

TESIS DOCTORAL

TÍTULO DE LA TESIS DOCTORAL

“Variabilidad del virus del mosaico verde jaspeado del pepino (CGMMV) y su implicación en la resistencia en pepino (*Cucumis sativus*)”. Tesis Doctoral obtenida en la Universidad de Murcia, desarrollada en el Centro de Edafología y Biología Aplicada del Segura (CEBAS-CSIC).

DOCTORANDA: Esperanza Gea Caballero

PROGRAMA DE DOCTORADO: Biología Vegetal dentro de la Escuela Internacional de Doctorado de la Universidad de Murcia (EIDUM).

DIRECTORES: Miguel Ángel Aranda Regules (CEBAS-CSIC).

CENTRO DE TRABAJO Y FINANCIACION: Esta tesis doctoral se realizó en los laboratorios del Centro de Edafología y Biología Aplicada del Segura. La investigación descrita en esta tesis fue financiada por el proyecto RTC2019-007376-2, TIGRE: Tecnologías de última generación para la identificación, caracterización e introgresión de nuevas resistencias a virus en pepino (CEBAS-CSIC), y por el contrato *Susceptibility to cucumber green mottle mosaic virus (CGMMV) in cucurbit breeding lines*, desarrollado en colaboración entre Syngenta España S.A. y CEBAS-CSIC.

FECHA Y LUGAR DE LECTURA: 27 de febrero de 2026. Salón de actos del Centro de edafología y Biología Aplicada del Segura (CEBAS-CSIC).

COMPOSICIÓN DEL TRIBUNAL: María Ángeles Ayllón Talavera (Presidente), Cristina Alcaide Cabello (Secretaria) y Ana Montserrat Martín Hernández (Vocal).

CALIFICACIÓN: Sobresaliente *cum laude*.

RESUMEN:

El cultivo de pepino tiene una gran relevancia económica tanto a nivel nacional como internacional. Entre los factores que limitan su productividad destacan las enfermedades causadas por virus. El virus del mosaico verde jaspeado del pepino (cucumber green mottle mosaic virus, CGMMV) (especie *Tobamovirus viridimaculae*) causa una enfermedad que afecta a los cultivos de pepino en todo el mundo y provoca importantes pérdidas económicas.

Para estudiar la variabilidad de CGMMV en el sureste de España, se obtuvieron secuencias genómicas parciales de aislados obtenidos entre 2017 y 2020 en cultivos de pepino de Murcia y Granada. Un análisis filogenético mostró el agrupamiento de secuencias en dos grandes grupos: aislados de CGMMV de tipo asiático (AS) y europeo (EU). Los aislados de ambos grupos coexistieron en la misma zona, cultivo e incluso plantas. Se observó una mayor proporción de aislados de tipo AS en Granada mientras que, en Mazarrón (Murcia), se detectó un cambio en la frecuencia de tipo en función de la estación, lo que sugiere una influencia de las condiciones ambientales.

Para evaluar el impacto de las condiciones ambientales en la infección por CGMMV, se obtuvieron dos clones infectivos representativos de cada tipo y se analizó su acumulación y la expresión de síntomas en plantas de dos genotipos de pepino (resistente y susceptible) en condiciones tanto estivales como invernales. Se detectó una interacción antagónica *in planta* entre el tipo EU y el tipo AS, en la cual la acumulación del tipo EU disminuyó significativamente durante la infección mixta. Las plantas inoculadas con el tipo EU presentaron síntomas variables en función del genotipo, mientras que la infección con el tipo AS indujo síntomas acusados en plantas de todos los genotipos, sin diferencias significativas entre líneas resistentes y susceptibles. Pese a que se observó un aumento muy significativo de la acumulación del tipo AS en verano en plantas del genotipo susceptible y a que el tipo EU mostró una acumulación mayor en condiciones cálidas, un análisis multivariable reveló que las variaciones en las condiciones ambientales no explican, de manera significativa, la variación de acumulación de ninguno de los tipos.

Se han descrito fuentes de resistencia genética parcial a CGMMV, y los genes que codifican polimerasas de ARN dependientes de ARN de tipo 1 (*RDRs*) parecen ser los candidatos más probables responsables de dicha resistencia. En concreto, una duplicación de los genes *RDR1a/1b* podría estar relacionada con la resistencia a CGMMV. Para confirmar si la dosis génica de *RDR1a/1b* se asocia con la resistencia a CGMMV, se determinó el número de copias y los niveles de expresión de *RDR1a* y *RDR1b* en plantas de pepino infectadas con CGMMV, sintomáticas y asintomáticas, pertenecientes a diferentes cultivares, así como la acumulación viral. Se encontró una correlación inversa entre la acumulación viral y la presencia de una duplicación de los genes candidatos, y una correlación positiva entre la duplicación y la expresión de *RDR1b*. Además de la duplicación génica, se encontró una delección de 43 pb localizada aguas arriba de la región 5'UTR del mRNA de *RDR1b*, exclusiva de los genotipos resistentes y ausente en los susceptibles que podría estar modulando la expresión de este gen.

La ausencia de resistencia comercial eficaz frente a aislados de tipo AS motivó la realización de un escrutinio de 316 entradas procedentes del USDA (*United States Department of Agriculture*). Del total de entradas analizadas, únicamente dos mostraron ausencia de síntomas en todas las plantas inoculadas, ausencia de virus detectado mediante ELISA y ausencia de la delección que afecta a los genes *RDR1a* y *RDR1b*, de donde se dedujo que esta resistencia puede tener una base genética diferente a la de la actual resistencia comercial. Sin embargo, cuando se prolongó el periodo de cultivo, las plantas adultas manifestaron síntomas acusados, evidenciando la necesidad de identificar nuevas fuentes de resistencia genética.



La doctoranda, los miembros del tribunal y el director de tesis después de la defensa.
De izquierda a derecha: Miguel Ángel Aranda Regules (Director), Cristina Alcaide Cabello (Secretaria), Esperanza Gea Caballero (Doctoranda), Ana Montserrat Martín Hernández (Vocal) y María Ángeles Ayllón Talavera (Presidente).

Trabajos derivados de la Tesis que ya han sido publicados:

Gea-Caballero, E., Donaire, L., Castillo, A., Abad, J. & Aranda, M. A. (2026). Strain diversity and resistance to cucumber green mottle mosaic virus (CGMMV) in cucumber. *Plant Disease*. <https://doi.org/10.1094/PDIS-07-25-1348-RE>