



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

Παραδοτέο Π.4.9.4: Διαφορικά εκφραζόμενα μονοπάτια, Gene Ontologies και γονίδια σχετιζόμενα με την προσέλκυση του παρασιτοειδούς παρουσία αφίδων

Πληροφορίες για το έγγραφο

Αριθμός παραδοτέου: Π.4.9.4

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 αλληλούχησης 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 Π4.9.4 (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» και είναι συμπληρωματικό του 4.9.3. «Διαφορικά εκφραζόμενα μονοπάτια, Gene Ontologies και γονίδια στα CMV και PVY μολυσμένα φυτά σχετιζόμενα με την προσέλκυση παρασιτοειδών» καθώς στο συγκεκριμένο, η διαφορική μεταγραφική ανάλυση περιλαμβάνει την παρουσία αφίδων στα φυτά. Όπως και στο 4.9.3, και το παρόν, είναι 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 (Hymenoptera: Aphelinidae) σε σχέση με τον PVY, και β) την μεγαλύτερη ευχέρεια αποικισμού από αφίδες των φυτών πιπεριάς σε σχέση με τα φυτά τομάτας. Συνεπώς, πραγματοποιήθηκε

ανάλυση του μεταγραφώματος (transcriptome) φυτών πιπεριάς ποικιλίας Yolo Wonder παρουσία της απομόνωσης I17F του CMV, και αφίδων 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 *A. colemani*, σε σύγκριση και με την παρουσία αφίδων στα φυτά. Η σύγκριση του μεταγραφικού προφίλ φυτών πιπεριάς παρουσία του CMV και αφίδων σε σχέση με τα φυτά μάρτυρες Mock (απουσία ιού, παρουσία αφίδων αλλά μηχανική μόλυνση με φωσφορικό διάλυμα) κατέδειξε την αλλαγή της έκφρασης 1.161 γονιδίων (Differentially expressed genes, DEGs) εκ των οποίων τα περισσότερα (929 DEGs) υπερ-εκφράζονταν. Από το σύνολο των διαφορικά εκφραζόμενων γονιδίων, τα 874 αφορούσαν σε γενετικούς τόπους που κωδικοποιούσαν πρωτεΐνες, και τα 97 σε non-coding RNAs (ncRNAs). Στη συνέχεια τα DEGs που ταυτοποιήθηκαν συγκρίθηκαν με αυτά του Παραδοτέου 4.9.3 με σκοπό τον εντοπισμό των κοινών DEGs. Τα κοινά γονίδια των οποίων η έκφραση αλλάζει τόσο παρουσία του CMV και απουσία αφίδων όσο και παρουσία και των δύο, πιθανά να συμμετέχουν στην παρατηρούμενη προσέλκυση των παρασιτοειδών.

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. Επιπλέον, δεν είναι γνωστές μελέτες που να έχουν συμπεριλάβει στις αναλύσεις συμπεριφοράς των παρασιτοειδών και τον συνδυασμό της ταυτόχρονης παρουσίας ιού και αφίδας φορέα. Συνεπώς, για να αποκτηθεί όσο το δυνατόν πιο ολοκληρωμένη γνώση των μεταγραφικών μεταβολών που μπορεί να επηρεάζουν τη συμπεριφορά του *A. colemani*, συμπεριλήφθηκε στα πειράματα και η παρουσία των αφίδων με στόχο την προσομοίωση συνθηκών το δυνατόν εγγύτερων με εκείνες που παρατηρούνται στη φύση. Συνεπώς, στα πλαίσια της ενότητας θα πραγματοποιηθεί σύγκριση του μεταγραφικού προφίλ φυτών πιπεριάς παρουσία του CMV και αφίδων σε σχέση με φυτά χωρίς ιό. Στη συνέχεια τα DEGs που θα ταυτοποιηθούν θα συγκριθούν με εκείνα του Παραδοτέου 4.9.3 με σκοπό τον εντοπισμό των κοινών DEGs. Τα κοινά γονίδια των οποίων η έκφραση αλλάζει τόσο παρουσία του CMV και απουσία αφίδων όσο και παρουσία και των δύο, πιθανά να συμμετέχουν στην παρατηρούμενη προσέλκυση των παρασιτοειδών.

2 ΠΕΡΙΓΡΑΦΗ ΤΩΝ ΕΡΓΑΣΙΩΝ

2.1 Υλικά και Μέθοδοι

Ιός, 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. Το μόλυσμα χρησιμοποιήθηκε 12-14 ημέρες μετά τη μόλυνση (days post inoculation, dpi).

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.

Εγκατάσταση αφίδων

Έντεκα ημέρες μετά τη μόλυνση των φυτών πιπεριάς με τον ιό CMV, πέντε ενήλικα θηλυκά άτομα *Myzus persicae* τοποθετήθηκαν με τη χρήση λεπτού πινέλου στα νεοαναπτυσσόμενα φύλλα κάθε φυτού. Τα ιωμένα και προσβεβλημένα φυτά διατηρούταν εντός εντομολογικών κλωβών 60X60X60 cm (Bugdorm, Taiwan) σε ελεγχόμενες συνθήκες στο θερμοκήπιο για 5-7 ημέρες μέχρι τη χρήση τους. Η ίδια διαδικασία εφαρμόστηκε και στα φυτά-μάρτυρες. Φυτά πιπεριάς 17 ημέρες μετά τη μόλυνση χρησιμοποιήθηκαν στα πειράματα. Αντίστοιχης ανάπτυξης ήταν και τα φυτά μάρτυρες (Εικόνα 4.9.4-1 και 4.9.4-2)



Εικόνα 4.9.4-1: Αποικία αφίδων σε φυτά πιπεριάς (αρνητικοί μάρτυρες)



Εικόνα 4.9.4-2: Φυτά πιπεριάς τοποθετημένα εντός εντομολογικών κλωβών στο θερμοκήπιο Ιολογίας του ΜΦΙ.

Απομόνωση ολικού RNA

Φυτά πιπεριάς αναπτύχθηκαν, μολύνθηκαν με τον CMV και πραγματοποιήθηκε εγκατάσταση αφίδων στις 11 dpi όπως περιγράφεται ανωτέρω. Η κάθε επέμβαση περιλάμβανε 9 φυτά τα οποία τοποθετήθηκαν σε εντομολογικούς κλωβούς. Στις 17dpi οι αφίδες απομακρύνθηκαν επιμελώς με πινέλο, έγινε συλλογή όλων των φύλλων ανά 3 φυτά και λυοτριβήση με χρήση υγρού αζώτου σε πορσελάνινο ιγδίο. Ακολούθησε απομόνωση του ολικού 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 :CMVA1, CMVA2, CMVA3 και αρνητικών μαρτύρων: MockA1, MockA2, MockA3) εστάλησαν για αλληλούχηση υψηλής απόδοσης (high-throughput sequencing, HTS) σε πλατφόρμα Illumina στο Ίδρυμα Ιατροβιολογικών Ερευνών Ακαδημίας Αθηνών (IIBEA).

Βιοπληροφορική ανάλυση δεδομένων αλληλούχησης 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 τον 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 διαφορεικά εκφραζόμενων γονιδίων (differentially expressed genes, DEGs) με τη χρήση του

αλγόριθμοι 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 και αφίδων σε σχέση με τα φυτά μάρτυρες Mock (απουσία ιού, παρουσία αφίδων αλλά μηχανική μόλυνση με φωσφορικό διάλυμα) κατέδειξε την αλλαγή της έκφρασης 1.161 γονιδίων (Differentially expressed genes, DEGs) εκ των οποίων τα περισσότερα (929 DEGs) υπερ-εκφράζονταν. Από το σύνολο των διαφορικά εκφραζόμενων γονιδίων, τα 874 αφορούσαν σε γενετικούς τόπους που κωδικοποιούσαν πρωτεΐνες, και τα 97 σε non-coding RNAs (ncRNAs). Στη συνέχεια τα DEGs που ταυτοποιήθηκαν συγκρίθηκαν με αυτά του Παραδοτέου 4.9.3 με σκοπό τον εντοπισμό των κοινών DEGs. Τα κοινά γονίδια των οποίων η έκφραση αλλάζει τόσο παρουσία του CMV και απουσία αφίδων όσο και παρουσία και των δύο, πιθανά να συμμετέχουν στην παρατηρούμενη προσέλκυση των παρασιτοειδών.

Σύμφωνα με τα παραπάνω εντοπίστηκαν 809 DEGs, τα οποία 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 4.9.4-1, οι όροι που σχετίζονται με μοριακές λειτουργίες (*GO Molecular Function*) παρουσιάζονται στον Πίνακα 4.9.4-2, αυτοί που σχετίζονται με κυτταρικά διαμερίσματα (*GO Cellular Compartment*) στον Πίνακα 4.9.4-3, ενώ τα λειτουργικά KEGG μονοπάτια Πίνακα 4.9.4-4.

Πίνακας 4.9.3-1: Όροι γονιδιακής οντολογίας που υπερ-εκπροσωπούνται στα κοινά εκφραζόμενα DEGs μεταξύ φυτών πιπεριάς παρουσία του cucumber mosaic virus (CMV, Cucumovirus CMV) και παρουσία τόσο του CMV όσο και των αφίδων 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	7.3E-36	286
GO:0006950	response to stress	3.2E-25	103
GO:0009607	response to biotic stimulus	1.1E-18	64
GO:0051707	response to other organism	1.9E-18	62
GO:0009605	response to external stimulus	3.4E-17	62
GO:0042221	response to chemical	1.5E-11	49
GO:0050794	regulation of cellular process	5.3E-10	88

GO:0008037	cell recognition	0.0000075	11
GO:0055085	transmembrane transport	0.00012	41
GO:0007165	signal transduction	0.00014	31
GO:0023052	signaling	0.00015	31
GO:0007154	cell communication	0.00022	31
GO:0051716	cellular response to stimulus	0.00024	45
GO:0051234	establishment of localization	0.0024	57
GO:0071554	cell wall organization or biogenesis	0.0043	14

Πίνακας 4.9.3-2: Όροι γονιδιακής οντολογίας που υπερ-εκπροσωπούνται στα κοινά εκφραζόμενα DEGs μεταξύ φυτών πιπεριάς παρουσία του cucumber mosaic virus (CMV, Cucumovirus CMV) και παρουσία τόσο του CMV όσο και των αφίδων 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:0036094	small molecule binding	8.3E-34	212
GO:0016740	transferase activity	6.2E-25	141
GO:0097367	carbohydrate derivative binding	5.1E-14	103
GO:1901265	nucleoside phosphate binding	2.2E-13	108
GO:0140096	catalytic activity, acting on a protein	6.6E-12	88
GO:0016491	oxidoreductase activity	7.1E-12	61
GO:0046906	tetrapyrrole binding	4.5E-10	29
GO:0030246	carbohydrate binding	0.00000043	21
GO:0140678	molecular function inhibitor activity	0.0000011	16
GO:0016787	hydrolase activity	0.0000044	76
GO:0003700	DNA-binding transcription factor activity	0.0000048	34
GO:0022857	transmembrane transporter activity	0.000028	40
GO:0038023	signaling receptor activity	0.000063	13
GO:0003677	DNA binding	0.00078	53
GO:0030234	enzyme regulator activity	0.025	16

Πίνακας 4.9.3-3: Όροι γονιδιακής οντολογίας που υπερ-εκπροσωπούνται στα κοινά εκφραζόμενα DEGs μεταξύ φυτών πιπεριάς παρουσία του cucumber mosaic virus (CMV, Cucumovirus CMV) και παρουσία τόσο του CMV όσο και των αφίδων 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:0016020	membrane	3.4E-25	193
GO:0071944	cell periphery	1.1E-10	44
GO:0005773	vacuole	0.0099	10
GO:0005576	extracellular region	0.11	16

Πίνακας 4.9.3-4: Λειτουργικά KEGG μονοπάτια που υπερ-εκπροσωπούνται στα κοινά εκφραζόμενα DEGs μεταξύ φυτών πιπεριάς παρουσία του cucumber mosaic virus (CMV, Cucumovirus CMV) και παρουσία τόσο του CMV όσο και των αφίδων. FDR: Benjamini-Hochberg FDR-adjusted p-value, #SeqTest: αριθμός DEGs που εντοπίστηκαν και σχετίζονται με ένα KEGG μονοπάτι.

KEGG Name	KEGG ID	#SeqTest	FDR
Glutathione metabolism	cann0048 0	18	1.88183272978e -07
Plant-pathogen interaction	cann0462 6	21	1.46510871594e -05
MAPK signaling pathway - plant	cann0401 6	18	8.15260559707e -05
Protein processing in endoplasmic reticulum	cann0414 1	16	0.015735960469 9
Phenylpropanoid biosynthesis	cann0094 0	12	0.032608441229 4
Metabolic pathways	cann0110 0	78	0.041898917938 2

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*) και παρουσία των αφίδων φορέων του ιού. Τα διαφορεικά εκφραζόμενα γονίδια που εντοπίστηκαν συγκρίθηκαν με αυτά που ταυτοποιήθηκαν στο παραδοτέο 4.9.3 με σκοπό να εντοπιστούν τα κοινά τους γονίδια. Τα γονίδια αυτά πιθανά σχετίζονται με την προσέλκυση των παρασιτοειδών που έχει παρατηρηθεί (Milonas et al., 2023). Για την ανάλυση του μεταγραφώματος χρησιμοποιήθηκε η μέθοδος της αλληλούχησης υψηλής απόδοσης RNA-Seq. Κατά την βιοπληροφορική ανάλυση εντοπίστηκαν πάνω από 809 κοινά εκφραζόμενα DEGs τα οποία χρησιμοποιήθηκαν σε αναλύσεις εμπλουτισμού GO όρων και KEGG λειτουργικών μονοπατιών. Οι αναλύσεις έδειξαν ότι τα κοινά διαφορετικά εκφραζόμενα γονίδια αφορούσαν σε όρους που σχετίζονταν με την απόκριση των φυτών σε βιοτικές καταπονήσεις και εξωτερικά ερεθίσματα, με τη σηματοδότηση και την κυτταρική συνομιλία, καθώς και με την βιογένεση του κυτταρικού τοιχώματος. Από τα λειτουργικά μονοπάτια τα σημαντικότερα αφορούν στην αλληλεπίδραση μεταξύ ξενιστή και παθογόνου, στη σηματοδότηση μέσω MAP κινασών, καθώς και με το μεταβολισμό της γλουταθειόνης και το μονοπάτι βιοσύνθεσης φαινυλπροπανοειδών. Τα αποτελέσματα αυτά θα συνδυαστούν με τα αντίστοιχα αποτελέσματα των αναλύσεων των πτητικών 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. (2024). *Aphidius colemani* Behavior Changes Depending on Volatile Organic Compounds Emitted by Plants Infected with Viruses with Different Modes of Transmission. *Insects*, 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. (2010). Deceptive chemical signals induced by a plant virus attract insect vectors to inferior hosts. *Proc. Nat. Acad. Sci. U. S. A.* 107, 3600–3605.
- 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>