

do hospedeiro. De acordo com as propriedades biológicas e moleculares, os viroides são classificados em duas famílias: *Pospiviroidae* (espécie tipo *Potato spindle tuber viroid*, PSTVd), cujos membros contêm uma região central conservada (*Central Conserved Region*, CCR) e replicam-se no núcleo das células seguindo um mecanismo de círculo rolante assimétrico; e *Avsunviroidae*, a qual pertencem os viroides que não possuem CCR e se auto-clivam por meio de ribozimas durante sua replicação nos cloroplastos via círculo rolante simétrico (espécie tipo *Avocado sunblotch viroid*, ASBVd). Nos últimos anos, alguns grupos de pesquisa têm se aventurado na busca por fatores do hospedeiro e mecanismos moleculares relacionados à replicação, movimento e patogênese dos viroides. Experimentos com inibidores das RNA polimerases indicaram que a síntese das moléculas do PSTVd e provavelmente de outros viroides nucleares, é catalisada por uma RNA polimerase II (nuclear) dependente de DNA, enquanto que a síntese das fitas do ASBVd é catalisada por uma RNA polimerase cloroplástica codificada no núcleo. Em outros trabalhos, na busca por proteínas-candidatas a interagir com viroides, identificaram-se: (i) proteínas de cloroplasto (PARBP33 e PARBP35) associadas com o ASBVd *in vivo*; (ii) proteínas de floema (PP2 e CmmLec17) de cucurbitáceas que interagem *in vitro* e *in vivo* com o *Hop stunt viroid* (*Pospiviroidae*), auxiliando o movimento sistêmico deste viroide; (iii) a proteína Virp1 (*viroid RNA-binding protein*) de tomateiro, que apresenta um sinal de localização nuclear e se une especificamente ao domínio 'terminal direito' da molécula do PSTVd; (iv) histonas e outras proteínas formando um complexo com o PSTVd; e (v) a proteína ribossomal L5 e o fator de transcrição IIA que unem-se ao PSTVd *in vitro*. Em outra abordagem, desenvolveu-se um sistema modelo baseado em plantas de *Arabidopsis thaliana* transgênicas que expressam transcritos diméricos de viroides da família *Pospiviroidae*, o que permitiu deduzir que o processamento dos oligômeros é mediado por uma RNase do tipo III (enzima do tipo Dicer de plantas, DCL). Demonstrou-se também que uma porção estruturada do RNA do *Peach latent mosaic viroid* (*Avsunviroidae*) é substrato para DCLs em extrato de germen de trigo. Recentemente, um modelo para o processamento de viroides nucleares foi proposto, no qual os oligômeros processados *in vivo* têm seu corte realizado por uma RNase do tipo III e a ligação provavelmente mediada por uma RNA ligase, ainda não descrita em plantas. Outro desafio para os "viroidologistas" tem sido desvendar como esses pequenos RNAs interagem com o hospedeiro induzindo sintomas. Uma hipótese formulada foi a de que a patogênese dos viroides seria mediada pela interferência na expressão de RNAs mensageiros (mRNAs) do hospedeiro por meio de mecanismos de silenciamento gênico induzidos pelo próprio viroide. Diversos trabalhos têm demonstrado que tanto viroides nucleares como cloroplásticos são indutores e alvos de silenciamento, porém mRNAs do hospedeiro candidatos ainda não foram identificados. Resultados recentes apontam para a existência de um complexo RISC (*RNA-induced silencing complex*), específico aos viroides, que opera em plantas infectadas por esses patógenos. Observou-se uma atenuação nos sintomas quando diferentes viroides foram co-inoculados com RNAs de dupla fita (dsRNAs) homólogos em hospedeiros suscetíveis, sendo que o mesmo não aconteceu co-inoculando dsRNAs heterólogos. A sensibilidade dos viroides ao RISC ajuda a explicar o fenômeno da proteção cruzada, em que pequenos RNAs interferentes (siRNAs) derivados de uma estirpe fraca de um viroide (inoculado previamente), dirige RISC contra a invasão da estirpe severa. Por não codificarem proteínas supressoras de silenciamento, os viroides devem garantir sua existência utilizando estratégias baseadas em sua estrutura secundária, na compartimentalização em organelas, associação com fatores do hospedeiro e eficiência na replicação. Outra questão intrigante é que os viroides podem ser alvos da mesma maquinaria de silenciamento que contém enzimas essenciais para sua replicação e processamento. A complexidade do ciclo infeccioso desses minúsculos RNAs indica que muitas interações destes patógenos com fatores do hospedeiro ainda devem ser identificadas.

**Aspectos epidemiológicos da dispersão de *Tomato yellow leaf curl virus-Israel* (TYLCV-IL) por *Bemisia tabaci* biótipo Q.** Pereira-Carvalho, RC<sup>1,2,3</sup>; Boiteux, LS<sup>1,2</sup>; Fonseca, MEN<sup>1</sup>; Moriones, E<sup>3</sup>; Fernandez-Muñoz, R<sup>3</sup>; Díaz-Pendon, JM<sup>1</sup>; Resende, RO<sup>2</sup>. <sup>1</sup>CNPq/Embrapa Hortaliças, CP218, 70359-970, <sup>2</sup>UnB/Departamentos de Fitopatologia e Biologia Celular, 70910-900, Brasília-DF; <sup>3</sup>Estação Experimental 'La Mayora', CSIC, 29760 Algarrobo-Costa (Málaga), Espanha. <sup>4</sup>Bolsista CNPq. E-mail: rcpcarvalho@unb.br. Epidemiological aspects of *Tomato yellow leaf curl virus-Israel* dispersion by *Bemisia tabaci* biotype Q.

O complexo viral 'Tomato yellow leaf curl disease' constitui uma das limitações para o tomateiro em diversas regiões do mundo e são uma ameaça para o Brasil. Estas espécies são transmitidas por biótipos de *B. tabaci*. A linhagem de tomate 'TX-468-RG' é uma fonte de resistência monogênica recessiva a espécies de *Begomovirus*, caracterizada por uma menor acumulação viral e ausência de sintomas. Foram estudados os efeitos desta resistência em aspectos epidemiológicos da dispersão de TYLCV-IL por *B. tabaci* biótipo Q. Em ensaios de dispersão primária (após a introdução de *B. tabaci* virulíferas), 'TX-468-RG' apresentou 41% e 'Moneymaker' 91% de plantas infectadas aos 28 dias após o tratamento do vetor. 'TX-468-RG' foi também avaliada como fonte em ensaios de dispersão secundária de TYLCV-IL e os resultados indicaram redução do número de plantas infectadas de 'TX-468-RG' e 'Moneymaker'. Desta forma, a resistência de 'TX-468-RG' reduziu a dispersão primária e secundária de TYLCV-IL. Neste contexto, a incorporação desta resistência em acessos elite pode ter impactos epidemiológicos positivos no manejo de espécies de *Begomovirus* monopartidos.