

Cuadro Suplementario 1. Lista de cebadores para la detección molecular de virus de ADN y ARN que infectan cucurbitáceas.

Género	Nombre del cebador	Secuencia (5´-3´)	Virus detectado	Amplicón de PCR esperado (pb)	Referencia
Begomovirus	SLCuV A-F	CTGACGTGAACGAAGTG	Squash leaf curl virus	1421	(Rodríguez-Negrete <i>et al.</i> 2021)
	SLCuV A-R	GTTCTTGATAGTTGCCG	(SLCuV)		
	CuLCrV-F	CTCCCGCACTTCCTGCG	Cucurbit leaf crumple virus	1089	
	CuLCrV-F	ACGCGATGAGTAATACC	(CuLCrV)		
	MCLCuV-F	GCATCTCCCGCACTTCC	Melon chlorotic leaf curl	1193	
	MCLCuV-R	CCGATCTCGCACTAGCC	virus (MCLCuV)		
	WmCSV-F	ACACCTAACATATCGAGG	Watermelon chlorotic stunt	1253	
	WmCSV-R	GCTCCTGCAGTTCGCCGG	virus (WmCSV)		
Crinivirus	CCYV-HSPs2	CGATTCTTCTCATGTACGATC	Cucurbit chlorotic yellows	449	(Abrahamian <i>et al.</i> 2013)
	CCYV-HSPas1	GACTCTTCGCAAATTGTGCT	virus (CCYV)		
	CYSCPf	ATGGCGAGTTCGAGTGAGAATAA	Cucurbit yellow stunting	753	(Rubio <i>et al.</i> 2001)
	CYSCPr	ATTACCACAGCCACCTGGTGCTA	disorder virus (CYSDV)		
	BPYV-F	TGATGTCTGGTTTGATGACGGG	Beet pseudo yellows virus	643	(Wintermantel y Hladky, 2010)
	Cucurbit Crini-R	GTGTTHGAYAACCAAGTGTTTGG	(BPYV)		
	LIYV-F	GCACATACGACAGTTACAATGCTCC	Lettuce infectious yellows	427	
	Cucurbit Crini-R	GTGTTHGAYAACCAAGTGTTTGG	virus (LIYV)		

Cuadro suplementario 2. Análisis comparativo gen por gen del aislado CuLCrV-CL. Porcentaje de identidad de nucleótidos y aminoácidos tanto en las regiones intergénicas (IR) y codificantes.

Aislado ^a	No de acceso	Porcentaje de identidad																	
		DNA-A												DNA-B					
		Total	IR (Total)	CP	Rep		TrAP		REn		C4		Total	IR (Total)	MP		NSP		
		nt	nt	nt	aa	nt	aa	nt	aa	nt	aa	nt	aa	nt	nt	nt	aa	nt	aa
Campeche México 2019	MW273384.1/M W273385	96.5	95.6	96.8	97.6	96.7	96.6	96.7	94.7	96.2	96.2	95.9	87.7	92.0	89.5	94.7	96.9	93.3	92.2
Baja California Sur México 2018	MN625831.1/M W380744	97.4	96.5	97.2	98	98	98.4	98	97.7	97.2	98.5	97.5	93.4	93.5	91.5	96.1	97.4	94.4	93.8
Baja California Sur México 2018	OQ466347.1/OQ 466376	96.8	96.5	96.9	98	97.2	97.9	97.5	95.5	96.2	95.5	96.2	88.5	90.9	86.6	94.1	96.1	93.4	91.4
Baja California Sur México 2018	OQ466375.1/ OQ466346	96.9	96.1	96.9	98	97.1	97.6	97.5	95.5	96.2	95.5	96.2	88.5	90.9	86.6	94.1	96.2	93.4	91.4
Arizona USA 2000	AF256200.4/ AF327559	97.8	97.5	97.3	98.8	98.1	98.4	97.7	97.7	97.5	97.7	97.5	93.4	93.7	92.2	96.5	97.6	94	92.2
California USA 2000	AF224760.2/ AF224761	97.6	97.5	97.3	98.4	98	98.4	98	97.7	97.2	98.5	97.5	93.4	93.2	92	96.2	97	93.1	93.4
California USA 2000	NC_002984.1/N C_002985	97.6	97.5	97.3	98.4	98	98.4	98	97.7	97.2	98.5	97.5	93.4	93.2	92	96.2	97	93.1	93.4

Cuadro suplementario 3. Análisis comparativo gen por gen del aislado WmCSV-CL. Porcentaje de identidad de nucleótidos y aminoácidos en regiones intergénicas (IR) y codificantes.

Aislado ^a	No de acceso	Porcentaje de identidad																			
		DNA-A										DNA-B									
		Total	IR (Total)	CP	Rep	TrAP	REn	AC5	AV2	Total	IR (Total)	MP	NSP								
		nt	nt	nt	aa	nt	aa	nt	aa	nt	aa	nt	aa	nt	aa	nt	nt	aa	nt	aa	
WmCSV Sonora México	KY124280.1/KY124281.1	99.24	99.29	99.61	99.22	98.72	98.35	100	100	99.75	100	99.61	98.82	99.17	98.32	97.98	97.39	98.81	98.37	97.8	97.66
WmCSV México 2021	MW588390.1/MW588417.1	99.09	99.29	99.49	98.84	98.44	98.07	99.51	100	99.75	100	99.61	98.82	99.44	99.16	97.51	96.91	98.15	98.69	97.41	97.27
WmCSV Sonora México 2024	PP622784.1/PP622791.1	99.02	98.58	99.61	99.22	98.53	98.07	99.51	99.26	99.01	98.51	99.74	99.22	99.44	99.16	95.41	91.98	97.94	98.04	96.89	96.88
WmCSV Sonora México 2024	PP622785.1/PP622790.1	99.02	98.93	99.49	99.22	98.53	98.07	100	100	99.75	100	99.61	98.82	99.44	99.16	94.69	93.62	96.09	96.73	94.16	93.75
WmCSV Sonora México 2024	PP622786.1/PP622788.1	98.84	98.22	98.71	98.45	98.44	97.8	99.75	100	99.51	100	99.09	97.65	99.44	99.16	94.69	93.82	95.87	96.73	94.16	93.75
WmCSV Sonora México 2024	PP622787.1/PP622789.1	98.8	97.86	99.23	98.84	98.53	98.07	99.26	98.52	99.26	99.25	99.22	97.65	98.61	98.32	94.43	93.53	95.44	96.08	94.16	93.36
WmCSV Palestina 2014	KC462552.1/KC462553.1	98.66	98.23	99.49	99.22	97.99	97.25	99.02	97.78	98.77	98.51	99.74	99.22	99.44	99.16	94.11	84.83	89.26	90.94	94.94	94.14
WmCSV Israel 2007	EF201809.1/EF201810.1	98.8	97.86	99.23	98.84	98.17	98.07	99.75	99.26	99.51	99.25	99.35	98.43	99.44	99.16	93.64	84.35	88.55	90.03	94.94	93.75

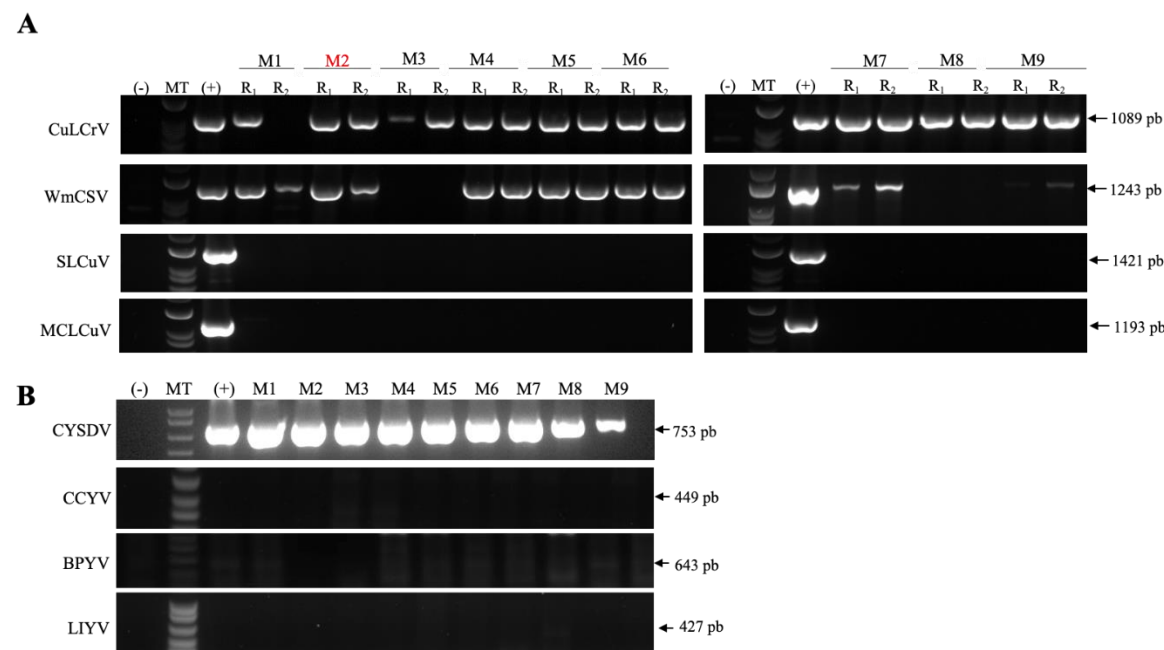


Figura Suplementaria 1. Detección molecular de begomovirus y crinivirus asociados a la virosis en plantas de melón provenientes de la Comarca Lagunera (CL). A) Se utilizó DNA total (100 ng) extraído de tejido foliar de melón como molde para la detección molecular de begomovirus mediante PCR con cebadores específicos para Cucurbit leaf crumple virus (CuLCrV), Watermelon chlorotic stunt virus (WmCSV), Squash leaf curl virus (SLCuV) y Melon chlorotic leaf curl virus (MCLCuV). B) Se empleó DNA complementario (cDNA) (100 ng) obtenido a partir de tejido foliar de melón para la detección molecular de crinivirus mediante PCR seguida de retrotranscripción (RT-PCR), utilizando cebadores específicos para Cucurbit yellow stunting disorder virus (CYSDV), Cucurbit chlorotic yellows virus (CCYV), Beet pseudo-yellows virus (BPYV) y Lettuce infectious virus (LIVY). (-) Control negativo sin molde de DNA; MT, marcador de peso molecular; (+), controles plasmídicos positivos (cuando estuvieron disponibles); M1-M9, plantas M1 a M9; R₁, R₂, réplicas de extracción de cada muestra. Para la detección de crinivirus, el RNA de las réplicas R₁ y R₂ se mezcló en proporciones equimolares antes de la RT-PCR. El tamaño de los amplicones esperados está indicado. En rojo se resalta la muestra M2, utilizada para la clonación de genomas completos y parciales de begomovirus y crinivirus, respectivamente.

REFERENCIAS

- Abrahamian PE, Seblani R, Sobh H, and Abou-Jawdah Y. 2013. Detection and quantitation of two cucurbit criniviruses in mixed infection by real-time RT-PCR. *Journal of Virological Methods* 193: 320–326. <https://doi.org/10.1016/j.jviromet.2013.06.004>.
- Rodríguez-Negrete EA, Jordan-Ramírez R, Leyva-López NE and Méndez-Lozano J. 2021. Cucurbit leaf crumple virus associated to watermelon disease in Campeche State, Mexico. *Plant Disease* 105: 1235. <https://doi.org/10.1094/PDIS-12-20-2551-PDN>
- Rubio L, Abou-jawdah Y, Lin H, and Falk BW. 2001. Geographically distant isolates of the crinivirus Cucurbit yellow stunting disorder virus show very low genetic diversity in the coat protein gene. *J Journal of General Virology* 82:929–933. <https://doi.org/10.1099/0022-1317-82-4-929>
- Wintermantel WM and Hladky LL. 2010. Methods for detection and differentiation of existing and new crinivirus species through multiplex and degenerate primer RT-PCR. *Journal of Virological Methods*. 170:106–114. <https://doi.org/10.1016/j.jviromet.2010.09.008>