

## GEMINIVIRUS ASSOCIADOS COM FEJJOEIRO NO BRASIL, APRESENTAM BAIXA DIVERSIDADE NO NÍVEL MOLECULAR

Josias C. Faria<sup>1</sup>; Antônio F. Costa<sup>2</sup> e Elsa O.P.L. Nogueira<sup>3</sup>

Os geminivirus são vírus de planta com genoma de DNA de fita simples, circulares, e quando bipartidos, são transmitidos por moscas brancas das espécies *Bemisia tabaci* e *B. argentifolii*. Especialmente no feijoeiro comum, a doença causada por geminivirus, o mosaico dourado, causa perdas de até 100% da lavoura, dependendo da época de incidência e da cultivar. Com a predominância de populações de mosca branca da espécie *B. argentifolii*, espécies de geminivirus que normalmente eram de ocorrência restrita a plantas nativas e/ou de baixa ocorrência nas plantas cultivadas, passaram a ser problemas nos anos recentes. Acredita-se que novos vírus estejam se originando por recombinação entre espécies e/ou reagrupamento de componentes.

Baseado em estudos moleculares de clonagem e seqüenciamento, avaliou-se a diversidade de geminiviruses de feijoeiro, de vários Estados da Federação. Foi também estudada uma amostra de tomateiro e outra de caupi. O DNA foi amplificado pela técnica da reação em cadeia da polimerase (PCR) usando pares de oligonucleotídeos considerados universais, PAC1v1978/PAV1c715 e PAC1c1978/PAV1v715 desenhados para amplificar o componente A de geminivirus bipartidos. Fragmentos de DNA do tamanho esperado, cerca de 1,3Kb, foram amplificados e clonados no vetor pGEM - T easy (Promega Inc., Madison, WI) ou no vetor pCR 2 (Invitrogen Inc., Califórnia, CA). As homologias parciais com o VMDF-BR variaram de 67% a 81% para a capa protéica e de 55% a 91% para o gene *rep*. Entretanto, a grande maioria dos isolados de feijoeiro apresentaram homologia de 94% a 100% com o VMDF-BR. Dois isolados de Pernambuco, um de feijão de lima (Caruaru) e outro de feijoeiro comum (Petrolina), apresentaram homologias de 91% para o gene *rep*. Esta relação distante com o VMDF-BR indica que se trata, muito provavelmente, de uma nova espécie de geminivirus de feijoeiro, mas que, provavelmente, não difere significativamente daquela encontrada em feijão de lima no mesmo Estado. Quanto ao geminivirus de caupi, ficou claro que trata-se de um novo geminivirus, cuja seqüência não se encontra no Banco de dados - GenBank. A Tabela 1 apresenta os relacionamentos entre alguns dos isolados.

---

<sup>1</sup>Pesquisador, Ph.D., Embrapa Arroz e Feijão, Caixa Postal 179, 75375-000 Santo Antônio de Goiás, GO.

<sup>2</sup>Pesquisador, Ph.D., Empresa Pernambucana de Pesquisa Agropecuária (IPA), Caixa Postal 1022, 50761-000 Recife, PE.

<sup>3</sup>Técnico, B.Sc., Embrapa Arroz e Feijão.

Apoio financeiro: PADCT/CNPq.

Tabela 1. Identidade entre as seqüências de nucleotídeos de clone de geminivirus de *P. lunatus* e de *Leonurus sibiricus*, com aquelas de três outros geminivirus bipartidos das Américas.

| Vírus <sup>a</sup> | Clone de <i>P. lunatus</i> |        |           | Clone de <i>Leonurus sibiricus</i> |        |           |
|--------------------|----------------------------|--------|-----------|------------------------------------|--------|-----------|
|                    | <i>Rep</i>                 | CR/LIR | <i>cp</i> | <i>rep</i>                         | CR/LIR | <i>cp</i> |
| BGMV-BR            | 91                         | 84/62  | 81        | 72                                 | 64/54  | 72        |
| AbMV               | 69                         | 53/51  | 75        | 77                                 | 52/51  | 67        |
| SiGMV              | 72                         | 75/-   | 81        | 75                                 | 73/-   | -         |
| SqLCVA             | 55                         | 54/49  | 75        | 60                                 | 60/53  | 73        |
| LBGMV-BR           | -                          | -      | -         | 68                                 | 71/40  | 65        |

<sup>a</sup>BGMV-BR- Bean golden mosaic virus - Brasil M88686; LBGMV-BR- Novo geminivirus isolado de *P. lunatus* U92531; LeMV- *Leonurus* mosaic virus U92532; AbMV- Abutilon mosaic virus X15983; SiGMV- *Sida* golden mosaic virus - Jamaica U69601; SqLCV- Squash leaf curl virus M38183.  
- seqüência não disponível na data.

As similaridades de 89% e 86% com parte do gene *rep* e de 95% e 91% na região comum entre o isolado de caupi e VMDF-BR e BGMV-GT, respectivamente, revelam que pode estar havendo eventos de recombinação, a fim de prover a necessária adaptação ao hospedeiro. Normalmente a região comum é mais distante entre diferentes geminivirus do que o gene *rep*.