

# DETECCIÓN DE QTL ASOCIADOS A LA RESISTENCIA AL VIRUS DEL ENANISMO AMARILLO DE LAS CUCURBITÁCEAS EN LA LÍNEA DE MELÓN TGR-1551

F. J. Palomares-Ríos<sup>1</sup>, A. Garcés-Claver<sup>2</sup> y M. L. Gómez-Guillamón<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Mejora Genética y Biotecnología. IHSM-La Mayora, UMA-CSIC, Cmno. La Mayora s/n. 29750-Algarrobo, Málaga. E-mail: guillamon@eelm.csic.es

<sup>2</sup>Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón. Departamento de Hortofruticultura. Instituto Agroalimentario de Aragón - IA2 (CITA-Universidad de Zaragoza), 50059- Zaragoza

## RESUMEN

La línea de melón TGR-1551 procedente de Zimbabwe tiene una alta resistencia al *Virus del enanismo amarillo de las cucurbitáceas* (CSYDV). A partir de un cruce original entre TGR-1551 y el cultivar español 'Bola de Oro' se ha obtenido una población RIL ( $F_2/F_3$ ) en la que se ha evaluado la resistencia a dicho virus. Se han realizado cuatro repeticiones, Primavera 1 (inoculación con caja pinza), Primavera 2 (inoculación por infestación masiva con mosca virulenta durante 72 horas), Primavera 3 (inoculación con caja pinza) y verano (inoculación por infestación masiva con mosca virulenta durante todo el experimento), en las que se han evaluado los síntomas de la enfermedad; en la de verano se ha realizado además una valoración de la presencia del virus en la planta mediante RT-PCR a las cuatro semanas de realizada la infestación. En este trabajo se presentan los datos preliminares sobre la identificación de QTLs relacionados con dicha resistencia utilizando para ello un mapa de SNPs generado por GBS a partir de 125 RILs de este cruce.

**Palabras clave:** *Cucumis melo*, SNP, RT-PCR, virus

## INTRODUCCIÓN

El *Virus del enanismo amarillo de las cucurbitáceas* (CSYDV) reduce seriamente la calidad del fruto y la producción de los cultivos de melón (*Cucumis melo* L.) en la mayoría de las áreas donde se cultiva esta especie. Este virus es transmitido eficientemente por la mosca blanca *Bemisia tabaci*. Hasta ahora se han descrito dos líneas que muestran una resistencia/tolerancia frente al CYSDV, de carácter recesivo, la línea india, PI 313970 (McCreight y Wintermartel, 2011) y la línea TGR-1551 procedente de Zimbabwe (López-Sesé y Gómez-Guillamón, 2000, McCreight et al, 2016). A partir de un cruce original entre TGR-1551 y el cultivar español 'Bola de oro' se ha obtenido una población RIL ( $F_2/F_3$ ) en la que se ha evaluado la resistencia a este virus. En este trabajo se presentan los datos preliminares sobre la identificación de QTLs relacionados con dicha resistencia utilizando para ello un mapa genético de SNPs generado a partir de 125 RILs de este cruce.

## MATERIAL Y MÉTODOS

Se analizó una población de 125 RILs ( $F_2/F_3$ ) procedente del cruce entre TGR-1551 y 'Bola de oro', los parentales y su F1 para la elaboración de un mapa genético integrado por marcadores SNP. Se han realizado cuatro evaluaciones, en cuatro años consecutivos: Primavera 1, Primavera 2, Primavera 3 y Verano. En Primavera 1 la inoculación del virus se realizó con cajitas pinza y las plantas se mantuvieron en macetas hasta 4 semanas dpi, cuando se tomaron los síntomas, considerando una escala de 0 a 9. En Primavera 2 se hizo una infestación masiva de las plantas con mosca portadora de CYSDV durante 72 horas y las plantas se llevaron a invernadero tras la eliminación de la mosca; los síntomas se evaluaron a las 4 semanas dpi según una escala de 0 a 9. En Primavera 3 el virus se inoculó haciendo uso de cajitas pinza y una vez inoculadas se llevaron a invernadero donde se evaluó la presencia y ausencia de síntomas a las 5 semanas dpi considerando una escala de 0 a 5. En Verano las plantas se inocularon en invernadero con infestación masiva, se tomaron síntomas semanales mediante una escala de 0 a 5 durante 5 semanas dpi; en este caso se tomaron además muestras, la tercera hoja desde el ápice, de todas las plantas a las 4 semanas dpi para analizar la presencia y contenido del virus en la planta mediante RT-PCR. La localización de las regiones asociadas a los QTL se realizó con el programa WinQTLCart 2,5 (Voorrips, 2002) mediante un análisis CIM (compositive interval mapping) usando un intervalo de 10 cM. El umbral para considerar significativo un QTL se determinó mediante un análisis de 1000 permutaciones ( $p=0,05$ ).

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Las respuestas de la población RIL frente a las distintas infecciones de CYSDV mostraron una distribución normal para la evaluación de Primavera 2 y para la de toma de síntomas en Verano. Para el resto de evaluaciones se transformaron los datos para que su distribución fuera normal. Los distintos fenotipados junto con el mapa genético integrado por 1593 marcadores SNPs fueron utilizados para la identificación de los QTL. Se localizaron dos QTLs contiguos en el grupo de ligamiento V que parecen relacionados con la resistencia de TGR-1551 al CYSDV. Uno de ellos está asociado a la presencia/ ausencia de síntomas, ya que está presente en todas las evaluaciones de sintomatología explicando del 28.5 al 61.7% de la varianza fenotípica observada para el carácter. El segundo QTL se detectó en Verano y está relacionado con el contenido en virus en la planta, llegando a explicar el 35,6% de la varianza fenotípica observada. Podrían existir dos zonas en el genoma relacionadas, una responsable de la multiplicación o no del virus en la planta y otra asociada a la sintomatología de la enfermedad y que podría estar relacionada con la capacidad del virus de dispersarse en la planta y ocasionar los síntomas típicos de amarilleo.

## AGRADECIMIENTOS

Este trabajo se ha realizado con financiación parcial del proyecto AGL2014-53398-C2-1-R. La empresa Rijk Zwaan ha realizado los análisis de RT-PCR.

## REFERENCIAS

- López-Sesé, A.I. and Gómez-Guillamón, M.L. 2000. Resistance to *Cucurbit Yellowing Stunting Disorder Virus* (CYSDV) in *Cucumis melo* L. HortScience, 35: 110-113.
- McCreight, J.D. and Wintermantel, W.M. 2011. Genetic Resistance in Melon PI 313970 to *Cucurbit yellow stunting disorder virus*. HortScience, 46: 1582-1587.
- McCreight, J.D., Wintermantel, W.M., Natwick, E.T., Sinclair, J.W., Crosby K.M. and Gómez-Guillamón, M.L. 2016. Recessive resistance to *Cucurbit yellow stunting disorder virus* in melón. V International Symposium of the ISHS on Cucurbits. Cartagena, Spain. Acta Horticulturae (*en prensa*).
- Voonrips, R.E. 2002. MapChart software for the graphical presentation of linkage maps and QTLs. J Hered 93: 77-78.