

## RESUMEN

La detección de virus fitopatógenos por medio del análisis de datos de secuenciación de alto rendimiento (*HTS-High Throughput Sequencing*) y el análisis con herramientas bioinformáticas se ha incrementado en los últimos años. La presente investigación se centró en la aplicación de este método de diagnóstico para el reconocimiento de virus fitopatógenos a partir de muestras foliares de plantas de flores de corte de *Limonium sinuatum* (L.) Mill, una flor de relleno para florero cultivada en plantaciones florícolas del Ecuador. Con el flujo de trabajo utilizado, fue posible ensamblar el genoma completo de *Alstroemeria Necrotic Streak Virus* (ANSV), un virus del género *Orthospovirus* conformado por tres segmentos (*L*, *M* y *S*) y cuyas longitudes fueron de 8755 pb, 4869 pb y 3135 pb respectivamente. La anotación de este virus fue enviada al repositorio de GenBank y registrada con números de accesión *ON149273*, *ON149272* y *ON149271* para cada uno de los segmentos del virus. La reconstrucción histórica evolutiva realizada con los métodos de máxima verosimilitud e inferencia bayesiana, utilizando los aminoácidos del gen *N* de la nucleocapside de los *orthospovirus* registrados en GenBank, ubica al virus ensamblado de ANSV de la muestra recolectada en Ecuador dentro del mismo clado que las accesiones reportadas de estudios sobre el virus de ANSV en Colombia. Se presume que el agente causal de la sintomatología de virus presentada en campo para las hojas de *Limonium sinuatum* sea provocada por el virus de ANSV detectado en el análisis HTS, lo que pone en alerta la necesidad de implementar planes de controles fitosanitarios integrales a nivel de pequeños, medianos y grandes agricultores.

*Palabras clave:* Secuenciación de alto rendimiento HTS, *Limonium sinuatum*, *Alstroemeria necrotic streak virus*, Virus fitopatógeno, Ensamblaje

## ABSTRACT

The detection of phytopathogenic viruses through the analysis of High Throughput Sequencing data (HTS) and the analysis with bioinformatics tools has increased in recent years. The present investigation was focused on the application of this diagnostic method for the recognition of phytopathogenic viruses from foliar samples of cut flower plants of *Limonium sinuatum* (L.) Mill, a vase filler flower grown in flower plantations in Ecuador. With the workflow used, it was possible to assemble the complete genome of Alstroemeria Necrotic Streak Virus (ANSV), a virus of the *Orthospovirus* genus made up of three segments (*L*, *M* and *S*) and whose lengths were 8755 bp, 4869 bp and 3135 bp respectively. The annotation of this virus was sent to the GenBank repository and registered with accession numbers ON149273, ON149272 and ON149271 for each of the virus segments. The historical evolutionary reconstruction carried out with the methods of Maximum Likelihood and Bayesian Inference, using the amino acids of the N gene of the orthospoviruses's nucleocapsid registered in GenBank, that places the assembled ANSV virus from the sample collected in Ecuador within the same clade as the accessions reported from studies on the ANSV virus in Colombia. It is presumed that the causative agent of the virus symptoms presented in the field for the leaves of *Limonium sinuatum* is caused by the ANSV virus detected in the HTS analysis, which alerts the need to apply comprehensive phytosanitary control plans for small, medium and large farmers.

**Keywords:** High Throughput Sequencing HTS, *Limonium sinuatum*, *Alstroemeria necrotic streak virus* ANSV, Phytopathogens viruses, Assembly