

RESUMEN

El melón (*Cucumis melo* L.) es actualmente uno de los cultivos con mayor importancia económica en el mundo. La amplia variabilidad genética intraespecífica que presenta permite el estudio para su explotación del control genético de un amplio abanico de caracteres tanto agronómicos como de calidad del fruto. En los últimos años se han desarrollado un gran número de marcadores moleculares y de herramientas genómicas en melón, que facilitan el desarrollo de nuevas poblaciones de mejora. Las líneas de introgresión (ILs) son un conjunto de líneas que contienen un fragmento cromosómico de un parental donante, normalmente exótico, en un fondo genético común normalmente de una variedad de élite. Estas colecciones son apropiadas para el estudio de caracteres cuantitativos y, sobre todo, para la introducción de alelos exóticos favorables en cultivares comerciales. En la presente tesis doctoral se describe el desarrollo de una colección de ILs empleando la entrada japonesa 'Ginsen makuwa', como parental donante y el cultivar francés 'Vedrantais' como parental recurrente. Los sucesivos genotipados en generaciones tempranas mediante la plataforma Agena Bioscience y *High Resolution Melting*, han mejorado la eficiencia en el proceso de obtención de las ILs (cinco generaciones). Esta colección incluye 27 ILs, que posteriormente se han caracterizado mediante un genotipado de alta densidad (*Genotyping by Sequencing*). Éstas presentan un promedio de 2,7 introgresiones/IL con un 94% de recuperación del fondo genético 'Vedrantais', representando un 96,8% del genoma donante. El análisis de los datos de fenotipado en tres ambientes y el genotipado dio lugar a la detección de 86 QTLs (*Quantitative Trait Loci*), de los que 74 fueron estables en al menos dos ambientes. De éstos, 3 QTLs están relacionados con aspectos de floración, 4 con la precocidad de maduración del fruto, 33 con aspectos morfológicos (forma del fruto, reticulado y espesor de la corteza), 12 con el proceso de maduración (presencia de aroma, capa de abscisión, firmeza de la pulpa), 16 con el color de la pulpa, 5 con el color interno de la corteza y 1 con el contenido en sólidos solubles. Algunos de los QTLs descritos en esta tesis han sido identificados en trabajos previos, lo que da solidez a las regiones detectadas, otros, en cambio, resultan novedosos y, por tanto, muy interesantes, pues constituyen un recurso muy valioso tanto para la búsqueda de genes candidatos como para el empleo de estos alelos en programas de mejora.

De entre las ILs más prometedoras, destaca MAK_10-1 por presentar un bloqueo del climaterio, lo cual se traduce en una mayor vida postcosecha, característica muy buscada en el mercado internacional. Los efectos de la introgresión en el cromosoma 10 son la ausencia de aroma externo y la mayor firmeza de la pulpa, además del mayor contenido de sólidos solubles en pulpa. Además, se han localizado varios genes candidatos involucrados en la regulación transcripcional y de señalización de etileno durante la maduración del fruto. Por otro lado, se describen otras líneas potencialmente interesantes, así como genes candidatos, para proporcionar diversidad de tamaños, formas, color de la pulpa y perfil aromático al mercado de tipos cantalupo. Respecto al perfil de compuestos volátiles (VOCs) analizado en las ILs, se encontró que las introgresiones Makuwa en general disminuyeron el contenido en compuestos aromáticos. A pesar del efecto ambiental notable, se pudieron asociar ciertas regiones genómicas a ciertos perfiles de VOCs, identificando a su vez algunos genes candidatos involucrados en diferentes rutas de biosíntesis de aromas. La dificultad de recuperar ciertos perfiles aromáticos en los programas de mejora se pone de manifiesto por el elevado número de regiones y genes implicados, así como por efectos pleiotrópicos que afectan a la producción de aromas y que se describen en esta tesis como el bloqueo del climaterio o la coloración de la pulpa por presencia de carotenos.