VARIABILIDAD GENÓMICA ACTUAL DEL Mal de Río Cuarto virus (MRCV) EN MAÍZ

M.A. García¹, I.G. <u>Laguna</u>², M. S. Brandimarte³, M.P. Ruiz Posse⁴, F. Maurino², M. Druetta⁴, P. Carpane⁵, M.P. Giménez Pecci³

¹ UTN Córdoba, ²CONICET, ³ IPAVE - INTA Córdoba, ⁴ EEA INTA Quimilí, ⁵Monsanto Argentina. gimenezmariadelapaz@inta.gob.ar

La plasticidad que genera la variabilidad genética de los virus con RNA les permite colonizar nuevos tejidos y hospedantes. La variabilidad también afecta el potencial de trasmisión y grado de severidad de las enfermedades que causan estos patógenos. MRCV pertenece a este grupo de virus. La variabilidad genética puede ser estimada con la genómica; para calcular esta última se empleó el perfil electroforético de los segmentos genómicos virales (Seg). Entre 1992/93 y 2010/11 se detectaron 30 haplotipos registrándose que la variabilidad fue incrementando desde 1989/90 hasta la epidemia de 1996/97 y posteriormente disminuyó. En este trabajo se incorporaron datos de 104 muestras de 2011/12 y 2013/14 colectadas en 5 localidades (Suco, Río Cuarto, Bruzole, Puán y General Pico) de Córdoba, Buenos Aires y La Pampa, ubicadas en regiones endémica y sur de endémica. Las variantes electroforéticas se analizaron explorando redes de haplotipos con Minería de datos mediante un indicador SDH, calculado en base a la distancia entre variantes y su valor esperado estimado. Se registró un nuevo haplotipo (N° 31) debido al cambio de posición del Seg3 y la desaparición del Seg 7. En el análisis por zona se corroboró la tendencia de disminución de variabilidad, mientras que el análisis por localidad detectó que la variabilidad vuelve a elevarse en el 40 % de los nuevos lotes. Se concluye que la variabilidad genómica del MRCV no ha sido constante en los últimos 25 años.

Financiamiento: PID UNT 1685, INTA PNPV 1135022, PNPYO 1127034.