

### **BV30. Un abordaje molecular para entender el proceso de transferencia viral vía plasmodesmos durante la infección sistémica de ADV en alfalfa**

Jaime, C.L. (1,2); González, G. (2); Mázzaro, V. (2); Dunger, G. (1,2)\*.

(1) Instituto de Ciencias Agropecuarias del Litoral, UNL, CONICET, Argentina. (2) Facultad de Ciencias Agrarias, UNL, Argentina. \*[gdunger@fca.unl.edu.ar](mailto:gdunger@fca.unl.edu.ar)

También conocida como la reina de las forrajeras, la alfalfa (*Medicago sativa* L.) es una leguminosa perenne rica en minerales y vitaminas. Argentina es uno de los principales productores mundiales de alfalfa, con alrededor de 3.2 millones de hectáreas cultivadas. Esto refleja la importancia de este cultivo para nuestra economía, siendo utilizado principalmente para la alimentación del ganado lechero y en la producción de alimento para otros animales. Una enfermedad importante que afecta a este forraje es el achaparramiento de la alfalfa, infección causada por un complejo de cinco virus, entre ellos el virus del enanismo de la alfalfa (ADV). Este virus tiene una prevalencia en nuestro país de más del 70% y ocasiona pérdidas de la producción que rondan el 30% debido al fenotipo enano de las plantas infectadas, las cuales presentan entrenudos acortados, arrugas foliares y enaciones en la superficie foliar. El ADV pertenece a la familia *Rhabdoviridae* y ha sido agrupado en el género *Cytorhabdovirus*. El genoma de ARN monocatenario de sentido negativo de este virus contiene 14.491 nucleótidos y codifica siete proteínas: proteína nucleocapsidial (N), fosfoproteína (P), proteína de movimiento (P3), proteína de matriz (M), glicoproteína (G), la ARN-polimerasa ARN dependiente (L) y P6, de función aún desconocida.

La mayoría de los virus vegetales utilizan proteínas de movimiento (MP) para favorecer la propagación célula-célula y finalmente la infección sistémica de la planta. Este mecanismo se basa en la capacidad de la MP para inducir un cambio estructural en los plasmodesmos de manera de aumentar el tamaño y permeabilidad. Mediante ensayos de dobles híbridos en levadura identificamos una de las proteínas de alfalfa que interaccionaría con la proteína viral P3. Mediante análisis *in silico*, utilizando softwares especializados, pudimos predecir las regiones aminoacídicas de contacto entre las dos proteínas. Actualmente estamos purificando las dos proteínas para confirmar la interacción a través de ensayos de interacción proteína-proteína *in vivo*. Estos resultados facilitarán el desarrollo de estrategias biotecnológicas para prevenir la circulación de ADV en un cultivo de gran importancia económica como es alfalfa.