

Resumen

Las cucurbitáceas son la segunda familia de hortalizas más importante a nivel mundial, solo por detrás de las solanáceas. Tradicionalmente su cultivo se ha llevado a cabo en las zonas templadas del planeta. Sin embargo, las condiciones de cambio climático, el comercio internacional y los modelos de agricultura intensiva favorecen la aparición de nuevas virosis y enfermedades fúngicas en zonas donde antes no estaban presentes. En este sentido, resulta esencial el monitoreo periódico de las principales zonas productoras, para así poder detectar los virus y hongos emergentes en cada territorio y adaptar los programas de mejora a los objetivos específicos de cada zona. En el caso concreto del melón (*Cucumis melo*) existe una gran variabilidad intraespecífica que puede servir como fuente de alelos de resistencia frente a estos patógenos. Sin embargo, las fuentes de resistencia suelen encontrarse dentro del germoplasma silvestre, normalmente originario de África o Asia, y en el que el nivel de domesticación es reducido. Para un mejor aprovechamiento de las accesiones resistentes, resulta necesario un estudio del control genético de los caracteres de interés, que permita localizar las regiones asociadas a la resistencia y diseñar marcadores moleculares asociadas a las mismas. Esto facilita los programas de mejora orientados a la introgresión de las resistencias manteniendo el fondo genético de las variedades de interés. En la presente tesis doctoral, durante las campañas de verano de 2019 y 2020, se ha llevado a cabo un estudio de la incidencia y diversidad genética de 9 especies virales potencialmente limitantes para el cultivo de cucurbitáceas en el sur este español. Se ha podido observar que los virus transmitidos por pulgones son prevalentes frente a los transmitidos por mosca blanca. Dentro del primer grupo destacó la presencia de watermelon mosaic virus (WMV), cucurbit aphid borne yellows virus (CABYV) y cucumber mosaic virus (CMV), ya que fueron detectados en todas las zonas y cultivos estudiados, apareciendo frecuentemente en infecciones mixtas. Moroccan watermelon mosaic virus (MWMV) y tomato leaf curl New Delhi virus (ToLCNDV) también fueron detectados en algunas zonas, pero con porcentajes de infección más bajos y normalmente en infecciones mixtas con WMV. Los análisis filogenéticos de los distintos aislados encontrados ha permitido la identificación de 7 nuevos perfiles moleculares de WMV y de aislados recombinantes de CMV, lo que es consistente con los resultados obtenidos en otros países y pone de manifiesto la gran variabilidad de estos patógenos. Las accesiones silvestres de melón recogidas en distintos bancos de germoplasma son un valioso recurso para los programas de mejora genética frente a estreses bióticos. La accesión africana TGR-1551 ha sido descrita previamente como resistente a WMV, CYSDV (cucurbit yellow stunting disorder virus), CABYV y el hongo *Podosphaera xanthii* (Px, razas 1, 2 y 5) agente causal del oídio en melón. Además, es tolerante a la mosca blanca (*Bemisia tabaci*) y portadora del gen *Vat* (*virus aphid transmission*), el cual limita la transmisión de virus por pulgón. Por lo tanto, esta accesión constituye una buena fuente de alelos de resistencia y, al poder utilizar un único parental donante, su uso acortaría los programas de mejora. En el marco de la presente tesis doctoral, mediante el desarrollo de poblaciones segregantes de mapeo y el aprovechamiento de las tecnologías de genotipado masivo se han podido cartografiar los QTLs asociados a la resistencia a CYSDV derivados de esta entrada. En el caso de la resistencia a CYSDV, se han detectado dos QTL en el cromosoma 5. El primero de ellos es de efecto mayor y herencia dominante, estando asociado al desarrollo de síntomas. El segundo QTL, de efecto menor y también de herencia dominante, no confiere resistencia por sí mismo y está asociado a la carga viral durante la infección. Siguiendo una estrategia similar se han podido cartografiar y estrechar los QTLs de resistencia frente a Px. En este caso se trata de una epistasia dominante-recesiva, en la que el gen recesivo está localizado en el cromosoma 12 y el dominante en el cromosoma 5, concretamente en la misma región en la que se localiza el QTL mayor de resistencia a CYSDV. Con

relación a la resistencia frente a WMV, estudios previos realizados por el grupo de investigación mostraban que la misma estaba controlada por un gen recesivo en el cromosoma 11 y un QTL menor con efectos modificadores en el cromosoma 5. Con el fin de profundizar en el conocimiento de los mecanismos moleculares que dan lugar a la resistencia se ha llevado a cabo un análisis transcriptómico mediante RNA-seq. En este ensayo se ha comparado la respuesta diferencial de una línea con resistencia derivada de TGR-1551 y una susceptible frente a la infección con WMV. Los resultados mostraron un alto grado de remodelación transcriptómica en la línea resistente, activándose distintos mecanismos asociados con las rutas de defensa frente a patógenos, lo cual contrasta con el carácter recesivo de la resistencia. Por otra parte, la expresión diferencial de los genes localizados dentro de los QTLs previamente descritos ha permitido identificar el gen MELO3C021395, el cual codifica la subunidad 33A del mediador de la transcripción de la RNA polimerasa II (MED33A), como el gen candidato responsable de la resistencia frente al virus. Estos resultados han permitido el desarrollo de marcadores moleculares estrechamente ligados a la resistencia frente a WMV, CYSDV y *Px*, los cuales han sido utilizados para desarrollar un programa de mejora genética para la introgresión de las tres resistencias en fondos genéticos comerciales. Mediante un programa de retrocruces, la selección asistida por marcadores y los análisis metabolómicos, se han obtenido líneas de pre-mejora de melón amarillo resistentes a los tres patógenos, pero altamente similares al parental recurrente. Actualmente se continúa avanzando en un programa similar para la mejora del melón tipo piel de sapo.