

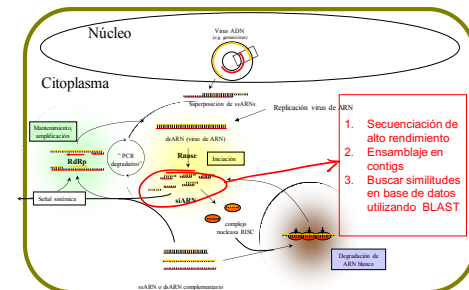
Identificación y obtención del genoma completo de virus nuevos de papa mediante secuenciamiento profundo de ARN de interferencia extraídas de plantaciones provenientes de Cusco-Perú



Blga. Melody Amao Peña

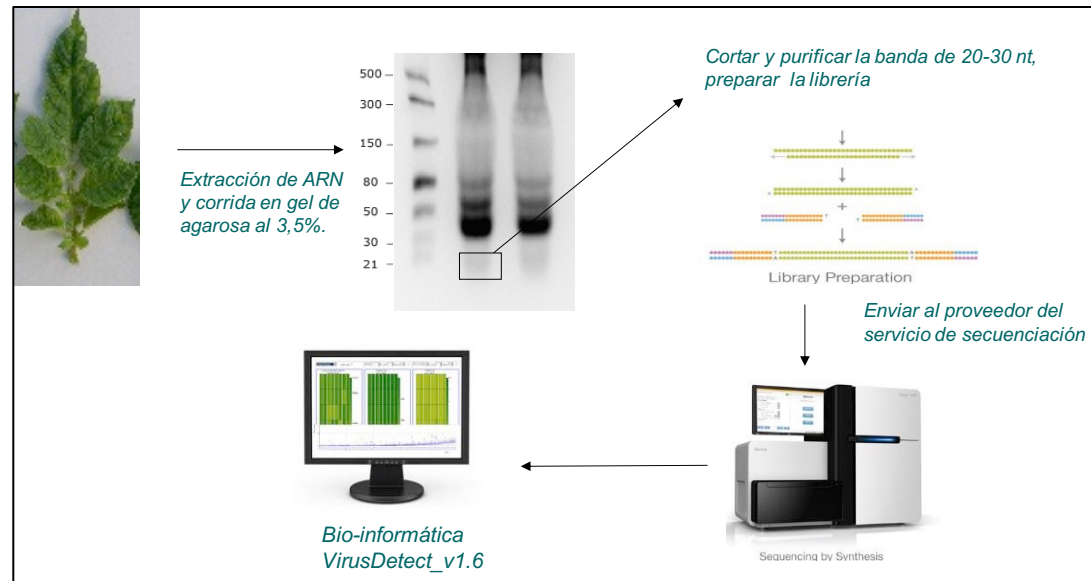
Antecedentes

- El cultivo de la papa es afectado por mas de 30 virus conocidos.
- Las tecnologías nuevas, como el HTS, permite identificar todos los virus presentes en una planta (conocidos y desconocidos).
- Nuevas especies virales han sido reportados en distintos cultivos.
- La información molecular de los virus (viroma) en muestras de papa colectadas en Perú permite conocer la carga viral presente.
- El cambio climático puede afectar las interacciones entre las poblaciones virales, sus vectores y sus hospedantes.



Objetivo:

- Obtener del genoma completo de virus identificados como especies nuevas mediante secuenciación profunda de ARN de interferencia extraídas de muestras de papa provenientes de Cusco



Materiales y métodos

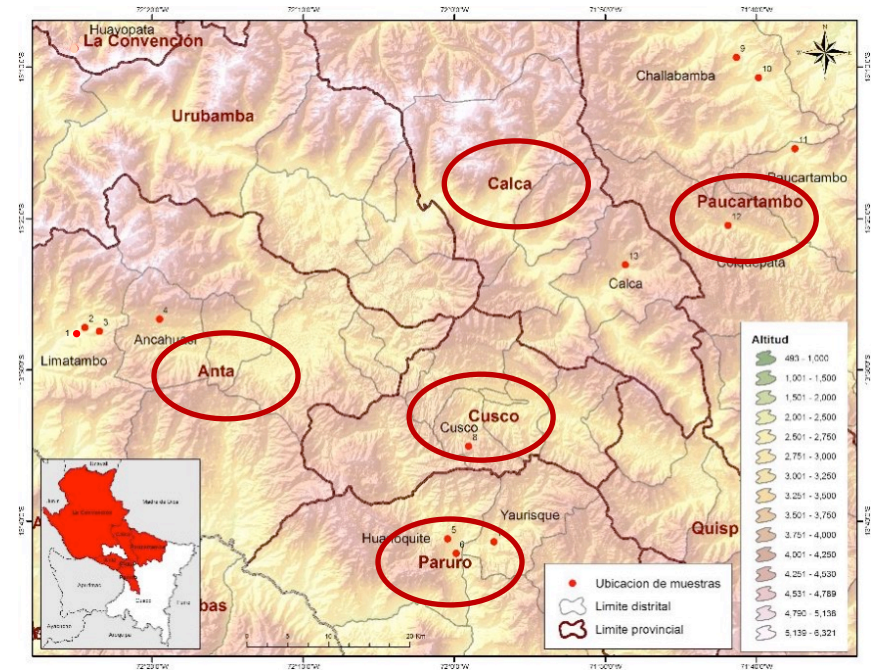
Noviembre 2016

Muestras colectadas (144):

- Anta
- Paruro
- Cusco
- Paucartambo
- Calca

Deshidratación de muestras

- Filtro de café
- Silica gel



Resultados obtenidos

Virus comunes

	Número de muestras analizadas	PVX	PVY	PW	PVA	PVS	PYV	PMTV	PVB
Cusco	144	77	140	17	18	10	3	1	20

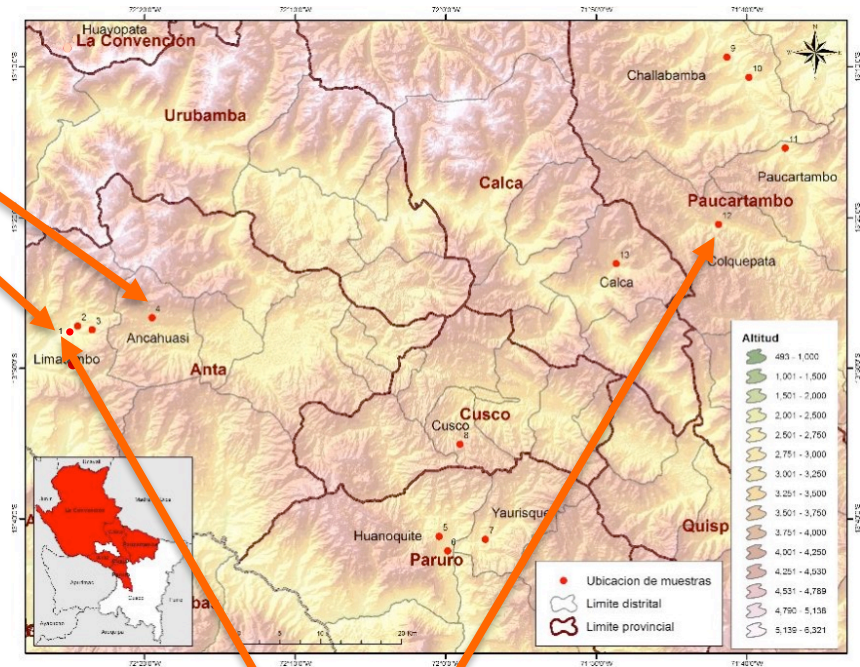
Virus nuevos

Virus nuevos	allexivirus	badnavirus	botrexvirus	carlavirus	citrivirus	comovirus	cytorhabdovirus	enamovirus	foveavirus	ilarvirus	nepovirus	polerovirus	potyvirus	prunevirus	torradovirus	trichovirus	varicosavirus	Total
Cusco	1	2	1	4	2	6	2	6	1	4	2	2	3	2	12	1	5	56

Badnavirus

Czo-004

Czo-040



Torradovirus

Czo-001

Czo-008

Czo-112

Czo-117

Czo-120

Czo-002

Czo-010

Czo-113

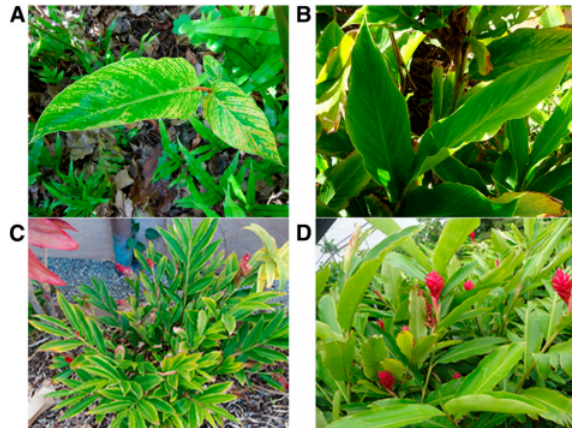
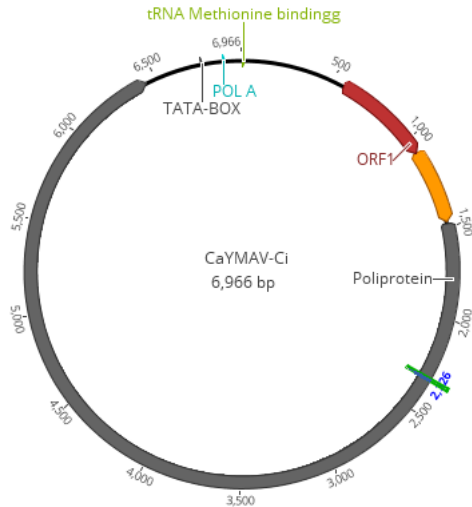
Czo-118

Czo-007

Czo-115

Czo-119

Badnavirus



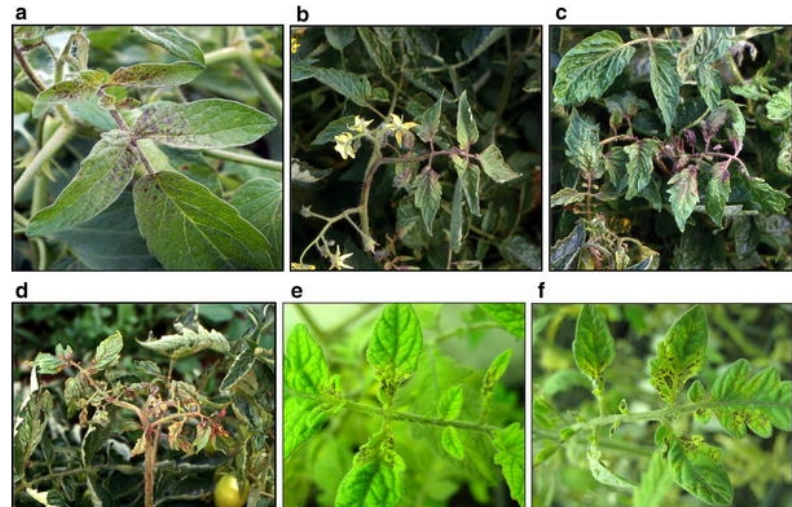
Zhang, *et al.*, 2017

Torradovirus

ARN1

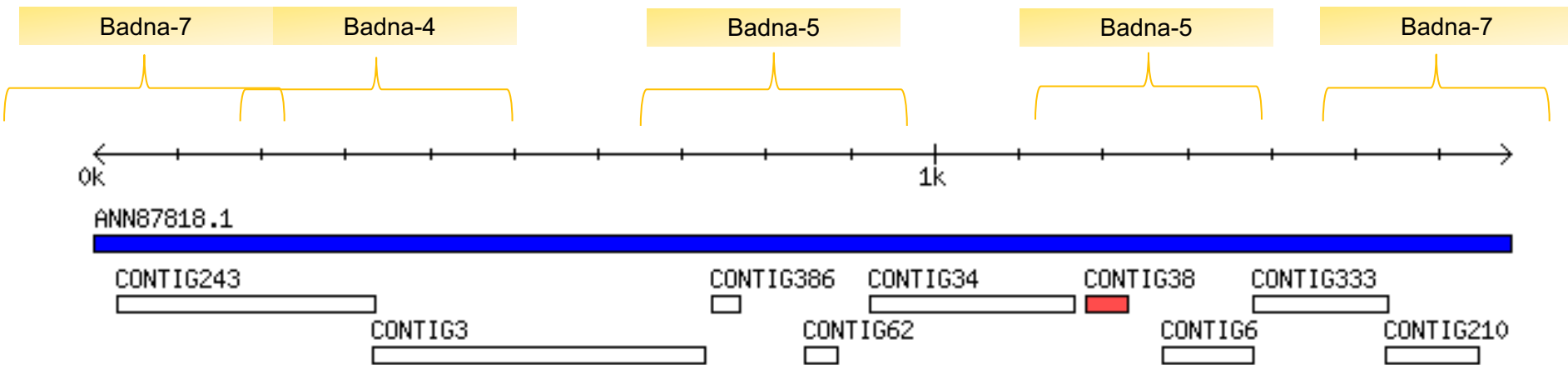


ARN2



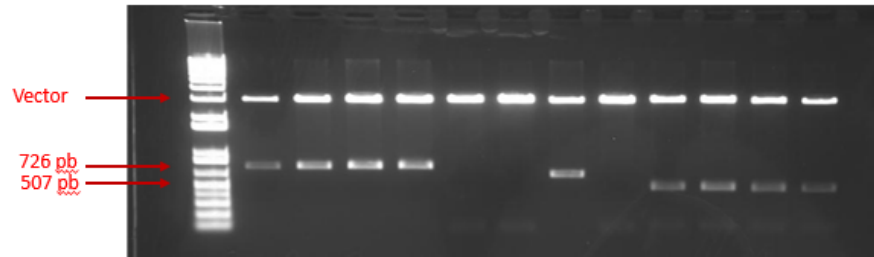
Batuman, *et al.*, 2010

Badnavirus - diseño de cebadores

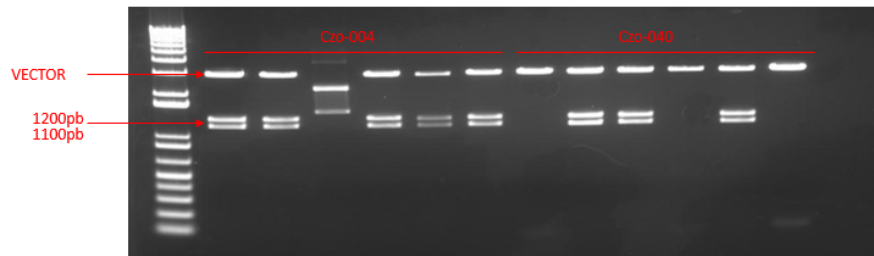
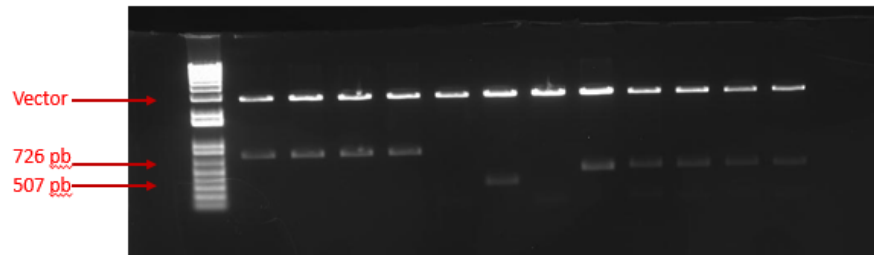


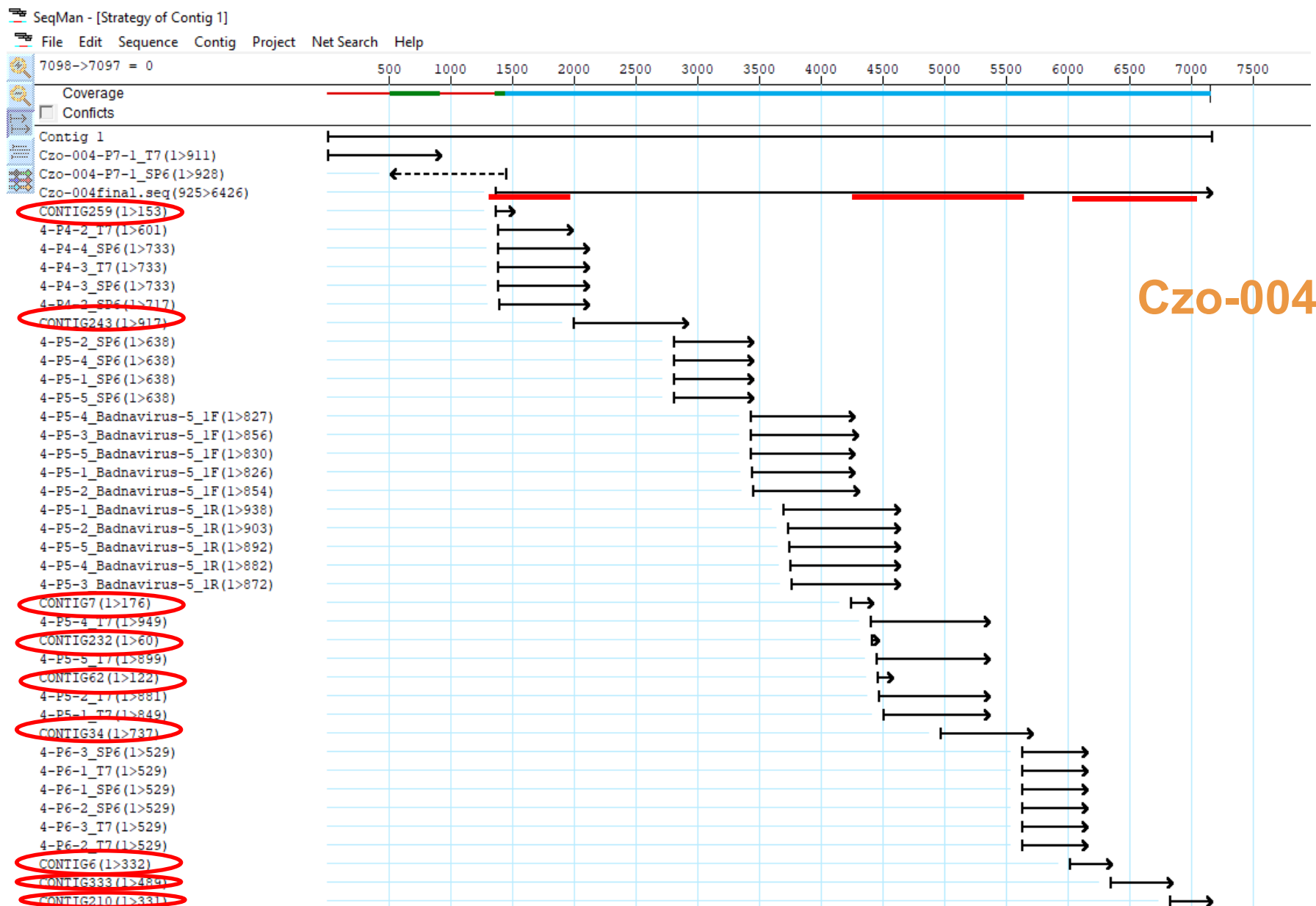
Amplificación mediante PCR - clonación

Muestra Czo-004



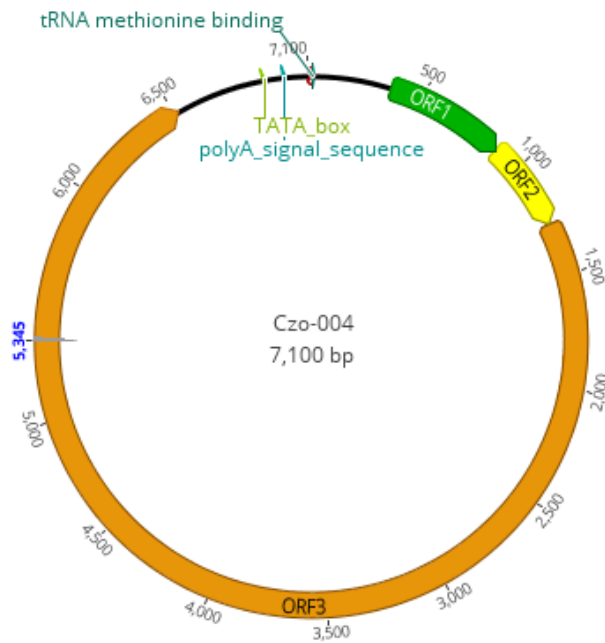
Muestra Czo-040



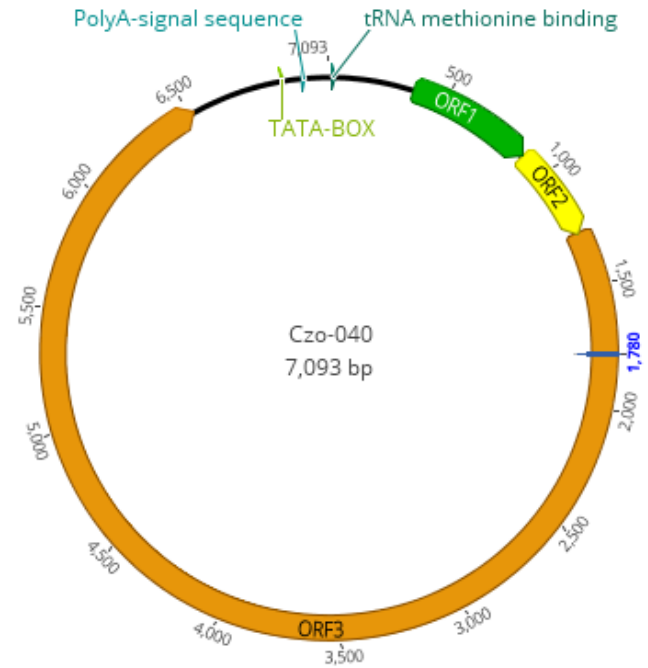


Czo-004

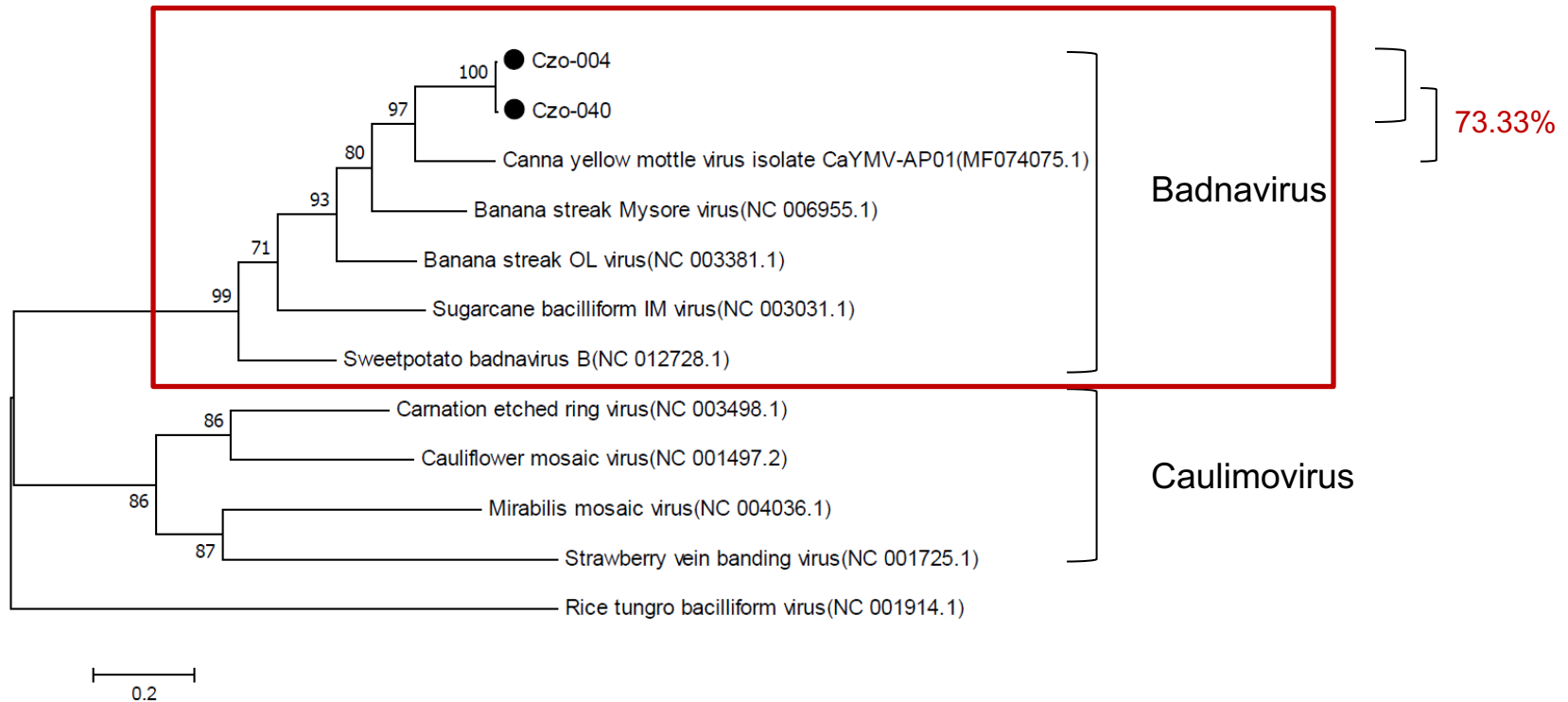
Genoma completo de Badnavirus



99.1%

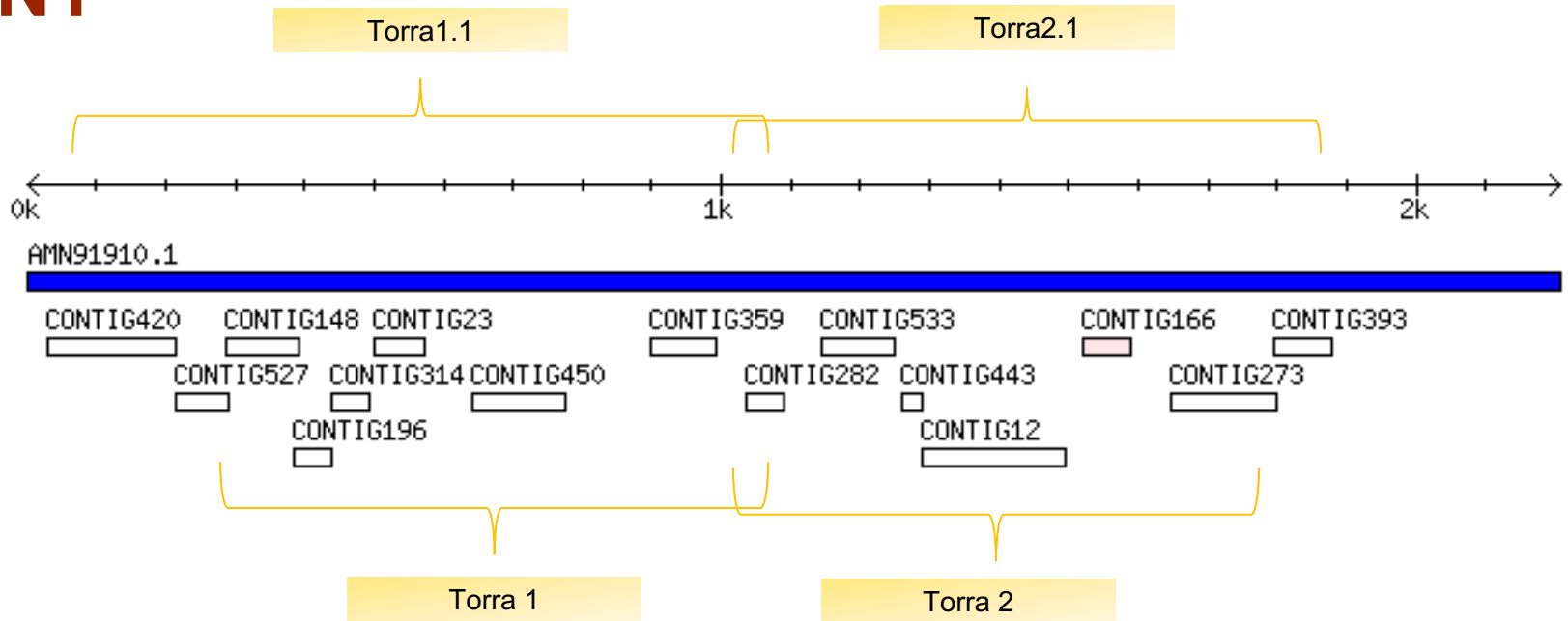


Análisis filogenético-nt RT+RNAsaH

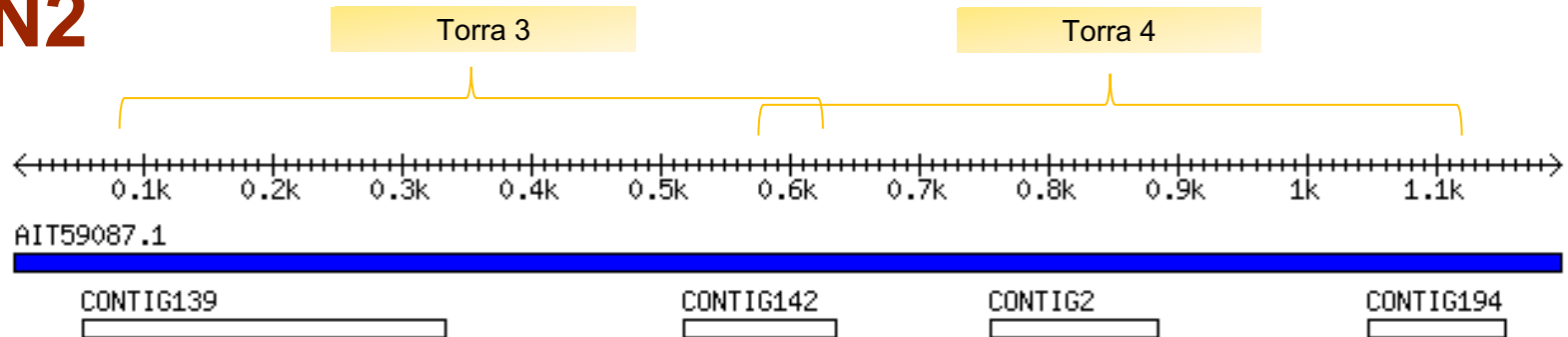


Torradovirus - diseño de cebadores

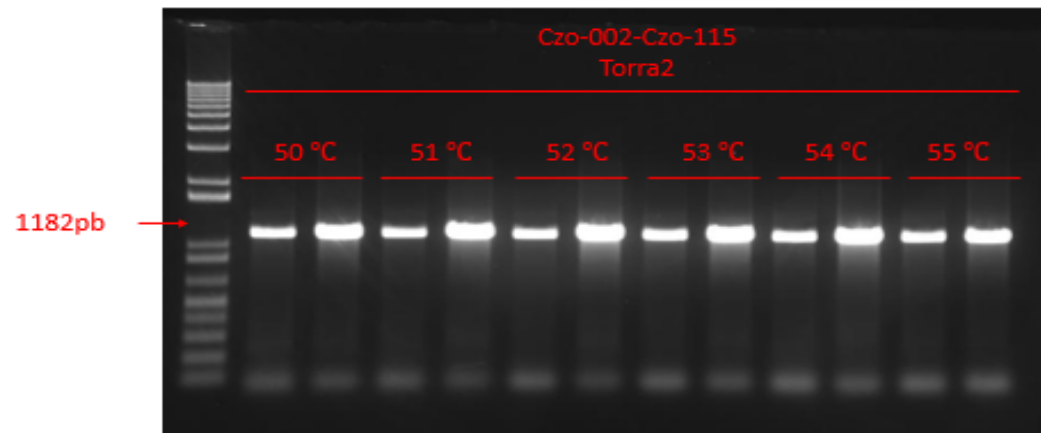
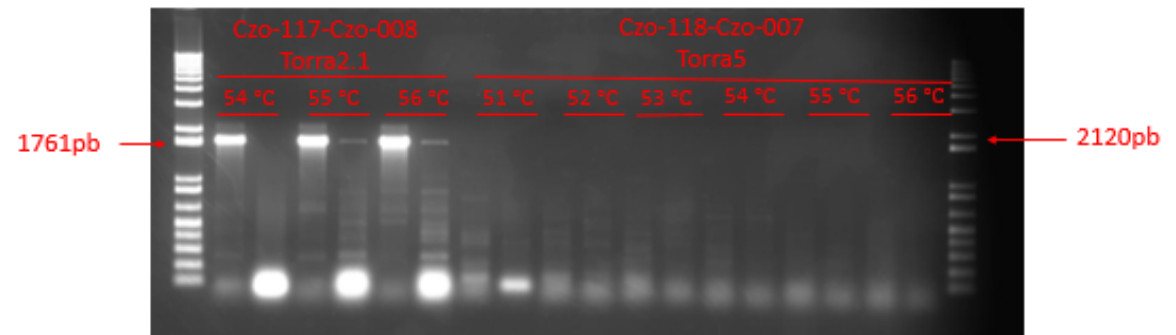
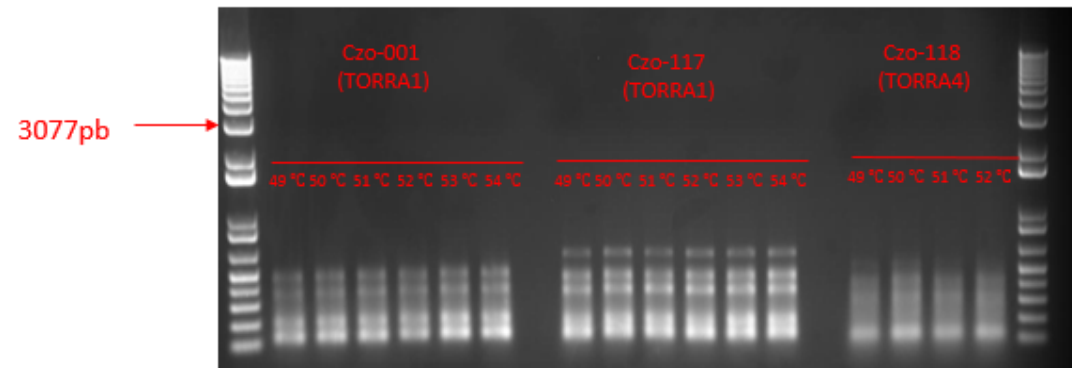
ARN1



ARN2

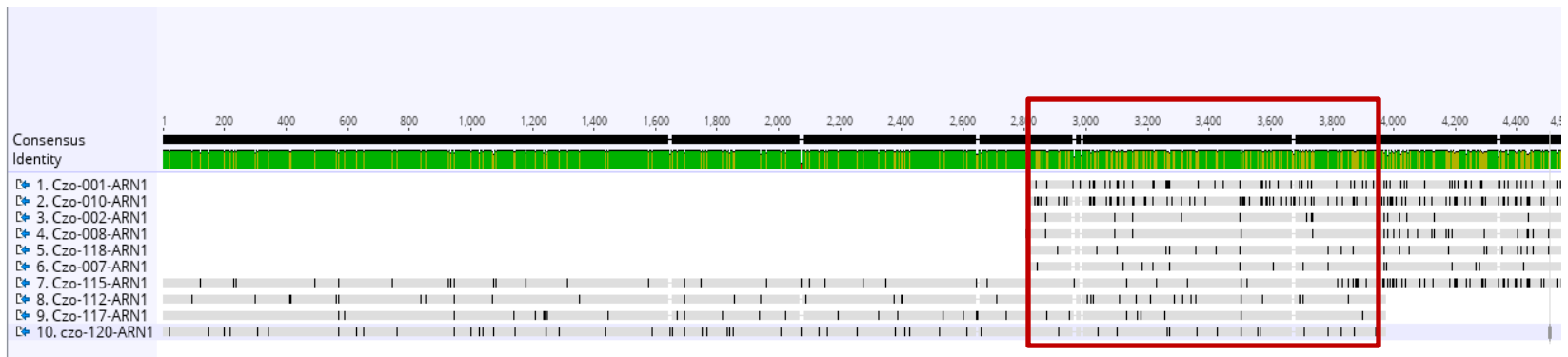


PCR



Torradovirus ARN1

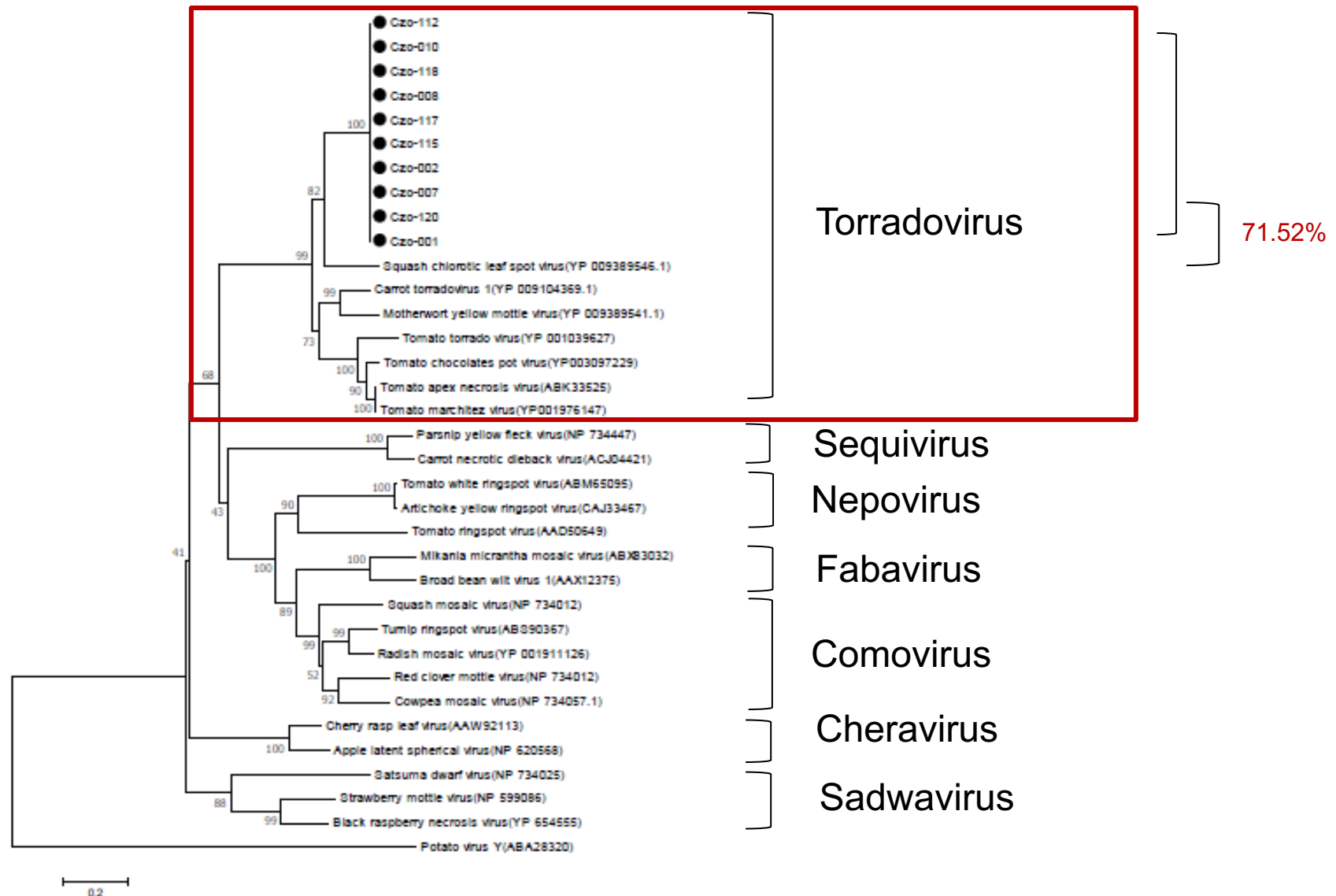
Alineamiento ARN1



% de identidad

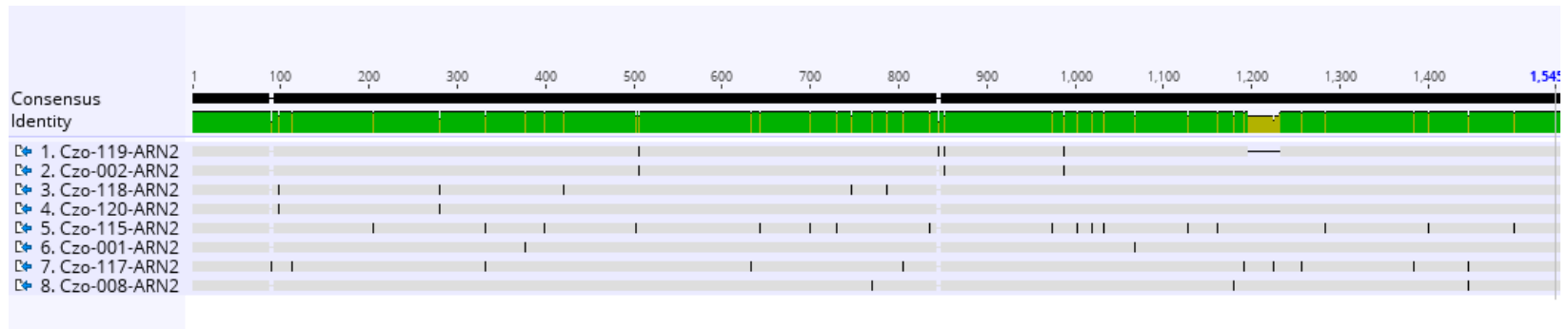
	Czo-112-ARN1	Czo-010-ARN1	Czo-118-ARN1	Czo-008-ARN1	Czo-117-ARN1	Czo-115-ARN1	Czo-002-ARN1	Czo-007-ARN1	Czo-120-ARN1	Czo-001-ARN1
Czo-112-ARN1		99.70%	99.70%	99.70%	99.70%	99.70%	99%	99.30%	98.30%	99.70%
Czo-010-ARN1	99.70%		100%	100%	100%	100%	99.30%	99.70%	98.70%	100%
Czo-118-ARN1	99.70%	100%		100%	100%	100%	99.30%	99.70%	98.70%	100%
Czo-008-ARN1	99.70%	100%	100%		100%	100%	99.30%	99.70%	98.70%	100%
Czo-117-ARN1	99.70%	100%	100%	100%		100%	99.30%	99.70%	98.70%	100%
Czo-115-ARN1	99.70%	100%	100%	100%	100%		99.30%	99.70%	98.70%	100%
Czo-002-ARN1	99%	99.30%	99.30%	99.30%	99.30%	99.30%		99%	98%	99.30%
Czo-007-ARN1	99.30%	99.70%	99.70%	99.70%	99.70%	99.70%	99%		98.70%	99.70%
Czo-120-ARN1	98.30%	98.70%	98.70%	98.70%	98.70%	98.70%	98%	98.70%		98.70%
Czo-001-ARN1	99.70%	100%	100%	100%	100%	100%	99.30%	99.70%	98.70%	

Análisis filogenético – aa RT



Torradovirus ARN2

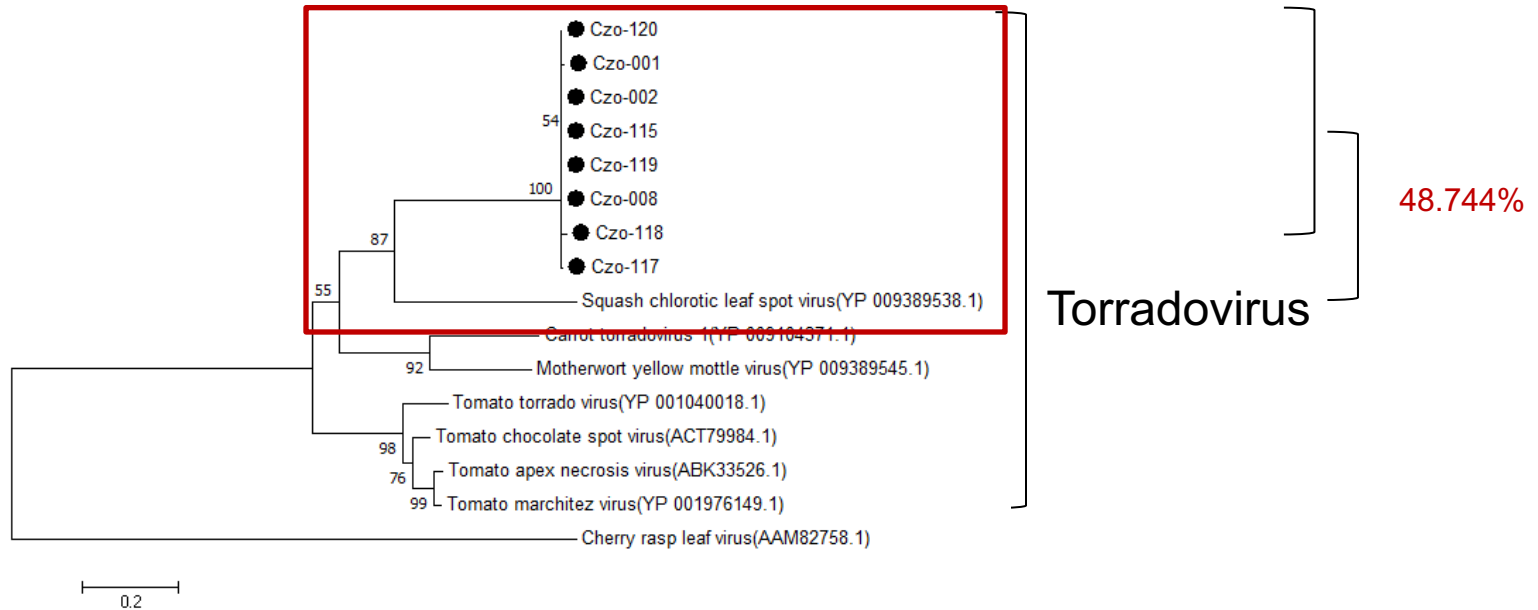
Alineamiento ARN2



% de identidad

	Czo-001-ARN2	Czo-002-ARN2	Czo-115-ARN2	Czo-117-ARN2	Czo-120-ARN2	Czo-008 ARN2	Czo-119-ARN2	Czo-118-ARN2
Czo-001-ARN2		99.497%	99.497%	98.995%	99.497%	99.497%	99.497%	98.492%
Czo-002-ARN2	99.497%		100%	99.497%	100%	100%	100%	98.995%
Czo-115-ARN2	99.497%	100%		99.497%	100%	100%	100%	98.995%
Czo-117-ARN2	98.995%	99.497%	99.497%		99.497%	99.497%	99.497%	98.492%
Czo-120-ARN2	99.497%	100%	100%	99.497%		100%	100%	98.995%
Czo-008 ARN2	99.497%	100%	100%	99.497%	100%		100%	98.995%
Czo-119-ARN2	99.497%	100%	100%	99.497%	100%	100%		98.995%
Czo-118-ARN2	98.492%	98.995%	98.995%	98.492%	98.995%	98.995%	98.995%	

Análisis filogenético – aa RHTV



Conclusiones

- Se obtuvo el genoma completo de una nueva especie viral en el género *Badnavirus* (primer reporte en papa)
- Se identificó una nueva especie viral en el género *Torradovirus* (primer reporte en papa)
- Las poblaciones virales encontradas en Cusco, es una representación de los virus a noviembre 2016.
- No tenemos evidencia de que las nuevas especies virales en estudio causen algún problema en papa.

A wide-angle photograph of a vast field of purple flowers, likely a potato field in bloom, stretching towards a line of tall evergreen trees. In the background, a steep, arid mountain rises under a cloudy sky. A small wooden building is visible on the right side of the image. The text "Gracias por su atención" is overlaid in the center in a bold, orange font.

Gracias por su atención