

769

Deteção e caracterização de vírus causadores de mosaico em cana-de-açúcar no Paraná. Barboza, A. A. L., Souto, E. R., Sanguino, A. Harakava, R. & Marrafon, M. A. - Dept. Agron. Universidade Estadual de Maringá, 87020-900, Maringá, PR; ersouto@uem.br. Detection and characterization of viruses inducing mosaic in sugarcane from Paraná.

O mosaico é uma das mais importantes doenças da cana-de-açúcar. Os vírus que infectam a cana foram incluídos no subgrupo do SCMV, constituído de quatro espécies distintas de potyvirus: *Sugarcane mosaic virus* (SCMV), *Sorghum mosaic virus* (SrMV), *Maize dwarf mosaic virus* (MDMV) e *Johnsongrass mosaic virus* (JGMV). Sabe-se que em condições naturais, somente o SCMV e o SrMV são capazes de infectar a cana e portanto são considerados como os agentes causais do mosaico. Numa área experimental localizada na região de São Tomé-PR foram identificadas plantas das variedades RB92-5268 e RB94-5950 com sintomas de mosaico semelhantes aos observados em plantas das variedades SP86-155 e RB72-454 obtidas a partir de toletes originários de Piracicaba-SP. Após a inoculação mecânica experimental verificou-se a infecção sistêmica de sorgo 'Rio' e de variedades de milho. Foram extraídos RNAs totais desses materiais, que foram purificados e usados nas reações de síntese de cDNA e nas amplificações por PCR utilizando-se oligonucleotídeos para a região 5'terminal do gene codificador da proteína do capsídeo do SCMV (oligos SCMV-F e SCMV-R) e do SrMV (oligos SrMV-F3 e SrMV-R3). Foram obtidas amplificações de 940 pB somente com os oligonucleotídeos específicos para o SCMV que estão sendo seqüenciadas.

771

Deteção e diversidade genética de begomovirus de mussambé (*Cleome affinis*) por PCR-RFLP Barros, M. S., Lima, J. S., Assunção, I. P., Amorim, E. P., & Ramalho-Neto, C. E. - Lab Fitopatologia, CECA/UFAL, Campus Delza Gitai, 57100-000, Rio Largo, AL; gsalima@bol.com.br. Detection and genetic diversity of Begomovirus from *Cleome affinis* by PCR-RFLP

Begomovirus possuem ampla gama de hospedeiras, incluindo plantas cultivadas e invasoras. Em muitos casos plantas invasoras constituem alternativas para a manutenção do vírus na ausência de hospedeiras cultivadas. Dentre as invasoras relatadas como hospedeiras de begomovirus está uma planta de porte herbáceo, pertencente à família Capparaceae, denominada mussambé (*Cleome affinis*). Nesse trabalho foi feita a deteção e a análise da diversidade genética de 10 Begomovirus de mussambé de diversos municípios de Alagoas. As plantas coletadas exibiam mosaico amarelo e deformação do limbo foliar. Nas PCRs foram utilizados DNA extraído dessas plantas e primers que direcionam a amplificação de segmentos específicos do genoma viral. No controle negativo foi utilizado DNA de plantas sadias. Produtos de amplificação de tamanho esperado foram observados em todas as amostras testadas, com exceção das plantas sadias, confirmando-se a infecção por begomovirus. Os produtos de PCR amplificados a partir do DNA-A foram clivados com diferentes enzimas de restrição. Os padrões de restrição indicaram pequena variabilidade entre os isolados.

Apoio: FAPEAL, CAPES

773

Determinação de limiar de dano econômico para *Meloidogyne incognita* na cultura do algodoeiro em diversos sistemas de rotação de cultura. Santos, G. R. & Cares, J. E. - trav Ahylon Macedo, 12, 47800-000, Barreiras, BA; genildo@unb.br. Determination of economic threshold level for *Meloidogyne incognita* on cotton plantations submitted to different crop rotation.

Avaliou-se o limiar de dano econômico de *Meloidogyne incognita* em algodoeiro sob condições de campo irrigado. O experimento foi instalado na Fazenda Bem Bom, no município de Santana, Bahia. As análises laboratoriais foram realizadas na Universidade do Estado da Bahia-UNEB, em Barreiras, BA e na Universidade de Brasília. O delineamento experimental foi em blocos casualizados com parcelas subdivididas. Foram 7 tratamentos (sistemas de rotação) em 5 repetições: I (algodão - Brachiaria brizantha, 6 meses - algodão); II (algodão - Panicum maximum, 18 meses - algodão); III (algodão - B. Brizantha, 18 meses - algodão); IV (algodão - milho + B. brizantha - algodão); V (algodão - Vigna unguiculata - algodão); VI (algodão - milho - algodão); VII (algodão - pousio, 6 meses - algodão). O limiar de dano econômico foi abaixo de 4,45 J2 de *M. incognita* em 100 cc de solo ao plantio. As perdas na produção dos sistemas IV, V e VI ultrapassaram o limiar de dano econômico.

770

Deteção e diversidade genética de begomovirus de fava no estado de Alagoas. Lima, G. A., Lopes, A. P., Assunção, I. P., Silva, S. C., Amorim, E. P., & Silva, D. V. - Lab de Fitopatologia, CECA/UFAL, Campus Delza Gitai, 57100-000, Rio Largo, AL; gausandrade@yahoo.com.br. Detection and genetic diversity of Begomovirus of *Phaseolus lunatus* from Alagoas State.

fava é a quarta leguminosa de grãos mais importante no Brasil. A ocorrência de doenças tem dificultado o cultivo e afetado a qualidade dos grãos dessa leguminosa. Entre as doenças mais importantes destacam-se às viroses ocasionadas por Begomovirus. O presente trabalho teve como objetivos realizar a deteção de Begomovirus em plantas de fava por meio de PCR e analisar a diversidade genética dos isolados por meio da clivagem dos produtos de PCR com enzimas de restrição. Foram avaliadas oito amostras com sintomas de mosaico amarelo, provenientes dos municípios de São Miguel dos Campos, Maceió e Rio Largo. DNA de plantas sadias foi empregado como controle negativo. Primers específicos para o DNA-A e para o DNB-B foram utilizados. Produtos de amplificação de tamanho esperado foram observados em todas as amostras analisadas, com exceção do controle negativo, indicando a presença de begomovirus de genoma bipartido nas amostras. Os produtos amplificados a partir do DNA-A foram clivados com enzimas de restrição, visando a estimativa da diversidade. Essa análise indicou pequena variabilidade entre os isolados estudados.

Apoio: FAPEAL, CAPES

772

Deteção, clonagem parcial e seqüenciamento de um begomovirus de soja perene. Faria, J. C. & Vilarinho, R. M. - Embrapa Arroz e Feijão, 75375-000, Santo Antônio de Goiás, GO; josias@cnpaf.embrapa.br. Detection, Partial Cloning and Sequencing of a Begomovirus from Perennial Soybean

Na Embrapa Arroz e Feijão foram coletadas folhas de soja perene (*Neonotonia wightii*) apresentando sintomas típicos de infecção por geminivírus. Foram amplificados fragmentos de DNA compatíveis com a presença de geminivírus, para o componente A e para parte do componente B, e realizado o seqüenciamento parcial dos clones obtidos. As seqüências foram comparadas a outras das bases de dados utilizando o programa BLAST, no portal NCBI. As homologias obtidas foram altamente significativas para o *Bean golden mosaic virus* (BGMV, GenBank M88686). Para o componente A, as identidades para as seqüências entre os nucleotídeos (nt) 1417-1940 foi de 96% e entre os nt 1946-2524 foi de 98%. Para o componente B, as homologias para três clones independentes, da parte compreendida entre a região 5' do gene mp e região comum (nt 2105-2575) foram de 80 a 85%, e para o gene ns (nt 865-1355) foi de 93%. Embora não se obteve a seqüência parcial do gene cp, as homologias para o componente A indicaram que provavelmente se trata do BGMV. Na literatura não se encontrou relato de geminivírus, ou do BGMV infectando soja perene. Acredita-se que este é o primeiro relato de geminivírus em soja perene, e desta como potencial hospedeiro natural do BGMV.

774

Development of a species-specific detection method for *Brazilian tomato begomoviruses*. Fernandes-Carrijo, F. R., Albuquerque, L. C., & Inoue-Nagata, A. K. - Univ. de Brasília/Univ.Fed. de Viçosa, 70910-900, Brasília, DF; fernandarauschn@yahoo.com.br. Desenvolvimento de um método de deteção espécie-específica de begomovirus de tomateiro no Brasil.

The begomoviruses (fam. *Geminiviridae*) have a ssDNA genome, are transmitted by whiteflies, and cause significant losses in tomato fields in Brazil. Nowadays, begomovirus species identification is carried out through the analysis of their complete or partial genome sequence. Due to the high costs and impossibility to apply this technique for large-scale analysis, we aimed to develop a detection method based on PCR. Three species were targeted for amplification: *Tomato severe rugose virus* (ToSRV), *Tomato rugose mosaic virus* (ToRMV) and *Tomato golden vein virus* (TGVV), the latter an unassigned species. Fourteen primer combinations were designed and tested against a group of 96 samples, including clones and viral DNA previously identified by direct sequencing of PCR products. Four primer combinations were selected that could distinguish the 3 species. These combinations were validated by evaluation of field collected tomato samples infected by begomovirus and demonstrated that PCR can be a useful tool to detect mixed begomovirus infections.

Financial support: IFS, Unilever, CNPq.