

903

Incidência, distribuição e disseminação do CsVMV dentro do germoplasma de mandioca do semi-árido. Andrade, EC¹; Daltro, CB¹; Velame, KVC¹; Fiuzza, A¹. ¹Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical, R. Embrapa, s/nº, CEP 44380-000, Cruz das Almas, BA, Brasil. E-mail: eandrade@cnpaf.embrapa.br. Incidence, distribution and dissemination of CsVMV within the semi-arid cassava germoplasm.

A mandioca é propagada de maneira vegetativa, o que possibilita a introdução e disseminação de viroses. No Nordeste brasileiro, principalmente na região semi-árida, se encontra distribuído o vírus do mosaico das nervuras (*Cassava vein mosaic virus*, CsVMV), espécie do gênero *Cavemovirus* (*Caulimoviridae*), com genoma de DNA fita dupla circular e partícula esférica. Além da transmissão por material propagativo, o CsVMV é transmitido por ferramentas utilizadas para o corte das manivas. Este trabalho teve como objetivo avaliar a incidência, disseminação e variabilidade genética do CsVMV no banco ativo de germoplasma (BAG) de mandioca mantido na Embrapa Semi-árido. Os acessos do BAG são replantados a cada ano, utilizando-se manivas retiradas com facões ou serrotes, prática que possibilita a transmissão do CsVMV entre os acessos. Desde 2007 é realizado o acompanhamento anual dos 375 acessos do BAG, quanto à incidência e distribuição do CsVMV após cada renovação do BAG. Foram coletadas folhas, extraído o DNA e realizado PCR com oligonucleotídeos específicos. Na primeira avaliação foi constatada a presença de 24,8% de acessos infectados, distribuídos de forma agrupada dentro das linhas de plantio. Avaliações em 2008 e 2009 constataram um aumento de 20% de acessos infectados, estando estes localizados próximos aos que já estavam infectados em 2007. A distribuição dos acessos infectados no campo sugere que a disseminação dos vírus no BAG está ocorrendo através do uso de ferramentas de corte utilizadas no processo de renovação do BAG.

905

Genetic diversity of begomoviruses infecting tomato and weeds in the state of Minas Gerais. Silva, FN¹; Rocha, CS¹; Barros, DR¹; Lima, ATM¹; Zerbini, FM¹. ¹Dep. Fitopatologia/BIOAGRO, Univ. Fed. de Viçosa, 36570-000, Viçosa, MG, Brasil. E-mail: zerbini@ufv.br. Diversidade genética de begomovírus infectando tomateiro e plantas daninhas em Minas Gerais.

The incidence of tomato-infecting begomoviruses has sharply increased in Brazil since the introduction of the B biotype of *Bemisia tabaci* in the early 1990's. Here, we report the diversity of begomoviruses infecting tomato and weed samples collected in the central and northern regions of Minas Gerais state (municipalities of Janaúba, Florestal and Carandá) in June-July 2008. Total DNA was extracted from each sample and the complete viral genome was amplified using the phage phi29 DNA polymerase, cloned and sequenced. Of the 97 processed samples (81 tomato plants and 16 weeds), 49 were infected. The following viruses were detected: *Tomato chlorotic mottle virus* (ToCMoV), *Tomato rugose mosaic virus* (ToRMV), *Tomato severe rugose virus* (ToSRV), *Tomato mottle leaf curl virus* (ToMLCV), *Euphorbia mosaic virus* (EuMV) and *Sida micrantha mosaic virus* (SimMV). ToCMoV, ToRMV and ToSRV were predominant with 47, 30 and 24% infected samples respectively. These three viruses were detected only in tomato. ToMLCV, SimMV and EuMV were present in only 6, 4 and 2% of the samples, respectively. EuMV and SimMV infection was restricted to weeds. The results of this work, together with previous results, indicate a high degree of genetic diversity in tomato-infecting begomoviruses, and a clear distinction between viruses predominantly found in tomatoes and those predominantly detected in weeds.

904

Linhagem de feijoeiro expressando RNA interferente é resistente ao mosaico dourado e transmite o transgene às progênes derivadas por retrocruzamento. Faria, JC¹; Valdisser, PAMR¹; Del Peloso, MJ¹; Aragão, FJL². ¹Embrapa Arroz e Feijão, CP 179, CEP 75375-000, Santo Antônio de Goiás, GO, Brasil. ²Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, CP 2372, CEP 70770-900, Brasília, DF, Brasil. E-mail: josias@cnpaf.embrapa.br. Common bean line expressing RNA interferent is resistant to *Bean golden mosaic virus* and transfer the transgene to progenies through backcrossing.

O mosaico dourado do feijoeiro, incitado pelo *Bean golden mosaic virus* – BGMV, é a principal doença viral do feijoeiro e pode causar perdas totais em lavouras cultivadas sob condições de epidemias. Foram obtidos dois eventos (Olathe 5.1 e Olathe 3.2) com uma construção gênica para induzir a formação de RNA interferente, de um total de 22 eventos obtidos. Ambas foram resistentes ao mosaico dourado. A linhagem Olathe 5.1 foi utilizada em cruzamentos a fim de estudar a herança e estabilidade do transgene. Foi realizado o cruzamento e quatro retrocruzamentos com as cultivares Pontal e Pérola. A herança foi simples, monogênica, e estável. Todas as linhagens homozigotas se comportaram como resistentes ao mosaico dourado. No caso de heterozigotas, o padrão de resistência ao mosaico observado é coerente com o conceito de efeito de dosagem gênica, onde há a ação diferencial dos alelos de um gene sobre a expressão fenotípica do caráter em questão. Os dados sugerem que a herança segue o padrão mendeliano de herança monogênica dominante, mas existe efeito de expressividade gênica marcante, podendo causar desvios significativos na proporção esperada de segregação da resistência.

906

Deteção de PMWaV-1 e PMWaV-2 em abacaxizeiros no Estado do Espírito Santo. Peron, FN¹; Fernandes, PMB¹; Ventura, JA^{1,2}. ¹Núcleo de Biotecnologia-UFES. CEP 290043-910, Vitória, ES, Brasil. ²INCAPER. 29052-010, Vitória, ES, Brasil. E-mail: fernandaperon2003@yahoo.com.br. Detection of PMWaV-1 and PMWaV-2 in pineapple plants in the State of Espírito Santo.

A murcha do abacaxizeiro é causada por um complexo de cinco vírus (PMWaV-1; PMWaV-2; PMWaV-3; PMWaV-4 e PMWaV-5) que têm o abacaxi como seu único hospedeiro conhecido, ficando limitados ao floema das plantas. Associados a presença de seu vetor, as cochonilhas *Dysmicoccus brevipes*, na planta, causam a murcha das plantas com perdas de até 80% da produção. Estudos recentes indicam o PMWaV-2 como o provável responsável pelos sintomas da murcha nos países produtores de abacaxi no mundo. Com o objetivo de identificar os vírus associados à murcha do abacaxizeiro, foram coletadas da Fazenda Experimental de Sooretama-Incaper (Sooretama, ES), amostras de plantas sintomáticas que foram analisadas pelo método imunoenzimático através de anticorpos monoclonais específicos para os vírus PMWaV-1 e PMWaV-2 e também a detecção molecular por RT-PCR, tendo como alvo o gene que codifica a proteína de choque térmico Hsp70h dos mesmos vírus. Pelos resultados das análises foi possível detectar, por ambos os testes, a presença dos vírus PMWaV-1 e PMWaV-2 nas amostras de abacaxizeiro, sendo o primeiro registro de sua ocorrência no Estado do Espírito Santo. Apoio: FAPES; FINEP; CAPES e CNPq.