

CARACTERIZACIÓN DEL COMPLEJO DE *BANANA STREAK VIRUS* EN CUBA Y BASES PARA SU MANEJO
CHARACTERIZATION OF THE *BANANA STREAK VIRUS* COMPLEX IN CUBA AND THE BASES FOR ITS MANAGEMENT

Elisa Javer Higginson¹
Gloria González Arias¹
Ana Lidia Echemendía Gómez¹
Pierre Yves Teycheney²
Caridad Font Díaz¹

¹Instituto de Investigaciones de Sanidad Vegetal, La Habana, Cuba.

²Centro de Internacional de Investigaciones Agrícolas para el desarrollo UMR AGAP, Station de Neufchateau, Sainte-Marie, 97130 Capesterre Belle-Eau, Guadeloupe, France

Autor para correspondencia: ejaver@inisav.cu

Las musáceas (*Musa* sp.) se infectan por un complejo de especies de *Banana streak virus* (BSV) (*Caulimoviridae*, *Badnavirus*), que causan la enfermedad del rayado del plátano. Hasta 2009 en Cuba, las investigaciones sobre BSV solo incluyeron la observación de síntomas similares de BSV en el cultivar Mysore (AAB, Subgrupo Mysore) y de partículas baciliformes en el híbrido FHIA 21 (AAAB). Debido a ello se hizo necesario realizar estudios encaminados a conocer la diversidad genética del virus y su distribución en las diferentes áreas productoras de musáceas, así como la caracterización de las eBSVs en el genoma de *Musa* sp. Los análisis moleculares revelaron, por vez primera en Cuba, la presencia de las especies *Banana streak GF virus* (BSGFV), *Banana streak OL virus* (BSOLV), *Banana streak MY virus* (BSMYV) y *Banana streak IM virus* (BSIMV), en las principales zonas productoras. La detección de la especie *Banana streak VN virus* (BSVNV) en los cultivares Americani y Vietnam constituyó el primer informe en el continente americano. La caracterización de las secuencias endógenas eBSOLV, eBSGFV y eBSIMV, en el genoma *M. balbisiana* de 25 híbridos interespecíficos de *Musa* sp. que se siembran en el país, reveló que 24 de ellos portan los alelos infecciosos de, al menos, dos de estas secuencias. Los plátanos Macho 3/4, CEMSA -, y los híbridos FHIA 20 y FHIA 21 son portadores de los alelos infecciosos GF7, OL1 y FHIA 25 de la secuencia eBSImV y están en riesgo potencial de desarrollar la infección episomal con las especies de BSV correspondientes. El cultivar Manzano INIVIT (AAB) fue el único carente de las secuencias eBSGFV y eBSImV y porta un alelo modificado de la secuencia eBSOLV del que no se conoce su naturaleza infecciosa.

PHYLODINAMICS OF PAPAYA RINGSPOT VIRUS ON *Carica papaya* L. IN CUBA
FILODINÁMICA DEL VIRUS DE LA MANCHA ANILLADA DE LA PAPAYA EN *Carica papaya* L EN CUBA

Dariel Cabrera-Mederos^{1,2,3}
Fabian Giolitti²
Carolina Torres^{3,4}
Orelvis Portal^{5,6}

¹Departamento de Agronomía, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Central “Marta Abreu” de Las Villas, Santa Clara, Cuba.

²Instituto de Patología Vegetal (IPAVE), Centro de Investigaciones Agropecuarias (CIAP), Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Córdoba, Argentina.

³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

⁴Cátedra de Virología, Facultad de Farmacia y Bioquímica, Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina.

⁵Departamento de Biología, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Central “Marta Abreu” de Las Villas, Santa Clara, Cuba.

⁶Centro de Investigaciones Agropecuarias, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Central “Marta Abreu” de Las Villas, Santa Clara, Cuba

Autores para correspondencia: dcabreramederos80@gmail.com; orelvispv@uclv.cu

Papaya is broadly cultivated in tropical and subtropical regions. However, they are affected by the Papaya ringspot virus (PRSV), which is the most economically important virus affecting papaya worldwide.

This study aimed to determine the phylodynamics of PRSV on papaya in Cuba. For this purpose, orchard and garden papaya crops grown in 47 Cuban municipalities were surveyed from 2008 to 2013, revealing the widespread distribution of PRSV in Cuba. Phylodynamic analyses performed with the coat protein partial gene of all Cuban PRSV-P isolates (34 sequences) and 107 sequences of isolates from the American continent and the Caribbean islands showed a most recent common ancestor in 1942 (HPD95 % = 1911- 1967). The substitution rate was estimated to be 7.7×10^{-4} substitutions per site per year (HPD95 % = 4.6×10^{-4} - 1.1×10^{-3}), which is equivalent to those detected in other RNA viruses. Demographic reconstruction of PRSV showed that viral diversity increased in the 1985-1990 period, which coincides with the implementation of extensive production practices. Moreover, in Cuba viral dispersion introductions were observed to occur from Mexico and other unknown ancestral localization. The spatio-temporal diffusion analysis proposed Mexico as an ancestral area for the origin of diversification in the American continent and suggests new dispersion events between American and Caribbean isolates. The observed widespread distribution, clear geographic grouping of Cuban isolates, virus growth and genetic diversity provide strong evidence of the PRSV dispersion patterns.

**OPTIMIZACIÓN DEL DIAGNÓSTICO DE VIRUS EN EL CULTIVO DEL MELÓN,
EN LAS FINCAS DEL GRUPO AGROLIBANO
OPTIMIZATION OF VIRUS DIAGNOSE IN MELON IN THE FARMS OF THE AGROLIBANO GROUP**

Fany Johana Méndez¹
Alejandra Morales Molina¹
Yamila Martínez Zubiaur²
Benedicto Martínez Coca²
Juan Santiago Amador³
Mauricio Jiménez³
Oscar Oviedo³
Oscar Molina³

¹Centro de investigaciones Biológicas e Invernaderos, AGROCIBI. Grupo Agrolibano, Honduras.

²Centro Nacional de Sanidad Agropecuaria, CENSA, Cuba.

³Gerencia de Producción. Grupo Agrolibano, Honduras.

Autor para correspondencia: fanymendez@agrolibano.com

La complejidad que implica la detección de entidades virales que afectan la producción y comercialización de cultivos de interés económico y la necesidad del conocimiento de estas para la toma de decisiones en el manejo de los cultivos, han sido las razones fundamentales que llevaron a la optimización y estandarización de metodologías de diagnósticos basadas en ELISA y Real time PCR, en el Centro de investigaciones biológicas e invernaderos (AGROCIBI) del grupo Agrolibano en Honduras. Se establecieron estrategias de muestreos y monitoreo de síntomas en fincas e invernaderos para la prevención del desarrollo de entidades virales como *Zucchini yellow mosaic virus* (ZYMV), *Cucurbit stunting disorder virus* (CYSDV), *Melon necrotic spot virus* (MNSV) y *Squash mosaic virus* (SqMV), así como su asociación con los insectos vectores y la caracterización de síntomas observados en las diferentes fincas. Los resultados han propiciado la implementación y el fortalecimiento de medidas encaminadas a una mayor protección en los invernaderos y la salud de las plántulas al momento del trasplante, el manejo de los insectos vectores, fortalecimiento de las prácticas culturales, entre otras.

**AVANCES EN EL CONOCIMIENTO DE LA RELACIÓN FITOPLASMAS- *Empoasca* spp.
ASOCIADOS AL CULTIVO DEL FRIJOL (*Phaseolus vulgaris* L.) EN CUBA
PROGRESSION IN KNOWLEDGE OF THE RELATIONSHIP PHYTOPLASMAS-*Empoasca* spp.
ASSOCIATED WITH THE BEAN CROP (*Phaseolus vulgaris* L.) IN CUBA**

Adayakni Sánchez Castro,
Madelaine Luisa Quiñones Pantoja
Ileana Miranda Cabrera
Bertha Piñol Pérez
Basilía Miriam Fernández Argudín

Dirección de Sanidad Vegetal, Centro Nacional de Sanidad Agropecuaria (CENSA), Carretera de Jamaica y Autopista Nacional KM, 3 ½, San José de Las Lajas, código postal 32700. Mayabeque, Cuba.

Autores para correspondencia: ada@censa.edu.cu, madeqp@censa.edu.cu, ileanam@censa.edu.cu