

## **RESUMEN**

*Citrus* es el género de la subfamilia Aurantioideae de mayor importancia económica. Su origen es la región sureste de Asia, en un área que incluye China, India y la península de Indochina y los archipiélagos de los alrededores. Aunque se han realizado múltiples estudios, la taxonomía del género *Citrus* aun no está bien definida, debido al alto nivel de diversidad morfológica encontrado en este grupo, la compatibilidad sexual entre sus especies y la apomixis de muchos genotipos. En la presente tesis doctoral se ha estudiado una amplia diversidad del género *Citrus*, especies relacionadas y otros taxones de la subfamilia Aurantioideae, para poder aclarar su organización y filogenia mediante el empleo de diferentes tipos de marcadores moleculares y métodos de genotipado. Más concretamente, el germoplasma de mandarina juega un papel muy importante en la mejora de variedades y patrones, pero su organización genética no está bien definida. Por lo tanto, se ha realizado un análisis en profundidad de su diversidad y organización genética.

El desarrollo de marcadores moleculares de Inserción-Delección (indel), por primera vez en cítricos, ha permitido demostrar su utilidad para estudios de diversidad y filogenia en el género *Citrus*. En combinación con los marcadores de tipo microsatélite (SSR), se ha cuantificado la contribución de los tres principales taxones de cítricos (*C. reticulata*, *C. maxima* and *C. medica*) a los genomas de las especies secundarias y cultivares modernos. También se ha definido su estructura genética a partir de los datos obtenidos en la secuenciación de 27 fragmentos de genes nucleares relacionados con la biosíntesis de compuestos que determinan la calidad de los cítricos y genes relacionados con la respuesta de la planta a estreses abióticos. El análisis de la filogenia nuclear ha permitido determinar la relación existente entre la especie *C. reticulata* y *Fortunella*, que se diferencian claramente del grupo formado por las otras dos principales especies de cítricos (*C. maxima* y *C. medica*). Este resultado está en concordancia con el origen geográfico de las especies estudiadas. A partir de este estudio, se han desarrollado marcadores moleculares de tipo SNP con un alto valor filogenético, que han sido transferidos a géneros relacionados de los cítricos. Estos marcadores han dado un resultado muy positivo en el género *Citrus* y serán de gran utilidad para el establecimiento de la huella genética del germoplasma en un nivel de diversidad más amplio.

Se ha estudiado la organización genética dentro del germoplasma mandarina (198 genotipos de tipo mandarina pertenecientes a dos colecciones, INRA-CIRAD e IVIA), así como la introgresión de otros genomas mediante el uso de 50 y 24 marcadores de tipo SSR y indel, respectivamente, además de cuatro marcadores InDel mitocondrial (ADNmt). Se ha observado que muchos genotipos, que se creía que eran mandarinos puros, presentan introgresión de otros genomas ancestrales. Dentro del germoplasma de mandarina, se han identificado a nivel nuclear cinco grupos parentales, a partir de los cuales se originaron muchos genotipos, dando lugar a estructuras híbridas complejas. Se ha observado incluso, genotipos con un origen maternal no mandarina, determinado por los marcadores de ADNmt.

La presente tesis doctoral ha aportado nueva información sobre las relaciones filogenéticas entre las especies del género *Citrus*, géneros cercanos, así como de las especies secundarias. Además, se han desarrollado nuevos marcadores moleculares que se complementan entre sí. Se ha establecido una nueva organización genética del germoplasma mandarina y se han caracterizado adecuadamente las dos colecciones de cítricos en estudio. Por lo tanto, todas estas contribuciones, ayudarán a los programas de mejora para la obtención de nuevas variedades de cítricos de alta calidad y permitirán optimizar la conservación y uso de los recursos genéticos existentes, así como su caracterización genética y fenotípica.