1</sub> se retrocruzó como parental femenino hacia el parental recurrente *S. melongena* obteniéndose la primera generación de retrocruzamiento (BC1).

De la generación BC1 se seleccionaron al azar 91 plantas para la construcción de un mapa genético de ligamiento. La realización de un mapa genético denso, con marcadores distribuidos a lo largo de los 12 grupos, fue necesario para poder seleccionar los materiales que lleven el fragmento introgresado de *S. incanum*. Los marcadores utilizados para el genotipado han sido de tipo SSR (simple sequence repeats), COSII (conserved orthologous set) y SNP (single nucleotide polymorphisms). En posteriores retrocruzamientos, se utilizaron estos marcadores para seleccionar las plantas con fondos heterocigotos para cada uno de los cromosomas de interés y que al mismo tiempo tuvieran el mayor fondo de *S. melongena* en los restantes once cromosomas.

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Actualmente disponemos de plantas de la generación BC5 obtenidas mediante cinco ciclos de retrocruzamiento y selección por marcadores moleculares, con 5-6 marcadores por cromosoma. En el fenotipado y genotipado de las plantas de la generación BC4, las cuales han recuperado la mayor parte del fondo genético del parental recurrente (~97%), se observó un gran



polimorfismo en el contenido en polifenoles totales y ácido clorogénico, el cual es el principal compuesto fenólico de la berenjena (Plazas et al., 2013). Así mismo también se observó amplia variación para varios caracteres como presencia de espinas, tamaño, color de fruto, etc. Con objeto de seleccionar las plantas con genotipos más interesantes, en cada ciclo se ensayó un número de plantas entre 200 y 250. En general la tasa de éxito de los cruces ha sido muy alta, sin relevantes problemas de fertilidad, aunque en algunos materiales se ha constatado una menor cantidad de semillas o una mayor tasa de aborto entre ellas. Este fenómeno ha conllevado en pocos casos a la necesidad de volver al material del ciclo anterior debido a que no se ha podido avanzar en el proceso de recuperación del fondo de *S. melongena*. Las plantas de la generación BC5 se genotiparán con la técnica GBS (Genotyping by Sequencing). Con esta técnica se generarán decenas de miles de SNPs e InDELS, para una mayor precisión y rapidez del genotipado y selección de las plantas para el proceso de autofecundación y fijación en homocigosis de los fragmentos introgressados de *S. incanum*. En esta primera fase del proceso se obtendrá una colección de aproximadamente 12 líneas de sustitución cromosómica, una por cada cromosoma de *S. incanum* introgressado. Una vez evaluadas estas líneas para varios caracteres morfológicos, fisiológicos y genéticos se procederá a la segunda fase del proceso con el desarrollo de unas 80-90 líneas de introgresión, correspondientes a 5-6 líneas de introgresión por cada cromosoma. La disponibilidad de una colección de líneas de introgresión hará posible el análisis genético y la identificación de QTLs para contenido en polifenoles, así como para otros caracteres complejos, ya que las diferencias fenotípicas entre una línea de introgresión y el parental recurrente se deben únicamente al fragmento introgressado (Lippman et al., 2007).

### AGRADECIMIENTOS

Los trabajos aquí presentados han sido financiados por el Ministerio de Ciencia e Innovación (proyecto AGL2012-34213) y por Global Crop Diversity Trust (proyecto GS13044). Este trabajo ha sido realizado como parte de la iniciativa "Adapting Agriculture to Climate Change: Collecting, Protecting and Preparing Crop Wild Relatives", la cual es financiada por el Gobierno de Noruega. El proyecto está dirigido por Global Crop Diversity Trust junto con Millenium Seed Bank of the Royal Botanic Gardens, Kew e implementado en colaboración con bancos de germoplasma e institutos de mejora genética de todo el mundo. Para más información ver la página web del proyecto: <http://www.cwrdiversity.org/>. Pietro Gramazio agradece la concesión de una beca predoctoral a la Universidad Politécnica de València.

### REFERENCIAS

- Lippman, Z.B., Semel, Y., Zamir, D. 2007. An integrated view of quantitative trait variation using tomato interspecific introgression lines. *Curr. Opin. Genet. Dev.* 17:545-552.
- Plazas, M., Andújar, I., Vilanova, S., Hurtado, M., Gramazio, P., Herraiz, F.J., Prohens, J. 2013. Breeding for chlorogenic acid content in eggplant: Interest and prospects. *Not. Bot. Horti Agrobot. Cluj-Napoca* 41(1):26-35.