

## RESUMEN

En el Ecuador son pocos los reportes de virus en fuentes de agua y los que existen describen virus humanos mientras que los virus fitopatógenos, que también se transmiten a través del agua, han sido poco estudiados. Dado que no existen métodos de control definitivos para las enfermedades virales en plantas, mejorar la bioseguridad agrícola y la detección temprana de virus es la mejor manera de evitar pérdidas económicas.

Diferentes técnicas y métodos han sido empleados para el diagnóstico viral sin embargo, la secuenciación masiva paralela es una poderosa alternativa para el diagnóstico de virus en muestras ambientales. El objetivo del proyecto fue aplicar una tecnología de secuenciación masiva paralela para el descubrimiento de virus fitopatógenos en agua de riego en un reservorio de la Granja Experimental INIAP en el sector de Tumbaco, Pichincha. Utilizando el método de floculación orgánica con leche descremada se obtuvo un concentrado viral a partir de muestras de agua. Se extrajo ARN de los concentrados virales y se realizó secuenciación masiva paralela utilizando la tecnología Illumina. Tras el análisis bioinformático de datos se determinó la presencia de 4 familias de virus fitopatógenos: *Tombusviridae*, *Virgaviridae*, *Solemoviridae* y *Alphaflexiviridae* de un total de 19 familias virales dentro de los dominios Duplodnaviria y Riboviria. Además se realizó una comparación de herramientas bioinformáticas para el ensamblaje de lecturas de secuenciación masiva donde el ensamblador metaSPAdes mostró los mejores resultados. Con dicha herramienta se obtuvo más del 99% de los genomas ensamblados de *Hibiscus latent Fort Pierce virus* (HLFPV) y *Ryegrass mottle virus* (RGMoV).

Palabras clave:

- **FITOPATÓGENOS**
- **HLFPV**
- **RGMoV**
- **ENSAMBLAJE**

## ABSTRACT

In Ecuador there are few reports of viruses in water sources and those that already exist describe human viruses while phytopathogenic viruses, which are also transmitted through water, have been less studied. Since there are no definitive control methods for viral diseases in plants, improving agricultural biosecurity and early virus detection is the best way to avoid economic losses. Different techniques and methods have been used for viral diagnosis, however, parallel massive sequencing is a powerful alternative for the diagnosis of viruses in environmental samples. The objective of the project was to discover phytopathogenic water-borne viruses of in an irrigation water reservoir of the INIAP Experimental Farm in Tumbaco, Pichincha province using high throughput sequencing (HTS). Using the organic flocculation method with skim milk, a viral concentrate was obtained from water samples. RNA was extracted from the viral concentrates and HTS sequencing was performed with the Illumina technology. The sequencing and computational analysis of data showed the presence of 4 families of phytopathogenic viruses: *Tombusviridae*, *Virgaviridae*, *Solemoviridae* and *Alphaflexiviridae* out of a total of 19 viral families within the Duplodnaviria and Riboviria domains. In addition, a comparison of bioinformatics tools for the assembly of massive sequencing reads was performed, as result the assembler metaSPAdes showed the best evaluated parameters. With this tool, the near complete genomes of *Hibiscus latent Fort Pierce virus* (HLFPV) and *Ryegrass mottle virus* (RGMoV) were assembled.

Key words:

- **PHYTOPATHOGENS**
- **HLFPV**
- **RGMoV**
- **ASSEMBLY**