

# Resumen

---

La tasa de cuajado es un factor determinante en la producción de un cultivar. Este proceso, regulado en gran medida por señales hormonales, representa la primera etapa del desarrollo de un fruto y depende del éxito de la polinización y de la fecundación. A pesar de su importancia agronómica, los mecanismos moleculares que regulan el proceso del cuajado del fruto son aún desconocidos. La identificación y caracterización de mutantes afectados en la tasa de cuajado es una de las mejores estrategias para lograr este propósito.

En este trabajo de investigación hemos abordado la caracterización de tres mutantes insercionales de tomate afectados en la tasa de cuajado de fruto. Dos de estos mutantes, *Lower fruit setting 2084* y *2448* (*Lfs2084* y *Lfs2448*), identificados en el contexto de esta Tesis Doctoral, exhiben menor tasa de cuajado de fruto y presentan un patrón de herencia autosómica dominante. La caracterización de ambas mutaciones ha permitido descubrir que están asociadas a un fenómeno de letalidad del gameto masculino.

La mutación *Lfs2084* promueve la degeneración de los granos de polen que portan el inserto, pero también afecta al desarrollo reproductivo del ovario, lo que reduce de forma dramática la tasa de cuajado de fruto. El análisis del contenido endógeno de hormonas de este mutante parece indicar una alteración de la ruta del 2C-metil-Deritrol 4-fosfato (MEP), responsable de la síntesis de fitohormonas, pigmentos fotosintéticos y moléculas de defensa. Los menores contenidos de GA<sub>1</sub> en *Lfs2084*, la giberelina activa más importante en el inicio del desarrollo del fruto de tomate, podrían estar asociados con una mayor actividad del enzima catabólico SIGA2ox2. Estos resultados, junto con los cambios en los perfiles de expresión de *SIARF7* y *TAG1*, son coherentes con el fenotipo de menor tasa de cuajado observado en el mutante.

La mutación *Lfs2448* también promueve la degeneración de los granos de polen portadores del inserto, reduciendo en gran medida la cantidad de tubos polínicos que progresan a lo largo del estilo durante el proceso de polinización. Su caracterización molecular ha indicado que el fenotipo de *Lfs2448* podría estar ocasionado por la alteración de la función de uno o dos genes que codifican

proteínas CYP450 y que se expresan mayoritariamente en botones florales y frutos de 1 cm. Los resultados sugieren que la mutación desempeña un relevante papel en el desarrollo reproductivo de tomate, afectando al proceso de polinización y al cuajado de fruto.

Además, la caracterización del mutante *Arlequín (Alq)* ha revelado alteraciones en su programa de desarrollo vegetativo y reproductivo. Respecto al desarrollo vegetativo, *Alq* promueve un patrón de crecimiento más vigoroso que el que exhiben las líneas hermanas que carecen de la mutación, así como cambios en la configuración espacial del desarrollo radicular. Con relación al desarrollo reproductivo, *Alq* conduce a un mayor cuajado de fruto como consecuencia de eventos de división celular en el pericarpio del ovario previos al proceso de polinización. Un aspecto esencial desde un punto de vista agronómico es que la mayor tasa de cuajado permite que *Alq* mantenga la producción de fruto en condiciones de moderada salinidad.