

6. Caracterização molecular de isolados do vírus do nanismo amarelo do Rio Grande do Sul

Yamazaki-Lau, E.¹; Lau, D.²; Schons, J.³; Nhani, A. Jr.²; Brammer, S.P.²; ⁽¹⁾Universidade de Passo Fundo – UPF, BR 285, km 171, Caixa Postal 661, Bairro São José, 99001-970 Passo Fundo, RS, yamazakimiki@yahoo.com.br, pos-doc bolsista FAPERGS; ⁽²⁾Embrapa Trigo, Passo Fundo ⁽³⁾Universidade de Passo Fundo, Passo Fundo.

O nanismo amarelo, uma das principais doenças dos cereais de inverno (trigo, aveia, cevada e outros), é causado por espécies de vírus da família *Luteoviridae*. Originalmente distinguidas pela especificidade de transmissão por afídeos, as espécies foram separadas em dois gêneros (*Luteovirus* e *Polerovirus*) devido a diferenças na organização genômica. Nas regiões produtoras brasileiras, estudos sobre a variabilidade do vírus e a ocorrência das principais espécies são baseados em testes sorológicos (Elisa). O presente trabalho objetivou caracterizar isolados virais de regiões produtoras do Rio Grande do Sul por meio do sequenciamento do gene da capa protéica. O cDNA viral foi sintetizado a partir do RNA total extraído de plantas sintomáticas utilizando oligonucleotídeos específicos para a seqüência do vírus. Os produtos amplificados por RT-PCR foram clonados no vetor pGEM-T easy. As seqüências dos clones foram comparadas com as depositadas no NCBI utilizando o BlastN. A partir da análise do padrão dos fragmentos amplificados de isolados provenientes de sete regiões, cinco foram identificados como *Barley yellow dwarf virus* (BYDV) - PAV, um como *Cereal yellow dwarf virus* (CYDV) - RPV ou RMV e um decorrente de infecção mista, com BYDV-PAV/(CYDV-RPV ou -RMV). Dos três clones seqüenciados, dois apresentaram maior similaridade a BYDV-PAV e um a BYDV-RMV.

Apoio financeiro: Embrapa, CNPq, FAPERGS. Resumo previamente submetido ao 41º Congresso Brasileiro de Fitopatologia