

Resumen

Los viñedos son uno de los cultivos de mayor producción en el mundo debido a sus propiedades alimenticias e industriales. Estos cultivos pueden hospedar patógenos virales cuya infección produce una reducción de la calidad de los frutos, causando pérdidas de hasta \$ 47 000 por hectárea anualmente. La mejor forma de controlar estos agentes es la producción y distribución de plantas libres de virus mediante la selección de ejemplares sanos para su reproducción. Los métodos tradicionales de detección no permiten diagnosticar infecciones en estados tempranos, por lo que se ha propuesto la identificación por medio de secuenciación con MinION por su rendimiento y sensibilidad en condiciones de campo. El presente estudio propone un flujo de procesos *in silico*, basado en las herramientas E-probe Diagnostic Nucleic acid Analysis y NanoSim, orientado a la validación hasta la fase de reconocimiento provisional en la utilización de e-probes como prueba para la detección de varias cepas de *Grapevine virus A* y de *Grapevine virus B* en diversas zonas geográficas, en el que la simulación de muestras metagenómicas y posterior análisis con e-probes permitió determinar los parámetros de desempeño de la prueba para su posterior implementación en la producción de plantas libres de estos virus.

PALABRAS CLAVE:

- **METAGENÓMICA**
- **SIMULACIÓN DE NANOPORE**
- **VALIDACIÓN DE PRUEBA DIAGNÓSTICA**

Abstract

Vineyards are one of the highest production crops in the world due to their alimentary and industrial properties. These crops can host viral pathogens whose infection causes a reduction in fruit quality, reflecting losses of up to \$ 47,000 per hectare annually. The best way to control these agents is the production and distribution of virus-free plants by selecting healthy specimens for their reproduction. Traditional detection methods do not allow diagnosing infections in early stages, therefore identification through MinION sequencing has been proposed due to its performance and sensitivity under field conditions. The present study proposes an *in silico* pipeline, based on the E-probe Diagnostic Nucleic acid Analysis and NanoSim tools, aimed at validation up to the provisional recognition phase in the use of e-probes as a test for the detection of various strains of *Grapevine virus A* and *Grapevine virus B* in various geographical areas, in which the simulation of metagenomic samples and subsequent analysis with e-probes allowed to determine the performance parameters of the test for its subsequent implementation in the production and distribution of plants free of these viruses.

KEY WORDS:

- **METAGENOMICS**
- **NANOPORE SIMULATIONS**
- **VALIDATION OF DIAGNOSTIC TEST**