

## RESUMEN

---

Las especies silvestres de tomate contienen una gran cantidad de variabilidad genética que no está siendo aprovechada por los mejoradores debido a las dificultades de trabajar con cruzamientos interespecíficos. Una de las estrategias adecuadas para el manejo de variabilidad silvestre en cultivares modernos es el desarrollo de líneas de introgresión (ILs) que contengan una única introgresión de un genotipo silvestre o exótico en el fondo genético de un cultivar élite. El desarrollo de estas líneas es un trabajo tedioso, lo que explica que el número de colecciones de ILs disponibles sea limitado. En esta tesis se describe el desarrollo de una genoteca de ILs que incorpora la variabilidad genética de la accesión TO-937 de *Solanum pimpinellifolium* (especie silvestre) en el fondo genético del cultivar "Moneymaker" de *Solanum lycopersicum* (parental recurrente). Para aumentar la eficiencia en el desarrollo de la genoteca de ILs se incluyeron varias rondas de genotipado masivo de alto rendimiento en etapas tempranas del plan de mejora que permitió una selección adecuada de las plantas en cada generación teniendo en cuenta: la composición del genoma del parental donante y recurrente, el número de introgresiones y una cobertura del parental donante adecuada. Esto aumentó la eficiencia del proceso, permitiendo reducir el número de generaciones necesarias para obtener la genoteca completa de ILs. La población final, compuesta por 53 ILs, fue caracterizada con una micromatriz de 8 K SNPs desarrollada por la iniciativa SOLCAPs. Así, la genoteca de ILs tiene cobertura del 94% del parental donante (debido a la pérdida de dos regiones proximales en el cromosoma 1 y 8), cada IL contiene una introgresión homocigota del parental donante con un tamaño promedio de 25 Mb (rango 0.7 – 75Mb), algunas ILs tienen introgresiones adicionales (con un promedio de 0.7 introgresiones extras por IL) en general de tamaño pequeño (rango 0.1 – 60 Mb), localizándose las de mayor tamaño en regiones centroméricas. La resolución genética de la genoteca viene definida por 71 bins con un tamaño promedio de 10 Mb (rango 0.9 – 65 Mb).

Durante el proceso de desarrollo de la genoteca se identificó una región en el cromosoma 4 que mostraba segregación distorsionada en las generaciones intermedias favoreciendo los alelos de TO-937 en detrimento de los alelos de "Moneymaker". Dado el tipo de segregación observada y su localización cromosómica, esta distorsión debe ser producida por el locus "Gamete Eliminator (*Ge*), descrito previamente en *S. pimpinellifolium*. Por medio de un mapeo fino se logró acotar la región a 84 Kb, en esta región se encuentran anotados 10 genes

(algunos con función desconocida) y un retrotransposon. Estos resultados nos facilitará el poder determinar en un futuro el gen o genes responsables de la distorsión.

La genoteca de ILs fue caracterizada agrónomicamente en tres localidades (Alginet, Orihuela y Málaga) para caracteres relacionados con desarrollo de la planta y, fundamentalmente, calidad de fruto. Se definieron un total de 75 Quantitative Trait Loci (QTLs) con efectos consistentes en al menos dos localidades, de los cuales 8 QTLs correspondieron a caracteres descriptivos (precocidad, vigor, frutos con hombros verdes, pilosidad en tallo y hojas, estructura del dosel y coloración violácea en tallos y ramas) y 67 QTLs a caracteres relacionados con calidad de fruto: caracteres relacionados con las dimensiones de fruto, forma de fruto, caracteres organolépticos, color externo e interno del fruto. El efecto de la mayoría de QTLs definidos estuvo en concordancia con lo esperado según el fenotipo del parental donante, sin embargo, se encontraron alelos en TO-937 que presentaron segregación transgresiva en caracteres de peso del fruto, forma, grados brix y color. Adicionalmente se demostró la existencia de variabilidad genética novedosa en TO-937 al definirse 15 QTLs de interés, que no habían sido descritos antes en otras poblaciones desarrolladas a partir de otras entradas de *S. pimpinellifolium* o incluso de otras especies. Estos resultados demuestran que la genoteca desarrollada en esta tesis es una poderosa herramienta para el estudio de diversos aspectos de la biología del tomate y también para su utilización en planes de mejora.