

931

Monitoramento hospedeiro-vírus-vetor em cultivo de gérbera (*Gerbera jamesonii*) Chaves, ALR¹; Alexandre, MAV¹; Duarte, LML¹; Galleti, SR¹; Garcez, RM¹; Marque, JM². ¹Centro de Pesquisa & Desenvolvimento de Sanidade Vegetal/ Instituto Biológico, CEP 04014-002, São Paulo, SP, Brasil. ²Atena Diagnóstico & Manejo de Doenças de Plantas, CEP 12940-970, CP: 1105, Atibaia, SP, Brasil. Monitoring of host-virus-vector in gerbera crops (*Gerbera jamesonii*).

Espécies de uma mesma família botânica podem se tornar fontes de manutenção e disseminação de um vírus em comum. Objetivando-se avaliar o potencial de inóculo e de disseminação de viroses em área produtora de gérbera em Atibaia (SP), monitorou-se durante 12 meses a densidade populacional de insetos vetores e a incidência de vírus nesta cultura e nas plantas invasoras da família Asteraceae. Utilizando-se armadilhas amarelas adesivas, constatou-se que a arthropodofauna vetora foi constituída por afídeos (54%), com picos populacionais no outono e inverno, seguida por tripses (23%) e moscas-brancas (14%) com picos populacionais no verão. Amostras de *Bidens pilosa*, *Erigeron bonariensis*, *Sonchus asper* e *S. oleraceus* com sintomas de mosaico, quando submetidas a testes de transmissão mecânica, induziram sintomas de pontos cloróticos locais em *Chenopodium amaranticolor* e *C. quinoa*. Observações ao microscópio eletrônico de transmissão revelaram a presença de partículas alongadas flexuosas. Resultados negativos foram obtidos para as amostras de gérbera. Constatou-se que, apesar da pressão de inóculo e de insetos vetores, plantas de gérbera não foram suscetíveis aos vírus ainda em fase de identificação, presentes na área monitorada.

933

Two novel begomovirus species infecting weeds in Brazil and Puerto Rico. Lima, ATM¹; Barros, DR¹; Alfenas-Zerbini, P¹; Silva, FN¹; Rocha, CS¹; Kitajima, EW²; Zerbini, FM¹. ¹Dep. de Fitopatologia/BIOAGRO, Univ. Fed. Viçosa, 36570-000, Viçosa, MG; ²NAP/MEPA, ESALQ-USP, Piracicaba, SP, 13418-900. E-mail: zerbini@ufv.br Duas novas espécies de begomovírus infectando plantas daninhas no Brasil e Porto Rico.

Begomoviruses (Family *Geminiviridae*) have a circular single-strand DNA genome encapsidated in twinned icosahedral particles. In Brazil, novel begomovirus species infecting weeds have been reported and available evidence suggests that viruses present in these hosts have given rise to the viruses currently found in cultivated hosts. Here, we report the detection of two new species infecting weeds. Plants of *Desmodium tortuosum* and *Malva parviflora* showing typical symptoms of viral infection were collected in Brazil and Puerto Rico, respectively. Total DNA was extracted from each sample and complete viral genomes were amplified using the DNA polymerase from phage phi29, cloned into plasmid vectors and completely sequenced. Sequences were compared to those of previously characterized begomovirus species, and the ICTV-established 89% DNA-A identity threshold was used to identify novel species. The analysis of the sequences indicated that the clones corresponded to genomic DNA-A of typical New World bipartite begomoviruses. In a phylogenetic tree, the novel species obtained from the samples collected in Brazil and Puerto Rico (whose proposed names are *Desmodium yellow spot virus* and *Malva mild mosaic virus*) clustered, respectively, in branches with another Brazilian and Central American begomoviruses. Financial support: Fapemig.

932

Avaliação da variabilidade genética da virose *Rupestris stem pitting associated virus*. Basso, MF¹; Ayub, RA¹; Schühli, GS²; Galvão, CW²; Spinardi, B¹. ¹Departamento de Fitotecnia e Fitossanidade, Av. Carlos Cavalcanti, 4748, 84030_900 _ Universidade Estadual de Ponta Grossa, Ponta Grossa, PR, Brasil, ²Departamento de Biologia Estrutural, Genética e Molecular – DEBIOGEM, Universidade Estadual de Ponta Grossa, Ponta Grossa, PR, Brasil E-mail: marcosbiotec@gmail.com. Evaluation of genetic variability of the virus *Rupestris stem pitting associated virus*.

O objetivo do trabalho foi avaliar a variabilidade de diferentes isolados do RSPaV através de análise de máxima parcimônia e distância com base em dados de nucleotídeos e aminoácidos das proteínas capsidiais depositadas no Banco de Dados do NCBI. Foram utilizadas no total 121 seqüências de proteínas capsidiais, sem as extremidades não alinhadas, sendo 9 de isolados brasileiros, totalizando fragmentos de 337 nucleotídeos e 112 aminoácidos para cada seqüência testada. Observou-se a formação de 4 grupos envolvendo os isolados brasileiros, grupo I (CF195), grupo II (PN), grupo III (CF195-2) e grupo IV (CF210, CF207, CF206, MH e MG) observados como próximos a isolados do Canadá, Itália, Estados Unidos, Slovenia, Portugal e Japão. Os resultados demonstram a existência de variabilidade natural entre os isolados, demonstrando também uma possível correlação entre dados de seqüência, origem geográfica e cultivar da videira de onde foram isolados. Esta variabilidade deve ser considerada quando se selecionam regiões do genoma viral para detecção molecular confiável e consistente, podendo optar por regiões mais conservadas ou primers degenerados. Apoio Financeiro: Fundação Araucárias.

934

Caracterização de isolados de *Begomovirus* bipartidos infectando tomateiro no Estado do Tocantins. Lima Neto AF¹; Fernandes NAN^{3,4}; Costa GM²; Costa AF³; Fonseca MEN³; Boiteux LS^{3,5}. ¹Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Tocantins (IFTO); ²Faculdade Guarai, Av. JK, CP2541, 77700-000, Guarai-TO. ³Embrapa Hortaliças, CP218, 70359-970, Brasília-DF; ⁴UnB, Depto. Fitopatologia, 70910-900, Brasília-DF; ⁵Bolsista CNPq. E-mail: boiteux@cnpq.embrapa.br. Characterization of bipartite *Begomovirus* isolates infecting tomato in Tocantins State.

Plantas com sintomas de begomovirose (amarelecimento, distorção foliar, clareamento de nervuras e mosaico) foram coletadas nos municípios Aragominas e Gurupi. Os amplicons (correspondentes a segmentos do DNA-A e DNA-B viral) obtidos via PCR usando oligonucleotídeos universais foram diretamente sequenciados utilizando o protocolo BigDye®. As seqüências foram analisadas em um seqüenciador ABI Prism (modelo 3100) da Embrapa Hortaliças. As seqüências foram comparadas com as depositadas no GenBank usando o algoritmo BlastN. A seqüência 1100 pares de base do DNA-A dos isolados TO-46 (Gurupi) e TO-88 (Aragominas) indicaram níveis de identidade entre 78 e 81% com um segmento da capa protéica do *Tomato yellow spot virus* da Argentina (FJ538207). Análise de seqüência de 1132 pb do isolado TO-94 (Aragominas) indicou níveis de identidade de 82% com um segmento do DNA-A correspondendo a capa protéica do *Okra mottle virus* (FJ686695). Estes resultados sugerem que estas potenciais novas espécies de *Begomovirus* estão aparentemente endêmicas no Estado do Tocantins, não tendo sido ainda registradas em outras regiões produtoras de tomate do Brasil.