

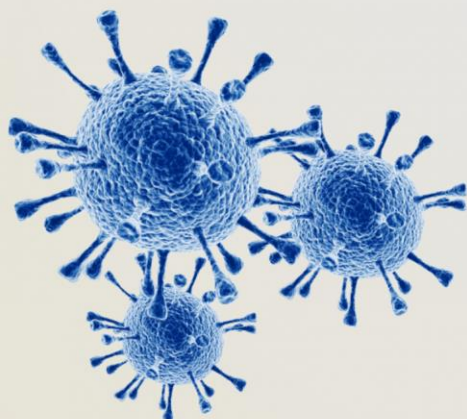
17 a 21 de outubro de 2022 | Presencial

Arraial d'Ajuda Eco Resort, Porto Seguro - BA



XXXIII
CONGRESSO BRASILEIRO DE
XVII
ENCONTRO DE
VIROLOGIA
DO MERCOSUL

ANAIS 2022



SBV

**SOCIEDADE
BRASILEIRA DE
VIROLOGIA**

XXXIII Congresso Brasileiro de Virologia

ISBN E DADOS DE PUBLICAÇÃO

Anais do XXXIII Congresso Brasileiro de Virologia

Arraial d'Ajuda Eco Resort, Porto Seguro - BA| 17 a 21 de outubro de 2022

Edição Técnica

Flávio Guimarães da Fonseca e João Pessoa Araújo Junior

Todos os resumos neste livro foram reproduzidos de cópias fornecidas pelos autores e o conteúdo dos textos é de exclusiva responsabilidade dos mesmos. A organização do referente evento não se responsabiliza por consequências decorrentes do uso de quaisquer dados, afirmações e/ou opiniões inexatas ou que conduzam a erros publicados neste livro de trabalhos. É de inteira responsabilidade dos autores o registro dos trabalhos nos conselhos de ética, de pesquisa ou SisGen.

Copyright © 2022 – Todos os direitos reservados

Todos os direitos reservados. Nenhuma parte desta obra pode ser reproduzida, arquivada ou transmitida, em qualquer forma ou por qualquer meio, sem permissão escrita da Sociedade Brasileira de Virologia.

APRESENTAÇÃO

Considerada o berço da história e da cultura do Brasil, a Costa do Descobrimento foi tombada como Patrimônio Natural Mundial pela Unesco, em 1999. Com sua localização privilegiada, O Arraial d'Ajuda Eco Resort onde será realizado o evento, é cercado por diversos atrativos naturais: praias, recifes de corais, enseadas, falésias, manguezais e rios navegáveis, oferecendo condições favoráveis para a prática do turismo de aventura e ecoturismo. Contamos também com uma estrutura impar para realização do nosso evento como salas de tecnologia avançada, comportando 598 pessoas em auditório e pode ser dividido em até três salões, permitindo a realização de eventos paralelos. Estamos felizes por poder retomar um pouco da normalidade e poder dar sequência ao nosso trabalho, agora, de volta ao contato com próximo.

Diretoria SBV 2021-2022

Patrocínio

MERCK

SINAPSE
biotecnologia

SÍNTESE
BIOTECNOLOGIA

NEOBIO
produtos para laboratórios



AMERICAN
SOCIETY FOR
MICROBIOLOGY

HAMILTON

COMISSAO ORGANIZADORA

Comissão organizadora

Flávio Guimarães da Fonseca - Presidente
UFMG

João Pessoa Araújo Junior Vice-presidente
UNESP

Maria Isabel Maldonado Coelho Guedes -1º Tesoureiro
UFMG

Maité Vaslin de Freitas Silva - 2º Tesoureiro
UFRJ

Helena Lage Ferreira -1º Secretário
USP

José Luiz Proença Módena - 2º Secretário
UNICAMP

Comissão científica

Juliane Deise Fleck - Feevale/RS
Sergio Oliveira de Paula - UFV/MG
Eurico Arruda - USP
Felipe Naveca - Fiocruz
Paula Rahal - UNESP
Abelardo Silva Jr - UFV
Marcelo de Lima - UFPel
Matheus Weber - Feevale

GENETIC VARIABILITY AND POPULATION STRUCTURE OF WHEAT STRIPE MOSAIC VIRUS

Lucas Antonio Stempkowski ¹; Fernando Sartori Pereira ⁷; Talita Bernardon Mar ⁵; Douglas Lau ⁴; Paulo Kuhnem ³; Ricardo Trezzi Casa ⁶; Fábio Nascimento da Silva ⁶; F Murilo Zerbini ²

¹Bolsista. Viçosa, MG 36570-900, Brazil. Dep de Fitopatologia/BIOAGRO, Universidade Federal de Viçosa; ²Docente. Viçosa, MG 36570-900, Brazil. Dep de Fitopatologia/BIOAGRO, Universidade Federal de Viçosa; ³Pesquisador. Passo Fundo, RS 99052-160. Biotrigo Genética; ⁴Pesquisador. Passo Fundo, RS 99050-970. Embrapa Trigo; ⁵Pos-doc. Passo Fundo, RS 99050-970. Embrapa Trigo; ⁶Docente. Lages, SC 88520-000. Crop Production Graduate Program, Santa Catarina State University/UDESC; ⁷Bolsista. Lages, SC 88520-000. Crop Production Graduate Program, Santa Catarina State University/UDESC

Resumo:

Wheat stripe mosaic virus (WhSMV, *Benyviridae*) is the causal agent of wheat mosaic disease in Brazil, which is a serious threat to wheat production in the southern part of the country. Recently, WhSMV has also been reported in Paraguay and South Africa. The virus is transmitted by the ubiquitous soil-borne plasmodiophoromycete *Polymyxa graminis*, and management strategies are mainly based on genetic resistance. Knowledge about genetic variability and the population structure of the virus supports breeding programs for the selection and characterization of resistant cultivars. Here we assessed the genetic variability and population structure of complete genome segments (CG) from 11 Brazilian isolates and 19 South African isolates retrieved from GenBank, plus 38 coat protein (CP) genes and 51 RdRp domains sequenced from samples collected in nine different locations throughout Rio Grande do Sul (6) and Paraná (3) states of Brazil from 2017 to 2019. Four and six CG segments of RNA1 and RNA2 were recombinants, respectively, and were removed from our analysis. Bayesian-inferred trees based on nucleotides (nt) sequences of all non-recombinants CG segments, CP, CP-RT, triple gene block (TGB1, 2 and 3) and RdRp domain sequences clearly clustered Brazilian and South African WhSMV isolates separately, supporting the existence of different subpopulations. In contrast, there was no evidence of clustering of Brazilian isolates in accordance with provenance or sampling year. Molecular variability of the full-length RNA1 and RNA2 of Brazilian isolates both displayed slightly greater genetic variation than those of the South African cluster, with nt diversity indices of 0.003 and 0.002 for RNA1 of Brazilian and South African isolates, respectively, and nt diversity of 0.006 and 0.001 for RNA2 of Brazilian and South African isolates, respectively. Comparing coding regions individually, South African isolates had lower genetic diversity, with nt diversity values varying from 0.0005 for TGB2 to 0.001 for TGB1. Brazilian isolates presented greater variability in TGB1 (0.015) and CP-RT genes (0.010) and lower genetic diversity in CP (0.006) and TGB3 (0.008). These differences in genetic variability between phylogenetically inferred clusters supported the idea of population subdivision. To test population structure, we used the Nst statistic, analogous to Wright's fixation index at the nt sequence level and found values >0.25, indicating high genetic differentiation between WhSMV Brazilian and South African subpopulations. Analysis of nt diversity indicate that the WhSMV Brazilian subpopulation is more variable than the South African subpopulation, and that the two subpopulations are genetically distinct. The lower genetic diversity of the South African subpopulation indicates genetic stability or a recent emergence of WhSMV in that region. These results suggest that founder effects play a role in shaping the genetic structure of WhSMV.

Palavras-chave: *Benyviridae*; *Polymyxa graminis*; Soil-borne; *Triticum aestivum*;

Apoio

EMBRAPA (Project 32.16.04.037.00.00: Viral population analysis and management strategies for the common mosaic in wheat in Brazil)