

## RESUMEN

Actualmente, hay un progresivo interés por una dieta equilibrada y saludable, rica en frutas y verduras con un efecto positivo en la salud y, particularmente, con alto contenido en antioxidantes. Paralelamente existe una demanda, por parte del consumidor, de fruta de alta calidad que tenga un sabor equilibrado y que recuerde a las variedades tradicionales. Todo ello ha propiciado que los programas de mejora genética también tengan como objetivo la mejora de la calidad de la fruta, tanto en propiedades fisicoquímicas del fruto como de su perfil nutricional. Desde este punto de vista, el albaricoque es un fruto muy completo ya que es una fuente extraordinaria de fibra, vitaminas, compuestos fenólicos y ácidos orgánicos. Sus propiedades hacen posible su consumo tanto en fresco o como procesado, lo que es aprovechado por las industrias agroalimentaria, farmacéutica y cosmética para la elaboración de una amplia variedad de productos.

En el Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA) se está llevando a cabo un programa de mejora para la obtención de nuevas variedades de albaricoquero que, además de solucionar factores que afectan directamente a la producción, como son la autocompatibilidad o resistencia a Sharka, también tiene por objetivo la mejora de la calidad de la fruta. Como primer paso en todo programa de mejora, en este trabajo se han identificado fuentes de variación entre la colección de accesiones del banco de germoplasma del IVIA, quedando detallada la composición del perfil para los principales azúcares, ácidos orgánicos, compuestos fenólicos y de vitamina C. Además, se ha identificado una mayor concentración de compuestos en la piel del fruto que en su pulpa, lo que hace de este tejido una fuente de compuestos de interés para la industria.

Por otro lado, para un mejor conocimiento del control genético del metabolismo de azúcares, se estudió la expresión de los genes clave implicados en esta ruta (*SUS*, *SPS* y *FK*), relacionados con QTLs previamente descritos en materia de sólidos solubles. Además, también se reforzó el estudio con el correspondiente análisis filogenético entre diferentes especies, observándose el grado de conservación entre las mismas y confirmándose el alto grado de sintenia en el género *Prunus*.

Con relación a los compuestos fenólicos, se ha analizado la expresión de genes implicados en puntos críticos de la ruta metabólica (*DRF*, *PAL* y *FLS*). Nuestros resultados revelaron que las variedades más rojizas se asocian a una mayor expresión de *ParDFR* y *ParPAL2*, así como también que las diferencias de expresión entre parálogos podría deberse a la presencia de un *BOXCOREDLPAL*, relacionado también con los genes implicados en la síntesis de antocianinas (*ParDFR*, *ParFLS2* y *ParPAL2*). Paralelamente, también se estudió el efecto genético que ejerce sobre su descendencia la variedad 'Goldrich', uno de los principales genitores empleados en el programa de mejora para la introgresión de la resistencia a Sharka, concluyendo que favorece la concentración de neoclorogénico y clorogénico, así como en la expresión génica de *ParPAL1*.