

## Levantamento e caracterização molecular de vírus e viroide em vinhedos no Município de São Roque, SP

Cátia Jacira Martins de Moura<sup>1</sup>; Thor Vinícius Martins Fajardo<sup>2</sup>; Marcelo Eiras<sup>3</sup>; Osmar Nickel<sup>2</sup>

Cerca de 65 espécies virais infectam videiras no mundo, podendo causar significativos impactos econômicos. O objetivo deste trabalho foi determinar a incidência de vírus e viroide em 9 vinhedos do município de São Roque, SP e caracterizar molecularmente o gene da proteína capsidial (CP) de isolados locais. A extração do RNA total foi realizada utilizando-se o método de adsorção em sílica. As amostras foram indexadas por RT-PCR em tempo real (TaqMan RT-qPCR). As 119 amostras de 32 cultivares foram indexadas para 6 vírus [Grapevine Cabernet Sauvignon reovirus (GCSV), *Grapevine Syrah virus 1* (GSyV-1), *Grapevine rupestris stem pitting-associated virus* (GRSPaV), *Grapevine virus A* (GVA), *Grapevine leafroll-associated virus 3* (GLRaV-3) e *Grapevine fleck virus* (GFkV)] e o viroide *Grapevine yellow speckle viroid 1* (GYSVd-1). Os resultados demonstraram que estes patógenos estão amplamente distribuídos nos vinhedos e cvs. amostrados. As incidências de amostras infectadas foram 0% (GCSV), 15,1% (GSyV-1), 61,3% (GRSPaV), 62,1% (GVA), 64,7% (GLRaV-3), 76,4% (GFkV) e 65,5% (GYSVd-1). Fragmentos de DNA, contendo o gene completo da CP (627 nucleotídeos, nt e 208 aminoácidos deduzidos, aad), foram obtidos por meio de RT-PCR *one step*, com oligonucleotídeos para GSyV-1, e em seguida, clonados e sequenciados, a partir das cvs. Rebo e BRS Margot. As sequências foram depositadas no GenBank (KX258765-KX258766) e exibiram 92,5% e 97,1% de idêntidades de nt e aad entre si, respectivamente. O isolado da cv. Margot apresentou maiores idêntidades de nt (98,7-99%) com outros três isolados brasileiros (KX258763, KX258764, KX258767). Já o isolado da cv. Rebo distinguiu-se dos quatro isolados brasileiros ao apresentar menores idêntidades de nt (91,8-92,5%). Os genes da CP de outros isolados de São Roque, 3 de GSyV-1 e 6 de GLRaV-3 (com 942 bp), também foram amplificados por RT-PCR, clonados e estão sendo sequenciados. Para comparar RT-qPCR e RT-PCR convencional, 17 amostras infectadas com GLRaV-3 e GSyV-1 foram indexadas por meio dessas técnicas utilizando-se oligonucleotídeos específicos. Por meio de RT-PCR convencional foi possível a detecção de 35,3% (GLRaV-3) e 29,4% (GSyV-1) das 17 amostras identificadas positivas por RT-qPCR. Neste trabalho constatou-se, pela primeira vez, a ocorrência de GSyV-1 infectando videiras em vinhedos comerciais no país.

Apoio financeiro: Embrapa-SEG, MP2, Projeto 02.13.14.002

<sup>1</sup> Pós-graduanda, Mestrado em Sanidade, Segurança Alimentar e Ambiental no Agronegócio. Instituto Biológico de São Paulo, São Paulo, SP. Estagiária da Embrapa Uva e Vinho. Bolsista do CNPq. E-mail: [catiaaleixo@yahoo.com.br](mailto:catiaaleixo@yahoo.com.br)

<sup>2</sup> Pesquisadores da Embrapa Uva e Vinho, Caixa Postal 130, CEP 95700-000, Bento Gonçalves, RS. E-mail: [thor.fajardo@embrapa.br](mailto:thor.fajardo@embrapa.br); [osmar.nickel@embrapa.br](mailto:osmar.nickel@embrapa.br)

<sup>3</sup> Pesquisador do Instituto Biológico, São Paulo, SP. E-mail: [eiras@biologico.sp.gov.br](mailto:eiras@biologico.sp.gov.br)