

RESUMEN

De todas las enfermedades virales que afectan al tomate cultivado, la enfermedad del rizado amarillo del tomate (Tomato yellow leaf curl disease, TYLCD) es una de las más devastadoras. En la presente tesis, la resistencia derivada de *S. chilense* y *S. peruvianum* ha sido utilizada en mejora para la resistencia a esta enfermedad. En un estudio anterior, se desarrollaron líneas de mejora resistentes a TYLCD derivadas de las entradas de *S. chilense* LA1932, LA1960 y LA1971. Por tanto, el primer objetivo de esta tesis fue estudiar el control genético de la resistencia derivada de dichas entradas. Con este propósito, se evaluó la respuesta a la infección viral en generaciones segregantes derivadas de las líneas de mejora anteriormente citadas. Los resultados obtenidos fueron compatibles con un control monogénico y casi completamente dominante de la resistencia. Esto tiene importantes implicaciones en mejora, ya que la resistencia se utilizará principalmente para el desarrollo de híbridos.

El segundo objetivo fue mapear los loci asociados con los genes mayores de resistencia identificados. El análisis de los individuos recombinantes permitió localizar los loci responsables de la resistencia en el cromosoma 6, en un intervalo que incluye la región *Ty-1/Ty-3*. Posteriormente se llevó a cabo el mapeo con mayor precisión de los loci, lo que permitió acortar la región de la resistencia a un intervalo de aproximadamente 950 kb, el cual se solapa con la región *Ty-1/Ty-3*. Por tanto, los resultados obtenidos indican que la resistencia a TYLCV en varias entradas de *S. chilense* está gobernada por genes estrechamente ligados o alelos del mismo gen.

El tercer objetivo de esta tesis fue el inicio de la construcción de un conjunto de líneas de introgresión (ILs) derivadas de la entrada de *S. peruvianum* PI 126944 en el fondo genético del tomate cultivado. El material vegetal inicial consistió en varias generaciones segregantes derivadas de dos híbridos interespecíficos obtenidos previamente por nuestro grupo. Debido a la incompatibilidad sexual existente entre el tomate y PI 126944 fue necesario el rescate de embriones para la obtención de dichas generaciones. Los materiales disponibles fueron genotipados con marcadores polimórficos entre ambas especies para determinar qué alelos de *S. peruvianum* habían sido ya introgresados. Se observó una reducción en el genoma de *S. peruvianum* en las generaciones más avanzadas, lo cual se asoció a la pérdida de incompatibilidad en algunos casos. El genoma de *S. peruvianum* estuvo casi totalmente representado entre las distintas plantas de las generaciones más avanzadas. Una vez que esta colección de ILs sea desarrollada, representará una poderosa herramienta para explotar la resistencia a diferentes patógenos encontrada en esta particular entrada además de otros posibles caracteres de interés.

En conclusión, hemos profundizado en la utilización de dos especies silvestres con demostrada resistencia a TYLCD y a otros patógenos, *S. chilense* y *S. peruvianum*, identificando y mapeando de forma precisa nuevos genes de resistencia.