

UNIVERSITAT POLITÈCNICA DE VALÈNCIA



UNIVERSITAT  
POLITÈCNICA  
DE VALÈNCIA

ESCOLA TÈCNICA SUPERIOR D'ENGINYERIA  
AGRONÒMICA I DEL MEDI NATURAL

**Evaluación del intercambio de genes entre  
micovirus y sus huéspedes: el caso de la proteína de  
la envuelta viral**

**ANEXO**

Trabajo Final de Grado en Biotecnología

*Curso académico: 2019-2020*

Autor: Alfonso i Comos, Pau

Tutor externo: Elena Fito, Santiago Francisco

Cotutor Académico: Forment Millet, José Javier

Valencia, Julio de 2020

Convocatoria de Julio de 2020



## A. ÍNDICE DE TABLAS

Tabla S1	1
Tabla S2	3
Tabla S3	4

## B. ÍNDICE DE FIGURAS

Figura S1	6
Figura S2	7
Figura S3	7
Figura S4	8

## ANEXO

**Tabla S1. Nombres de los 72 micovirus analizados en el estudio. Más información acerca de la identificación del virus se puede consultar en su publicación original, a la que se puede acceder mediante el correspondiente link en la entrada del GenBank.**

<b>Nombre</b>	<b>Abreviatura</b>	<b>Accesión de CP</b>	<b>Accesión de RdRP</b>
Alternaria longipes dsRNA virus 1	AlRV1	YP_009052468	YP_009052469
Colletotrichum gloeosporioides RNA virus 1	CgRV1	QED88099	QED88100
Penicillium janczewskii Beauveria bassiana-like virus 1	PjBbIV1	ALO50134	ALO50135
Beauveria bassiana RNA virus 1	BbRV1	AKC57300	AKC57301
Combu double-strand RNA mycovirus	CRMV	QAB47443	QAB47444
Penicillium miczynskii RNA virus 1	PmRV1	QDB74979	QDB74980
Colletotrichum higginsanum non-segmented dsRNA virus 1	ChRV1	YP_009177216	YP_009177217
Rhizoctonia solani dsRNA virus 1	RsRV1	AFZ85211	AFZ85210
Rhizoctonia fumigata mycovirus	RfMV	YP_009134758	YP_009134757
Heterobasidion RNA virus 6	HRV6	QED55787	ADW82833
Lactarius tabidus RNA virus 1	LtRV1	AZJ17591	AMK47915
Sclerotium hydrophilum virus 1	ShV1	YP_009273020	YP_009273017
Penicillium aurantogriseum bipartite virus 1	PaBV1	YP_009182329	YP_009182335
Myriodontium keratinophilum bipartite virus 1	MkBV1	AYP71810	AYP71809
Curvularia thermal tolerance virus	CThTV	YP_001976145	YP_001976143
Plasmopara viticola associated bipartite mycovirus 1	PvABMV1	QGZ98416	QGZ98415
Trichoderma harzianum bipartite mycovirus 1	ThBMV1	YP_009553331	YP_009553330
Cryphonectria parasitica bipartite mycovirus 1	CpBMV1	YP_007985676	YP_007985675
Fusarium graminearum dsRNA mycovirus 4	FgRMV4	YP_003288791	YP_003288790
Fusarium graminearum dsRNA mycovirus 5	FgRMV5	APP91270	APP91269
Rhizoctonia solani bipartite-like virus 1	RsBIV1	QDW81300	QDW81299
Ceratobasidium mycovirus like	CMV1	AOX47557	AOX47586
Magnaporthe oryzae partitivirus 1	MoPV1	APP18152	APP18151
Penicillium stoloniferum virus F	PsVF	YP_271923	YP_271922
Pythium nunn virus 1	PnV1	YP_009551508	YP_009551507
Fusarium solani virus 1	FsV1	NP_624351	NP_624350

Verticillium albo-atrum partitivirus 1	VaPV1	AIE47665	AIE47664
Phyllosticta citriasiana partitivirus 1	PcPV1	AZT88589	AZT88588
Thelebolus microsporus partitivirus 1	TmiPV1	AZT88599	AZT88598
Ophiostoma partitivirus 1	OPV1	YP_009508237	YP_009508238
Aspergillus fumigatus partitivirus 1	AfPV1	CAZ61323	CAY25801
Penicillium aurantogriseum partitivirus 1	PaPV1	YP_009182331	YP_009182336
Nigrospora oryzae partitivirus 1	NoPV1	AXF84303	AXF84302
Botryotinia fuckeliana partitivirus 1	BfPV1	YP_001686790	YP_001686789
Ustilagoidea vires partitivirus	UvPV	AGO04403	AGO04402
Verticillium dahliae partitivirus 1	VdPV1	YP_009164039	YP_009164038
Magnaporthe grisea partitivirus 1	MgPV1	AZT88597	AZT88596
Magnaporthe oryzae partitivirus 3	MoPV3	QAU07487	QAU07486
Sodiomyces alkalinus partitivirus 2	SaPV2	ATP85066	ATP85067
Discula destructiva virus 2	DdV2	NP_620302	NP_620301
Pseudogymnoascus destructans partitivirus	PdePV	APG38313	APG38268
Gremmeniella abietina RNA virus MS2	GaRVMS2	AAT48887	AAT48886
Penicillium stoloniferum virus S	PsVS	YP_052857	YP_052856
Penicillium digitatum partitivirus 1	PdiPV1	AZT88595	AZT88594
Penicillium brevicompactum partitivirus 1	PbPV1	AYP71817	AYP71816
Talaromyces marneffeii partitivirus 1	TmaPV1	AKF14161	AKF14162
Aspergillus ochraceus virus	AoV	YP_009665973	AYP71818
Bipolaris maydis partitivirus 2	BmPV2	YP_009551640	YP_009551641
Atkinsonella hypoxylon virus	AhV	NP_604476	NP_604475
Ceratocystis resinifera virus 1	CrV1	YP_001936015	YP_001936016
Ceratocystis polonica partitivirus	CpPV	AAP86640	YP_001911122
Fusarium poae virus 1	FpV1	QBP78744	QBP78743
Pleurotus ostreatus virus 1	PoV1	YP_227354	YP_227355
Rosellinia necatrix partitivirus 6	RnPV6	YP_009177605	YP_009177606
Podospaera prunicola partitivirus 4	PpPV4	ATS94416	ATS94415
Lentinula edodes partitivirus 1	LePV1	AWF73466	AWF73512
Grifola frondosa partitivirus 1	GfPV1	BBG56943	BBG56942
Trichoderma citrinoviridae partitivirus 1	TcPV1	AZT88593	AZT88592
Curvularia lunata partitivirus 2	ClPV2	QDH76496	QDH76495
Cucurbitaria piceae virus 1	CpV1	ALT08066	ARW80029
Gemmamyces piceae virus 1	GpV1	QDK54855	QDK54857
Sclerotinia sclerotiorum partitivirus 1	SsPV1	AFR78159	AFR78160
Botrytis cinerea partitivirus 2	BcPV2	QBA69895	QBA69894
Ceratobasidium partitivirus	CPV	AOX47600 (CP-a1)	AOX47570 (RdRP-4)
Verticillium dahliae chrysovirus 1	VdCV1	YP_009507946	YP_009507948

Bipolaris maydis chrysovirus 1	BmCV1	ARM36036	ARM36035
Colletotrichum gloeosporioides chrysovirus 1	CgCV1	YP_009667014	YP_009667012
Chrysotrix chrysovirus 1	CCV1	QGR26539	QGR26538
Isaria javanica chrysovirus 1	IjCV1	YP_009337889	YP_009337840
Beauveria bassiana chrysovirus 1	BbCV1	AZT88572	AZT88571
Macrophomina phaseolina chrysovirus 1	MpCV1	YP_009667010	YP_009667008
Cryphonectria nitschkei chrysovirus 1	CnCV1	ACT79252	BBJ21307

**Tabla S2. Listado de especies de hongos que se seleccionaron para estudiar su proteína hipotética similar a la CP de los virus ThBMV1-like.**

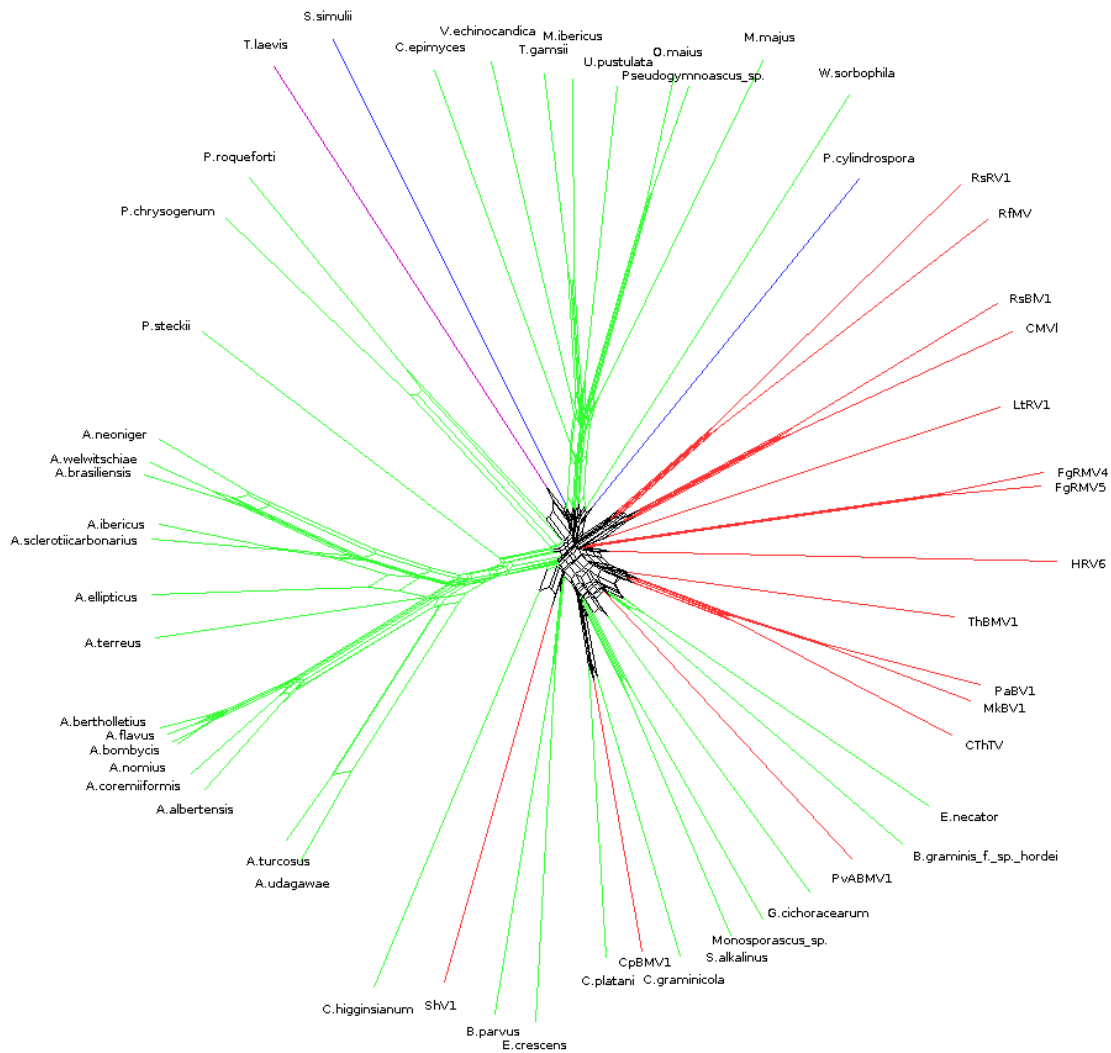
Nombre del organismo	Abreviatura utilizada en figuras	Accesión de la proteína en GenBank
<i>Monosporascus</i> sp. CRB 8 3	<i>Monosporascus</i> sp.	RYP54417
<i>Golovinomyces cichoracearum</i>	<i>G. cichoracearum</i>	KF65151
<i>Aspergillus bombycis</i>	<i>A. bombycis</i>	XP_022391016
<i>Aspergillus nomius</i>	<i>A. nomius</i>	KAB8255394
<i>Aspergillus ibericus</i> CBS 121593	<i>A. ibericus</i>	XP_025576387
<i>Aspergillus coremiiformis</i>	<i>A. coremiiformis</i>	KAE8354804
<i>Aspergillus turcosus</i>	<i>A. turcosus</i>	RLL95643
<i>Aspergillus sclerotiiicarbonarius</i> CBS 121057	<i>A. sclerotiiicarbonarius</i>	PYI05317
<i>Aspergillus flavus</i> NRRL3357	<i>A. flavus</i>	XP_002378986
<i>Aspergillus terreus</i>	<i>A. terreus</i>	GES65788
<i>Aspergillus ellipticus</i> CBS 707.79	<i>A. ellipticus</i>	PYH95305
<i>Aspergillus bertholletius</i>	<i>A. bertholletius</i>	KAE8381450
<i>Aspergillus udagawae</i>	<i>A. udagawae</i>	GAO90595
<i>Aspergillus neoniger</i> CBS 115656	<i>A. neoniger</i>	XP_025475315
<i>Aspergillus albertensis</i>	<i>A. albertensis</i>	KAE8396204
<i>Aspergillus brasiliensis</i> CBS 101740	<i>A. brasiliensis</i>	OJJ67939
<i>Aspergillus welwitschiae</i>	<i>A. welwitschiae</i>	XP_026621944
<i>Erysiphe necator</i>	<i>E. necator</i>	KHJ31704
<i>Ceratocystis platani</i>	<i>C. platani</i>	KKF94277
<i>Sodiomyces alkalinus</i> F11	<i>S. alkalinus</i>	XP_028462960
<i>Blumeria graminis</i> f. sp. <i>hordei</i> DH14	<i>B. graminis</i> f. sp. <i>hordei</i>	CCU76040
<i>Penicillium roqueforti</i> FM164	<i>P. roqueforti</i>	CDM33162
<i>Penicillium chrysogenum</i>	<i>P. chrysogenum</i>	KZN84509
<i>Penicillium steckii</i>	<i>P. steckii</i>	OQE28554
<i>Colletotrichum graminicola</i>	<i>C. graminicola</i>	XP_008094161

M1.001		
<i>Colletotrichum higginsianum</i> IMI 349063	<i>C. higginsianum</i>	XP_018164567
<i>Umbilicaria pustulata</i>	<i>U. pustulata</i>	KAA6412722
<i>Pseudogymnoascus</i> sp. WSF 3629	<i>Pseudogymnoascus</i> sp.	OBT39655
<i>Emmonsia crescens</i>	<i>E. crescens</i>	PGH29037
<i>Monosporascus ibericus</i>	<i>M. ibericus</i>	RYP04009
<i>Blastomyces parvus</i>	<i>B. parvus</i>	PGG97611
<i>Trichoderma gamsii</i>	<i>T. gamsii</i>	PNP44443
<i>Oidiodendron maius</i> Zn	<i>O. maius</i>	KIM92917
<i>Piptocephalis cylindrospora</i>	<i>P. cylindrospora</i>	RKP11532
<i>Venustampulla echinocandica</i>	<i>V. echinocandica</i>	RDL37629
<i>Capronia epimyces</i> CBS 606.96	<i>C. epimyces</i>	XP_007732275
<i>Smittium simulii</i>	<i>S. simulii</i>	PVU94205
<i>Metarhizium majus</i> ARSEF 297	<i>M. majus</i>	KID93880
<i>Wickerhamiella sorbophila</i>	<i>W. sorbophila</i>	XP_024665027
<i>Tilletia laevis</i>	<i>T. laevis</i>	KAE8203162

**Tabla S3. Términos GO que más veces se predicían para las estructuras de las proteínas simuladas de cada grupo, clasificados según su dominio en la ontología. Los términos GO dentro de cada grupo y dominio están ordenados de forma descendente según las veces que se encontraba ese término en las estructuras análogas a las proteínas problema. \*Los chrysovirus están representados únicamente por la predicción estructural de CP de VdCV1, por lo que en este caso los términos GO enriquecidos no constituyen un consenso entre predicciones.**

	<b>Función molecular</b>	<b>Proceso biológico</b>	<b>Componente celular</b>
Betapartitivirus	GO:0005515; protein binding	GO:0008152; metabolic process	GO:0005737; cytoplasm
	GO:0046872; metal ion binding	GO:0006810; transport	GO:0005634; nucleus
	GO:0016829; lyase activity	GO:0015031; protein transport	GO:0005829; cytosol
	GO:0016491; oxidoreductase activity	GO:0006886; intracellular protein transport	GO:0005635; nuclear envelope
	GO:0051539; 4 iron, 4 sulfur cluster binding	O:0055114; oxidation-reduction process	GO:0005835; fatty acid synthase complex
Gammapartitivirus	GO:0005515; protein binding	GO:0008152; metabolic process	GO:0005737; cytoplasm
	GO:0046872; metal ion binding	GO:0055114; oxidation-reduction process	GO:0005829; cytosol
	GO:0016829; lyase activity	GO:0090136; epithelial cell-cell adhesion	GO:0005739; mitochondrion
	GO:0016491; oxidoreductase activity	GO:0030032; lamellipodium assembly	GO:0016020; membrane

	GO:0051539; 4 iron, 4 sulfur cluster binding	GO:0006099; tricarboxylic acid cycle	GO:0005913; adherens junction
Chrysovirus*	GO:0046872; metal ion binding	GO:0055114; oxidation-reduction process	GO:0005576; extracellular region
	GO:0000166; nucleotide binding	GO:0006508; proteolysis	GO:0005829; cytosol
	GO:0003824; catalytic activity	GO:0007269; neurotransmitter secretion	GO:0005737; cytoplasm
	GO:0005524; ATP binding	GO:0008152; metabolic process	GO:0019012; virion
	GO:0016491; oxidoreductase activity	GO:0009115; xanthine catabolic process	GO:0044221; host cell synapse
BbRV1-like	GO:0005515; protein binding	GO:0006886; intracellular protein transport	GO:0005737; cytoplasm
	GO:0005488; binding	GO:0006810; transport	GO:0005634; nucleus
	GO:0008565; obsolete protein transporter activity	GO:0015031; protein transport	GO:0005829; cytosol
	GO:0003723; RNA binding	GO:0006606; protein import into nucleus	GO:0005635; nuclear envelope
	GO:0008139; nuclear localization sequence binding	GO:0044419; interspecies interaction between organisms	GO:0005654; nucleoplasm
ThBMV1-like	GO:0005488; binding	GO:0006886; intracellular protein transport	GO:0005634; nucleus
	GO:0008565; obsolete protein transporter activity	GO:0006810; transport	GO:0005737; cytoplasm
	GO:0005515; protein binding	GO:0015031; protein transport	GO:0005829; cytosol
	GO:0003723; RNA binding	GO:0006606; protein import into nucleus	GO:0005643; nuclear pore
	GO:0019904; protein domain specific binding	GO:0046796; intracellular transport of virus	GO:0005654; nucleoplasm
Proteína hipotética de hongos similar a CP de virus ThBMV1-like	GO:0005515; protein binding	GO:0006886; intracellular protein transport	GO:0005737; cytoplasm
	GO:0005488; binding	GO:0006810; transport	GO:0005634; nucleus
	GO:0003824; catalytic activity	GO:0055114; oxidation-reduction process	GO:0005829; cytosol
	GO:0008565; obsolete protein transporter activity	GO:0015031; protein transport	GO:0005654; nucleoplasm
	GO:0016491; oxidoreductase activity	GO:0008152; metabolic process	GO:0005835; fatty acid biosynthesis complex



**Figura S1. Red filogenética a partir del alineamiento múltiple mediante MUSCLE de las secuencias de CP del grupo de virus ThBMV1-like y la proteína hipotética de hongos similar a ésta. La red se reconstruyó por medio del algoritmo NeighborNet. En rojo aparecen marcadas las ramas de virus, en verde los hongos de la división Ascomycota y en morado los de la división Basidiomycota. Las especies de las ramas coloreadas en azul pertenecen a la división Zoopagomycota, organismos clásicamente incluidos en la división Zygomycota, un taxón en desuso por su naturaleza parafilética.**



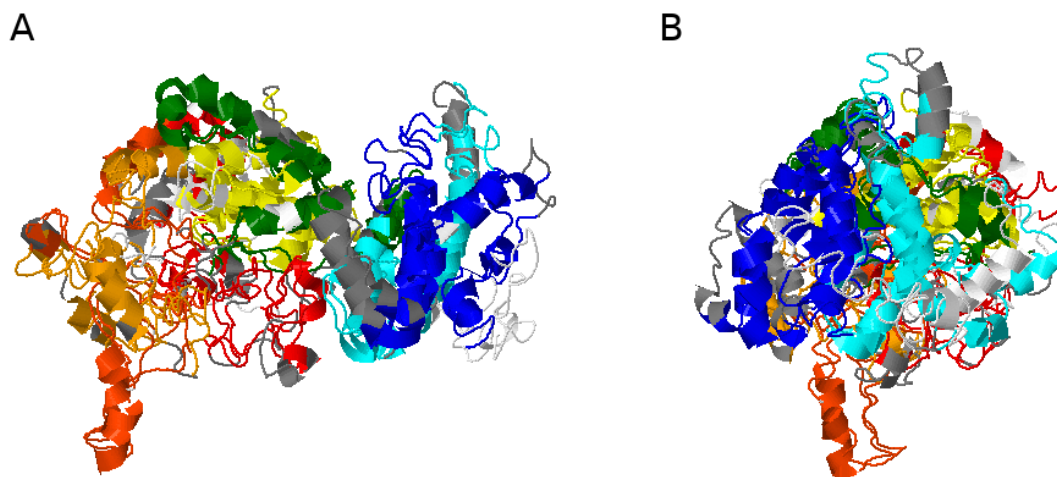


Figura S2. Alineamiento del modelo 3 de CP GfPV1 y el modelo 2 de TcPV1. El valor de *TM-score* del alineamiento normalizado para TcPV1 es de 0.658, indicando un plegamiento similar. Las regiones coloreadas colocalizan entre ambos modelos, indicando el azul el extremo N-terminal y el rojo el extremo C-terminal. Las regiones en blanco y en gris pertenecen únicamente a GfPV1 o TcPV1, respectivamente. (A) Visión lateral del alineamiento. Se observa un estrechamiento que prácticamente divide la proteína en dos subunidades, de forma que los residuos de una apenas interactúan con la otra. La subunidad mayor cuenta con una protuberancia, de color naranja por estar cerca del extremo C-terminal. (B) Visión frontal del alineamiento.

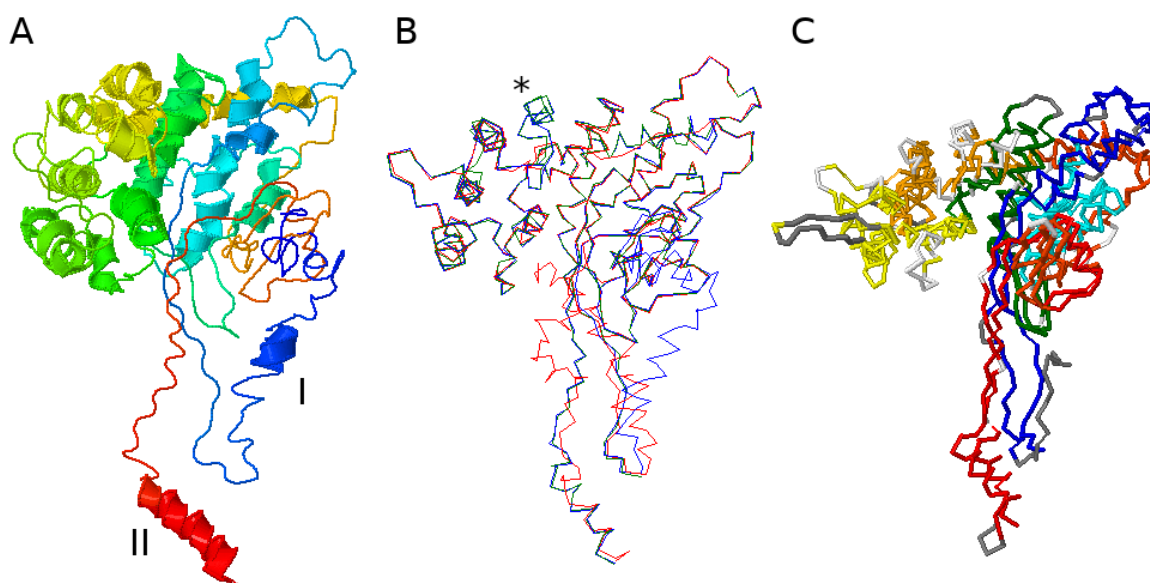


Figura S3. (A) Visión del modelo 1 de CP de BfPV1. Los colores representan la posición de la región en la cadena polipeptídica, siendo el azul el extremo N-terminal y el rojo el C-terminal. Pueden observarse en la parte inferior las dos estructuras alargadas que emergen del cuerpo principal de hélices alfa, el asa entre los residuos 30 y 50 (I) y la hélice alfa C-terminal (II). (B) Alineamiento múltiple de BfPV1 (azul), FsV1 (rojo) y PsVS (verde; entrada 3IYMA en el PDB). La estructura, más allá de la cola en N-terminal, cuya longitud y orientación es variable, muestra muy pocas diferencias: FsV1 presenta aguas arriba de la hélice alfa en C-terminal una hélice que no colocaliza con el resto y, en la parte superior, carece de la hélice alfa marcada con un asterisco. (C) Alineamiento de CP de PsVS y PsVF (entrada 3ES5A en el PDB). Las regiones coloreadas representan la posición en la cadena de las regiones que colocalizan en ambas proteínas. El color gris representa regiones divergentes de PsVF y el blanco de PsVS. A pesar de la baja homología de secuencia, las dos proteínas conservan un plegamiento similar.

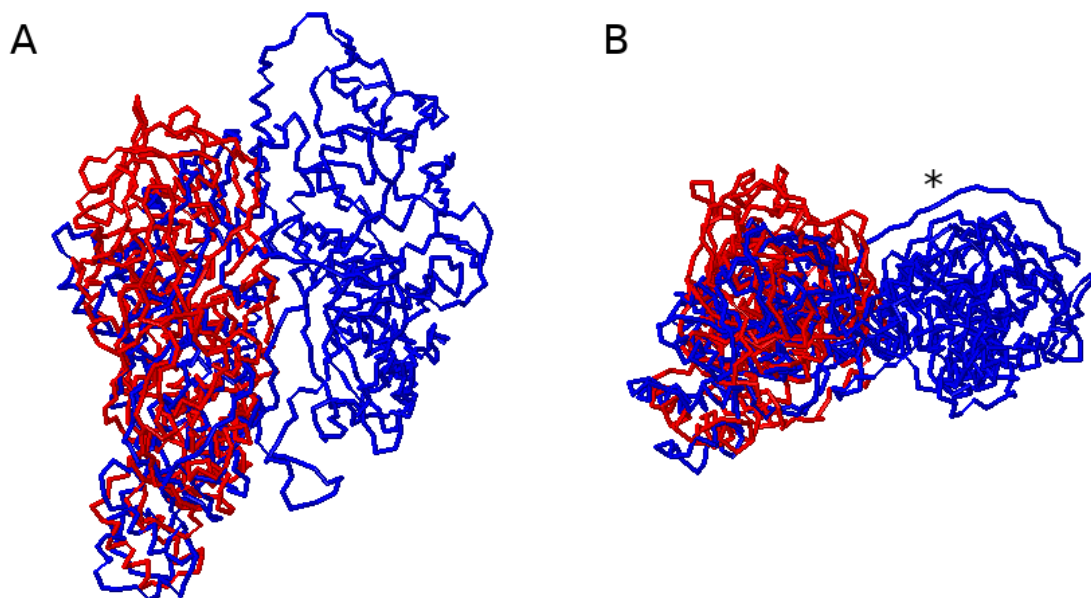


Figura S4. Alineamiento de la estructura predicha para VdCV1 (azul) y la CP del virus L-A de *S. cerevisiae* (rojo; entrada 1M1CA en el PDB). (A) A pesar de que el alineamiento guarde numerosas diferencias, la estructura de CP del virus L-A se sitúa en una de las subunidades de VdCV1. (B) La secuencia *linker* puede observarse marcada con un asterisco uniendo las dos subunidades de CP de VdCV1.