

RESUMEN

El virus de la tristeza de los cítricos (CTV) es el patógeno más agresivo de los cítricos, siendo el responsable de grandes pérdidas a nivel mundial. En el Ecuador, el limón Meyer (*Citrus x meyeri*) se ha logrado cultivar en todas las regiones agroecológicas convirtiéndose en un rubro importante para los agricultores. Mediante análisis previos se identificó la presencia de CTV en árboles de limón Meyer de la Granja Experimental del INIAP, sector Tumbaco, con sintomatología vírica. El genoma casi completo del CTV aislado tiene una longitud de 19,188 nucleótidos y está organizado en 12 secuencias codificantes. La secuencia del genoma fue anotada y depositada en la base de datos del GenBank con el número de accesión MZ870354. Los análisis filogenéticos se infirieron en la plataforma en línea CIPRES Science Gateway V. 3.3 con los programas RaxML y Beast. Los genomas utilizados en este estudio presentaron entre el 99.5% y 83,40% de identidad a nivel de nucleótidos. Los análisis filogenéticos permitieron inferir que el aislado ecuatoriano se agrupa con aislados de la región sudamericana. El aislado ecuatoriano puede tratarse de la cepa del grupo II del genotipo RB. Esta es la primera vez que se reporta un genoma casi completo de CTV descrito en el Ecuador.

Palabras clave:

- CTV
- LIMÓN MEYER
- GENOMA
- BAYESIANO
- FILOGENIA

ABSTRACT

Citrus Tristeza Virus (CTV) is the most aggressive pathogen on citrus crops, being responsible for tree losses around the world. In Ecuador, the Meyer lemon (*Citrus x meyeri*) is a citrus fruit that has adapted to different agro-ecological conditions, becoming an important item for farmers. The previous analysis allowed the identification of CTV in symptomatic Meyer lemon trees with virosis symptoms. The samples were collected at INIAP experimental farm located in Tumbaco-Pichincha province. The nearly complete genome of CTV is 19,188 bp long arranged in 12 open reading frames. The genome sequence was annotated and deposited in the GenBank database with accession number MZ870354. The phylogenetic relationships among CTV isolates were inferred using RaxML and Beast programs, on the online platform CIPRES Science Gateway V.3.3. The Ecuadorian isolate was grouped with isolates from the South America region. The phylogenetic analysis grouped EC-Tumbaco isolate in RB genotype, group II. This is the first time that a nearly complete CTV genome has been reported in Ecuador.

Keywords:

- CTV
- MEYER LEMON
- GENOME
- BAYESIAN
- PHYLOGENIE