

(Formerly MENDELIANA)



October 2023
Volume XXXIV
Issue 1 (suppl.)
E-ISSN: 1852-6233

BAG

**Journal of Basic
& Applied Genetics**

Journal of the Argentine Society of Genetics
Revista de la Sociedad Argentina de Genética

www.sag.org.ar/jbag
Buenos Aires, Argentina



BAG

Journal of Basic & Applied Genetics

V. XXXIV - No. 1 (suppl.)

October 2023

Included in:



Cited by:



BAG - Journal of Basic and Applied Genetics

Not yet assigned quartile

SJR 2021

0



powered by scimagojr.com

LI Congreso Argentino de Genética

1 al 4 de octubre de 2023 ★ Río Cuarto, Córdoba



“El secreto de la vida...”

La estructura del ADN, a 70 años de su publicación

Organizadores



SAG

Sociedad
Argentina
de Genética

GGM 25

NUEVA VARIANTE GENÉTICA DE *Xylella fastidiosa* Wells et al. EN OLIVO, *Olea europaea* L., DE ARGENTINA

Tolocka P.A., M.F. Mattio, F.A. Guzmán, M.L. Otero, M.E. Roca, R.M. Haelterman., Unidad de Fitopatología y Modelización Agrícola (UFyMA), Instituto de Patología Vegetal (IPAVE), CIAP-INTA, Córdoba, Argentina. E-mail: tolocka.patricia@inta.gob.ar

En Argentina, desde 2017, se realiza la caracterización de la bacteria *Xylella fastidiosa* a través del sistema de tipificación “*Multilocus Sequence Typing*” (MLST). Para este sistema se emplean siete genes constitutivos (*housekeeping*) pudiendo definir la subespecie y tipo de secuencia (ST) del patógeno. Hasta el presente, se detectó la subespecie *pauca* en almendros, cítricos y olivos provenientes de diferentes provincias del país, obteniendo dos ST: 69 (olivo, cítrico) y 78 (almendro, olivo). El objetivo del presente trabajo fue realizar nuevas caracterizaciones de la bacteria a partir de plantas de olivo enfermas, procedentes del Dpto. Cruz del Eje, Córdoba. Por PCR convencional se amplificaron los siete genes involucrados en la tipificación. Los productos obtenidos fueron secuenciados y analizados mediante los programas Chromas Lite 2.0.1 y BioEdit versión 7.2. Las secuencias obtenidas fueron analizadas y comparadas con las disponibles en la base de datos MLST *Xylella fastidiosa*, obteniendo en una de las muestras los siete alelos nuevos. La combinación de dichos alelos conformó un nuevo tipo de secuencia, ST90, sin poder determinar, por el momento, a qué subespecie pertenece. Con este resultado, sumamos un ST más de *X. fastidiosa* hallada en olivos de Argentina, mostrando la diversidad de la bacteria en este hospedante. Es importante realizar análisis poblacionales de *X. fastidiosa*, con la finalidad de conocer la evolución de este patógeno en nuestro país.

GGM 26

ANÁLISIS *IN SILICO* DEL GENOMA DE *Pectobacterium carotovorum* S2FC, PATÓGENO DE NOGAL (*Juglans regia* L. cv. Chandler)

Príncipe A.¹, I. Simone¹, M.L. Chiotta¹, G. Magris¹, F. Carrasco², P. Vera³, A. Abdala⁴, M.I. Ortiz¹. ¹Cátedra Genética General, Departamento de Ciencias Naturales, Facultad de Ciencias Exactas, UNRC, Río Cuarto, Córdoba, Argentina; ²EAA-Catamarca, Argentina; ³Unidad de Genómica, IABIMO, INTA-CONICET, Buenos Aires, Argentina; ⁴EAA-Bariloche, INTA-CONICET, Río Negro, Argentina. E-mail: aprincipe@exa.unrc.edu.ar

Las especies del género Pectobacterium son patógenas bacterianas necrotróficas, responsables de un amplio espectro de enfermedades en cultivos de importancia agrícola y de plantas ornamentales. *P. carotovorum* S2FC fue aislada a partir de plantas de nogal, *Juglans regia* L. cv. Chandler, con síntomas de cancrrosis en la provincia de Catamarca, Argentina. Con el objetivo de identificar determinantes genéticos que controlan la virulencia y su diversificación filogenética, se realizó un análisis genómico *in silico*. Para ello, la secuencia del genoma de *P. carotovorum* S2FC fue obtenida a partir de una biblioteca de DNA (kit DNA Prep-Illumina) empleando el secuenciador NovaSeq 6000. El ensamblado de las lecturas obtenidas se realizó con Unicycler v0.5.0. El tamaño del genoma estimado fue de 5,05 Mpb, con un %GC de 51,52. Un total de 79 contigs fueron obtenidos y 4.509 secuencias codificantes (CDS) fueron identificadas. La anotación automática se realizó con el *software* Prokka, y se empleó para obtener el *Core-Genome*. A partir de los genes del *core* (1.232) se realizó un alineamiento contra 14 genomas de *Pectobacterium* obtenidos de GenBank. El análisis demostró que S2FC se encuentra estrechamente relacionada con otras subespecies de *P. carotovorum*, entre ellas, *P. carotovorum subsp. actinidae* asociada a cancrrosis en pera y kiwi. Determinantes claves de la virulencia de esta cepa como, los sistemas de secreción, la estructura del flagelo y el sistema de “*quorum sensing*”, fueron identificados. Nuestros resultados proveen hallazgos novedosos en relación con la diversificación genética y la patogenicidad de esta cepa.