

PRIMERAS SECUENCIAS GENÓMICAS COMPLETAS DE DOS AISLAMIENTOS ARGENTINOS DE *Rice stripe necrosis virus*

Celli MG¹, Pinel-Galzi A², Filloux D², Roumagnac P², Hébrard E².

¹ CONICET, UFYMA, Córdoba, Argentina, marcoscelli@hotmail.com

² IRD, INRAE, CIRAD, Montpellier, Francia.

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 enrulamiento 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. 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. La amplificación por RT-PCR utilizó 6 cebadores para el RNA1 y 8 cebadores para el RNA2. Se secuenció los 3 y 4 fragmentos del RNA1 (6615 nt) y RNA2 (4849 nt), respectivamente. Otra muestra fue sometida a la purificación de partículas por el método VANA seguida de secuenciación en Illumina (HiSeq 1500). Se obtuvo el genoma completo de dos aislamientos. 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 TGB2 con 98.3% de identidad y el más variable fue el gen de la replicasa con 94,7% de identidad. Estas son las primeras secuencias genómicas completas de RSNV de Argentina y posibilitarán el estudio de la variabilidad viral.

Financiamiento: CONICET y CGIAR CRP RICE.