

**Detecção de um *Emaravirus*-like em amendoim forrageiro por sequenciamento de alto desempenho**  
(Detection of a *Emaravirus*-like in forage pinto peanut by next generation sequencing)

Pantoja, K. F. C. <sup>1</sup>; boari, A. J. <sup>2</sup>; Kitajima, E. W. <sup>3</sup>; Sakate, R. K. <sup>4</sup>; Marchi, B. R. D. <sup>5</sup>; Assis, G. M. L. D. ;  
Goncalves, R. C. . <sup>1</sup>Universidade Estadual Paulista Julio de Mesquita Filho-UNESP; <sup>2</sup>Embrapa Amazônia  
Oriental; <sup>3</sup>Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz - ESALQ/USP; <sup>4</sup>University of Florida Gulf Coast  
Research & Education Center; <sup>5</sup>Embrapa Acre. Email: kessiapantoja66@gmail.com.

Resumo: *Arachis pinto* (Krapov & W.C. Gregory) é uma leguminosa tropical, pertence à família *Fabaceae*, usada para finalidades distintas como forrageira, cobertura do solo em pomares, florestas e plantio direto; controle da erosão e como ornamental em projetos paisagísticos. A espécie *A. pinto* tem sido usada como safra agrícola no Brasil, Austrália, Colômbia e Bolívia devido ao seu alto valor nutritivo e excelente produção animal em manejo de pastagens. Vinte e seis amostras foliares de *A. pinto* do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Acre exibindo sintomas típicos de vírus foram testadas quanto à presença desses fitopatógenos. O objetivo deste trabalho foi identificar as espécies de fitovírus presentes em genótipos de amendoim forrageiro através do sequenciamento de alto desempenho (*Next-Generation Sequencing-NGS*) e microscopia eletrônica de transmissão. Cortes ultra-finos contrastados com acetato de uranila e examinados ao microscópio eletrônico revelaram a presença de partículas esféricas envelopadas com cerca de ca. 120 nm de diâmetro no citoplasma, similares às descritas para emaravírus. O sequenciamento foi realizado utilizando a plataforma Illumina HiSeq2500 e a montagem *de novo* das 24.659.442 reads foi realizada usando o software CLC Genomics Workbench v7.0. e posteriormente submetidos a análise tBLASTX (Geneious R8.0). A análise de um fragmento de aproximadamente 3000 nt do RNA1 que codifica para a RNA polimerase revelou identidades de 65,7% e 60% de nucleotídeos e aminoácidos, respectivamente, com as sequências do *Blackberry leaf mottle-associated virus* (BLMaV) (gênero *Emaravirus*, família *Fimoviridae*). Um par de primers desenhado a partir da sequência do RNA1 confirmou a presença do vírus em dois genótipos de amendoim forrageiro que apresentavam nas folhas o sintoma de mancha anelar clorótica. A baixa identidade da sequência de aminoácidos deste vírus indica putativamente a existência de uma espécie viral ainda não caracterizada infectando amendoim forrageiro, parcialmente relacionada a um membro do gênero *Emaravirus*.

**Palavras-chave:** *Arachis pinto*; NGS; vírus

**Apoio:** CNPq; Unipasto; Fapesp 2017/18910-4