RESUMEN TESIS – JPFM

Hasta hace unos pocos años la mejora genética del cultivo del tomate (*Solanum lycopersicum*) había estado centrada principalmente en la mejora de los caracteres agronómicos, de la producción y rendimiento del cultivo y de la resistencia a estreses, tanto bióticos como abióticos. El interés en la mejora de la calidad es relativamente reciente. El carácter *calidad* es un carácter muy complejo cuyo abordaje además esta dificultado por la gran variabilidad existente en los criterios de selección y mejora, la falta de una metodología de análisis consensuada, la falta de conocimiento sobre su control genético y su relación negativa con otros atributos agrícolas de interés. La superficie del fruto del tomate es tanto un carácter agronómico como de calidad. En ella reside el color, la resistencia/sensibilidad a roturas o a la pérdida de agua. Estos factores determinan el aspecto del fruto y condicionan aspectos relacionados con su manipulación (transporte y procesado). La superficie de fruto está constituida por una epidermis recubierta por una capa lipídica, continua, sin estomas y fácilmente aislable denominada *cutícula*. La cutícula se deposita sobre la pared celular de las células epidérmicas y es la primera barrera que interacciona con el ambiente. Está constituida por diversos tipos de metabolitos especializados entre ellos las ceras cuticulares, los monómeros de cutina, esteroles, triterpenoides y flavonoides. Estos metabolitos contribuyen a la correcta funcionalidad de la cutícula. Así pues, la compresión de la biosíntesis y regulación génica, así como el desarrollo de metodologías de análisis sencillas y rápidas para el estudio de estos metabolitos especializados en grandes poblaciones (colecciones de mutantes, líneas de introgresión, etc.) en la búsqueda de variabilidad genética, son objetivos deseables en los programas de mejora de la calidad. Esta tesis aporta: [1] un protocolo universal para el estudio de ceras cuticulares en diferentes especies cultivadas (como tomate, manzana o trigo) y en diferentes órganos (hojas y frutos carnosos), así como de gran rapidez, para su empleo en estudio de grandes poblaciones; [2] el primer estudio de QTLs hecho en fruto de tomate en la población de líneas de introgresión de *Solanum pennellii* para ceras cuticulares y monómeros de cutina. Además, se proponen siete QTLs relacionados con estos metabolitos especializados y diez genes candidatos en la regulación de los fenotipos observados; [3] una metodología de estudio de funciones génicas mediante la herramienta de silenciamiento génico inducido por virus en fruto de tomate (Fruit-VIGS). Esta herramienta se aplicó con éxito en la determinación de la función génica de dos factores transcripcionales involucrados en la regulación del metabolismo especializado de flavonoides y de volátiles; y [4] la caracterización genética, transcriptómica y metabolómica de dos nuevos mutantes de fruto rosado pertenecientes a la población de mutantes de EMS del cultivar MicroTom. De este análisis se identificó un nuevo alelo hipomorfo para el factor de transcripción clave en la regulación de la biosíntesis de flavonoides y sus derivados glicosilados. Con ello, contribuimos a los estudios de mejora de la calidad del fruto tomate con el desarrollo de metodologías fácilmente aplicables para el estudio de caracteres de calidad como es el metabolismo especializado, así como con la propuesta de nuevos genes candidatos involucrados en el control genético de dichos caracteres.