

Primeiro relato de três novos vírus e um viroide em macieiras no Brasil

Natália R. Menegotto¹; Osmar Nickel², Thor V.M. Fajardo²

A macieira é afetada por vírus, que interferem negativamente em suas características fisiológicas, reduzindo a produtividade dos pomares. Destacam-se os vírus latentes *Apple stem grooving virus* (ASGV), *Apple stem pitting virus* (ASPV) e *Apple chlorotic leafspot virus* (ACLSV) e o *Apple mosaic virus* (ApMV). Visando ampliar o conhecimento sobre os vírus presentes em macieiras, amostras das cvs. Royal Gala (RG), Mishima (M) e Braeburn (BB) foram submetidas a sequenciamento de alto desempenho (NGS, Next Generation Sequencing) nas plataformas Illumina HiSeq X Ten^(*) e BGISEQ-500^(*). Ds-RNA foi concentrado de extratos de ácidos nucleicos totais (ANT) (Pl. Dis. 74, 255, 1990) e utilizado para síntese de bibliotecas de cDNA usando o kit TruSeq Stranded mRNA (Illumina). A análise de bioinformática foi realizada com o software CLC Genomics Workbench^(*). Todos contigs foram checados por BLASTn e BLASTx contra o GenBank. Os resultados de NGS revelaram nas três cvs. múltiplos contigs de genomas quase completos de ACLSV, ASGV e ASPV com identidades de nucleotídeos (nt) com sequências homólogas do GenBank de 78 a 95% (ACLSV; MK929793 a 96), 80 a 98,5% (ASGV; MK923757, MK929791 a 92), e 75 a 87% (ASPV; MK923753 a 56). Adicionalmente, foram descobertos patógenos anteriormente não caracterizados no Brasil: *Apple rubbery wood virus* 1 e 2 (ARWV 1, MK936225-27; ARWV 2, MK936228-30;) associados ao Lenho Mole (LM) da macieira, *Citrus concave gum-associated virus* (CCGaV, RNA 1, MK940540-41; RNA 2, MK940542-43), agente da gomose côncava dos citros, possivelmente associado a um declínio de macieiras (Arch.Virol. 163: 3339, 2018), e um viroide, *Apple hammerhead viroid* (AHVd), todos relatados pela primeira vez em plantios comerciais no Brasil (Nickel et al., Pl. Dis. <https://doi.org/10.1094/PDIS-02-20-0283-PDN>). AHVd foi detectado por NGS na cv. Royal Gala (MK947213) e tem identidade de nt de 84,3 a 97,5% com sequências homólogas no GenBank. Para validar os dados de NGS, ANT das amostras originais foi analisado por RT-PCR com iniciadores baseados em contigs de NGS. Amplicons de ARWV 1 S (MN652009) e ARWV 2 Sa (MN652010) da cv. BB mostraram 98,4 e 99,6% de identidade de nt com sequências de NGS (MK936225 e MK936228), respectivamente). Um amplicon de CCGaV RNA 2 (MN631048) cv. RG mostrou 94,8% identidade de nt com sequências de NGS (MK940542). RT-PCR de 12 cvs. de macieiras com iniciadores específicos de ARWV 1 e 2 e CCGaV, revelou infecções em respectivamente em 9, 1 e 2 plantas. Fragmento esperado (354 pb) de AHVd foi detectado por RT-PCR nas cvs. RG, Fuji, Belgolden, M e BB. Este é o primeiro relato da ocorrência de ARWV 1, ARWV 2, CCGaV e AHVd no Brasil.

Palavras-chave: Maçã, *Malus domestica*, NGS, *Apple rubbery wood virus* 1 e 2, *Citrus concave gum-associated virus*, *Apple hammerhead viroid*

Financiamento: Embrapa projeto SEG 20.18.03.036.00.0

Registro no SISGEN: A9463AC

¹ Graduanda do Curso de Engenharia de Bioprocessos e Biotecnologia da Universidade Estadual do Rio Grande do Sul. Bento Gonçalves, RS. Bolsista do CNPq, Conselho Nacional de Pesquisa e Desenvolvimento. E-mail: menegottonati@gmail.com, Processo: 149267/2019-3.

² Embrapa Uva e Vinho, CEP 95.701-008 Bento Gonçalves, RS. E-mail: osmar.nickel@embrapa.br, thor.fajardo@embrapa.br

^(*) A menção a esta marca é apenas para fins ilustrativos, não havendo, por parte da Embrapa e autores desta publicação, qualquer tipo de conotação comercial ou de recomendação de uso.