



## Aprovechamiento de la entrada multirresistente 'TGR-1551' en la mejora de melón de tipo Amarillo y Piel de Sapo frente a WMV, CYSDV y oídio

El virus del mosaico de la sandía (WMV), el virus del enanismo amarillo de las cucurbitáceas (CYSDV) y el oídio (*Podosphaera xanthii*) son tres de los principales factores limitantes del cultivo de melón (*Cucumis melo* L.) en todo el mundo. Hoy en día, no existen cultivares comerciales que supongan una solución frente a estos patógenos. La accesión africana 'TGR-1551' es resistente a WMV, CYSDV y oídio. El programa de mejora para el aprovechamiento de esta entrada multirresistente se lleva a cabo en el marco de proyectos financiados por el Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades (AGL2017-85563-C2-1R y 2R) y la Generalitat Valenciana (PRO-METEO/2017/078, convocatoria de investigación para grupos de excelencia, Conselleria d'Educació, Investigació, Cultura i Esport). Se han identificado marcadores moleculares ligados a las distintas resistencias. Empleando estos marcadores se ha avanzado en el programa de retrocruces con el objetivo de introgresar las tres resistencias derivadas de 'TGR-1551' en los fondos genéticos amarillo 'Bola de Oro' y 'Piel de Sapo'. Se ha confirmado la eficacia de la selección asistida por marcadores en la introgresión de las resistencias, habiéndose recuperado frutos con buenas características morfológicas y calidad organoléptica. Los materiales disponibles constituyen la base para el desarrollo de variedades comerciales resistentes a los tres patógenos.

Palabras clave: *Cucumis melo* L.; resistencia; virosis; oídio; retrocruzamiento; calidad

**María López-Martín,  
Ana Pérez-de-Castro y  
María Belén Picó**

Instituto de  
Conservación y Mejora  
de la Agrodiversidad  
Valenciana, Universitat  
Politécnica de València

**Ana Garcés-Claver**

Centro de Investigación  
y Tecnología  
Agroalimentaria de  
Aragón. Unidad de  
Hortofruticultura.  
Instituto  
Agroalimentario de  
Aragón - IA2 (CITA-  
Universidad de  
Zaragoza

**María Luisa Gómez-  
Guillamón**

Instituto de  
Hortofruticultura  
Subtropical y  
Mediterránea 'La  
Mayora', UMA-CSIC

El cultivo de melón (*Cucumis melo* L., familia Cucurbitaceae) ha superado las 30 Mt cosechadas en todo el mundo. La producción en España se caracteriza por su elevado rendimiento, llegándose a producir 660.000 toneladas anuales y a exportarse más de 400.000. Estos datos sitúan a nuestro país como el primer productor y exportador de la Unión Europea. Los tipos de melón más cultivados en España son los del grupo *ibericus*, que incluye los tipos Piel de Sapo, Amarillo, Tendral, Rochet y Blanco.

Actualmente, los estreses bióticos son el principal factor limitante del cultivo de melón. Entre las enfermedades, las de etiología viral, para las que no existen métodos curativos, resultan especialmente importantes. En este sentido, el virus del mosaico de la sandía (*Watermelon mosaic virus*, WMV) y el virus del enanismo amarillo de las cucurbitáceas (*Cucurbit yellow stunting disorder virus*, CYSDV) suponen dos de los problemas más importantes, tanto en España como en las principales zonas productoras del mundo (Desbiez y col., 2020; Pérez-de-Castro y col., 2019). El virus del mosaico de la sandía (WMV) es un potyvirus transmitido por diferentes especies de pulgón. Los síntomas que produce son la aparición de mosaico, deformación foliar, clorosis y atrofia en la punta de las hojas, así como cese del crecimiento de la planta. Por otra parte, el virus del enanismo amarillo de las cucurbitáceas, CYSDV, es un crinivirus transmitido por la mosca blanca *Bemisia tabaci* (Genn). Los síntomas que provoca son puntos cloróticos en las hojas, que pueden fundirse y generar amarilleo en la hoja completa, salvo en las venas. Ambos virus ocasionan pérdidas en el rendimiento y afectan a la calidad del fruto. También se encuentra ampliamente extendido el oídio, causado principalmente por la especie *Podosphaera xanthii* (Castagne) U. Braun & Shishkoff, de la que se han descrito varias razas. El hongo afecta a la parte aérea, produciendo graves pérdidas económicas en todo el mundo. Se caracteriza por la aparición de masas de esporas en forma de polvo en hojas, peciolos y tallos. Las hojas afectadas suelen marchitarse y la planta envejece prematuramente. La globalización de la

agricultura y los cambios en los sistemas agrícolas propician la dispersión de estos patógenos, frente a los cuales los métodos de control tienen un éxito limitado. En este sentido, cobra especial importancia el desarrollo de variedades comerciales resistentes a estas enfermedades. Pese a la gran incidencia a nivel mundial de los tres patógenos, no existen variedades comerciales resistentes que supongan una solución definitiva a los mismos.

En el caso del melón, la variabilidad explotada en mejora es intra-específica. Por una parte, las fuertes barreras de cruzabilidad entre las especies silvestres del género *Cucumis* y el melón cultivado impiden el empleo de la variabilidad extraespecífica; afortunadamente existe gran variabilidad para muchos caracteres dentro de la especie *C. melo*. En el caso de las enfermedades, las principales fuentes de resistencia son entradas exóticas o silvestres, de los grupos *agrestis*, *momordica* o *acidulus*, con orígenes tales como la India, Lejano Oriente o África. Algunas de ellas son multirresistentes, como es el caso de la entrada 'TGR-1551' (PI 482420).

La entrada africana 'TGR-1551' pertenece al grupo *acidulus*. Sus frutos tienen forma ovalada, con piel lisa naranja (Figura 1). Estos frutos no acumulan azúcares ni son aromáticos en la madurez. 'TGR-1551' presenta resistencia a los tres patógenos previamente citados, WMV, CYSDV y oídio (razas 1, 2 y 5). Además, es resistente al virus del amarilleo de las cucurbitáceas transmitido por pulgones (*Cucurbit aphid borne yellow virus*, CABYV) y a la especie *Aphis gossypii*, y muestra también tolerancia a la mosca blanca, *B. tabaci*. En el caso del WMV, existen otras entradas en las que se ha identificado cierta resistencia, pero 'TGR-1551' presenta el mayor nivel de resistencia que, además, es efectiva frente a muchos aislados del virus. Esta resistencia está controlada por un gen de carácter recesivo, pero también influyen otros genes modificadores (Díaz-Pendón y col., 2005). De forma similar, 'TGR-1551' muestra frente a CYSDV una resistencia completa, conferida por un gen (López-Sesé y Gómez-Guillamón, 2000). En cuan-

to al oídio, 'TGR-1551' es resistente a las razas 1, 2 y 5, estando la resistencia controlada por dos genes con interacción epistática dominante-recesiva (Yuste-Lisbona y col., 2010).

Para el aprovechamiento de los recursos fitogenéticos en mejora resulta fundamental disponer de las poblaciones apropiadas. Estas poblaciones son necesarias, en primer lugar, para profundizar en el control genético de las características de interés, permitiendo la identificación de marcadores moleculares ligados a las mismas, útiles en selección asistida por marcadores, MAS (*Marker assisted selection*). Por otra parte, estas poblaciones facilitan la introgresión de las características de interés en las variedades cultivadas, al disponer de los genes responsables de las mismas en el fondo genético adecuado. En el caso de la entrada 'TGR-1551' se ha desarrollado una población de líneas recombinantes consanguíneas (*Recombinant inbred lines*, RILs) en el fondo genético del melón *ibericus* de tipo Amarillo 'Bola de Oro'. Además, se han generado distintas generaciones de retrocruce de la entrada silvestre empleando como parental recurrente el mismo fondo 'Bola de Oro'.

El trabajo aquí presentado se lleva a cabo en el marco de la colaboración entre el Instituto de Conservación y Mejora de la Agrodiversidad Valenciana (COMAV-UPV), el Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea-La Mayora (IHSM-CSIC) y el Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón (CITA). El objetivo es la introgresión de la resistencia a WMV, CYSDV y oídio, derivada de 'TGR-1551', en los fondos genéticos tipo Amarillo y Piel de Sapo. Para alcanzar este objetivo ha sido necesaria la identificación previa de marcadores moleculares asociados a estas resistencias.

## Materiales y métodos

### Material vegetal

Se disponía de una población de RILs ( $F_7-F_8$ ) procedente del cruce entre la entrada multirresistente 'TGR-1551' (TGR) y el cultivar español de tipo Amarillo susceptible 'Bola de Oro' (BO), formada por 148 líneas. Generaciones avanzadas derivadas de

# transferencia tecnológica

| hortícolas |

esta población de RILs fueron las empleadas para el cartografiado de alta resolución de las regiones asociadas a las resistencias y el diseño de marcadores útiles en MAS. Por otra parte, se disponía también de tres generaciones de retrocruce ( $BC_1$ ,  $BC_2$  y  $BC_3$ ) a partir del híbrido TGR x BO. La generación  $BC_3$  fue la empleada para iniciar el programa de introgresión con MAS en el fondo genético de BO. A partir de la generación  $BC_4$  se incorporó además al programa la entrada *ibericus* del tipo Piel de Sapo BGCM-126 (tradicional de Villacanejos, cedida por la Dr. A. Lázaro, del Instituto Madrileño de Investigación y Desarrollo Rural, Agrario y Alimentario, IMIDRA).

## Genotipado

Los marcadores empleados se diseñaron a partir de la información de un genotipado por secuenciación (*Genotyping by sequencing*, GBS) de parte de la población RIL derivada de 'TGR-1551'. Este GBS permitió la identificación de 5.766 marcadores de tipo SNP (*Single nucleotide polymorphisms*), polimórficos entre TGR y BO (Pérez de Castro y col., 2019). Una selección de estos marcadores, situados en las regiones descritas como asociadas a las distintas resistencias, se implementaron en la plataforma de genotipado a media escala Agena Bioscience iPLEX® Gold MassARRAY (Laboratorio de epigenética y genotipado, Unidad Central de Investigación en Medicina de la Universidad de Valencia). Además, se disponía de un conjunto de 124 marcadores SNPs de fondo genético, uniformemente distribuidos en el genoma, implementados también en esta plataforma.

## Fenotipado por resistencia

El fenotipado por resistencia a WMV se llevó a cabo mediante inoculación mecánica de plántulas en cámara climática, utilizando como fuente de inóculo extracto de tejido de hoja de melón infectada. En el caso del CYSDV, la inoculación se realizó en invernadero empleando colonias infectivas de *Bemisia tabaci*. Las plantas fueron evaluadas en ambos casos durante cuatro semanas tras la inoculación y clasificadas como resistentes o susceptibles en función

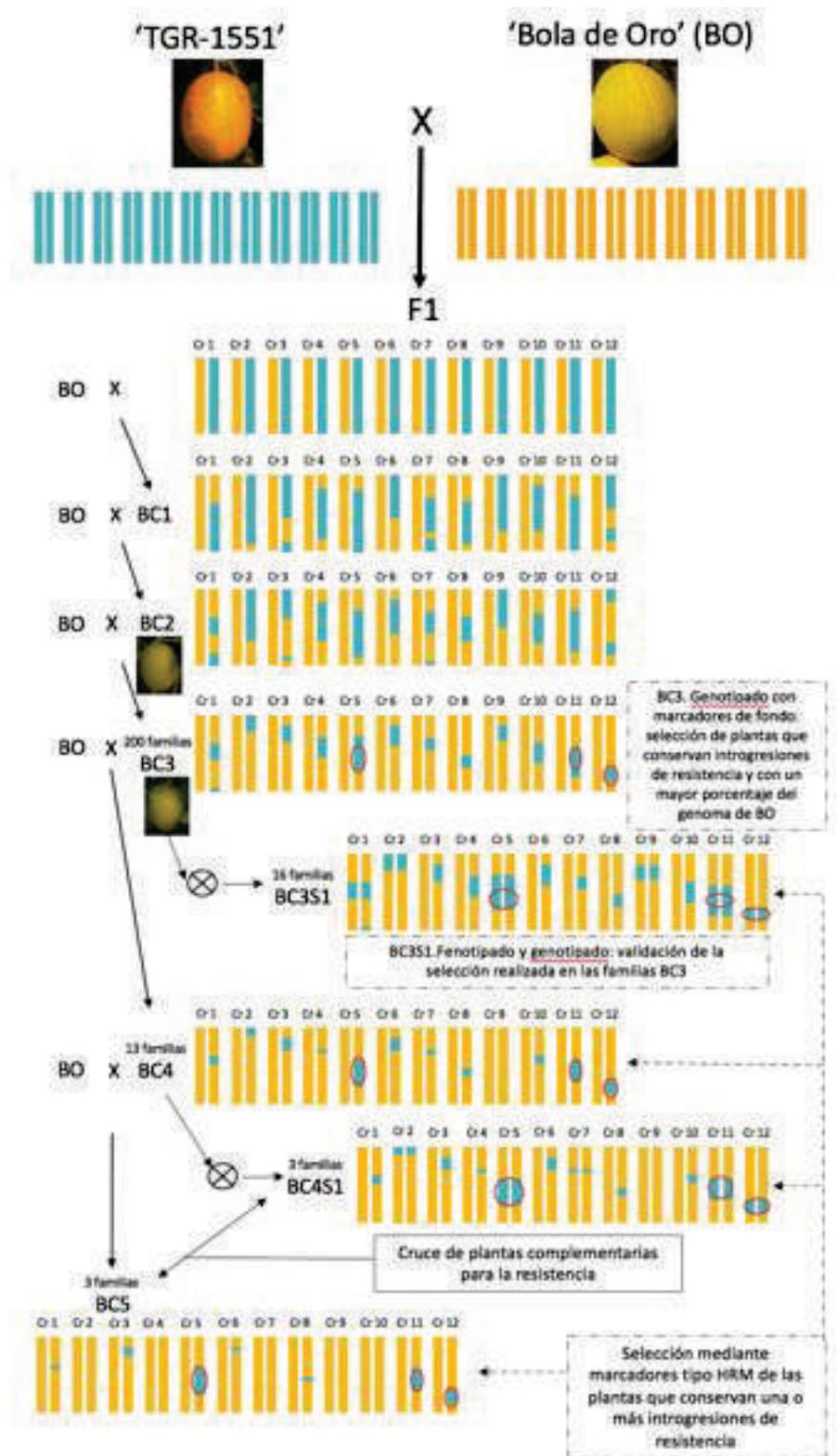


Figura 1. Esquema del desarrollo de las poblaciones generadas en el programa de mejora para la introgresión de las resistencias a *Watermelon mosaic virus* (WMV), *Cucurbit yellow stunting disorder virus* (CYSDV) e oídio derivadas de 'TGR-1551' en la variedad 'Bola de oro'. Se indica la selección realizada, por fenotipado o genotipado, en cada una de las generaciones.

de la sintomatología. Además, para WMV se realizó la detección del virus mediante la impresión de tejido en membrana y posterior hibridación con sondas específicas (*tissue printing*) y para CYSDV se determinó la

carga viral mediante RT-qPCR.

La inoculación artificial con oídio se realizó para cada raza, depositando una pequeña cantidad de conidios en la segunda hoja de cada planta.

Doce días tras la inoculación, las plantas se clasificaron como resistentes o susceptibles en función del nivel de esporulación del hongo.

### Calidad

El análisis por características de calidad de fruto se llevó a cabo en plantas de las generaciones  $BC_4S_1$  y  $BC_5$  (hacia BO) y  $BC_4 \times PS$  seleccionadas para incluir distintas combinaciones de las introgresiones asociadas a la resistencia. Se incluyeron como controles frutos de cuatro de las RILs portadoras de las regiones asociadas a la resistencia, así como frutos de BO y PS. Se determinó el peso, el largo y el ancho del fruto, el pH, los grados Brix, el ancho de la corteza, la dureza interna y externa, así como el color interno y externo mediante colorímetro. Además, se guardaron muestras de pulpa para futuros análisis metabólicos.

## Resultados y discusión

### Identificación de marcadores moleculares asociados a la resistencia

En trabajos previos, la población de RILs derivada del cruce inicial TGR-1551 x BO había sido evaluada para resistencia a WMV, CYSDV y oídio. Como resultado de los mismos, se había localizado en el cromosoma 11 el QTL (*Quantitative trait loci*) mayor responsable de la resistencia a WMV derivada de esta fuente (Palomares-Ríus y col., 2011) y en el cromosoma 5 los QTLs mayores asociados a la resistencia a CYSDV (Palomares-Ríus y col., 2016) y a oídio (Yuste-Lisbona y col., 2011), en regiones muy próximas. En el caso de oídio, se había identificado también un QTL recesivo localizado en el cromosoma 12 (Beraldo-Hoischen y col., 2012).

El fenotipado y genotipado realizado en este trabajo, de generaciones avanzadas de retrocruce y autofecundación derivadas de la población de RILs, permitió posteriormente realizar una disección genética de mayor resolución de la resistencia a WMV y a CYSDV. La resistencia a WMV está controlada por un gen recesivo, denominado *wmv<sup>1551</sup>*, que ha sido mapeado en una región de 141 kb en el cromosoma 11 (Pé-

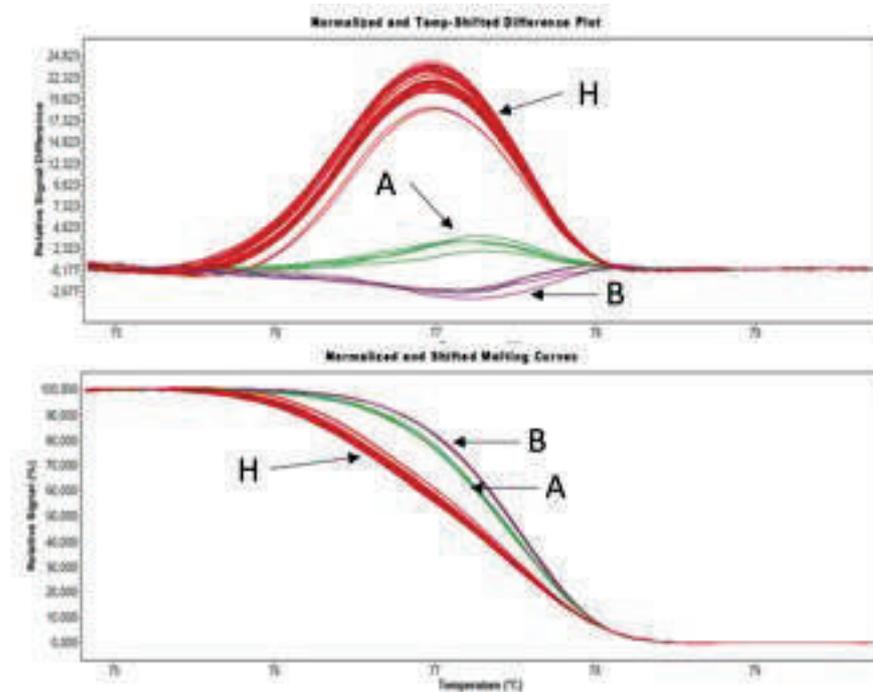


Figura 2. Curvas de fusión de un marcador de *High resolution melting* (HRM) utilizado en la selección por resistencia a *Watermelon mosaic virus* (WMV). En verde se muestran los individuos homocigotos para el alelo de 'Bola de Oro' (A), en rojo se muestran los individuos heterocigotos (H) y en rosa los homocigotos para el alelo de 'TGR-1551' (B).

rez-de-Castro y col., 2019). Además, se ha identificado un QTL con efecto menor localizado en el cromosoma 5. En el caso de la resistencia a CYSDV se ha confirmado el efecto mayor de uno de los QTLs localizado en el cromosoma 5, habiéndose estrechado la región candidata a una zona de 700 kb (Pérez-de-Castro y col., 2020).

El conocimiento de las regiones candidatas a la resistencia a WMV, CYSDV y oídio ha posibilitado el desarrollo de marcadores moleculares estrechamente ligados a las mismas. Estos marcadores se han implementado, por una parte, en la plataforma de genotipado Agena Bioscience: en este sistema, se dispone de conjuntos (*plexes*) de aproximadamente veinte marcadores para las regiones asociadas a cada una de las resistencias. De estos marcadores, los 2-3 más cercanos, en cada caso, a los QTLs de interés se han transformado en marcadores de tipo HRM (*High resolution melting*) (Figura 2), más útiles en el contexto de MAS en los programas de mejora (Pérez-de-Castro y col., 2019; Pérez-De-Castro y col., 2020).

### Desarrollo de las poblaciones

El programa de retrocruces para la introgresión de las resistencias en el fondo genético de 'Bola de Oro' se llevó a cabo a partir de la generación  $F_1$  procedente del cruce inicial TGR x BO (Figura 1). En los tres primeros retrocruces hacia BO no se realizó selección, ni por fondo genético ni por resistencia. Un total de 200 plantas de la generación  $BC_3$  se genotiparon con los 124 los marcadores de fondo distribuidos por todo el genoma, además de con los marcadores diseñados para la selección de las regiones asociadas a la resistencia a WMV, CYSDV y oídio (Figura 1).

Se seleccionaron dieciséis líneas  $BC_3$  que eran portadoras de las regiones asociadas a la resistencia para WMV, CYSDV y/o oídio y que además presentaban un mayor porcentaje del genoma del parental recurrente: como promedio, el 81,38% del genoma de estas dieciséis plantas se correspondía con regiones homocigotas para los alelos de 'Bola de Oro'. A partir de estas dieciséis plantas, se obtuvieron las generaciones  $BC_3S_1$  y  $BC_4$  (Figura 1).

Las descendencias BC<sub>3</sub>S<sub>1</sub> se fenotiparon por resistencia a WMV, CYSDV y oídio. Los resultados de este fenotipado permitieron validar la selección realizada mediante genotipado con los marcadores implementados en la plataforma Agena Bioscience. Además, estas plantas se genotiparon con los marcadores de tipo HRM, obteniéndose resultados comparables. Esto confirmó la utilidad de los marcadores diseñados para MAS.

Las plantas de la generación BC<sub>4</sub> se genotiparon empleando los marcadores HRM optimizados. Se seleccionaron plantas portadoras de distintas combinaciones de las regiones asociadas a la resistencia (Tabla 1). Estas plantas se retrocruzaron hacia BO para obtener la generación BC<sub>5</sub> y fueron cruzadas también con la entrada BGCM-126, de tipo Piel de Sapo (PS), obteniéndose la generación BC<sub>4</sub>xPS.

Asimismo, para poder evaluar el efecto de las distintas introgresiones sobre la calidad del fruto, se obtuvo la descendencia por autofecundación (BC<sub>4</sub>S<sub>1</sub>) de tres plantas con distintas combinaciones de las regiones asociadas a la resistencia (Tabla 1).

Las plantas de estas generaciones BC<sub>4</sub>S<sub>1</sub>, BC<sub>5</sub> y BC<sub>4</sub>xPS fueron genotipadas mediante los marcadores de tipo HRM, con objeto de seleccionar las plantas portadoras de las distintas regiones de resistencia y obtener las generaciones BC<sub>5</sub>S<sub>1</sub>, BC<sub>4</sub>S<sub>2</sub>, BC<sub>4</sub>xPS-S<sub>1</sub> y BC<sub>4</sub>xPS-BC<sub>1</sub>.

## Análisis de características de calidad

Los frutos obtenidos de estas plantas BC<sub>4</sub>S<sub>1</sub>, BC<sub>5</sub> y BC<sub>4</sub>xPS fueron caracterizados por su calidad. Se observó un efecto negativo significativo sobre características de calidad del fondo genético de TGR en las RILs. Los frutos de las RILs presentaron menor peso, niveles inferiores de °Brix y una mayor dureza que PS y BO (Figura 3). Estos efectos negativos se han superado en las generaciones avanzadas disponibles. En todos los casos, para las distintas introgresiones asociadas a la resistencia, se identificaron familias BC<sub>4</sub>S<sub>1</sub> y BC<sub>5</sub> con características de calidad similares a 'Bola de Oro' y 'BGCM-126' (Figuras 3 y 4). En la línea de pre-mejora 'Carmen', con resistencia derivada de 'TGR-1551' a

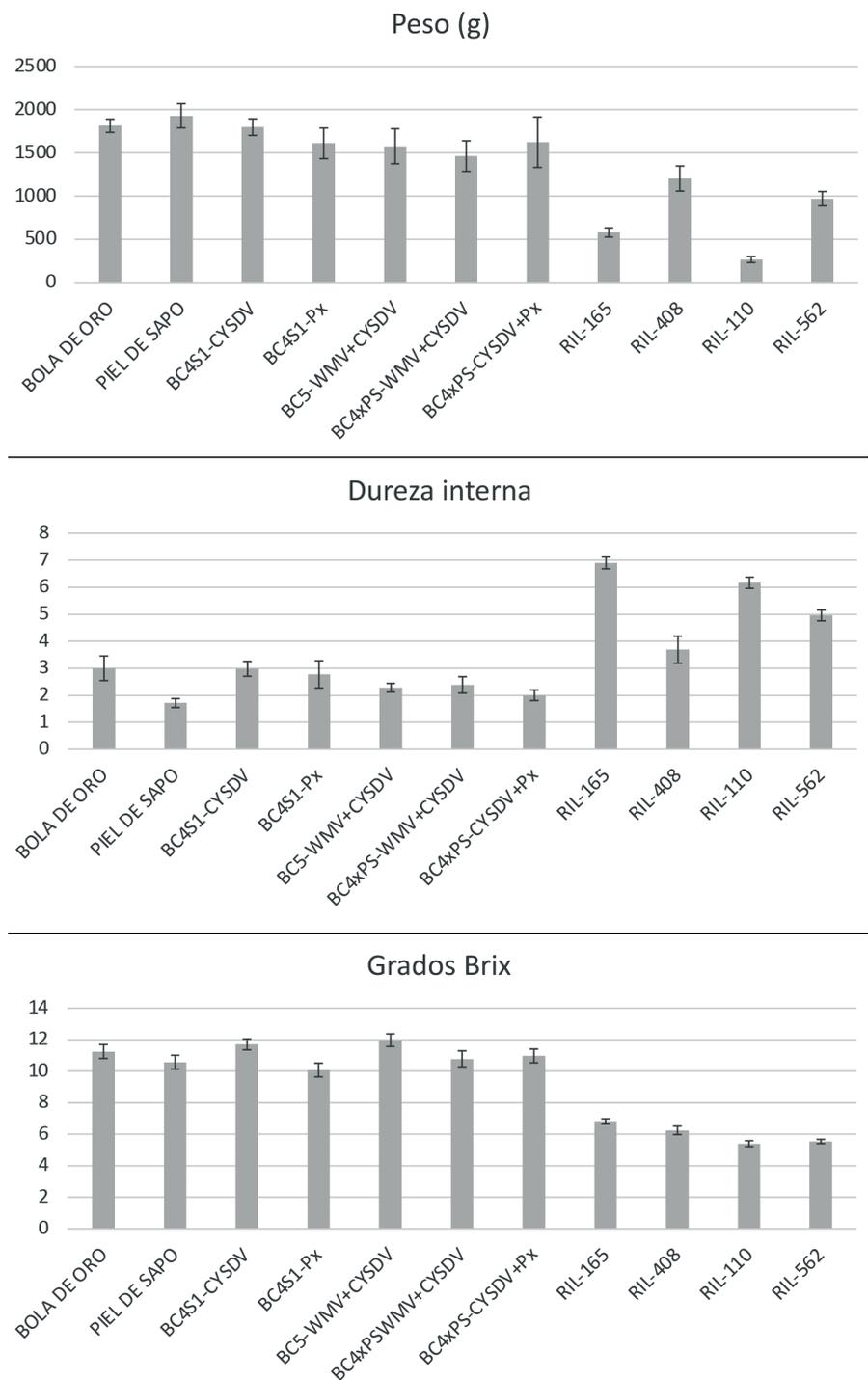


Figura 3. Características de los frutos para los genotipos parentales 'Bola de Oro' y 'Piel de Sapo', para cuatro de las RILs (Recombinant inbred lines) derivadas de 'TGR-1551' y para distintas generaciones del programa de mejora. Se indica la generación y las introgresiones que incluyen de las regiones asociadas a la resistencia a WMV (Watermelon mosaic virus), CYSDV (Cucurbit yellow stunting disorder virus) y oídio (*Podosphaera xanthii*, Px).

CYSDV y oídio, ya se comprobó que era posible recuperar la calidad del fruto en pocas generaciones (Palomares-Rius y col., 2018).

Con los datos de genotipado y calidad obtenidos se han seleccionado las descendencias BC<sub>5</sub>S<sub>1</sub> y BC<sub>4</sub>xPS-BC<sub>1</sub> con las que continuar los programas de mejora para obtener va-

riedades tipo Amarillo y Piel de sapo resistentes a WMV, CYSDV y oídio.

## Conclusiones

La selección asistida por marcadores ha permitido la introgresión de las resistencias derivadas de 'TGR-1551' a WMV, CYSDV y oídio en el fondo genético del melón amarillo 'Bola de

# transferencia tecnológica

| hortícolas |

Oro'. También se ha iniciado su introgresión en el fondo genético de la variedad BGCM-126, de tipo Piel de Sapo. Durante el programa de mejora se han eliminado las características del fruto no deseables derivadas de 'TGR-1551'. Las líneas obtenidas podrían ser utilizadas como líneas de premejora para la introgresión de la resistencia a WMV, CYSDV y oídio en cultivares élite de melón.

## Agradecimientos

Estos trabajos han sido financiados por el Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades (AGL2017-85563-C2 1R y 2R) y por la Generalitat Valenciana (PROMETEO/2017/078, convocatoria de investigación para grupos de excelencia, Conselleria d'Educació, Investigació, Cultura i Esport). M. López es beneficiaria de una ayuda para contratos predoctorales para la formación de doctores (convocatoria 2018), Plan Estatal de I+D+I, Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades (cofinanciación del Fondo Social Europeo). Los autores agradecen el apoyo técnico de I. Díaz, E. Jaime, L. Rodríguez, E. Martínez-Pérez, G. Perpiñá y M. Valcárcel.

## Abstract

*Watermelon mosaic virus* (WMV), *Cucurbit yellow stunting disorder virus* (CYSDV) and powdery mildew (*Podosphaera xanthii*) are three of the main limiting factors for melon (*Cucumis melo* L.) cultivation worldwide. Up to date, there are no commercial cultivars with complete resistance to these pathogens. The African accession 'TGR-1551' is resistant to WMV, CYSDV and powdery mildew. The breeding program for the exploitation of this multi-resistant accession is carried out within the framework of projects funded by the Spanish Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades (AGL2017-85563-C2-1R and 2R) and the Generalitat Valenciana (PROMETEO/2017/078, to promote excellence groups, Conselleria d'Educació, Investigació, Cultura i Esport). Molecular markers linked to the different resistances have been identified. Using these markers, progress has been made in the backcrossing program aimed at the introgression of the three resistances derived from



Figura 4. Detalle de los frutos de las líneas parentales utilizadas en el programa de mejora: 'Bola de oro' (BO) y el parental de tipo piel de sapo 'BGCM-126' (PS); tres de las líneas RILs (*Recombinant inbred lines*) derivadas de 'TGR-1551' (RIL1, RIL2, RIL3); frutos de plantas de generaciones avanzadas (BC<sub>4</sub>S<sub>1</sub> y BC<sub>5</sub> hacia BO) y BC<sub>4</sub>xPS que incorporan las regiones asociadas a la resistencia a los tres patógenos derivada de 'TGR-1551'.

	QTL1 WMV (Cr11)	QTL2 WMV (Cr5)	QTL CYSDV (Cr5)	QTL recesivo oídio (Cr12)	Obtener generación BC <sub>5</sub>	Cruzar con PS (BC <sub>4</sub> xPS)	Obtener generación BC <sub>4</sub> S <sub>1</sub>	Análisis de calidad
Genotipo planta BC <sub>4</sub>	A	A	H	H		x	x	x
	A	H	H	A			x	x
	H	H	H	A	x	x		x
	H	H	H	A	x	x	x	x
	H	A	H	A	x	x		x

Tabla 1. Genotipo (A: homocigotas para el alelo de 'Bola de oro'; H: heterocigotas) de las familias BC<sub>4</sub> seleccionadas para los marcadores de los QTLs (*Quantitative trait loci*) asociados a las resistencias derivadas de 'TGR-1551'. (WMV: *Watermelon mosaic virus*; CYSDV: *Cucurbit yellow stunting disorder virus*). Se indican las generaciones obtenidas con cada una de ellas.

'TGR-1551' in the Amarillo 'Bola de Oro' and 'Piel de Sapo' genetic backgrounds. The effectiveness of marker-assisted selection in the introgression of resistance has been confirmed. Fruits with good morphological characteristics and organoleptic quality were obtained in the breeding program. Available materials are the

basis for the development of commercial varieties resistant to all three pathogens.

## Bibliografía



- Beraldo-Hoischen, P., Gómez-Guillamón, M. L., y López-Sesé, A. I. 2012a. QTL associated with one recessive gene for powdery mildew resistance in the melon genotype 'TGR-1551'. Cucurbitaceae 2012. Proceedings of the Xth EUCARPIA Meeting on Genetics and Breeding of Cucurbitaceae, Antalya, Turkey, 15-18 October, 2012, 508-513.
- Desbiez, C., Wipf-Scheibel, C., Millot, P., Berthier, K., Girardot, G., Gognalons, P., ... y Schoeny, A. 2020. Distribution and evolution of the major viruses infecting cucurbitaceous and solanaceous crops in the French Mediterranean area. Virus Research 286, 198042.
- Díaz-Pendón, J. A., Fernández-Muñoz, R., Gómez-Guillamón, M. L., y Moriones, E. 2005. Inheritance of Resistance to *Watermelon mosaic virus* in *Cucumis melo* that impairs virus accumulation, symptom expression, and aphid transmission. Phytopathology 95, 840-846.
- López-Sesé, A. I., y Gómez-Guillamón, M. L. 2000. Resistance to *Cucurbit yellowing stunting disorder virus* (CYSDV) in *Cucumis melo* L. HortScience 35, 110-113.
- Palomares-Rius, F.J., Viruel, M. A., Yuste-Lisbona, F. J., López-Sesé, A. I., y Gómez-Guillamón, M. L. 2011. Simple sequence repeat markers linked to QTL for resistance to *Watermelon mosaic virus* in melon. Theoretical and Applied Genetics 123, 1207-1214.
- Palomares-Rius, F. J., Garcés-Claver, A., y Gómez-Guillamón, M. L. 2016. Detection of two QTLs associated with resistance to *Cucurbit yellow stunting disorder virus* in melon line TGR 1551 [Conference poster]. Cucurbitaceae 2016, XIth Eucarpia Meeting on Cucurbit Genetics and Breeding, Julio 24-28, 2016, Warsaw, Poland, 334-337.
- Palomares-Rius, F., Garcés-Claver, A., Picó, B., Esteras, C., Yuste-lisbona, F. ., y Gómez-Guillamón, M. 2018. 'Carmen ', a yellow canary melon breeding line resistant to *Podosphaera xanthii* , *Aphis gossypii* , and *Cucurbit yellow stunting disorder virus*. Hort Science 53, 1072-1075.
- Pérez-de-Castro, A., Esteras, C., Alfaro-Fernández, A., Daròs, J. ., Monforte, A. ., Picó, B., y Gómez-Guillamón, M. 2019. Fine mapping of *wmv<sup>1551</sup>*, a resistance gene to *Watermelon mosaic virus* in melon. Molecular Breeding 39, 93.
- Pérez-De-castro, A., López-Martín, M., Esteras, C., Garcés-Claver, A., Palomares-Rius, F. J., Picó, M. B., y Gómez-Guillamón, M. L. 2020. Melon genome regions associated with 'TGR-1551'-derived resistance to *Cucurbit yellow stunting disorder virus*. International Journal of Molecular Sciences 21, 1-17.
- Pérez-de-Castro, A., Martínez de Alba, A. E., Sáez, C., Flores-León, A., Sifrés, A., Gómez-Guillamón, M. L., ... Picó, B. 2019. Incidence and genetic diversity of cucurbit viruses in Spain. Acta Horticulturae (en prensa).
- Soria, C., López-Sesé, A. I., y Gómez-Guillamón, M. L. 1999. Resistance of *Cucumis melo* against *Bemisia tabaci* (Homoptera: Aleyrodidae). Environmental Entomology 28, 831-835.
- Yuste-Lisbona, F. J., López-Sesé, A. I., y Gómez-Guillamón, M. L. 2010. Inheritance of resistance to races 1, 2 and 5 of powdery mildew in the melon 'TGR-1551'. Plant Breeding 129, 72-75.
- Yuste-Lisbona, Fernando J., Capel, C., Sarria, E., Torreblanca, R., Gómez-Guillamón, M. L., Capel, J., ... López-Sesé, A. I. 2011. Genetic linkage map of melon (*Cucumis melo* L.) and localization of a major QTL for *Powdery mildew* resistance. Molecular Breeding 27, 181-192.