



Levantamento do yerba mate-associated circular DNA vírus em erva-mate no Rio Grande do Sul ⁽¹⁾

Vitoria Nunes dos Santos ⁽²⁾, Renata Faier Calegario ⁽³⁾, Alexandre de Lima Caetano ⁽⁴⁾, Douglas Lau ⁽⁵⁾ e Danielle Ribeiro de Barros ^(6,7). ⁽⁷⁾ danrbarros@hotmail.com

Trabalho realizado com apoio financeiro da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes). ⁽²⁾ Estudante de mestrado, Departamento de Fitossanidade, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS. ⁽³⁾ Professora, Departamento de Fitotecnia e Fitossanidade, Universidade Federal do Paraná, Curitiba, PR. ⁽⁴⁾ Estudante de graduação, Departamento de Fitossanidade, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS. ⁽⁵⁾ Pesquisador, Embrapa Florestas, Colombo, PR. ⁽⁶⁾ Professora, Departamento de Fitossanidade, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS.

Resumo — O Brasil é o maior produtor mundial de erva-mate, com 99,8% da produção concentrada na região Sul. Apesar disso, até o momento, não foram relatadas viroses associadas à cultura no País. Entretanto, a detecção recente de vírus como o yerba mate chlorosis-associated virus (YmCaV) em 2017, o yerba mate-associated circular DNA virus (YMaCV) em 2018, e o yerba mate virus A (YmVA) em 2020 na Argentina, alertou os virologistas brasileiros para a possibilidade de ocorrência desses vírus no Brasil. A ausência de grupos de estudo focados em viroses de erva-mate no País dificulta o conhecimento sobre a incidência desses e de outros vírus na cultura. Este estudo teve como objetivo investigar a presença do YMaCV em ervais localizados nos principais polos produtores do Rio Grande do Sul: Arvorezinha, Coronel Bicaco, Ilópolis, Mato Leitão, Putinga, Santo Augusto e Venâncio Aires. Foram analisadas 41 amostras de folhas utilizando técnicas de amplificação por PCR e RCA-Mspl. Os DNAs amplificados passaram por análise de restrição e clonagem em vetor PKS+. Os resultados preliminares indicaram amplificação de DNA apenas pela técnica de RCA, com fragmentos de aproximadamente 2,0 Kb e 3,0 Kb após digestão com HindIII. Até o momento, a clonagem dos fragmentos não foi bem-sucedida. A presença do DNA de 3,0 Kb, próximo ao tamanho do genoma do YMaCV (2,7 Kb), sugere a possível presença do vírus no Brasil, mas a confirmação dependerá da clonagem e sequenciamento. Além disso, o fragmento de 2,0 Kb será analisado para identificar outros vírus associados ao YMaCV.

Termos para indexação: *Ilex paraguariensis*, *Amesuviridae*, doença de planta, viroses.