

# UMA NOVA ESPÉCIE DE BEGOMOVIRUS INFECTANDO TOMATEIRO NO CENTRO OESTE BRASILEIRO

## A NEW SPECIES OF A TOMATO BEGOMOVIRUS IN THE BRAZILIAN CENTRAL WEST REGION

Dorian Yest Melo Silva <sup>1</sup>; Wandressa de Souza Pereira <sup>2</sup>; Alice Kazuko Inoue-nagata <sup>3</sup>

<sup>1</sup>Mestrando. UnB - Brasília, DF, 70910-900. Universidade de Brasília; <sup>2</sup>Bolsista. Rodovia BR 060 Km 9 - Samambaia Norte, Brasília - DF, 70351-970. Embrapa Hortaliças; <sup>3</sup>Pesquisadora. Rodovia BR 060 Km 9 - Samambaia Norte, Brasília - DF, 70351-970. Embrapa Hortaliças

### Resumo:

O gênero *Begomovirus* abriga o maior número de espécies de vírus de plantas já catalogadas. Os begomovírus causam perdas significativas em lavouras de tomateiro no Brasil e no mundo. Foi encontrado em Luziânia-GO um tomateiro que apresentava forte deformação foliar, sintomas característicos de doença causada por begomovírus. Folhas foram coletadas, o DNA total extraído e seguido de PCR com primers específicos a begomovírus. Verificou-se a presença de um begomovirus bipartido, assim o objetivo desse trabalho foi identificar o vírus. Para o sequenciamento do genoma viral constituído de DNA-A e DNA-B, foram construídos clones dos fragmentos em plasmídeos bacterianos e esses foram sequenciados pelo método Sanger. O DNA-A é composto de 2.639 bases e o DNA-B possui 2.598 bases, sendo que a sua organização genômica é típica de begomovírus do novo mundo. A sequência do DNA-A e DNA-B apresenta 86,14% e 86,33%, respectivamente, de identidade de nucleotídeos com a sequência do *Tomato interveinal chlorosis virus 2*, o begomovírus mais próximo a esse vírus. A região comum entre os fragmentos possui tamanho de aproximadamente 191 nucleotídeos com uma identidade de 90,6%, portanto os segmentos provavelmente provêm de um mesmo vírus. Sabendo que isolados de uma espécie apresentam acima de ~91% de identidade de nucleotídeos do DNA-A, esse vírus pode representar um isolado de uma nova espécie de begomovirus bipartido. Estudos voltados para a geração de clones infecciosos e determinação da gama de hospedeiros e avaliação da transmissão por mosca-branca estão sendo realizados para sua caracterização biológica.

**Palavras-chave:** Begomovírus; *Geminiviridae*; *Solanum lycopersicum*.; Geminivírus; ssDNA

### Apoio

CAPES e Embrapa Hortaliças