



Καινοτόμες λύσεις για τη βιώσιμη και περιβαλλοντικά φιλική φυτοπροστασία των οπωροκηπευτικών της Ελλάδας, στην Ευρώπη του μέλλοντος

Παραδοτέο Π.4.9.3: Διαφορικά εκφραζόμενα μονοπάτια, Gene Ontologies και γονίδια στα CMV και PVY μολυσμένα φυτά σχετιζόμενα με την προσέλκυση παρασιτοειδών

Πληροφορίες για το έγγραφο

Αριθμός παραδοτέου: **Π.4.9.3**

Ενότητα εργασίας: **ΕΕ4**

Επικεφαλής δικαιούχος: **ΜΦΙ**

Συγγραφείς: **Νίκων Βασιλάκος, Ιωάννα Μαλανδράκη, Ιωάννης Θεολογίδης, Δέσποινα Μπερή, Χριστίνα Βαρβέρη, Παναγιώτης Μυλωνάς, Ειρήνη Αναστασάκη**

Έκδοση: **1.1**

Είδος Παραδοτέου: **Έκθεση**

Ημερομηνία παράδοσης: **31 - 12 - 2025**

Στοιχεία Πράξης

Τίτλος: Καινοτόμες λύσεις για τη βιώσιμη και περιβαλλοντικά φιλική φυτοπροστασία των οπωροκηπευτικών της Ελλάδας, στην Ευρώπη του μέλλοντος

Τίτλος (EN): InnoPP-Innovations in Plant Protection for sustainable and environmentally friendly pest control

Κωδικός πράξης: ΤΑΕDR-0535675

Ακρωνύμιο έργου: InnoPP

Ημερομηνία έναρξης: 15 Μαΐου 2023

Διάρκεια: 28 Μήνες

Συντονιστής Φορέας: Γεωπονικό Πανεπιστήμιο Αθηνών

Συντονιστής/ Επιστημονικός Υπεύθυνος: Ιωάννης Βόντας

Πίνακας Περιεχομένων

1	ΕΙΣΑΓΩΓΗ ΚΑΙ ΣΤΟΧΟΙ	5
2	ΠΕΡΙΓΡΑΦΗ ΤΩΝ ΕΡΓΑΣΙΩΝ	6
2.1	ΥΛΙΚΑ ΚΑΙ ΜΕΘΟΔΟΙ.....	6
2.2	ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΚΑΙ ΣΥΖΗΤΗΣΗ	6
3	ΣΥΝΟΨΗ ΚΑΙ ΣΥΜΠΕΡΑΣΜΑΤΑ	11
4	ΠΑΡΑΡΤΗΜΑ Ι- Βιβλιογραφικές Αναφορές	12

Περίληψη του Έργου

Το έργο «Καινοτόμες λύσεις για τη βιώσιμη και περιβαλλοντικά φιλική φυτοπροστασία των οπωροκηπευτικών της Ελλάδας, στην Ευρώπη του μέλλοντος» στοχεύει στην ανάπτυξη σύγχρονων και καινοτόμων μεθόδων για την προστασία των καλλιεργειών όπως τα κηπευτικά, τα εσπεριδοειδή και το επιτραπέζιο σταφύλι. Περιλαμβάνει τη δημιουργία προηγμένων διαγνωστικών εργαλείων για την ανίχνευση εχθρών και παθογόνων με τεχνολογίες αιχμής, όπως ηλεκτρονικές παγίδες και βιοαισθητήρες, καθώς και πλατφόρμες αλληλούχισης για τον πλήρη προσδιορισμό των ιωμάτων. Επιπλέον, θα αναπτυχθούν μοντέλα πρόβλεψης επιδημιών και καινοτόμα βιοφυτοπροστατευτικά προϊόντα, τα οποία θα αξιολογηθούν για την ασφάλεια τους σε μη στόχους οργανισμούς. Τέλος, οι νέες τεχνολογίες θα ενσωματωθούν σε συστήματα ολοκληρωμένης διαχείρισης φυτοπροστασίας και θα δοκιμαστούν σε πραγματικές συνθήκες, ενώ θα αξιολογηθούν οι κοινωνικοοικονομικές και περιβαλλοντικές επιπτώσεις τους.

Σύνοψη της ΕΕ4

[Συνοπτική περιγραφή της Ενότητας Εργασίας στην οποία εντάσσεται το Παραδοτέο]
Στην ΕΕ4 θα αναπτυχθούν δράσεις που θα ενισχύσουν την αποτελεσματικότητα της βιολογικής καταπολέμησης. Θα γίνει βελτίωση της αρμοστικότητας των ωφέλιμων αρπακτικών και ενίσχυση της δράσης τους, καθώς επίσης και αξιοποίηση της λειτουργικής βιοποικιλότητας για την ανάπτυξη καλύτερα προσαρμοσμένης βιολογικής καταπολέμησης. Θα αναπτυχθούν βελτιωμένα προϊόντα για τη βιολογική καταπολέμηση, θα διερευνηθεί η αξιοποίηση άγριων αυτοφυών φυτών για την ενίσχυση των οικοσυστημικών υπηρεσιών για την αντιμετώπιση επιβλαβών οργανισμών μέσω της βιολογικής καταπολέμησης και θα ενισχυθεί η δράση παρασιτοειδών με χρήση ουσίων φυσικής προέλευσης ή/και «ωφέλιμων ιών». Θα αναπτυχθούν βελτιωμένες μέθοδοι για την αντιμετώπιση των εχθρών μέσω της χρήσης βακτηρίων και μικροοργανισμών. Θα αναπτυχθούν τέλος καινοτόμες μέθοδοι για την αντιμετώπιση των ζιζανίων, μέσω προσεγγίσεων αξιοποίησης της βιοποικιλότητας και καλλιεργητικών πρακτικών.

Συνοπτική παρουσίαση του παραδοτέου Π4.9.3 (executive summary)

Το συγκεκριμένο παραδοτέο αποτελεί συνέχεια του 4.9.1 «Δεδομένα βιοδοκιμών για προσέλκυση του παρασιτοειδούς παρουσία των CMV και PVY σε φυτά τομάτας» τροποποιημένο ως προς το φυτό ξενιστή που χρησιμοποιήθηκε, που ήταν φυτά πιπεριάς και εστιασμένο ως προς τον ιό του μωσαικού της αγγουριάς (cucumber mosaic virus, CMV). Οι λόγοι που επέβαλλαν τη συγκεκριμένη τροποποίηση αφορούν α) την ισχυρότερη επίδραση του CMV στην προσέλκυση του παρασιτοειδούς *Aphidius colemani* (Hymenoptera: Aphelinidae) σε σχέση με τον PVY, και β) την μεγαλύτερη ευχέρεια αποικισμού από αφίδες των φυτών πιπεριάς σε σχέση με τα φυτά τομάτας, ώστε τα αποτελέσματα να μπορούν να συσχετιστούν πιο αξιόπιστα με το παραδοτέο 4.9.4. Συνεπώς, πραγματοποιήθηκε ανάλυση του μεταγραφώματος (transcriptome) φυτών πιπεριάς ποικιλίας Yolo Wonder παρουσία της απομόνωσης I17F του CMV, με στόχο τον εντοπισμό διαφορεικά εκφραζόμενων γονιδίων (Differentially Expressed Genes, DEGs),

GO όρων και λειτουργικών KEGG μονοπατιών που πιθανά σχετίζονται με την προσέλκυση του παρασιτοειδούς *A. colemani*. Για την ανάλυση του μεταγραφώματος χρησιμοποιήθηκε η μέθοδος της αλληλούχησης υψηλής απόδοσης RNA-Seq. Κατά την βιοπληροφορική ανάλυση εντοπίστηκαν πάνω από 2000 DEGs που εκφράζονται στα φυτά παρουσία του CMV σε σχέση με τα φυτά μάρτυρες (mock). Οι αναλύσεις εμπλουτισμού, όπως ήταν αναμενόμενο, υπέδειξαν την υπερ-εκπροσώπηση όρων και μονοπατιών που σχετίζονται με την άμυνα του φυτού, τη σηματοδότηση, την ενεργοποίηση δευτερογενών μεταβολικών μονοπατιών και την μετάφραση. Οι λίστες που δημιουργήθηκαν στην παρούσα εργασία θα χρησιμοποιηθούν και θα συγκριθούν με τους αντίστοιχους του παραδοτέου 4.9.4 με σκοπό τον εντοπισμό των γονιδίων εκείνων που πιθανά συμμετέχουν στην προσέλκυση του παρασιτοειδούς *A. colemani* σε φυτά πιπεριάς παρουσία του CMV.

1 ΕΙΣΑΓΩΓΗ ΚΑΙ ΣΤΟΧΟΙ

Οι ιοί μεταβάλλουν τη φυσιολογία των φυτών, γεγονός που επηρεάζει τις αλληλεπιδράσεις μεταξύ των φυτών και των εντόμων-φορέων που τους μεταδίδουν. Ειδικά για τον ιό του μωσαϊκού της αγγουριάς (cucumber mosaic virus, CMV) έχει δειχθεί σε αριθμό εργασιών η σύνθετη επίδραση της μόλυνσης στην συμπεριφορά των αφίδων φορέων του ιού (Mauck et al, 2009). Ο CMV είναι ένας από τους σημαντικότερους φυτικούς ιούς, που προσβάλλει την αγγουριά και μεγάλο αριθμό καλλιεργούμενων φυτών, προκαλώντας μεγάλες απώλειες στην παραγωγή. Όπως και για όλους του φυτικούς ιούς, δεν υπάρχει θεραπεία αλλά μόνο πρόληψη μέσω ανθεκτικών ποικιλιών, υγιούς σπόρου και καταπολέμησης των αφίδων φορέων του. Εκτός των εντόμων φορέων, πρόσφατες έρευνες έχουν δείξει ότι οι ιοί μεταβάλλουν χαρακτηριστικά των φυτών που επηρεάζουν και τη συμπεριφορά των παρασιτοειδών των εντόμων φορέων τους (Clemente-Orta et al, 2024; Milonas et al, 2023). Ωστόσο, σε αντίθεση με μελέτες για τις αλληλεπιδράσεις μεταξύ των μολυσμένων με ιούς φυτών και των εντόμων-φορέων τους, οι οδοί σηματοδότησης και οι ρυθμιστές που ελέγχουν τις αντιδράσεις στα παρασιτοειδή παραμένουν άγνωστοι. Αντίστοιχες εργασίες με ιούς και έντομα φορείς χρησιμοποίησαν βιοδοκιμές απόδοσης και προτίμησης εντόμων, RNA-seq και γενετικά εργαλεία για τον προσδιορισμό των υποκείμενων μηχανισμών που μεσολαβούν στις αλληλεπιδράσεις μεταξύ φυτών, ιών και φορέων. Η σύγκριση του μεταγραφώματος αποκάλυψε ότι τα φυτά που έχουν μολυνθεί από ιούς συχνά χειραγωγούν την έκφραση των γονιδίων των φυτών για να προσελκύσουν φορείς, μεταβάλλοντας τις πτητικές ουσίες και τους αμυντικούς μηχανισμούς των φυτών, ενώ οι φορείς εμφανίζουν ανοσολογικές αντιδράσεις, οι οποίες όμως ποικίλλουν σημαντικά ανάλογα με τον τύπο μετάδοσης του ιού (έμμονος έναντι μη έμμονου) και τον φορέα, οδηγώντας σε αλλαγές στη διατροφή, την εγκατάσταση, την αναπαραγωγή και την επιβίωση, δείχνοντας τελικά ότι οι ιοί προσαρμόζουν προς όφελός τους, τις αλληλεπιδράσεις ξενιστή-φορέα για να εξαπλωθούν.

Ο στόχος της παρούσης Ενότητας είναι η παραπάνω μεταγραφωμική ανάλυση να εφαρμοστεί και στο σύστημα φυτού-ξενιστού πιπεριάς /CMV / παρασιτοειδούς *A. colemani*, έτσι ώστε σαν μια πρώτη προσέγγιση να διερευνηθεί ο μοριακός μηχανισμός που διέπει την τριτροφική αυτή αλληλεπίδραση.

Το παρόν έγγραφο ακολουθεί την παρακάτω δομή:

1. Εισαγωγή και Στόχοι: Παρουσιάζεται το πλαίσιο της έρευνας και οι στόχοι του εγγράφου.
2. Περιγραφή των Εργασιών: 2.1 Υλικά και Μέθοδο, 2.2 Αποτελέσματα και Συζήτηση.
3. Σύνοψη και Συμπεράσματα: Βασικά ευρήματα της έρευνας και σχετικά συμπεράσματα.
4. Παράρτημα: Βιβλιογραφικές αναφορές.

2 ΠΕΡΙΓΡΑΦΗ ΤΩΝ ΕΡΓΑΣΙΩΝ

2.1 Υλικά και Μέθοδοι

Ιοί, φυτικό υλικό και τεχνητές μολύνσεις

Αρχικά έγινε παραγωγή μολύσματος της απομόνωσης I17F του ιού του μωσαϊκού της αγγουριάς (cucumber mosaic virus, CMV) της συλλογής του Εργαστηρίου Ιολογίας, σε φυτά του είδους *Nicotiana glutinosa* μετά από μηχανική μετάδοση.

Για τα πειράματα έγινε παραγωγή φυτών πιπεριάς ποικιλίας Yolo Wonder στο θερμοκήπιο του εργαστηρίου Ιολογίας του ΜΦΙ υπό ελεγχόμενες συνθήκες θερμοκρασίας και φωτισμού (20-26°C, φωτοπερίοδος 16 h φως /8 h σκοτάδι). Στο στάδιο των έξι πλήρως εκπτυγμένων φύλλων, το 4^ο και 5^ο φύλλο μολύνθηκαν μηχανικά με τον CMV. Η μηχανική μόλυνση πραγματοποιήθηκε με ομογενοποιημένο μολυσμένο ιστό σε αναλογία 1:3 με διάλυμα KPO₄ 0.03M pH 7.4, 20mg/mL carborundum και 20mg/mL ενεργό άνθρακα. Φυτά πιπεριάς στα οποία πραγματοποιήθηκε η διαδικασία μηχανικής μόλυνσης απουσία ιού αποτέλεσαν τους αρνητικούς μάρτυρες. Κάθε επέμβαση περιλάμβανε 9 φυτά και 11 ημέρες μετά τη μόλυνση (days post inoculation, dpi) τοποθετήθηκαν σε εντομολογικούς κλωβούς (Εικόνα 4.9.3-1) για να είναι συγκρίσιμες οι συνθήκες ανάπτυξης με αυτές την αντίστοιχης δοκιμής παρουσία αφίδων του παραδοτέου Π.4.9.4 η οποία πραγματοποιήθηκε εντός κλωβών.

Απομόνωση ολικού RNA

Για την απομόνωση ολικού RNA έγινε συλλογή όλων των φύλλων ανά 3 φυτά στις 17dpi και λυοτριβήση με χρήση υγρού αζώτου σε πορσελάνινο ιγδίο. Ακολούθησε απομόνωση RNA από 50-100 mg λυοτριβημένου ιστού με το RNeasy Plant Mini Kit (Qiagen) και χειρισμός με DNase I (NEB) σύμφωνα με τα πρωτόκολλα των κατασκευαστών. Το RNA ποσοτικοποιήθηκε με νανοφωτόμετρο και ελέγχθηκε η ποιότητά του με ηλεκτροφόρηση σε πήγμα αγαρόζης. Δείγματα RNA (κωδικοί μολυσμένων με CMV δειγμάτων :CMV1, CMV2, CMV3 και αρνητικών μαρτύρων: Mock1, Mock2, Mock3) εστάλησαν για αλληλούχηση υψηλής απόδοσης (high-throughput sequencing, HTS) σε πλατφόρμα Illumina στο Ίδρυμα Ιατροβιολογικών Ερευνών Ακαδημίας Αθηνών (IIBEA).



α



β

Εικόνα 4.9.3-1: Φυτά πιπεριάς υγιή (α) και μολυσμένα με τον CMV (β), τοποθετημένα εντός εντομοστεγών κλωβών στο θερμοκήπιο Ιολογίας του ΜΦΙ.

Βιοπληροφορική ανάλυση δεδομένων αλληλούχισης υψηλής απόδοσης

Από την RNA-Seq ανάλυση πάρθηκαν 25 εκατομμύρια αναγνώσεις (reads) ανά δείγμα οι οποίες αναλύθηκαν με το πρόγραμμα Geneious (v. 11.1.5). Η ανάλυσή τους περιελάμβανε την επιλογή των αλληλουχιών με μήκος μεγαλύτερο των 20 nts, την απομάκρυνση των barcode και adaptor αλληλουχιών καθώς και την απομάκρυνση των χαμηλής ποιότητας περιοχών και αναγνώσεων (Q score 30) με την χρήση του BBDuk.

Η υψηλής ποιότητας αναγνώσεις στοιχήθηκαν βάσει ομοιότητας με το γονιδίωμα της πιπεριάς (GCF_002878395.1) με τη χρήση του Geneious RNA-Seq assembler. Στη συνέχεια πραγματοποιήθηκε η συγκριτική ανάλυση για την εύρεση των διαφορικά εκφραζόμενων γονιδίων (diferentially expressed genes, DEGs) με τη χρήση του αλγόριθμου DESeq2 (Love et al., 2014). Τα DEGs που ταυτοποιήθηκαν (p -adjusted value < 0.05 , $\log_2FC > 1$ ή < -1) χρησιμοποιήθηκαν για την ανάλυση του εμπλουτισμού των όρων γονιδιακής οντολογίας (GO terms) και KEGG μονοπατιών με τη χρήση των προγραμμάτων Blast2GO (Conesa et. Al, 2004) και KOBAS-i (Bu et al., 2021) αντίστοιχα.

2.2 Αποτελέσματα και Συζήτηση

Η σύγκριση του μεταγραφικού προφίλ φυτών πιπεριάς παρουσία του CMV σε σχέση με τα φυτά μάρτυρες Mock (απουσία ιού αλλά μηχανική μόλυνση με φωσφορικό διάλυμα) κατέδειξε την αλλαγή της έκφρασης 2.719 γονιδίων (Differentially expressed genes, DEGs) εκ των οποίων τα περισσότερα (2.215 DEGs) υπερ-εκφράζονταν. Από το σύνολο των διαφορικά εκφραζόμενων γονιδίων, τα 2.486 αφορούσαν σε γενετικούς τόπους που κωδικοποιούσαν πρωτεΐνες, τα 228 σε non-coding RNAs (ncRNAs) και 7 σε ριβοσωμικά γονίδια (rRNAs).

Τα DEGs που ταυτοποιήθηκαν χρησιμοποιήθηκαν στη συνέχεια για τις δοκιμές εμπλουτισμού όρων γονιδιακής οντολογίας (GO term enrichment analysis) στην πλατφόρμα Blast2GO και λειτουργικών KEGG μονοπατιών στην KOBAS-i. Οι όροι γονιδιακής οντολογίας που υπερ-εκπροσωπούνται και σχετίζονται με βιολογικές διαδικασίες (*GO Biological Process*) παρουσιάζονται στον Πίνακα 4.9.3-1, οι όροι που σχετίζονται με μοριακές λειτουργίες (*GO Molecular Function*) παρουσιάζονται στον Πίνακα 4.9.3-2, αυτοί που σχετίζονται με κυτταρικά διαμερίσματα (*GO Cellular Compartment*) στον Πίνακα 4.9.3-3, ενώ τα λειτουργικά KEGG μονοπάτια Πίνακα 4.9.3-4

Πίνακας 4.9.3-1: Όροι γονιδιακής οντολογίας που υπερ-εκπροσωπούνται σε φυτά πιπεριάς παρουσία του cucumber mosaic virus (CMV, Cucumovirus CMV) και σχετίζονται με βιολογικές διαδικασίες (GO Biological Process). FDR: Benjamini-Hochberg FDR-adjusted p -value, #SeqTest: αριθμός DEGs που εντοπίστηκαν και σχετίζονται με ένα GO όρο.

GO ID	GO Name	FDR	#SeqTest
GO:0008152	metabolic process	3.1E-103	801
GO:0006950	response to stress	1.2E-30	206
GO:0050794	regulation of cellular process	4E-21	222
GO:0042221	response to chemical	1.4E-20	111
GO:0009607	response to biotic stimulus	7.9E-16	109
GO:0051707	response to other organism	1.1E-15	105
GO:0009605	response to external stimulus	1.4E-15	109
GO:0051716	cellular response to stimulus	1.5E-10	116
GO:0007165	signal transduction	0.00000005	71

GO:0023052	signalling	0.000000058	71
GO:0007154	cell communication	0.00000014	71
GO:0051234	establishment of localization	0.000015	137
GO:0009719	response to endogenous stimulus	0.000041	44
GO:0071554	cell wall organization or biogenesis	0.00017	28
GO:0008037	cell recognition	0.00051	14
GO:1990748	cellular detoxification	0.00065	21
GO:0055085	transmembrane transport	0.00074	81
GO:0065009	regulation of molecular function	0.00084	38
GO:0071840	cellular component organization or biogenesis	0.0011	106
GO:0006457	protein folding	0.0013	22

Πίνακας 4.9.3-2: Όροι γονιδιακής οντολογίας που υπερ-εκπροσωπούνται σε φυτά πιπεριάς παρουσία του cucumber mosaic virus (CMV, Cucumovirus CMV) και σχετίζονται με μοριακές λειτουργίες (GO Molecular Function). FDR: Benjamini-Hochberg FDR-adjusted p-value, #SeqTest: αριθμός DEGs που εντοπίστηκαν και σχετίζονται με ένα GO όρο.

GO ID	GO Name	FDR	#SeqTest
GO:0003735	structural constituent of ribosome	7E-69	106
GO:0036094	small molecule binding	2.1E-43	467
GO:0016740	transferase activity	1.4E-21	273
GO:0016491	oxidoreductase activity	4.3E-21	141
GO:0046906	tetrapyrrole binding	7.7E-17	61
GO:0003676	nucleic acid binding	3.6E-14	231
GO:0003700	DNA-binding transcription factor activity	1.2E-12	82
GO:0140096	catalytic activity, acting on a protein	1.7E-12	184
GO:0097367	carbohydrate derivative binding	4.3E-12	206
GO:1901265	nucleoside phosphate binding	6.4E-10	213
GO:0030246	carbohydrate binding	4.4E-09	39
GO:0140678	molecular function inhibitor activity	0.000000027	28
GO:0016787	hydrolase activity	0.00000005	175
GO:0022857	transmembrane transporter activity	0.0002	78
GO:0030234	enzyme regulator activity	0.00021	36
GO:0004601	peroxidase activity	0.00089	17
GO:0038023	signalling receptor activity	0.01	17
GO:0016829	lyase activity	0.025	29

Πίνακας 4.9.3-3: Όροι γονιδιακής οντολογίας που υπερ-εκπροσωπούνται σε φυτά πιπεριάς παρουσία του cucumber mosaic virus (CMV, Cucumovirus CMV) και σχετίζονται με κυτταρικά διαμερίσματα (GO Cellular Compartment). FDR: Benjamini-Hochberg FDR-adjusted p-value, #SeqTest: αριθμός DEGs που εντοπίστηκαν και σχετίζονται με ένα GO όρο.

GO ID	GO Name	FDR	#SeqTest
GO:1990904	ribonucleoprotein complex	5.9E-52	121
GO:0005622	intracellular anatomical structure	6.8E-44	528
GO:0043226	organelle	1.1E-36	458
GO:0016020	membrane	6.6E-29	422
GO:0005737	cytoplasm	5.6E-18	281
GO:0005576	extracellular region	3.2E-13	58
GO:0071944	cell periphery	6.4E-11	82
GO:0005829	cytosol	0.000000026	52
GO:0005615	extracellular space	0.00000036	14
GO:0005740	mitochondrial envelope	0.00065	20
GO:0031974	membrane-enclosed lumen	0.0093	35

Πίνακας 4.9.3-4: Λειτουργικά KEGG μονοπάτια που υπερ-εκπροσωπούνται σε φυτά πιπεριάς παρουσία του cucumber mosaic virus (CMV, Cucumovirus CMV). FDR: Benjamini-Hochberg FDR-adjusted p-value, #SeqTest: αριθμός DEGs που εντοπίστηκαν και σχετίζονται με ένα KEGG μονοπάτι.

ID	KEGG pathway	FDR	#SeqTest
cann03010	Ribosome	1.19274004256e-43	127
cann04626	Plant-pathogen interaction	1.65138480055e-08	47
cann01100	Metabolic pathways	1.65138480055e-08	244
cann00480	Glutathione metabolism	8.02789093472e-07	29
cann00940	Phenylpropanoid biosynthesis	1.00465102991e-06	37
cann01110	Biosynthesis of secondary metabolites	1.19900329172e-06	130
cann04016	MAPK signaling pathway - plant	1.3899853053e-06	38
cann03030	DNA replication	0.00406876068694	12
cann04141	Protein processing in endoplasmic reticulum	0.0405336375183	31
cann00945	Stilbenoid, diarylheptanoid and gingerol biosynthesis	0.0443399124758	8

Οι παραπάνω όροι θα χρησιμοποιηθούν και θα συγκριθούν με τους αντίστοιχους του παραδοτέου 4.9.4 με σκοπό τον εντοπισμό εκείνων που πιθανά συμμετέχουν στην προσέλκυση του παρασιτοειδούς *Aphidius colemani* σε φυτά πιπεριάς παρουσία του CMV.

3 ΣΥΝΟΨΗ ΚΑΙ ΣΥΜΠΕΡΑΣΜΑΤΑ

Στην παρούσα εργασία πραγματοποιήθηκε ανάλυση του μεταγραφώματος (transcriptome) φυτών πιπεριάς ποικιλίας Yolo Wonder παρουσία της απομόνωσης I17F του ιού του μωσαϊκού της αγγουριάς (cucumber mosaic virus, CMV, *Cucumovirus CMV*) με στόχο τον εντοπισμό διαφορικά εκφραζόμενων γονιδίων (Differentially Expressed Genes, DEGs), GO όρων και λειτουργικών KEGG μονοπατιών που πιθανά σχετίζονται με την προσέλκυση του παρασιτοειδούς *Aphidius colemani*. Για την ανάλυση του μεταγραφώματος χρησιμοποιήθηκε η μέθοδος της αλληλούχησης υψηλής απόδοσης RNA-Seq. Κατά την βιοπληροφορική ανάλυση εντοπίστηκαν πάνω από 2000 DEGs που εκφράζονται στα φυτά παρουσία του CMV σε σχέση με τα φυτά μάρτυρες (mock). Οι αναλύσεις εμπλουτισμού, όπως ήταν αναμενόμενο, υπέδειξαν την υπερ-εκπροσώπηση όρων και μονοπατιών που σχετίζονται με την άμυνα του φυτού, τη σηματοδότηση, την ενεργοποίηση δευτερογενών μεταβολικών μονοπατιών και την μετάφραση. Οι λίστες που δημιουργήθηκαν στην παρούσα εργασία θα χρησιμοποιηθούν και θα συγκριθούν με τους αντίστοιχους του παραδοτέου 4.9.4 με σκοπό τον εντοπισμό εκείνων που πιθανά συμμετέχουν στην προσέλκυση του παρασιτοειδούς *Aphidius colemani* σε φυτά πιπεριάς παρουσία του CMV.

4 ΠΑΡΑΡΤΗΜΑ Ι

Βιβλιογραφικές Αναφορές

Conesa, A., Götz, S., García-Gómez, J. M., Terol, J., Talón, M., & Robles, M. (2005). Blast2GO: A universal tool for annotation, visualization and analysis in functional genomics research. *Bioinformatics*, 21(18), 3674–3676. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bti610>

Clemente-Orta, G.; Cabello, Á.; Garzo, E.; Moreno, A.; Fereres, A. *Aphidius colemani* Behavior Changes Depending on Volatile Organic Compounds Emitted by Plants Infected with Viruses with Different Modes of Transmission. *Insects* 2024, 15, 92. <https://doi.org/10.3390/insects15020092>

Love, M. I., Huber, W., & Anders, S. (2014). Moderated estimation of fold change and dispersion for RNA-seq data with DESeq2. *Genome Biology*, 15(12), 550. <https://doi.org/10.1186/s13059-014-0550-8>

Mauck, K. E., De Moraes, C. M. & Mescher, M. C. Deceptive chemical signals induced by a plant virus attract insect vectors to inferior hosts. *Proc. Nat. Acad. Sci. U. S. A.* 107, 3600–3605 (2010).

Milonas, P. G., Anastasaki, E., Psoma, A., Partsinevelos, G., Fragkopoulos, G. N., Kektsidou, O., Vassilakos, N., & Kapranas, A. (2023). Plant viruses induce plant volatiles that are detected by aphid parasitoids. *Scientific Reports*, 13(1), 8721. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-35946-3>