

El estudio del viroma del olivo mediante secuenciación masiva permite el avance de la taxonomía viral y plantea nuevos interrogantes

Ana Belén Ruiz-García, Félix Morán Villamizar y Antonio Olmos.

Grupo de virología de especies vegetales leñosas, Departamento de Virología, Centro de Protección Vegetal y Biotecnología, Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA)

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

Se ha descrito por primera vez la secuencia completa de 16700 nt del virus asociado al amarilleamiento de la hoja de olivo (OLYaV), un closterovirus que no estaba asignado a género y de cuyo genoma solo se conocían 4605 nt. El descubrimiento de la organización del genoma y las relaciones filogenéticas con todos los miembros de la familia *Closteroviridae* en las proteínas compartidas (ORF1a, ORF1b, HSP70h, HSP90h y CP) ha permitido la propuesta y creación del nuevo género *Olivavirus* compuesto por este virus y otras dos especies virales no asignadas a género, que comparten su proximidad filogenética en todas las proteínas, la codificación de una proteína de la familia de las taumatinas y la ausencia de la proteína menor de la cápsida (CPm). El análisis de olivos españoles con síntomas asociados a la enfermedad del amarilleamiento de la hoja de olivo, como la decoloración y el amarilleamiento de hojas, la defoliación y/o el declive, ha proporcionado la descripción de otra secuencia completa de OLYaV, así como la detección del virus también en un posible vector, el psílido *Euphyllura olivina*. Además, el estudio del viroma en árboles de olivo ha mostrado la presencia en España de un nuevo geminivirus, *olea europaea geminivirus* (OEGV), y la descripción de la secuencia completa de dos aislados españoles, obtenidos tanto por secuenciación HTS y como por secuenciación Sanger, así como la detección de otras secuencias virales relacionadas con el virus latente del olivo 3 (OLV-3) y el ARN satélite viral del olivo.

