

---

**IDENTIFICACIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE PROMOTORES DE GENES DE ABLANDAMIENTO DE FRUTO EN EL GENOMA DE REFERENCIA *Fragaria vesca*: SU CORRESPONDENCIA EN EL GENOMA DE *Fragaria chiloensis***

**TAMARA ACEVEDO AVILA  
INGENIERO EN BIOINFORMÁTICA**

**RESUMEN**

La frutilla comercial (*Fragaria x ananassa*) pertenece a la familia Rosácea género *Fragaria*. Es considerada el berry más consumido y posee cualidades organolépticas llamativas como color, aroma y sabor intenso, siendo más atractivo para el consumidor. Por su parte, *Fragaria vesca ssp. vesca* es una especie de tamaño pequeño, color blanco y aquenios café, poco cultivada por la aparición de variedades más atractivas al mercado, sin embargo, es considerada como modelo de estudio, por tener un genoma pequeño (214,37 Mb), diploide y ser la única frutilla cuyo genoma ha sido secuenciado en su totalidad.

*Fragaria chiloensis ssp. chiloensis* es una frutilla blanca de aquenios rojos, comercializada fundamentalmente en áreas locales, pero que también se está introduciendo en otros mercados como fruto exótico, sin embargo, presenta un rápido ablandamiento, aún antes de su cosecha, lo que resulta un impedimento para su comercialización. Por esto, el proceso de maduración, y el ablandamiento en particular, resultan relevantes en estudios de mejoramiento de esta especie, ya que su textura, aroma y sabor son características deseadas por los consumidores. El proceso de ablandamiento ha sido relacionado a disminución del turgor, por pérdida de agua, y particularmente, desensamblaje de la pared celular. Con respecto al desensamblaje de la pared celular, se han estudiado enzimas que están involucradas en este proceso, y por consiguiente con el ablandamiento de frutilla, algunas de estas enzimas son: poligalacturonasas, expansinas, pectato liasas, endobeta- 1,4-glucanasa, pectina metilesterasas, XTH, beta-galactosidasa, entre otras. En esta investigación se analizaron las regiones promotoras de los genes que codifican para éstas enzimas relacionadas a ablandamiento en frutilla, identificando elementos de respuesta a las fitohormonas, ácido abscísico, auxina y etileno y para los factores de transcripción (FT) de tipo MYB, MYC y bHLH en el genoma de *F. Vesca*. Además, se analizó la librería por hibridación sustractiva supresiva de *F. Chiloensis*, construida a partir del proceso de maduración de fruto.

---

De esta manera se generó nueva información sobre posibles formas de regulación en estas enzimas asociadas al ablandamiento en fruto.

## ABSTRACT

The commercial strawberry belongs to the Rosacea family and *Fragaria* genus. This berry is considered the most consumed in both, fresh and processed product (such as juices or jams). Besides, this fruit has high organoleptics qualities that are striking like intense color, aroma and flavor, which make it more attractive to consumers.

*Fragaria vesca ssp. vesca* is a small sized fruit, white receptacle and brown achenes, rarely cultivated by the appearance of more attractive varieties to the market, however, is considered as a study model for having a small genome (214,37 Mb), diploid and be the only strawberry whose genome has been fully sequenced.

Moreover, *Fragaria chiloensis ssp. chiloensis* is a native strawberry with white receptacle and red achenes, commercialized by small farmers, mainly due to the fast fruit softening at harvesting. Therefore, the process of maturation and softening are relevant for breeding purposes, because its texture, aroma and flavor are desired characteristics for consumers.

The softening process has been related to the decrease of turgor, because of the loss water, and disassembling of the cell wall, among others reasons. Has been studied that these disassembling is related to enzymes that catalize cellular components like pectins and hemicellulose, these enzymes are polygalacturonase, endo-beta-1,4-glucanase, pectate lyase, pectin methylesterase, XTH, beta-galactosidase, expansin, among others.

In this study the promoter of genes that code the enzymes related to softening in strawberry were analyzed, and identified response elements to the fitohormones, abscisic acid, auxin and ethylene and also to the transcription factors MYB, MYC and bHLH in the *F.vesca* genome and using the suppressive subtractive hybridization library from *F. chiloensis*. Thus, has been generated new information about the regulation of these genes involved in the cell wall disassembling and softening in strawberry.