



IV CONFERÊNCIA NACIONAL SOBRE  
DEFESA AGROPECUÁRIA

*Belém-Pará*

DEFESA AGROPECUÁRIA E SUSTENTABILIDADE

1 A 4 DE OUTUBRO DE 2013 LOCAL CENTRO DE CONVENÇÕES DA AMAZÔNIA - BELÉM, PARA  
[HTTP://CONFERENCIA.DEFESAAGROPECUARIA.COM](http://conferencia.defesaagropecuaria.com)

**IV Conferência Nacional sobre Defesa Agropecuária**

**‘Defesa Agropecuária e Sustentabilidade’**

# **ANAIS**

Editado por:

**Regina Sugayama**

**Giliardi Anício Alves**

**Suely Xavier de Brito Silva**

**Eudes de Arruda Carvalho**

**Belém - PA**

**2014**

Palavras-chave: Pogostemon cablin Benth.; sequenciamento, virus

Fomento: Embrapa Amazônia Oriental

Cadeias de produção vegetal

**Deteção e caracterização molecular de Begomovirus em feijão caupi no estado do Pará**

***Molecular detection and characterization of Cowpea golden mosaic virus in cowpea in the state of Pará***

Alessandra de Jesus Boari, Embrapa Amazônia Oriental

Evelyn Anly Ishikawa Hayashi, Universidade Federal da Amazônia

Taise Pereira Carvalho, Universidade Federal da Amazônia

Alessandra Keiko Nakasone Ishida, Embrapa Amazônia Oriental

Kenny Bonfim, Embrapa Amazônia Oriental

O Pará se destaca como o maior estado produtor de feijão-caupi (*Vigna unguiculata* L.) na Amazônia Legal, sendo responsável por 37,6% da produção regional. Esta cultura tem grande importância sócio-econômica para pequenos produtores. Em lavoura no município de Capitão Poço-PA, observou-se alta incidência de plantas de caupi com mosaico dourado. Assim, este trabalho teve o objetivo de identificar o vírus que ocorre no caupi e compará-los com sequências genômicas com outros acessos disponíveis no banco de genes. Para isso realizou-se a extração do ácido nucléico total de folha infectada, Rollant Circle Amplification (RCA) e PCR. Para realizar o PCR foi utilizado o DNA proveniente do RCA diluído e os primers universais específicos para begomovirus (pALv1978 e pARc715) que amplificam fragmento de DNA correspondente a parte da ORF AC1 (Rep), a região comum e parte da ORF AV1 (CP). Após a realização da eletroforese o produto do PCR foi sequenciado. Foi observado o fragmento esperado de cerca de 1.300pb. A análise da sequência de 500 nucleotídeos do gene Rep e CP via Blastn e ClustalW mostrou 96% com o acesso (AF188708) denominado Cowpea golden mosaic virus (CGMV) e 85 a 89% com

acessos de Bean golden mosaic virus (BGMV). Já a avaliação da CP mostrou 96% de identidade com CGMV e 83% com BGMV. Será necessário sequenciar todo o genoma deste begomovirus para definição da espécie. Este é o primeiro relato de Begomovirus infectando caupi no Pará. Apoio Financeiro: FINEP/CNPq.

Palavras-chave: *Vigna unguiculata*; vírus sequenciamento

Fomento: Embrapa Amazônia Oriental