

RESUMEN

Autor [Gálvez Gargurevich, M.E.](#)

Autor corporativo [Universidad Nacional Agraria La Molina, Lima \(Peru\). Escuela de Posgrado, Maestría en Fitopatología](#)

Título Caracterización molecular de tres aislamientos de Sweet potato leaf curl virus y sinergismo con el Sweet potato chlorotic stunt virus

Impreso Lima : UNALM, 2015

Copias

Ubicación

Código

Estado

Sala Tesis

[H20. G34 - T](#)

USO EN SALA

Descripción 143 p. : 24 fig.,
17 cuadros, 13
gráficos, 97 ref.
Incluye CD ROM

Tesis Tesis (Mag Sc)

Bibliografía Posgrado :
Fitopatología

Sumario Sumarios (En,
Es)

Materia [BEGOVIRUS](#)
[SWEEPOVIRUS](#)
[PERU](#)
[IPOMOEA BATATAS](#)
[VIRUS DE LAS](#)
[PLANTAS](#)
[VIROSIS](#)
[RIZADO DE LA HOJA](#)
[GENOMAS](#)
[GENETICA](#)
[MOLECULAR](#)
[AISLAMIENTO](#)
[SINERGISMO](#)
[TECNICAS ANALITICAS](#)
[EVALUACION](#)

Nº PE2016000167 B
estándar / M EUVZ H20

Trescientos noventa y cuatro accesiones de camote de América Latina y el este de África fueron testeadas por la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) para detectar la presencia de begomovirus, y 46 resultaron ser positivos. Todos eran asintomáticas en camote y generó enrollamiento de hojas hacia arriba y/o clorosis en *Ipomoea setosa*. El *Sweet potato leaf curl virus* (SPLCV) fue la especie de begomovirus predominante. Los seis aislamientos más divergentes, basados en secuencias del genoma completo, se utilizaron para estudiar las interacciones con el *Sweet potato chlorotic stunt virus* (SPCSV) conocido por causar enfermedades sinérgicas con otros virus. Las co-infecciones condujeron a un aumento de los títulos de begomovirus y la disminución de los títulos de SPCSV en todos los casos, aunque el alcance de los cambios varió notablemente entre los aislamientos de begomovirus. Los síntomas de enrollamiento de hojas hacia arriba sólo se desarrollaron temporalmente en combinación con el aislamiento StV1 y coincidieron con la presencia de las concentraciones más altas de begomovirus en la planta. El análisis de las secuencias de los pequeños ARN de interferencia (siRNA) reveló que la co-infección de SPCSV con el aislamiento StV1 condujo a un aumento relativo de siRNA correspondiente de la parte central del genoma SPCSV y una reducción en las regiones correspondientes a los extremos del genoma, pero ningún cambio relativo correspondiente a StV1 en cualquiera de las infecciones simples o dobles de los virus. La infección en plantas transgénicas que expresaron la ARNasa3 mostró que esta proteína era suficiente para mediar esta interacción sinérgica con los virus de ADN, similares a los virus de ARN. La información obtenida en la presente investigación contribuye al diagnóstico e identificación de begomovirus y el incremento significativo de sus títulos presentes en algunas interacciones sinérgicas puede tener un impacto negativo en el rendimiento.

Abstract

Three hundred and ninety-four sweet potato accessions from Latin America and East Africa were screened by polymerase chain reaction (PCR) for the presence of begomoviruses, and 46 were found to be positive. All were symptomless in sweet potato and generated leaf curling and/or chlorosis in *Ipomoea setosa*. *Sweet potato leaf curl virus* (SPLCV) was the predominant species of begomovirus. The six most divergent isolates, based on complete genome sequences, were used to study interactions with *Sweet potato chlorotic stunt virus* (SPCSV), known to cause synergistic diseases with other viruses. Co-infections led to increased titres of begomoviruses and decreased titres of SPCSV in all cases, although the extent of the changes varied notably between begomovirus isolates. Symptoms of leaf curling only developed temporarily in combination with the begomovirus isolate

StV1 and coincided with the presence of the highest begomovirus concentrations in the plant. Small interfering RNA (siRNA) sequence analysis revealed that co-infection of SPCSV with isolate StV1 led to relatively increased siRNA targeting of the central part of the SPCSV genome and a reduction in targeting of the genomic ends, but no changes to the targeting of StV1 relative to single infection of either virus. Infection in RNase3-expressing transgenic plants showed that this protein was sufficient to mediate this synergistic interaction with DNA viruses, similar to RNA viruses. The information obtained in this study contribute to the diagnosis and identification of begomovirus, as the significant increase in their titles in some synergistic interactions, this suggest that it have a negative impact on yield.