

**XXXIV CONGRESSO BRASILEIRO DE FITOPATOLOGIA
XXXIV ANNUAL MEETING OF THE BRAZILIAN PHYTOPATHOLOGICAL SOCIETY**

São Pedro, SP - 05 a 10 de agosto de 2001

São Pedro, SP- August 5th - 11th, 2001

Comissão Organizadora / Organization Committee

Presidente / President

Sérgio F. Pascholati - ESALQ/USP

Vice-Presidente / Vice-President

Antônio de Góes - FCAV/UNESP/Jaboticabal

Secretário / Secretary

Jorge A. M. Rezende - ESALQU/USP

Vice-Secretária / Vice-Secretary

Margarida F. Ito - IAC/Campinas

Tesoureiros / Treasurers

Maria Heloísa D. Moraes - SBF - ESALQ/USP

Breno Leite - ALF - ESALQ/USP

Vice-Tesoureiro / Vice-Treasurer

Éder Gigliotti - UFSCar/Araras

Secretaria Executiva / Executive Secretary

Célia R. Tremacoldi - ESALQ/USP

Comitê Científico / Scientific Committee

Coordenadores:

Armando Bergamin Filho - ESALQ/USP

Lílian Amorim - ESALQ/USP

Comitê Logístico / Logistic Committee

Coordenador:

Ivan P. Bedendo - ESALQ/USP

Comitê de Informática / Computer Committee

Coordenador:

Luiz E. A. Camargo - ESALQ/USP

Comitê Social / Cultural Committee

Coordenadora:

Maria Heloísa D. Moraes - ESALQ/USP

Comitê Divulgação / Marketing Committee

Coordenador:

Sérgio F. Pascholati - ESALQ/USP

Comitê de Capacitação de Recursos / Fund Committee

Coordenador:

Eduadro Feichtemberger - IB/Sorocaba

José Otávio Menten - ESALQ/USP

Comitê de Apoio / Support Committee

Coordenadores:

Marise C. Martins - ESALQ/USP

Edson L. Furtado - FCA/UNESP/Botucatu

Comitê de Prêmios / Award Committee

Coordenador:

José Otávio Menten - ESALQ/USP

amplificado um fragmento de 1.2 kb, conforme esperado para fitoplasmas, especificamente nas amostras provenientes de plantas que exibiam, simultaneamente, os sintomas de mosaico e de superbrotamento. Acredita-se que este seja o primeiro relato de infecção mista envolvendo vírus e fitoplasma em abóbora.

* Bolsista CNPq; ** Bolsista CAPES.

928
DETECÇÃO E CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DO *Banana streak virus* (BSV) NO BRASIL, PRESENTE EM DIFERENTES CULTIVARES DE BANANEIRA. D. V. FIGUEIREDO^{1,*}, F.C. JULIATTI², L. GASPAROTTO³, F.C.O. FREIRE⁴, P.E. MEISSNER FILHO⁵ & P.S.T. BRIOSO^{1,*} ('Lab. Virologia Vegetal e Viróides/UFRRJ, CP 74585, 23851-970, Seropédica/RJ; e-mail: brioso@whouse.com.br; ²UFU; ³Embrapa Amazônia Ocidental; ⁴CNPAT; ⁵CNPMF). Molecular detection and characterization of *Banana streak virus* (BSV) in banana cultivars present in Brazil.

A bananeira é uma das fruteiras mais cultivadas nos países tropicais. Em 1997, o Brasil destacou-se como o 2º produtor mundial. O BSV está mundialmente distribuído e há evidências de que seqüências virais estão sendo integradas no genoma de *Musa*. O objetivo foi o de detectar e caracterizar molecularmente o BSV em cultivares de bananeira, utilizando PCR com primers degenerados. Em 69 amostras, detectou-se o BSV nas cvs. diplóides (AA: Khai Nai On), triplóides (AAA: Caipira; AAB: Maçã, Mysore, Prata, Prata Anã e Thap maeo) e tetraplóides (AAAB: FHIA 21, Pacovan Apodi e PV 0344). Foram detectadas quatro estirpes sendo que, uma ocorre na BA, CE, MG, RJ e SP, e as outras três ocorrem no CE. Este é o primeiro relato molecular da existência de diferentes estirpes do BSV no Brasil, bem como de cultivares de bananeiras livres de vírus, e da padronização de técnica molecular para a certificação de mudas de bananeira no país.

* Bolsista CNPq.

929
AMPLIFICAÇÃO, POR RT-PCR, DE FRAGMENTO ESPECÍFICO DE ESTIRPE DO *Cucumber mosaic virus* (CMV) NÃO TRANSMITIDA MECANICAMENTE DE BANANEIRA. D. V. FIGUEIREDO^{1,*}, S.P. SILVA NETO² & P.S.T. BRIOSO^{1,*} ('Lab. Virologia Vegetal e Viróides/DenF/IB/UFRRJ, CP 74585, 23851-970, Seropédica/RJ/Brasil; e-mail: brioso@whouse.com.br.; CAMPO/Biotecnologia, 38600-000, Paracatu/MG). Specific fragment amplification by RT-PCR of a non-mechanically transmitted CMV strain from banana.

O cultivo e o consumo de banana tem intensificado e a produção de plântulas por cultura de tecido aumentado. Em geral, inoculação em plantas indicadoras e ELISA são utilizados para indexar plantas mãe livres de vírus. Relatos indicam a ocorrência de estirpes do CMV não transmitidas mecanicamente às indicadoras, nem detectadas por ELISA. Este trabalho padroniza o RT-PCR para diagnosticar tais estirpes do CMV. Foram usadas folhas de bananeira 'Mysore', sadias e infectada com a estirpe do CMV que não é transmitida mecanicamente, coletada no RJ. Para a extração do RNA total adotou-se o método descrito por Brioso (1995) sendo o produto amplificado por RT-PCR visualizado através de eletroforese em gel de agarose. Foi observado, apenas na amostra infectada, uma banda com 450 pb. Esta metodologia se mostra como uma alternativa à confirmação de amostras

que são inconclusivas no teste biológico ou em ELISA na indexação do CMV em bananeiras.

* Bolsista CNPq.

930

COMPARAÇÃO DA SEQUÊNCIA DE PARTE DO GENE DA CAPA PROTÉICA DE ISOLADO FRACO E ISOLADO SEVERO DO *Passion fruit woodiness virus* OBTIDOS NO NORDESTE. S. M. S. MAPURUNGA¹; R. C. A. LIMA²; M. T. SOUZA Jr.² & J. A. A. LIMA¹ ('Univ. Federal Ceará, Lab. Virologia Vegetal, Cx.P.12.168, Fortaleza, CE, 60.350.00, e-mail: albersio@ufc.br; ²EMBRAPA-CENARGEN, CP 02372, 70770-900 Brasília DF.). Comparison of part of the coat protein gene sequence of mild and severe *Passion fruit woodiness virus* isolates obtained in the Northeast.

O endurecimento dos frutos causado por *Passion fruit woodiness virus* (PWV) constitui importante problema sanitário do maracujá (*Passiflora edulis*). Na inexistência de controle eficiente e duradouro, o desenvolvimento de plantas transgênicas expressando o gene da capa protéica (*cp*) imunes ao PWV poderá ser a solução deste problema. O presente estudo objetivou conhecer e comparar as seqüências de parte do gene *cp* de dois isolados de PWV obtidos no Ceará (isolado fraco) e em Pernambuco (isolado severo). Aproximadamente 52,88% do gene *cp* e a região ncr ("non cod region") do PWV fraco e do PWV severo foram seqüenciadas e comparadas. Resultados das seqüências de 460 nt do gene *cp* e 136 nt da ncr dos dois isolados de PWV apresentaram uma homologia média de 95,47%, quando comparadas entre si. Quando as seqüências genômicas dos dois isolados brasileiros foram comparadas às de três isolados de PWV de outras partes do mundo, obtidas do GeneBank, observou-se uma homologia média de 85,45% da seqüência dos 460 nt do gene *cp*. Estes dados revelam uma baixa variabilidade entre os isolados nordestinos de PWV e diferenças entre eles e isolados de PWV de outras partes do mundo.

Apoio Financeiro: CNPq

931

FONTES DE RESISTÊNCIA MÚLTIPLA EM CAUPI A VÍRUS DAS FAMÍLIAS *Bromoviridae*, *Comoviridae* E *Potyviridae*. J. A. A. LIMA¹, E. O. MARREIROS¹, F. FREIFE FILHO², I. M. SITTON² & V. Q. RIBEIRO². (UFC, Lab. Virologia Vegetal, Cx.P.12.168, Fortaleza, CE, 60.350.00, e-mail: albersio@ufc.br; Embrapa-CPAMN). Source of multiple resistances in cowpea to viruses from the families: *Bromoviridae*, *Comoviridae* and *Potyviridae*.

A identificação de fontes de resistência a vírus tem constituído grande preocupação dos pesquisadores envolvidos em pesquisa com caupi (*Vigna unguiculata*), leguminosa de elevado valor protéico e acentuada importância para dieta dos nordestinos. O presente trabalho objetivou avaliar o comportamento de 40 genótipos de caupi aos vírus e estirpes das seguintes famílias e gêneros: *Bromoviridae* gênero *Cucumovirus*: *Cucumber mosaic virus* (CMV); *Comoviridae* gênero *Comovirus*: *Cowpea severe mosaic virus* (CPSMV), estirpe Ceará (CPSMV-CE) e estirpe Macaíbo (CPSMV-MC), e *Potyviridae* gênero *Potyvirus*: *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV), isolado Quixabinha (CABMV-Qx) e isolado Lima Campos (CABMV-LC). Cada isolado de vírus foi inoculado em oito plantas de cada genótipo, as quais foram