

035 - VARIABILIDADE GENÉTICA DE BEGOMOVÍRUS EM FEIJOEIRO NO BRASIL (Genetic variability of begomovirus infecting beans in Brazil)

Schmidt, K.B.¹; Fontenele, R.S.¹; Faria, J.C.²; Aragão, F.J.L.³; Ribeiro, S.G.⁴

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) é um alimento essencial para a dieta da população Latino Americana e Africana, sendo um dos principais alimentos fornecedores de proteínas nessas regiões e o Brasil o maior produtor mundial deste produto. O mosaico dourado, causado pelo Bean golden mosaic virus - BGMV (gênero Begomovirus, família Geminiviridae) é a principal doença de etiologia viral dessa cultura e causa grandes perdas e conseqüente impacto econômico. Apesar do BGMV se tratar de um vírus bastante estudado, não há uma compilação de dados recentes sobre a variabilidade genética do BGMV infectando feijoeiros nas principais regiões produtoras do País. O objetivo deste trabalho foi avaliar a variabilidade de BGMV e a possível infecção de feijoeiro e outras leguminosas por outras espécies de Begomovirus. Foram coletadas amostras de feijoeiro comum (*P. vulgaris*), fava (*P. lunatus*), caupi (*Vigna unguiculata*), soja (*Glycine max*) e leguminosas invasoras como *Macroptilium* sp., nos estados de SP, PB, PE, MG, PR, GO e DF. Foram realizadas extrações de DNA total e posteriormente, reações de PCR utilizando os primers PAR1 484 e BGMV-HPXHO. Fragmentos com aproximadamente 1.3 Kb, compreendendo as regiões 5' da capa protéica, a região comum, e a região 3' do gene Rep presentes no componente A, foram amplificados. Esses fragmentos foram clonados no vetor pGEM-T easy e seqüenciados. A análise da seqüência de clones provenientes de quatro amostras revelou uma alta identidade da seqüência dos clones obtidos de *P. vulgaris* (acima de 98%), sugerindo que essas plantas estavam infectadas pelo BGMV. Entretanto, a seqüência de um clone proveniente de uma amostra de *Phaseolus lunatus* apresentou uma identidade de cerca de 86% quando comparado com a seqüência do BGMV isolado BGMV-[BR:GO 87-1] (número de acesso M88686) e as seqüências de BGMV obtidas neste estudo, indicando que esta planta pode estar infectada com uma espécie distinta de begomovirus.

Apoio: FAPDF.

¹Biologia, graduanda, Universidade de Brasília-UnB

²Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Arroz e Feijão

³Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia