



Caracterização molecular de um isolado do Papaya meleira vírus 2 (PMeV2) oriundo da região Nordeste do Brasil

Alírio Jose da Cruz Neto¹, Eduardo Chumbinho de Andrade², Cristiane de Jesus Barbosa² e Alessandra Selbach Schnadelbach³

¹Doutorando em Recursos Genéticos Vegetais, Universidade Estadual de Feira de Santana, estagiário da Embrapa Mandioca e Fruticultura, Cruz das Almas, BA; ²Pesquisador(a) da Embrapa Mandioca e Fruticultura, Cruz das Almas, BA; ³Professora da Universidade Federal da Bahia.

A meleira do mamoeiro é uma das principais doenças que acometem a cultura no Brasil. Os principais sintomas observados em plantas infectadas são caracterizados por uma exsudação espontânea do látex nos frutos, que oxida, dando o aspecto melado ao fruto. A meleira foi inicialmente atribuída à presença do vírus da meleira do mamoeiro (Papaya meleira virus, PMeV), mas recentemente foi identificado um novo vírus associado às plantas com sintomas, denominado de Papaya meleira virus 2, PMeV2, passando este patossistema a ser designado de complexo da meleira. O PMeV2, menos estudado atualmente que o PMeV, é estreitamente associado ao gênero Umbravirus e possui genoma de RNA fita simples (ssRNA) com tamanho aproximado de 4,5kb. Este trabalho visou a caracterização molecular de um isolado do PMeV2 oriundo da região nordeste do Brasil. O RNA total foi extraído do látex utilizando o reagente Qiazol, de acordo com as instruções do fabricante, e ressuspenso em 25 µl de água livre de nucleases. O RNA total foi utilizado em reações de transcrição reversa (RT) para síntese da fita de DNA complementar (cDNA) e a biblioteca de cDNA genômico foi sequenciada em Plataforma 454 GS FLX – Titanium. Os contigs foram editados no programa Geneious 5.4.5 e as sequências obtidas foram comparadas às depositadas no banco de dados do GeneBank com auxílio do BLASTx. A busca por quadros de leitura aberta (ORFs) correspondentes a genes virais conhecidos foi realizada no programa ORF Finder. Os genomas dos vírus mais similares às sequências do PMeV2 foram utilizados para determinar sua estrutura e organização, bem como definir sua classificação taxonômica. A sequência obtida neste trabalho foi designada de PMeV2-RN. Possui 4.435 nucleotídeos e apresentou 94% de identidade com o isolado PMeV2-ES, do Espírito Santo. A sequência contém duas ORFs preditas em diferentes fases de leitura. A ORF1 codifica um polipeptídeo de 238 aminoácidos que possui 88% de identidade com a proteína correspondente do PMeV2-ES. A ORF2 codifica uma proteína de 473 aminoácidos que apresenta 100% de identidade com a proteína referente a RdRp do PMeV2-ES. A identificação e caracterização do PMeV2, um novo vírus associado à meleira do mamoeiro, é determinante para o melhor entendimento sobre a doença e aprimorar os métodos de diagnóstico e controle da meleira.

Significado e impacto do trabalho: A identificação de um novo vírus associado à meleira do mamoeiro é determinante para o melhor entendimento sobre o sistema planta x patógeno. Poderá subsidiar o estabelecimento de métodos de diagnóstico e controle mais eficientes da meleira, bem como o desenvolvimento de estratégias de resistência ao patógeno, como a geração de cultivares transgênicos.