

ÁREA TEMÁTICA: Virus de plantas.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.512.232>

ACV-2025-092

Identificación de virus en cultivos de tomate de Colombia mediante Secuenciación de Nueva Generación (NGS)

JULIANA SÁNCHEZ YALÍ¹, LINA MARÍA GÓMEZ CARDONA¹,
JHOAN DAVID SALAZAR NOREÑA¹, KARINA ANDREA ARDILA PULGARÍN¹,
PABLO ANDRÉS GUTIÉRREZ SÁNCHEZ¹, MAURICIO MARÍN MONTOYA¹

¹ Laboratorio de Microbiología Industrial, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín (Colombia).

Correspondencia: Juliana Sánchez Yalí. jsanchezy@unal.edu.co. Lina María Gómez Cardona. ligomezca@unal.edu.co

RESUMEN

Introducción: El cultivo de tomate es uno de los renglones agrícolas de mayor importancia para el mercado internacional hortofrutícola. En Colombia, este cultivo es afectado por un gran número de fitopatógenos, entre los que se destacan los virus, de los cuales se han reportado al menos 20 especies diferentes.

Métodos: En este trabajo se utilizó la metodología molecular de secuenciación de nueva generación (NGS) para evaluar el viroma del tomate, a partir de tejido foliar de las variedades chonto y cherry de diferentes departamentos. Para esto se realizó extracción de RNA total de un *bulk* de muestras de cada variedad y se procedió a la síntesis de librerías con el kit *TruSeq stranded total RNA / Ribo-Zero*. La secuenciación se realizó para *reads* pareados de 100 pb en la plataforma Illumina NovaSeqX. Los análisis bioinformáticos se realizaron utilizando diferentes herramientas, incluyendo Blast local, PVDP, Virfind y Viroscope.

Resultados: Se detectaron en la muestra de la variedad chonto la presencia putativa de al menos 10 virus de RNA de los géneros *Crinivirus*, *Tombusvirus*, *Tobamovirus*, *Alphanecrovirus*, *Torradovirus*, *Amalgavirus*, *Carlavirus* y de cuatro virus de DNA de los géneros *Begomovirus* y *Badnavirus*. Los genomas virales con mejores niveles de cobertura correspondieron a PYVV (*Crinivirus*), TBSV (*Tombusvirus*) y a un alphanecrovirus no identificado a nivel de especie. Para el caso de tomate cherry, se identificaron cinco virus putativos de RNA de los géneros *Tobamovirus*, *Polerovirus* y *Tombusvirus*, además de dos begomovirus, destacándose por su abundancia ToBRFV (*Tobamovirus*) y PeVYVs (*Polerovirus*).

Conclusiones: Con los ensamblajes de las secuencias obtenidas se obtendrán *primers* específicos para la validación por RT-PCR convencional y/o en tiempo real de la ocurrencia de los virus de RNA y por RCA/PCR de los virus de DNA. Se espera que este trabajo permita actualizar el conocimiento que actualmente se tiene del viroma de tomate en Colombia.

Palabras clave: virus de plantas, secuenciación de nueva generación, fitopatología, bioinformática, *Solanum lycopersicum*.