

## Introducción

Rice stripe necrosis virus (RSNV) fue reportado en Argentina en 2018 y es el agente causal del entorchamiento del arroz. Es un Benyvirus transmitido por el protista *Polymyxa graminis* a partir de suelo infectado. La enfermedad denominada “entorchamiento del arroz” debido al síntoma característico de enrollamiento o “zig-zag” de la lámina foliar. El objetivo de este trabajo fue secuenciar el genoma de diferentes aislamientos de RSNV para estudios de variabilidad.

## Materiales y Métodos

Se utilizaron dos estrategias: 1) amplificación con cebadores específicos y secuenciación por método Sanger, y 2) secuenciación masiva por VANA-NGS (Virion-Associated Nucleic Acids - Next-Generation Sequencing). Dos muestras positivas para RSNV provenientes de Berón de Astrada (Corrientes) y de San Javier (Santa Fe) fueron secuenciadas. Para la amplificación por RT-PCR se utilizaron 3 pares de cebadores para el RNA1 y 4 pares de cebadores para el RNA2. Una segunda muestra fue sometida a la purificación de partículas por el método VANA seguida de secuenciación en Illumina (HiSeq 1500).

## Identidad de nucleótidos entre las secuencias de *Rice stripe necrosis virus* de Argentina y la de Colombia (acceso GenBank EU099844, EU099845)

	RNA1	RNA2	Rep	CP	RTD	TGB1	TGB2	TGB3	CRP
Corrientes	94,7	96,6	<u>94,7</u>	96,4	96,6	96,5	95,8	<u>98,3</u>	97,6
Santa Fe	94,7	96,6	<u>94,7</u>	96,4	96,2	96,5	96,3	<u>98,3</u>	97,2

acceso GenBank: Corrientes (MW147222, MW147223), Santa Fe (MW147224, MW147225)

## Resultados

Se pudo amplificar y secuenciar por método de Sanger los 3 fragmentos del RNA1 y 4 fragmentos del RNA2, totalizando 6615 nt y 4849 nt para el RNA1 y RNA2, respectivamente. Para la muestra secuenciada por método Illumina, se obtuvo el genoma completo de las dos secuencias de RNA. Cuando se comparó con la secuencia de Colombia, presentaron 94,7% de identidad de nt para el RNA1, y 96,6% para el RNA2. El gen más conservado fue el TGB3 con 98,3% de identidad y el más variable fue el gen de la replicasa con 94,7% de identidad. Además, se encontró que los aislamientos argentinos tenían el gen de la TGB1 243nt más largo que el colombiano. Estas son las primeras secuencias genómicas completas de RSNV de Argentina y posibilitarán el estudio de la variabilidad viral.