

## Caracterização molecular de populações do ácaro do enrolamento do trigo, *Aceria tosichella* Keifer, na América do Sul

Denise Navia<sup>1</sup>, Renata Santos de Mendonça<sup>1</sup>, Paulo Roberto Valle da Silva Pereira<sup>2</sup>, Graciela Truol<sup>3</sup> e Douglas Lau<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Parque Estação Biológica, final W5 Norte, Cx. Postal 02372, 70.770-917, Brasília, Brasil. <sup>2</sup>Embrapa Trigo, BR 285, km 294, CEP 99001-970, Passo Fundo- RS, Brasil. <sup>3</sup>Instituto de Patología Vegetal - Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (IPAVE-INTA). Camino 60 cuadras Km. 5 ½ (X5020ICA), Córdoba, Argentina.

### Introdução

Alguns ácaros fitófagos da família Eriophyidae podem assumir status de praga em agroecossistemas por causarem danos diretos às plantas hospedeiras, devido à alimentação de colônias numerosas; ou indiretos, devido à transmissão de fitopatógenos. Entre os ácaros vetores está o ácaro do enrolamento do trigo, *Aceria tosichella* Keifer, vetor de ao menos quatro fitovírus (NAVIA et al., 2013). Entre os vírus transmitidos por *A. tosichella* destaca-se o *Wheat streak mosaic virus* (WSMV), um problema chave para a cultura do trigo, com altas taxas de infecção e causando sérias perdas na América do Norte, Eurásia e Oriente Médio (TSYPLENKOV; SAULICH, 2008; VELANDIA et al., 2010). Na última década *A. tosichella* e os vírus transmitidos foram também detectados na Austrália e na América do Sul, onde já estão afetando importantes áreas tritícolas (COUTTS et al., 2008; TRUOL; SAGADÍN, 2008).

O ácaro do enrolamento do trigo, *A. tosichella*, tem sido tradicionalmente considerado como uma única espécie. Entretanto diversos autores tem levantado a hipótese de que, em realidade, esse ácaro represente um complexo de espécies crípticas e/ou linhagens biológicas. O ácaro do enrolamento do trigo tem sido relatado infestando cerca de 80 gramíneas (Poaceae) em 48 gêneros (NAVIA et al., 2013). Por isso, é considerado uma exceção entre os eriofiídeos, os quais em sua grande maioria infestam uma única planta hospedeira. É possível que, ao invés de *A. tosichella* apresentar um amplo espectro de hospedeiros, cada uma das espécies no complexo seja especializada em um grupo de gramíneas hospedeiras. Gibson (1957), Del Rosario e Sill (1965) e Slykhuis (1955) relataram a ocorrência de linhagens de *A. tosichella* associadas a plantas hospedeiras, baseada na performance ou capacidade de sobrevivência em diferentes gramíneas. Evidências da ocorrência de linhagens de *A. tosichella* também foram obtidas durante estudos de resistência de variedades de trigo e linhas de *Aegilops tauschii* Coss, assim como em sua eficiência na transmissão de vírus (HARVEY et al., 1995, 1999, 2001; MALIK et al., 2003; SEIFERS et al., 2002). A constatação da ocorrência de espécies crípticas em *A. tosichella* foi possível através da utilização de marcadores moleculares, os quais representam ferramentas poderosas para esclarecer problemas taxonômicos em Acarologia (NAVAJAS; NAVIA, 2010). Carew et al. (2009), a partir de sequências de DNA mitocondrial e nuclear, mostraram que *A. tosichella* de trigo e várias outras gramíneas hospedeiras na Austrália consistiam em pelo menos duas linhagens que poderiam representar espécies crípticas, já que não foram observadas evidências de intercâmbio genético entre as mesmas.

A existência de um complexo de espécies em *A. tosichella* tem implicações para o manejo dos

patossistemas em que o vetor é um componente chave. Espécies crípticas podem apresentar características biológicas e ecológicas particulares, e podem requerer medidas de manejo diferenciadas. No caso do ácaro do enrolamento do trigo, diferentes espécies/linhagens podem apresentar diferentes espectro de hospedeiros e taxas de crescimento em cada um deles; diferenças na eficiência de transmissão dos vírus associados e na relação com suas linhagens; diferenças na susceptibilidade a materiais genéticos de cereais que vêm sendo desenvolvidos para resistência aos patossistemas (NAVIA et al., 2013). Por isso, é fundamental o conhecimento sobre as linhagens/espécies do complexo *A. tosichella* presentes na América do Sul para a definição de estratégias de manejo dos patossistemas que compõe.

A caracterização molecular de populações de *A. tosichella* da Argentina e do Brasil foi realizada no escopo dos projetos "Monitoramento e diagnose do complexo *Aceria tosichella* e viroses transmitidas (*Wheat streak mosaic virus*, *High plains virus*) no Brasil e avaliação da resistência de cultivares para estimar o seu impacto na triticultura nacional (CNPq/MAPA/SDA N° 064/2008)" e " Monitoramento e diagnose do complexo *Aceria tosichella* e vírus transmitidos (*Wheat streak mosaic virus*, *High plains virus*, *Triticum mosaic virus*) – contribuição brasileira para a compreensão e manejo de um patossistema em expansão na América do Sul (Chamada 22/2011 - Cooperação Internacional Embrapa/INTA)". Esses estudos foram conduzidos como parte de um esforço internacional para a caracterização de populações do ácaro do enrolamento do trigo de diferentes continentes. Dessa forma, os resultados obtidos nos projetos foram comparados com os de populações da Europa, América do Norte, e Oceania, e publicados em Skoracka et al. (2012) e Miller et al. (2013). O presente trabalho tem como objetivo resumir e integrar as informações sobre a caracterização molecular de populações de *A. tosichella* da Argentina e do Brasil, publicadas nos artigos citados. Será também discutida a implicação dos resultados no manejo da praga e vírus transmitidos na América do Sul e apontadas linhas de pesquisa a serem exploradas.

## Material e Métodos

Foram caracterizadas populações de *A. tosichella* de uma localidade no Brasil (Passo Fundo, RS), coletadas três anos consecutivos; e de sete localidades na Argentina (Azul, Balcarce, La Galia, Ingeniero Otamendi e Lobería, Província de Buenos Aires; Corral de Bustos e Marcos Juárez, Província de Córdoba). Todas as populações estudadas foram coletadas em trigo. A extração de DNA foi realizada para um espécime individualizado e também para um pool de 20 indivíduos, de acordo com protocolo utilizado por Navia et al. (2005).

No primeiro estudo, cujos resultados foram publicados em Skoracka et al. (2012), foram analisadas sequências de um total de 25 populações. Além das populações da América do Sul, foram incluídas populações da Austrália, França, e Polônia. Os ácaros foram coletados em trigo e em mais cinco gramíneas dos gêneros *Arrhenaterum*, *Bromus*, *Elymus* e *Hordeum*. As regiões do genoma sequenciadas foram: 1) Citocromo Oxidase I (COI) do DNA mitocondrial, amplificada com os primers utilizados por Dabert et al. (2010), fragmentos de 605bp; 2) subunidade D2 do 28S, do DNA nuclear ribossomal, amplificada com os primers utilizados por Skoracka e Dabert (2010) e Sonnenberg et al. (2007), fragmentos de 511bp; 3) regiões Internal Transcribed Spacers I e II (ITS 1 e 2), do DNA nuclear ribossomal, amplificada com os primers utilizados por Navia et al. (2005), fragmentos de 900bp. Para as análises de variabilidade interespecífica foram utilizadas sequências de *Aceria tulipae* Keifer e *Aceria eximia* Sukhareva.

No segundo estudo, cujos resultados foram publicados em Miller et al. (2013), foram analisadas sequências de um total de 58 populações. Além das populações da América do Sul, foram incluídas populações da Austrália, Estados Unidos, França, Polônia, Síria, e Turquia. Além de trigo e triticale, nesses países foram obtidas amostras de 21 gramíneas dos gêneros *Agropyron*, *Arrhenaterum*, *Bromus*, *Cynodon*, *Dactylis*, *Digitaria*, *Elymus*, *Hordeum*, *Lolium*, *Panicum*, *Setaria*, *Urochloa* e *Vulpia*. As regiões do genoma sequenciadas foram: 1) 16S do DNA mitocondrial, amplificada com os primers utilizados por Carew et al. (2009), fragmentos de 400bp; 2) regiões Internal Transcribed Spacers I e II (ITS 1 e 2), do DNA nuclear ribossomal, amplificada com os primers utilizados por Navia et al. (2005), fragmentos de 900bp. 3) gene Adenine Nucleotide Transporter (ANT), do DNA nuclear, amplificada com os primers utilizados por Carew et al. (2009), fragmentos de 340bp. Para as análises de variabilidade interespecífica foram utilizadas sequências de *A. tulipae* e *Aceria guerreronis* Keifer.

Em ambos estudos, as sequências foram alinhadas utilizando-se Clustal W implementado em MEGA 5 (TAMURA et al., 2011) ou BIOEDIT ver 7.0.4 (HALL, 1999). A identificação dos haplótipos e o cálculo das distâncias genéticas entre sequências de nucleotídeos foram realizados em MEGA 4 e 5 (TAMURA et al., 2007, 2011). MrModeltest (NYLANDER, 2004) ou jModeltest ver. 0.1.1 (GUINDOM; GASCUEL, 2003) foram utilizados para escolha do modelo de substituição de nucleotídeos para cada região/gene. As análises filogenéticas foram conduzidas em MEGA 5 (NJ), PhyMI 3.0 (GUINDOM et al., 2010). As árvores filogenéticas, incluindo a de combinação dos diferentes conjuntos de dados, foram geradas em MrBayes 3.1.2 (RONQUIST; HUELSENBECK, 2003). Além disso, em Miller et al. (2013), a estimativa do tempo de divergência (MCMC) foi realizada em BEAST ver. 1.7.3 (DRUMMOND; RAMBAUT, 2007), e os testes para sinais filogenéticos, para averiguar se as linhagens são mais próximas entre si devido ao compartilhamento de planta hospedeira ou aleatoriamente, em Mesquite (MADDISON; MADDISON, 2011).

## Resultados e Discussão

No primeiro estudo, publicado em Skoracka et al. (2012), as sequências das populações da América do Sul resultaram em um único haplótipo/variante para as regiões COI e D2, e estes foram agrupados em um mesmo clado com populações de trigo da Polônia e de *Bromus catharicus* da Austrália. Diferentemente, entre as sequências ITS foram detectados dois variantes (I-1 e I-2) entre as populações sul-americanas, os quais foram agrupados em dois cladogramas genéticos com alto suporte, junto aos de populações de trigo da Polônia (I-1) e de trigo da França e Austrália (I-2). Os dois variantes da região ITS observados entre as populações da Argentina e do Brasil correspondem às linhagens filogenéticas observadas por Carew et al. (2009). As análises filogenéticas, baseadas em marcadores independentes (nucleares e mitocondriais), não suportam a monofilia das populações estudadas em Skoracka et al. (2012). *Aceria tulipae*, uma espécie morfologicamente muito próxima à *A. tosichella*, reconhecida como uma espécie biologicamente distinta associada a liliáceas, posicionou-se como grupo irmão, e não como grupo externo às populações estudadas. Em todas as árvores filogenéticas *A. tulipae* foi posicionada entre as linhagens de *A. tosichella*, indicando que esse táxon pertence ao mesmo complexo de espécies. As distâncias genéticas observadas entre as populações estudadas, para os três marcadores, correspondem a distâncias interespecíficas, e não à variabilidade intraespecífica. Os resultados do estudo confirmam a ocorrência de um complexo de espécies em *A. tosichella*, como observado por Carew et al. (2009), e evidenciam que as duas linhagens detectadas por esses autores na Austrália também estão presentes em trigo na América do Sul e na Europa.

No segundo estudo, publicado em Miller et al. (2013), a região mais variável foi a mitocondrial 16S. Nas 58 populações estudadas foram identificados 26 haplótipos, sendo que quatro desses foram encontrados na América do Sul (três na Argentina e dois no Brasil). Para o gene ANT foram identificados um total 21 variantes, sendo que dois foram encontrados na América do Sul, comuns à Argentina e ao Brasil. Para a região ITS foram identificados ao total 15 variantes, dois dos quais presentes na América do Sul, também comuns à Argentina e ao Brasil. As árvores filogenéticas dos três marcadores estudados apresentaram estrutura similar, com a presença de dois clados genéticos ancestrais, da mesma forma observada por Carew et al. (2009) e Skoraka et al. (2012), suportando a parafilia das populações estudadas e confirmando a ocorrência de um complexo de espécies.

A análise filogenética combinada dos três marcadores mostrou que dez das 23 gramíneas hospedeiras estudadas apresentavam um único haplótipo/variante associado, evidenciando a especificidade hospedeira de diversas linhagens. As linhagens associadas ao trigo são relativamente recentes, e muitos desses haplótipos/variantes estão presentes nas Américas, Europa e Oceania. O haplótipo/variante 1, predominante na América do Sul, tanto no Brasil quanto na Argentina, foi encontrado também associado a três espécies de *Bromus* - *B. catharticus*, *B. diandrus*, *B. hordaceus*-, a *Lolium rigidum* (azevém), e ao triticale. Além disso, nos clados dos haplótipos associados ao trigo, outros haplótipos/variantes também estavam associados a *B. catharticus* e *L. rigidum*. Esses resultados mostram que os haplótipos/variantes associados ao trigo e triticale podem infestar também gramíneas dos gêneros *Bromus* e *Lolium*. O fato desses haplótipos/variantes não terem sido encontrados em outras gramíneas pode indicar que o espectro de hospedeiros dos mesmos não seja tão amplo como relatado na literatura.

A determinação do espectro de hospedeiros do haplótipos/variantes associado ao trigo e vetor de viroses é fundamental para adoção de medidas de manejo, pois esses devem ser eliminados das áreas de cultura ou arredores, para que não sirvam como "ponte verde" entre duas safras, por poderem abrigar populações do vetor. No Brasil, além do trigo, foram listadas 17 gramíneas, de 14 gêneros, como hospedeiras de *A. tosichella*. Entre essas estão duas espécies de *Bromus* e *Lolium multiflorum*. É possível que os haplótipos/variantes associados ao trigo e vetores dos vírus não tenha como hospedeiras reprodutivas todas as gramíneas listadas como hospedeiras. Para esclarecer essa questão teria sido necessário realizar a caracterização molecular das populações associadas a todas as plantas hospedeiras, mas isso não foi possível devido à dificuldade de coleta de material biológico dessas outras gramíneas hospedeiras para as análises moleculares. A partir dos resultados até então obtidos, pode-se considerar que os haplótipos/variantes associados ao trigo no Brasil e Argentina podem infestar também gramíneas dos gêneros *Bromus* e *Lolium*. Portanto, no manejo cultural do patossistema essas plantas devem ser eliminadas das áreas de plantio e bordas. Para que esse conhecimento seja ampliado, será importante investir na caracterização das populações que infestam outras gramíneas na América do Sul. Também seria interessante a manutenção de colônias e estudos de biologia de *A. tosichella* em outras gramíneas.

De acordo Schiffer et al. (2009), nos experimentos de transmissão de WSMV pelas duas linhagens de *A. tosichella* associadas ao trigo (CAREW et al., 2009), somente WCM2 transmitiu o vírus em condições controladas. Essa linhagem vetora corresponde aos haplótipos 1 e 3 (análise combinada em Miller et al., 2013), os quais são dominantes da América do Sul, tanto no Brasil quanto na Argentina. Hein et al. (2012) avaliaram diferenças genéticas e eficiência de transmissão de dois vírus - WSMV e *High plains virus* (HPV) - entre populações de *A. tosichella* dos EUA e comparou as sequências ITS das mesmas com as populações da Austrália. Nos EUA também foram encontradas as duas linhagens principais do ácaro, as quais corresponderam às identificadas por Carew et al. (2009), na Austrália. Esses autores observaram que ambas as

linhagens são vetoras, mas a eficiência de transmissão do dois vírus foi diferente entre elas. Portanto, pode-se considerar que ao menos duas espécies do complexo *A. tosichella* capazes de transmitir vírus estão presentes na América do Sul. Será necessário caracterizar e avaliar a eficiência vetora das demais espécies do complexo *A. tosichella*, associadas a outras plantas hospedeiras, na transmissão de diferentes vírus.

A ocorrência dos mesmos haplótipos/variantes de *A. tosichella* associadas ao trigo e vetoras de fitovírus nos diferentes continentes suporta a importância de esforços internacionais para avançar na definição de medidas eficientes de manejo e para minimizar as perdas ocasionadas pelo(s) patossistema(s) *A. tosichella* e vírus transmitidos.

## Referências

CAREW, M.; SCHIFFER, M.; UMINA, P.; WEEKS, A.; HOFFMANN, A. Molecular markers indicate that the wheat curl mite, *Aceria tosichella* Keifer, may be a species complex in Australia. **Bulletin of Entomological Research**, London, v. 99, n. 5, p. 479-486, 2009.

COUTTS, B. A.; STRICKLAND, G. R.; KEHOE, M. A.; SEVERTSON, D. L.; JONES, R. A. C. The epidemiology of *Wheat streak mosaic virus* in Australia: case histories, gradients, mite vectors, and alternative hosts. **Australian Journal of Agricultural Research**, Victoria, v. 59, n. 9, p. 844-853, 2008.

DABERT, M.; WITALINSKI, W.; KAZMIERSKI, A.; OLSZANOWSKI, Z.; DABERT, J. Molecular phylogeny of acariform mites (Acari, Arachnida): strong conflict between phylogenetic signal and long-branch attraction artifacts. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, Amsterdam, v. 56, n. 1, p. 222-241, 2010.

DEL ROSARIO, M. S.; SILL, W. H. Physiological strains of *Aceria tulipae* and their relationships to transmission of *Wheat streak mosaic virus*. **Phytopathology**, St. Paul, v. 55, n. 11, p. 1168-1175, 1965.

DRUMMOND, A. J.; RAMBAUT, A. BEAST: Bayesian evolutionary analysis by sampling trees. **BMC Evolutionary Biology**, London, v. 7, p. 214, 2007.

GIBSON, W. W. **Biological and ecological studies of the wheat curl mite, *Aceria tulipae* (K.), on winter wheat in Kansas**. 1957. Dissertation (PhD) - Kansas State University, Manhattan.

GUINDON, S.; GASCUEL, O. A simple, fast, and accurate algorithm to estimate large phylogenies by maximum likelihood. **Systematic Biology**, Oxford, v. 52, n. 5, p. 696-704, 2003.

GUINDON, S.; DUFAYARD, J. F.; LEFORT, V.; ANISIMOVA, M.; HORDIJK, W.; GASCUEL, O. New algorithms and methods to estimate maximum likelihood phylogenies: assessing the performance of PhyML 3.0. **Systematic Biology**, Oxford, v. 59, n. 3, p. 307-321, 2010.

HALL, T. A. BIOEDIT: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for windows 95/98/NT. **Nucleic Acids Symposium Series**, Oxford, v. 41, n. 1, p. 95-98, 1999.

HARVEY, T. L.; MARTIN T. J.; SEIFERS, D. L. Survival of five wheat curl mite *Aceria tosichella* Keifer (Acari: Eriophyidae) strains on mite resistant wheat. **Experimental and Applied Acarology**, Amsterdam, v. 19, n. 8, p. 459-463, 1995.

HARVEY, T. L.; SEIFERS, D. L.; MARTIN, T. J.; BROWN-GUEDIRA, F. L.; GILL, B. S. Survival of wheat curl mites on different sources of resistance in wheat. **Crop Science**, Madison, v. 39, n. 6, p. 1887-1889, 1999.

HARVEY, T. L.; SEIFERS, D. L.; MARTIN, T. J. Host range differences between two strains of wheat curl mites (Acari: Eriophyidae). **Journal of Agriculture and Urban Entomology**, Charleston, v. 18, n. 1, p. 35-41, 2001.

HEIN, G. L.; FRENCH, R.; SIRIWETWIWAT, B.; AMRINE, J. Genetic characterization of North American populations of the wheat curl mite and dry bulb mite. **Journal of Economic Entomology**, Annapolis, v. 105, n. 5, p. 1801-1808, 2012.

MADDISON, W. P.; MADDISON, D. R. **Mesquite**: a modular system for evolutionary analysis. Version 2.75. 2011. Disponível em: <<http://mesquiteproject.org>>.

MALIK, R.; SMITH, C. M.; BROWN-GUEDIRA, G. L.; HARVEY, T. L.; GILL, B. S. Assessment of *A. tauschii* for resistance to biotypes of wheat curl mite (Acari: Eriophyidae). **Journal of Economic Entomology**, Annapolis, v. 96, n. 4, p. 1329-1333, 2003.

MILLER, A. D.; SKORACKA, A.; NAVIA, D.; SANTOS DE MENDONCA, R.; SZYDO, W.; SCHULTZ, M. B.; SMITH, C. M.; TRUOL, G.; HOFFMANN, A. A. Phylogenetic analyses reveal extensive cryptic speciation and host specialization in an economically important mite taxon. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, Amsterdam, v. 66, n. 3, p. 928-940, 2013.

NAVAJAS, M.; NAVIA, D. DNA-based methods for eriophyid mite studies: review, critical aspects, prospects and challenges. **Experimental and Applied Acarology**, Amsterdam, v. 51, n. 1/3, p. 257-271, 2010.

NAVIA, D.; DE MORAES, G. J.; RODERICK, G.; NAVAJAS, M. The invasive coconut mite *Aceria guerreronis* (Acari: Eriophyidae): origin and invasion sources inferred from mitochondrial (16S) and nuclear (ITS) sequences. **Bulletin of Entomological Research**, London, v. 95, n. 6, p. 505-516, 2005.

NAVIA, D.; MENDONÇA, R. S.; SKORACKA, A.; SZYDŁO, W.; KNIHINICKI, D.; HEIN, G. L.; PEREIRA, P. R. V. S.; TRUOL, G.; LAU, D. Wheat curl mite, *Aceria tosichella*, and transmitted viruses: an expanding pest complex affecting cereal crops. **Experimental and Applied Acarology**, Amsterdam v. 59, n. 1/2, p. 95-143, 2013.

NYLANDER, J. A. A. **MrModeltest v2**. Uppsala: Uppsala University, Evolutionary Biology Centre, 2004.

RONQUIST, F.; HUELSENBECK, J. P. MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. **Bioinformatics**, v. 19, n. 12, p. 1572-1574, 2003.

SCHIFFER, M.; UMINA, P.; CAREW, M.; HOFFMANN, A.; RODONI, B.; MILLER, A. The distribution of wheat curl mite (*Aceria tosichella*) lineages in Australia and their potential to transmit *Wheat streak mosaic virus*. **Annals of Applied Biology**, Cambridge, v. 155, n. 3, p. 371-379, 2009.

SEIFERS, D. L.; HARVEY, T. L.; LOUIE, R.; GORDON, D. T.; MARTIN, T. J. Differential transmission of isolates of the *High Plains virus* by different sources of wheat curl mites. **Plant Disease**, St. Paul, v. 86, n. 2, p. 138-142, 2002.

SKORACKA, A.; DABERT, M. The cereal rust mite *Abacarus hystrix* (Acari: Eriophyoidea) is a complex of species: evidence from mitochondrial and nuclear DNA sequences. **Bulletin of Entomological Research**, London, v. 100, n. 3, p. 263-272, 2010.

SKORACKA, A.; KUCZYNSKI, L.; MENDONÇA, R. S.; DABERT, M.; SZYDŁO, W.; KNIHINICKI, D.; TRUOL, G.; NAVIA, D. Cryptic species within the wheat curl mite *Aceria tosichella* (Keifer) (Acari, Eriophyoidea) revealed by mitochondrial, nuclear and morphometric data. **Invertebrate Systematics**, Collingwood, v. 26, n. 4, p. 417-433, 2012.

SLYKHUIS, J. T. *Aceria tulipae* Keifer (Acarina: Eriophyidae) in relation to the spread of wheat streak mosaic. **Phytopathology**, St. Paul, v. 45, n. 3, p. 116-128, 1955.

SONNENBERG, R.; NOLTE, A. W.; TAUTZ, D. An evaluation of LSU rDNA D1–D2 sequences for their use in species identification. **Frontiers in Zoology**, Frankfurt, v. 4, n. 6, p. 1-12, 2007.

TAMURA, K.; DUDLEY, J.; NEI, M.; KUMAR, S. MEGA4: molecular evolutionary genetics analysis (MEGA) software version 4.0. **Molecular Biology and Evolution**, Oxford, v. 24, n. 8, p. 1596-1599, 2007.

TAMURA, K.; PETERSON, D.; PETERSON, N.; STECHER, G.; NEI, M.; KUMAR, S. MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. **Molecular Biology and Evolution**, Oxford, v. 28, n. 10, p. 2731-2739, 2011.

TRUOL, G.; SAGADIN, M. Virosis de los cereales detectadas en Argentina. In: WORKSHOP EN VIROSIS DE CEREALES TRANSMITIDAS POR EL ÁCARO *ACERIA TOSICHELLA* - *WHEAT STREAK MOSAIC VIRUS* Y HIGH PLAIN VIRUS - EN LOS PAÍSES DEL CONO SUR: SITUACIÓN, DETECCIÓN Y MANEJO. **Libro de resúmenes...** Balcarce: INTA-IFFIVE, 2008. p. 21–22.

TSYPLENKOV, A. E.; SAULICH, M. I. Distribution and severity zones of *Wheat streak mosaic virus* (WSMV). In: AFONIN, N. A.; GREENE, S. L.; DZYUBENKO, N. I.; FROLOV, A. N. (Ed.). **Interactive agricultural ecological atlas of Russia and neighboring countries**: economic plants and their diseases, pests and weeds. 2008. Disponível em: <[http://www.agroatlas.ru/en/content/related/Lonicera\\_edulis](http://www.agroatlas.ru/en/content/related/Lonicera_edulis)>. Acesso em: 23 de fevereiro de 2011.

VELANDIA, M.; REJESUS, R. M.; JONES, D. C.; PRICE, J. A.; WORKNEH, F.; RUSH, C. Economic impact of *Wheat streak mosaic virus* in the Texas High Plains. **Crop Protection**, Surrey, v. 29, n. 7, p. 699-703, 2010.