



Instituto Politécnico Nacional



Centro Interdisciplinario de Investigación para el Desarrollo Integral Regional Unidad Sinaloa

## Influencia de la variabilidad genética sobre la virulencia del virus rugoso del tomate (ToBRFV) afectando tomate en México

**Presenta:** LBG. Pahorán Ernesto Mendoza Torrecillas

**Directores:** Dr. Edgar Antonio Rodríguez Negrete y Dr. Jesús Méndez Lozano

El tomate es la hortaliza más cultivada en todo el mundo, y en México destaca por su trascendencia cultural, social y económica. En nuestro país, la sustentabilidad del cultivo de tomate se encuentra amenazada por distintos patógenos en donde los virus representan uno de los agentes causales de las enfermedades emergentes de mayor impacto en dicho cultivo. Recientemente, el virus de RNA de cadena positiva, miembro del género *Tobamovirus* (Familia *Virgaviridae*) denominado Tomato brown rugose virus (ToBRFV), ha emergido como un virus de magnitudes pandémicas en todas las zonas productoras de tomate a nivel mundial debido a su fácil diseminación por medio de semillas contaminadas, su alta transmisibilidad por medios mecánicos, así como su capacidad de romper la tolerancia previamente establecida contra otros tobamovirus en híbridos comerciales. Estudios filogenéticos y evolutivos de las poblaciones mundiales de ToBRFV indican que los distintos aislados virales presentan una baja variabilidad genética y se ha demostrado que dicha variabilidad es suficiente para generar aislados con virulencia diferencial e incluso ruptura de nueva tolerancia de nuevos híbridos comerciales con dicho virus. Por lo cual resulta preponderante identificar y caracterizar a nivel molecular y biológico a los aislados de ToBRFV presentes en las distintas regiones productoras de tomate en México, así como generar herramientas biotecnológicas enfocadas al manejo de la enfermedad y que permitan estudiar la evolución molecular de los diferentes aislados de ToBRFV mexicanos. Es por ello por lo que este estudio tiene como objetivos: 1) Determinar la virulencia de los diferentes aislados de ToBRFV mexicanos en plantas de tomate. 2) Determinar la variabilidad genética de los diferentes aislados de ToBRFV mexicanos de diferentes regiones y 3) Desarrollar herramientas funcionales de genética reversa que permitan estudiar la interacción planta-virus asociada con la variabilidad genética.

Los resultados obtenidos muestran que existen aislados de ToBRFV provenientes de distintas agro regiones productoras de tomate (Baja California, Sinaloa y Oaxaca) que presentan virulencia diferencial en plantas modelo de tomate así como en variedades comerciales tolerantes mediante su inoculación mecánica. Adicionalmente, la caracterización molecular de los genomas completos de dichos aislados permitió identificar mutaciones localizadas en la Replicasa viral que generan cambios a amino ácidos bioquímicamente contrastantes que potencialmente podrían modificar la funcionalidad de dicha proteína viral involucrada en la posesividad replicativa del virus así como en la evasión del sistema de silenciamiento antiviral de la planta. Finalmente, se generaron herramientas biotecnológicas en forma de clones agro infectivos para los cuatro aislados de ToBRFV obtenidos, con los cuales fue posible obtener fenotipos de infección similares a los observados por medio de inoculación mecánica. Las herramientas generadas constituyen un importante aporte para posteriores estudios de genética reversa para comprender la interacción planta-virus así como en programas de mejora genética asistida del cultivo del tomate en busca de fuentes de resistencia para el control de este devastador tobamovirus.