

PRIMEIRO RELATO DE UM HIGREVIRUS NA ÁREA CONTINENTAL AMERICANA. FIRST REPORT OF A HIGREVIRUS IN MAINLAND AMERICA.

MARIANE DA COSTA RODRIGUES¹; **PEDRO LUIS RAMOS-GONZÁLEZ**²; **CAMILA CHABI-JESUS**³; **RICARDO HAKAKAVA**⁴; **CRISTIANE DE JESUS BARBOSA**⁵; **HELICIO COSTA**⁶; **JULIANA FREITAS-ASTÚA**^{4,5}

¹Bolsista FAPESP. São Paulo, SP, Brasil. Instituto Biológico, ULR em Biologia Molecular Aplicada; ²Pós Doutorado. São Paulo, SP, Brasil. Instituto Biológico, ULR em Biologia Molecular Aplicada; ³Pós Doutorado. Piracicaba, SP, Brasil. ESALQ/USP; ⁴Pesquisador. São Paulo, SP, Brasil. Instituto Biológico, ULR em Biologia Molecular Aplicada; ⁵Pesquisador. Cruz das Almas, BA, Brasil. EMBRAPA Mandioca e Fruticultura; ⁶Pesquisador. Domingos Martins, ES, Brasil. Incaper

Resumo:

A citricultura brasileira, responsável por mais de 60% da produção mundial de suco de laranja, é severamente afetada por doenças causadas pelos vírus transmitidos por ácaros *Brevipalpus* (VTBs). Os VTBs apresentam duas moléculas de ssRNA como genoma e suas infecções produzem lesões localizadas cloróticas e/ou necróticas. Taxonomicamente estão classificados nos gêneros *Cilevirus* (família *Kitaviridae*) e *Dichorhavirus* (família *Rhabdoviridae*). O hibiscus green spot virus 2 (HGSV2), detectado no Havaí, EUA, em 2012, é o único membro do gênero *Higrevirus* (família *Kitaviridae*). Sua infecção em limão volkameriano induz sintomas semelhantes aos causados por VTBs, mas se desconhece se o vírus é transmitido por *Brevipalpus*. Neste estudo analisamos sete amostras de laranja doce (*Citrus sinensis*) e tangerina Ponkan (*C. reticulata*) coletadas na Bahia e no Espírito Santo no período de 2016-2017, que apresentaram sintomas cloróticos localizados em folhas e frutos, comparáveis aos produzidos pelos VTBs. Para identificar o agente causal, os extratos de RNA total das amostras foram obtidos pelo protocolo de Trizol®, e a detecção dos VTBs conhecidos que causam a leprose dos citros e do higrevirus HGSV2 foi realizada mediante a técnica de RT-PCR com iniciadores específicos. Apenas fragmentos do tamanho esperado (198 pb) e correspondentes ao gene *RdRp* de HGSV2 foram obtidos em todas as amostras. Os fragmentos foram purificados, sequenciados pelo método Sanger, e as sequências foram comparadas utilizando o algoritmo CLUSTAL. Os fragmentos apresentaram entre 95.5%-96% de identidade nucleotídica com as sequências do RNA1 de HGSV2 (RefSeq, número de acesso: NC016141.1), o que indica a primeira detecção deste vírus no Brasil e na área continental americana. Ademais, a identificação do HGSV2 infectando laranja e tangerina amplia a gama de hospedeiras naturais do vírus, até então restrita a hibisco (*Hibiscus arnottianus*) e limão volkameriano (*C. volkameriana*). Considerando que os sintomas observados são semelhantes aos relatados para a clorose zonada dos citros, uma doença de possível etiologia viral descrita na década de 1930 no Brasil, a detecção de HGSV2 nessas amostras pode ser um indício sobre seu possível agente causal. Novos ensaios de caracterização molecular e de transmissão estão sendo realizados para concluir se o vírus presente nas amostras se trata do agente etiológico da clorose zonada dos citros.

Palavras-chave: Citrus; *Kitaviridae*; Ácaros *Brevipalpus*; Hibiscus green spot virus 2; Clorose zonada

Apoio

Suporte financeiro: FAPESP (2020/07026-9; 2020/15413-2; 2019/25078-9; 2017/50334-3 e 2017/50222-0).