

A3-012

PRIMERA SECUENCIA GENÓMICA COMPLETA DE UN AISLAMIENTO DE *Cowpea mild mottle virus* EN CHÍA

>> Luciani, C.E.^{1,2}, Brugo, M.F.^{1,2}, Perotto, M.C.^{1,2}, Pozzi, E.A.^{1,2}, Conci, V.C.^{1,2}, Celli, M.G.^{1,2}

1. CONICET, UFYMA, Córdoba, marcoscelli@hotmail.com
2. IPAVE-CIAP-INTA, Córdoba

CPMMV es un miembro del género *Carlavirus* conocido por infectar plantas de la familia *Fabaceae*, *Solanaceae* y, más recientemente, chía (*Salvia hispanica*) de la familia *Lamiaceae*, causando pérdidas de rendimiento. El objetivo del estudio fue la obtención del genoma completo de un aislamiento de CPMMV de chía para estudios filogenéticos. Para ello, plantas de chía con enanismo, deformación y/o clorosis en las hojas fueron recogidas de campos de producción de Argentina y analizadas para detectar la presencia de CPMMV. La detección de CPMMV se realizó por DAS-ELISA utilizando suero anti-CPMMV (BIOREBA SRL Latin America). Se extrajo el RNA de una planta y se secuenció en Illumina HiSeq 1500. Utilizando las herramientas "ORF Finder" y BLAST, se identificó un contig de 8180 nucleótidos (nt) que correspondió al genoma completo de CPMMV. Se identificaron los 6 marcos de lectura, típica organización genómica de los *Carlavirus*. La identidad de nt del genoma completo fue de 92,71 a 98,84% con otros 11 CPMMV publicados en GenBank. Utilizando el programa MEGA 6.06 se construyeron dos árboles filogenéticos con los CPMMV publicados. El árbol resultante de los 12 genomas completos mostró que el aislamiento de chía se agrupó con 2 aislamientos de Brasil. El árbol de la región 3'UTR (ORF 2 al extremo 3') a partir de 18 secuencias mostró que el aislamiento de chía se agrupó con los descriptos como causantes de síntomas severos en soja en Brasil. El presente trabajo reporta, por primera vez, el genoma completo de un aislamiento de *Cowpea mild mottle virus* de Argentina.

Financiamiento: INTA y CONICET, PICT 2017-3014.