

## RESUMEN

La naranjilla y el limón son frutales de amplio cultivo en todas las regiones del Ecuador, que han presentado síntomas de infecciones virales que afectan la producción agrícola. En el país son pocos los estudios y reportes de virus fitopatógenos que afectan a estos cultivos, por lo que este trabajo tiene por objetivo detectar e identificar virus fitopatógenos en cultivos de Naranjilla (*Solanum quitoense*) y Limón Meyer (*Citrus x meyeri*) mediante secuenciación masiva paralela a partir de ARN total. Se recolectaron muestras de hojas con síntomas de virosis. El análisis bioinformático de los *reads* obtenidos (92 345 458 *reads* para limón Meyer y 88 747 638 *reads* para naranjilla) se realizó a través de un *pipeline* establecido con herramientas disponibles públicamente para la detección de virus. El ensamblaje de novo de las muestras secuenciadas se evaluó con los ensambladores Velvet, SPAdes y ABySS. El análisis de los datos de secuenciación identificó en plantas de naranjilla la presencia de *Tobacco virus 2*, *Potato leafroll virus*, *Lily symptomless virus*, *Tomato torrado virus*. Mientras que en plantas de limón Meyer se identificó la presencia de *Citrus tristeza virus*, *Citrus vein enation*, *Potato leafroll virus* y *Lily symptomless virus*. Además, se identificó en los dos cultivos mediante análisis de homología la presencia de *Potato yellowing virus* con porcentajes de identidad de 97.14% (limón Meyer) y 98.73% (naranjilla) con la secuencia del segmento 3 de RNA de PYV reportado en el GenBank. Se realizó una confirmación de PYV a través de primers genéricos para *Ilarvirus* y PCR convencional.

### **PALABRAS CLAVE:**

- **VIRUS**
- **FITOPATÓGENOS**
- **SECUENCIACIÓN MASIVA PARALELA**

## ABSTRACT

Naranjilla and lemon are fruit trees that are widely cultivated in Ecuador, they have shown symptoms of viral infections that affect yields. In the country there are still few studies and reports of phytopathogenic viruses that affect these crops, so this work aims to detect and identify phytopathogenic viruses in naranjilla (*Solanum quitoense*) and Meyer lemon (*Citrus x meyeri*) by massive parallel sequencing of total RNA. Leaf samples were collected from Meyer lemon and naranjilla plants with symptoms of virosis. The bioinformatic analysis of the paired end reads obtained by sequencing (92 345 458 reads for Meyer lemon and 88 747 638 reads for naranjilla) was carried out through a pipeline established for the study which included publicly available tools for virus detection. The de novo assembly of two samples sequenced in this study was evaluated with Velvet, SPAdes and ABySS assemblers. The analysis of the sequencing data indicated in naranjilla plants the presence of *Tobacco virus 2*, *Potato leafroll virus*, *Lily symptomless virus* and *Tomato torrado virus*. While in Meyer lemon plants the presence of *Citrus tristeza virus*, *Citrus vein enation*, *Potato leafroll virus*, *Lily symptomless virus* was detected. The presence of *Potato yellowing virus* with an identity percentage of 97.14% (Meyer lemon) and 98.73% (naranjilla) with the sequence of segment 3 of PYV RNA reported in GenBank was identified in the two plant species. Confirmation of *Potato yellowing virus* was performed through generic primers for *Ilarvirus* and conventional PCR.

### KEYWORDS:

- VIRUS
- PHYTOPATHOGENS
- MASSIVE PARALLEL SEQUENCING