



# LIBRO DE RESÚMENES

- >> 5º CONGRESO ARGENTINO DE FITOPATOLOGÍA
- >> 59<sup>th</sup> MEETING OF THE APS CARIBBEAN DIVISION

22 y 23 de septiembre de 2021

*Corrientes, Argentina*



# LIBRO DE RESÚMENES

5º CONGRESO ARGENTINO DE FITOPATOLOGÍA  
59º REUNIÓN DE LA APS DIVISIÓN CARIBE

---

22 y 23 de septiembre de 2021  
>> *Modalidad virtual*

EDITOR

---

>> *Asociación Argentina de Fitopatólogos*

**Libro de Resúmenes: 5° Congreso Argentino de Fitopatología: 59° Reunión APS  
División Caribe / Ernestina Galdeano ... [et al.]. - 1a ed revisada. - Córdoba:  
Asociación Civil Argentina de Fitopatólogos, 2021.**

**Libro digital, PDF**

*Archivo Digital: descarga y online*

**ISBN 978-987-24373-3-6**

1. Conferencias. 2. Diagnóstico. 3. Hongos. I. Galdeano, Ernestina.

**CDD 580.7**

**DISEÑO EDITORIAL**

>> Diseñadora Gráfica *Melina Arriola*



### **B3-011**

#### **EVOLUCIÓN MOLECULAR DE zucchini yellow mosaic virus EN ARGENTINA**

>> **Pozzi, E.**<sup>1,2</sup>, **Luciani, C.E.**<sup>2,3,4</sup>, **Brugo Carivali, M.F.**<sup>3,4</sup>, **Conci, V.C.**<sup>2,3,4</sup>, **Celli, M.G.**<sup>2,3</sup>, **Perotto, M.C.**<sup>2,3,4</sup>

1. INTA EEA Marcos Juárez, Córdoba.
2. CONICET.
3. IPAVE-INTA.
4. UFYMA-INTA-CONICET, Córdoba.

[pozzi.elizabeth@inta.gob.ar](mailto:pozzi.elizabeth@inta.gob.ar)

La proteína no estructural P3 de los *Potyvirus* influye en la interacción virus-planta y una mutación simple en este fragmento puede causar síntomas más severos. El objetivo de este trabajo fue determinar si existen mutaciones dentro de la proteína P3 del zucchini yellow mosaic virus (ZYMV) en especies de *Cucurbita pepo* en Argentina. Durante 2015, se recolectaron hojas de un total de 10 plantas de lotes de cultivo comercial de Mendoza y Salta. Análisis serológicos mediante DAS- ELISA y moleculares, confirmaron la presencia del virus en 5 plantas. Un árbol evolutivo fue inferido usando la Maximum Likelihood basado en el modelo Tamura-Nei. Se seleccionó el mejor método y modelo de sustitución de aminoácidos. De los 5 aislamientos argentinos, 3 de ellos presentaron una mutación en la posición 917 de la proteína P3. Existió un cambio de R por N y de una R por G en los cultivares comerciales. Por otra parte, en dos de éstos materiales, esta última mutación, fue acompañada por otra en la posición 242, mostrando un cambio de una G por S. El análisis filogenético realizado con un total de 97 secuencias del fragmento en estudio (GenBank), permitió determinar que la mutación en P3 no era la causante del agrupamiento de los aislamientos en el árbol. Se puede afirmar que los aislamientos obtenidos del ZYMV presentan mutaciones en la proteína P3, lo que le permite quebrar la tolerancia/resistencia a sus huéspedes y, además, se observó que con sólo unos pocos aislamientos argentinos se detecta una gran variabilidad genética del virus.

**Financiamiento:** Proyectos INTA.