

895

**Diagnóstico molecular da meleira em folhas de mamoeiros por RT-PCR.** Piccin, JGZ<sup>1</sup>; Rodrigues, SP<sup>1</sup>; Ventura, JA<sup>1,2</sup>; Fernandes, PMB<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Núcleo de Biotecnologia/UFES, CEP 29040-090, Vitória-ES, Brasil. <sup>2</sup>INCAPER, CEP 29052-010, Vitória-ES, Brasil. E-mail: joaopccinbio@yahoo.com.br. Molecular diagnosis of papaya sticky disease in leaves by RT-PCR

*Papaya meleira virus* (PMeV) é o agente etiológico da meleira do mamoeiro que causa perdas significativas na produtividade da cultura no Brasil. A principal estratégia de manejo da doença é a identificação das plantas sintomáticas no campo e erradicação destas, processo conhecido como *roguing*. Nos últimos anos, técnicas de biologia molecular têm permitido o diagnóstico precoce da doença (plantas assintomáticas e estágios iniciais). Entre as estratégias utilizadas está a amplificação por PCR de um gene do vírus. Esta abordagem, entretanto, foi descrita somente para amostras de látex, o que limita a análise de mudas de mamoeiro, que exsudam um volume muito reduzido de látex. O objetivo deste trabalho foi diagnosticar o PMeV por RT-PCR a partir de folhas de mamoeiro. Foram testados quatro métodos de extração do genoma viral nas folhas, utilizando técnicas de lise celular específicas. Os quatro protocolos testados obtiveram sucesso na extração do genoma viral; obtendo-se, após a RT-PCR dos extratos, a banda do vírus revelada em gel de agarose à 1,5%. Folhas de plantas sem os sintomas da doença foram utilizadas como controle negativo. O protocolo sugerido neste trabalho representa um novo método, mais simples e rápido, para o diagnóstico da doença em mudas, podendo ser utilizado em larga escala. Apoio: FAPES, FINER, CNPq.

897

**Levantamento de espécies de *Begomovirus* infectando *Leonurus sibiricus* (Lamiaceae) presentes em lavouras de tomateiro no Paraná.** Boiteux, LS<sup>1,3</sup>; Fernandes, NAN<sup>1,2</sup>; Costa, AF<sup>1</sup>; Fonseca, MEN<sup>1</sup>. <sup>1</sup>CNP/Embrapa Hortaliças, CP 218, 70359-970, Brasília-DF; <sup>2</sup>UnB, Depto. Fitopatologia, 70910-900, Brasília-DF; <sup>3</sup>Bolsista CNPq. E-mail: boiteux@cnph.embrapa.br. Survey of *Begomovirus* species infecting *Leonurus sibiricus* (Lamiaceae) associated with tomato fields in Paraná State, Brazil.

A planta invasora *Leonurus sibiricus* é de ocorrência comum nas proximidades ou dentro de lavouras de tomateiro no Paraná. Também é comum a presença de plantas *L. sibiricus* com sintomas típicos de begomovirose. Análises de plantas hospedeiras de begomovirus foram conduzidas em São Gerônimo da Serra, Marilândia, Barro Branco, Floresta e Reserva em 2007 e 2008. Foram coletadas 12 amostras sintomáticas de *L. sibiricus*. Segmentos do DNA-A e DNA-B foram amplificados via PCR usando 'primers' universais. Pelo menos quatro padrões distintos de bandas foram identificados para os amplicons do DNA-B. Quatro isolados (PR-13, PR-33, PR-34 e PR-49) coletados em diferentes regiões produtoras foram sequenciados utilizando o protocolo BigDye® em um sequenciador ABI Prism (modelo 3100). As seqüências obtidas foram comparadas com as do GenBank usando o algoritmo BlastN. Todos estes isolados apresentaram (para um segmento de 1100 pares de bases do DNA-A) níveis de identidade em torno de 95% com um isolado argentino do *Tomato yellow spot virus* (FJ538207). Desta forma, *L. sibiricus* é uma hospedeira alternativa de isolados de begomovirus que apresentam estreita relação filogenética com espécies já registradas infectando o tomateiro em outras regiões produtoras da América do Sul.

896

**Caracterização molecular de espécies de *Begomovirus* infectando tomateiro na Região Sul do Brasil (2006-2009)** Boiteux, LS<sup>1,3</sup>; Fernandes, NAN<sup>1,2</sup>; Costa, AF<sup>1</sup>; Fonseca, MEN<sup>1</sup>. <sup>1</sup>CNP/Embrapa Hortaliças, CP 218, 70359-970, Brasília-DF; <sup>2</sup>UnB, Depto. Fitopatologia, 70910-900, Brasília-DF; <sup>3</sup>Bolsista CNPq. E-mail: boiteux@cnph.embrapa.br. Molecular characterization of *Begomovirus* species infecting tomatoes in Southern Brazil.

Epidemias de geminivirose foram recentemente registradas em regiões produtoras no Sul do Brasil (Paraná-PR, Santa Catarina-SC e Rio Grande do Sul-RS), causando preocupação para toda a cadeia produtiva de tomate para consumo *in natura* na região. Coletas foram feitas no RS em Caxias do Sul, Santa Lúcia do Piaí, Nova Bassano, Dom Pedro de Alcântara e Torres (2008 e 2009). Em SC, amostras foram coletadas no cinturão verde de Florianópolis e em Santo Amaro (2006) e no PR em São Gerônimo da Serra, Marilândia, Barro Branco, Floresta e Reserva (2007 e 2008). Segmentos do DNA-A e DNA-B viral foram amplificados via PCR usando oligonucleotídeos universais. Os amplicons foram separados em eletroforese e diretamente sequenciados utilizando o protocolo BigDye®. As seqüências foram analisadas em um sequenciador ABI Prism (modelo 3100) da Embrapa Hortaliças. As seqüências obtidas foram analisadas para níveis de identidade com as depositadas no GenBank usando o algoritmo BlastN. No RS e SC foram identificados isolados de *Tomato severe rugose virus* (ToSRV). No PR foram detectados isolados de ToSRV e *Tomato rugose mosaic virus*. Estes resultados preliminares sugerem que a diversidade viral na região Sul é ainda pequena, sendo limitada a duas espécies já caracterizadas infectando tomateiro em outras regiões do Brasil.

898

**Registro de um isolado de begomovirus geneticamente relacionado com *Sida micrantha mosaic virus* infectando soja-hortaliça no Distrito Federal** Fonseca, MEN<sup>1</sup>; Fernandes, NAN<sup>1,2</sup>; Costa, AF<sup>1</sup>; Mendonça, JL<sup>1</sup>; Boiteux, LS<sup>1,3</sup>. <sup>1</sup>CNP/Embrapa Hortaliças, CP 218, 70359-970, Brasília-DF; <sup>2</sup>UnB, Depto. Fitopatologia, 70910-900, Brasília-DF; <sup>3</sup>Bolsista CNPq. E-mail: boiteux@cnph.embrapa.br. Report of an isolate genetically related to *Sida micrantha mosaic virus* infecting green soybean in the Federal District, Brazil.

O Planalto Central é uma das principais áreas de produção de soja no país. No final do ciclo, observa-se uma elevada densidade populacional de *Bemisia tabaci* (inseto vetor de espécies de *Begomovirus*). Plantas exibindo sintomas de pontos cloróticos e mosaico foram coletadas em um plantio de soja-verde em fevereiro de 2009 no DF. Segmentos do DNA-A e do DNA-B viral foram amplificados via PCR usando oligonucleotídeos universais. Os amplicons foram analisados via eletroforese e diretamente sequenciados utilizando o protocolo BigDye®. As seqüências foram analisadas em um sequenciador ABI Prism (modelo 3100) do CNPH. A seqüência obtida de um amplicon de 1113 pares de base do DNA-A foi analisada para níveis de identidade com seqüências depositadas no GenBank com o algoritmo BlastN. O isolado apresentou em torno de 92% de identidade com *Sida micrantha mosaic virus* (SimMV) (EU908733), registrado infectando quiabeiro no Brasil e com SimMV isolado BR:Sag3:Soy:08 (FJ686693), caracterizado infectando soja no Brasil Central. Este é, aparentemente, o primeiro relato da infecção natural da soja por este vírus na região do DF.