

SECUENCIACION PARCIAL DEL GENOMA DEL FITOPLASMA *Argentinean Alfalfa Witches' broom (ArAWB, 16SrVII-C)* ASOCIADO CON LA ESCOBA DE BRUJA EN ALFALFARES DE ARGENTINA

Fernández, F.D. ¹; Conci, L.R. ²

¹fernandez.franco@inta.gob.ar, ²conci.luis@inta.gob.ar

IPAVE-CIAP-INTA, UFYMA-CONICET, Córdoba-Argentina

Proyectos INTA PDI090, FONCYT PICT 2018-02410, 2017-3068

RESUMEN

Los fitoplasmas son bacterias fitopatógenas que ocasionan enfermedades en más de 1000 especies vegetales en todo el planeta. En Argentina, la infección causada por el fitoplasma ArAWB (Figura 1) ha sido reportada de manera recurrente en alfalfares de la región árida andina, generando muertes de plantas y pérdidas en la producción de semillas. Este fitoplasma pertenece al grupo 16SrVII (Ash Yellows) y subgrupo 16SrVII-C, el cual ha sido descrito en diversas especies herbáceas de Sudamérica.



Figura 1: Planta de alfalfa afectada por el fitoplasma ArAWB. Se observa la sintomatología típica de enanismo y disminución del tamaño foliar (A) y escoba de bruja producto del crecimiento exacerbado yemas laterales (B).

INTRODUCCIÓN

Se registran muy pocos datos a nivel genómico de fitoplasmas del grupo 16SrVII en el mundo y no hay datos sobre el subgrupo C, característico de nuestra región. En este trabajo nos proponemos secuenciar el genoma del fitoplasma ArAWB y analizar sus características generales.

MATERIALES Y MÉTODOS

Se extrajo ADN genómico a partir de una planta vinca infectada con ArAWB. El gDNA fue secuenciado en dos plataformas, Illumina (lecturas cortas) y Oxford Nanopore Technologies (ONT) (lecturas largas). Las lecturas cortas se mapearon en contra del genoma de referencia de vinca (limpieza ADN del hospedante) y luego se ensamblaron usando el programa Unicycler. Posteriormente se identificaron contigs de fitoplasmas usando BLASTx. Las lecturas de ONT se mapearon en contra de los contigs finales y se rehicieron los ensamblados de manera iterativa. El ensamblado final se anotó usando Prokka y la identificación de proteínas efectoras se realizó siguiendo protocolos estandarizados (Fernández et al., 2021).

RESULTADOS

Se logró un ensamblado final formado por **2 contigs** (cromosoma bacteriano) (coverage ~70X) y un **plásmido** (coverage ~100X) (Figura 2.a y 2.b, Tabla 1)

Tabla 1: Principales estadísticas obtenidas en el ensamblaje (pArAWB= plásmido)

	ArAWB	pArAWB
Contigs	2	1
Tamaño (pb)	580.230	5.577
GC%	22.90	23.20
CDSs	467	5
rRNA	6	0
secretoma	23 CDS	nd

En el **secretoma** se identificaron homólogos a efectores de fitoplasmas ya descritos (por ej **SAP54**, **SAP05**) y otros solamente descrito en este patógeno. A su vez se caracterizaron genes marcadores de diversidad (secY, secA, tuf, y groEL).

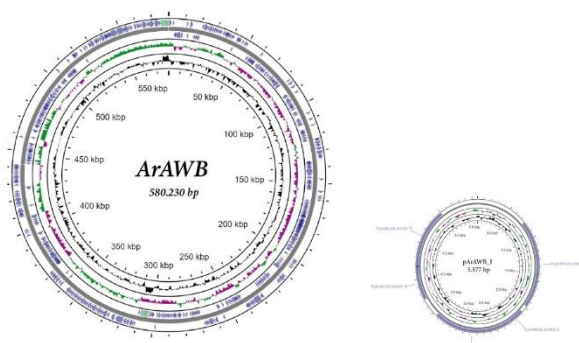


Figura 2: Mapa del genoma y del plásmido del fitoplasma ArAWB (contenido GC en negro, GC Skew en verde-violeta, CDSs en violeta claro, rRNAs en verde)

CONCLUSIONES

Este es el **primer reporte** de secuenciación de un genoma para fitoplasmas del grupo 16SrVII (Ash Yellows) a nivel mundial, lo cual resulta clave en el estudio de la **patogenicidad**, aspectos **evolutivos**, y el desarrollo de **insumos para la detección** específica de estos patógenos. Se pretende continuar con la caracterización biológica de efectores patogénicos en plantas modelos y la puesta a punto de protocolos MLST para la detección e identificación específica del ArAWB.

REFERENCIAS

Fernández, F. D., & Conci, L. R. (2021). Genome characterization of 'Candidatus Phytoplasma meliae' (isolate ChTYXIII). bioRxiv.