



p19 Detección y caracterización de las variantes de PVY circulantes en las diferentes zonas paperas de Uruguay

Dubra A.¹, Vignale L.¹, Agorio A.¹, Peyrou M.¹, Rodríguez G.², González, M.², Gómez M.M.¹

¹ Departamento de Biología Molecular, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable - IIBCE, Montevideo, Uruguay. adubra@fcien.edu.uy

² Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria - INIA
adubra@fcien.edu.uy

En Uruguay la papa (*Solanum tuberosum*) es el cultivo hortícola con mayor superficie, volumen y valor de producción. La misma es susceptible a una serie de patógenos virales, siendo el virus Y de la papa (PVY) el de mayor importancia a nivel mundial y causante de importantes pérdidas económicas. En nuestro país, cerca del 90% de los cultivares utilizados son susceptibles a PVY, por lo cual es crucial contar con herramientas de diagnóstico precisas que puedan ser utilizadas por servicios oficiales de protección vegetal, empresas productoras de papa semilla, empresas de diagnóstico fitopatológico, o investigadores encargados de evaluar nuevas variedades de papa semilla importadas. Sin embargo, la alta diversidad genética de PVY representa un desafío para su detección y clasificación, hay descritos cinco genotipos no recombinantes y al menos 36 genomas recombinantes. En Uruguay no hay información sobre los genotipos circulantes ni sus zonas de distribución. En este trabajo se detectó y caracterizó, utilizando RT-Multiplex-PCR, variantes de PVY existentes en Uruguay entre 2016 y 2021. Los resultados obtenidos demuestran que diferentes variantes de PVY co-circularon en Uruguay en los últimos años, PVY_{NTN} y PVY_{N-wi}. La variante NTN está asociada con la enfermedad PTNRD (*Potato tuber necrotic ringspot disease*) que puede dañar los tubérculos al punto de no ser comercializables. PVY_{NTN} ha sido reportada en otras áreas del mundo y representa hoy en día una de las variantes de mayor preocupación para la producción de papa a nivel mundial. Por otro lado, en este trabajo se reporta por primera vez el genoma de cinco cepas de PVY detectadas en Uruguay (2-PVY_{NTN}/3-PVY_{N-wi}). Es fundamental conocer las características genéticas de los virus para analizar las propiedades moleculares, además de poder estudiar la relación filogenética con otras cepas detectadas en la región, y brindar así herramientas para el diseño de políticas de control adecuadas.

Financiamiento: Fondo Vaz Ferreira, convocatoria 2019, DICYT-MEC. Proyecto: II/FVF2019/101