

**Variabilidade intraespecífica do gene da proteína de movimento do
Apple chlorotic leaf spot virus, isolado PR1 de ameixeira**

Airton Alexandre Bertocchi¹; Osmar Nickel²; Thor Vinicius Martins Fajardo²; Marcos
Fernando Vanni³

A infecção por *Apple chlorotic leaf spot virus* (ACLSV) (gênero *Trichovirus*, família *Betaflexiviridae*) é amplamente difundida em macieiras, pereiras, ameixeiras, pessegueiros, damasqueiros e cerejeiras, entre outras espécies. Em muitas cultivares destas espécies a infecção é latente, variando conforme a sensibilidade da cultivar. A única forma conhecida de disseminação da infecção é por meio de material vegetativo infectado. A proteína de movimento (MP) do ACLSV, responsável pelo movimento viral célula a célula pertence à superfamília 30K. O objetivo do trabalho foi avaliar a diversidade genética existente entre sete variantes do gene da MP de ACLSV, isolado PR1 de ameixeira. O RNA total foi extraído de folhas e ramos de ameixeira cv. Polli Rosa por adsorção em SiO₂. O desenho dos iniciadores baseou-se em estudo *in silico* de sequências do gene MP depositadas no GenBank e incluiu análise comparativa de 16 isolados de ACLSV, alinhando-se as sequências com o *software CLC Sequence Viewer* (Qiagen). Os iniciadores CL 5717s 5'GAT GGC GAT GAT GAT AAG GGG TCA C3'e CL 7103as 5'GCC TCA CAC ACC TGG CGG3', posição em relação ao acesso NC_001409, foram utilizados para RT-PCR. O fragmento de DNA de tamanho esperado foi clonado e sete clones da mesma amplificação por RT-PCR foram sequenciados pelo método de Sanger. Comparando-se as sequências obtidas de nucleotídeos (nt) e aminoácidos deduzidos (aad), pôde-se verificar algumas posições em que ocorriam diferenças entre as 7 variantes do mesmo isolado. Essas substituições de nucleotídeos podem ser mutações silenciosas ou de substituição, alterando aminoácidos traduzidos. A maior distância genética verificada entre as variantes foi de 1,301% (nt) e 2,174% (aad). Assim como outros isolados depositados no GenBank as variantes do isolado PR1 apresentam conservação nas extremidades 3' e 5'.

Financiamento: Embrapa Uva e Vinho, projeto 800629/2016-7, CNPq processo 153694/2017-3
Registro SISGEN: A9463AC

¹ Graduando em Engenharia de Bioprocessos e Biotecnologia, Universidade Estadual do Rio Grande do Sul – UERGS, Bento Gonçalves, RS. Bolsista de Iniciação Científica PIBIC CNPq, airtonalebertocchi@gmail.com

² Pesquisadores da Embrapa Uva e Vinho, Caixa Postal 130, CEP 95701-008, Bento Gonçalves, RS. E-mails: osmar.nickel@embrapa.br, thor.fajardo@embrapa.br.

³ Técnico da Embrapa Uva e Vinho, Caixa Postal 130, CEP 95701-008, Bento Gonçalves, RS. E-mail: marcos.vanni@embrapa.br