

AVANCES EN EL ESTUDIO GENÓMICO DE *Nothopassalora personata* Y *Thecaphora frezzii*

Conforto C. ^{1,2}, Monguillot J.H. ^{1,3}, Orner V.A. ⁴ Lima N. B ^{3,5}, Massa A.N ⁴, Paredes J.A. ^{1,2} Oddino, C ⁶, Rago A ^{2,7}, Arias R.A. ⁴
1-IPAVE-CIAP-INTA 2-UFyMA-CONICET 3- CONICET 4- USDA 5-UNCA 6-IMICO-UNRC 7-DNA I+D-INTA
conforto.cinthia@inta.gob.ar

Introducción

El cultivo de maní es dinamizador de la actividad económica regional de la provincia de Córdoba, donde se concentran 23 de las 25 empresas que componen el Sector Agroindustrial Manisero. El maní cordobés tiene denominación de origen respondiendo a los más altos estándares de calidad (Sisa, 2023). El cultivo es afectado fundamentalmente por dos enfermedades de origen fúngico. La viruela tardía causada por *Nothopassalora personata* (*Cercosporidium personatum*) y el carbón del maní cuyo agente etiológico es *Thecaphora frezzii*. La viruela es la principal enfermedad foliar y el daño ocurre fundamentalmente sobre el área fotosintéticamente activa, con pérdidas que pueden estimarse en 35 millones de dólares. El carbón, enfermedad causada por un hongo de suelo, provoca daños en las vainas (hiipertrofia) y dependiendo del grado de severidad, las teliosporas pueden remplazar los granos afectando la producción, con pérdidas que pueden superar el 30%. Las tecnologías de secuenciación disponibles en la actualidad han revolucionado el campo de la genómica, ofreciendo la oportunidad de secuenciar genomas completos, con profundas consecuencias en numerosos campos de la investigación como el mejoramiento vegetal, la biología básica de patógenos y la interacción planta-patógeno entre otros aspectos que pueden ser estudiados (Singh et al. 2011). Dada la importancia de *N. personata* y *T. frezzii* para la producción de maní, toda información que implique un conocimiento más acabado de estos patógenos claramente aportan al diseño de estrategias de manejo más eficientes y sustentables.

Objetivos

El objetivo de este trabajo fue obtener información genómica de *Nothopassalora personata* y *Thecaphora frezzii* a partir de la secuenciación de aislados puros obtenidos del área manisera de la provincia de Córdoba.

Materiales y Métodos

El aislado puro de *N. personata* (IPAVE IPAVE 0302) se obtuvo de folíolos sintomáticos de la región de Río Cuarto (32 ° 24' 30.5028", 63 ° 42' 18.9468") mediante cultivo monospórico mientras que el aislado puro de *T. frezzii* (IPAVE 0401) se obtuvo a partir de vainas carbonosas de la región de Tercero Arriba (32° 24' 30.5028", 63° 42' 18.9468") mediante punta de hifa (Monguillot et al 2024, Arias et al 2023). Ambos aislados fueron preservados por el método Castellani y depositados en la colección de microorganismos fitopatógenos del IPAVE-INTA. A partir de los aislados puros se realizó la extracción de ADN utilizando un kit comercial (Promega Corp). El ADN total fue enviado al Centro de Genómica de la Universidad de California, Davis para su secuenciación utilizando la tecnología de Illumina NovaSeq.

Resultados

Los genomas secuenciados de *N. personata* y *T. frezzii* fueron depositados en el NCBI bajo el número de acceso SRR23957761 y GCA026284005.1 respectivamente. Para *N. personata* las características genómicas generales fueron: tamaño del genoma 34 Mb, número de contigs 1979, contenido de GC 51,71% con una cobertura de 1548 X. Para *T. frezzii* las características fueron: tamaño del genoma 29,3 Mb, número de contigs 7163, contenido de GC 59 % con una cobertura de secuenciación de 114 X.

Conclusiones

Este es el primer reporte de la secuencia genómica de *N. personata* y *T. frezzii* de América del sur y el mundo respectivamente, principales patógenos que afectan el cultivo de maní. Estos avances proporcionan herramientas a la comunidad científica agrícola, contribuyendo al desarrollo de cultivos más saludables y productivos.

Bibliografía

Arias R.S. et al. 2023, BMC Genomics Data; Monguillot J.H. et al 2024, Data in Brief; Singh, V.K., et al. 2011. International Journal of Bioinformatics Research. Sisa, 2023.