

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

Introducción

Cowpea mild mottle virus (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.

Materiales y Métodos

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 (Fig. 1) 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.



Fig 1. Planta de chía sintomática infectada con *Cowpea mild mottle virus*.

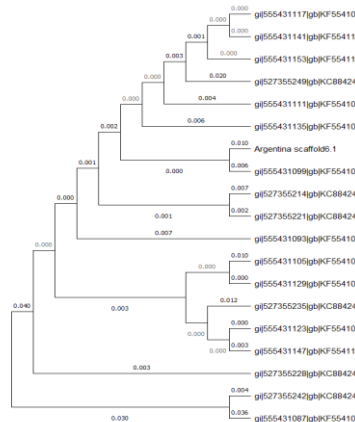


Fig 2. Árbol filogenético de la región 3'UTR, GTR+G, Bootstrap 2000.

Resultados

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 (Fig. 2) mostró que el aislamiento de chía se agrupó con los descritos como causantes de síntomas severos en soja en Brasil.

Conclusiones

El presente trabajo reporta, por primera vez, el genoma completo de un aislamiento de *Cowpea mild mottle virus* de Argentina. La obtención de secuencias completas virales aportará para los análisis de diversidad genética y comparaciones a niveles intra e interespecíficos.

Financiamiento:
 INTA, CONICET, PICT 2017-3014.