

CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE UM ISOLADO DO VÍRUS DOS ENTRENÓS CURTOS DA Videira (GFLV)

Thor V. M. Fajardo¹, Gilmar B. Kuhn², Marcelo Eiras³ e Osmar Nickel⁴

A degenerescência da videira, causada pelo vírus dos entrenós curtos (grapevine fanleaf virus, GFLV), é reconhecida como uma das viroses mais importantes dentro da viticultura mundial, pela alta incidência e pelas perdas (até 80%) que causa à produção de uva. Sua ocorrência é assinalada em todos os países vitícolas, com destaque para EUA e Europa. No Brasil, a virose tem incidência em torno de 3% a 4%. O objetivo deste trabalho foi caracterizar molecularmente um isolado de GFLV identificado no Rio Grande do Sul. Para a síntese do cDNA viral utilizou-se RNA extraído de preparações virais parcialmente purificadas. Na PCR foram utilizados os oligonucleotídeos descritos por Rowhani et al., 1995 (Phytopathology 85: 347-352) e 35 ciclos de amplificação, assim compostos: 94°C/1 min., 53°C/1 min. e 72°C/1 min. Os fragmentos de DNA amplificados foram clonados em *Escherichia coli* por choque térmico. Dois clones recombinantes foram seqüenciados e as seqüências de nucleotídeos e de aminoácidos deduzidos foram comparadas com seqüências depositadas em bancos de dados. Na PCR houve

amplificação de um fragmento de 321 pares de bases, compreendendo parte do gene da capa protéica. As seqüências de nucleotídeos e aminoácidos deduzidos, obtidas para o GFLV-RS, apresentaram alta homologia (91,5% e 93,4%, respectivamente) com outros isolados de GFLV de diferentes regiões geográficas. Também foi detectada grande homologia de nucleotídeos (70%) e de aminoácidos deduzidos (82,2%) entre o GFLV-RS e isolados de ArMV (arabís mosaic virus). Os resultados obtidos mostraram grande semelhança entre o GFLV estudado e outros isolados do mesmo vírus. Embora os valores de homologia sejam provenientes de seqüenciamento parcial, as análises de comparação de nucleotídeos indicaram pequena variabilidade entre isolados de GFLV provenientes de diferentes regiões. A grande homologia verificada entre GFLV e ArMV se explica pelo fato de ambos pertencerem ao gênero *Nepovirus*. O estudo conduzido apresenta-se como uma poderosa ferramenta para a diferenciação de estirpes e vírus.

^{1,2,4}Embrapa Uva e Vinho, C.Postal 130, 95700-000 Bento Gonçalves, RS, Brasil, e-mail: ¹ thor@cnpuv.embrapa.br;

² kuhn@cnpuv.embrapa.br; ⁴ nickel@cnpuv.embrapa.br.

³ Inst. Biol. de São Paulo, Centro Sanid. Vegetal, Av. Cons. Rodrigues Alves, 1252, 04014-002 São Paulo SP, Brasil.