

DIVERSIDADE GENÉTICA DO *BARLEY* E *CEREAL YELLOW DWARF VIRUS* NO BRASIL **

Mar, T. B.¹; Lau, D.^{2*}; Nhani Junior, A.²; Schons, J. ³; Yamazaki-Lau, E.²; Pereira, J. F. ⁴

O nanismo amarelo, uma das principais doenças virais no mundo, pode acometer o trigo e outros cereais. É causada por vírus transmitidos por afídeos de maneira circulativa e limitados ao floema das plantas. A taxonomia dos vírus foi estabelecida através das relações vírus-vetor e atualmente baseia-se em sequências genômicas, com as espécies posicionadas em dois gêneros: *Luteovirus* (*Barley yellow dwarf virus* - BYDV) e *Polerovirus* (*Cereal yellow dwarf virus* - CYDV) pertencentes a família *Luteoviridae*. Levantamentos baseados em ELISA apontaram o BYDV-PAV como espécie predominante nas regiões brasileiras produtoras de cereais de inverno. O objetivo desse estudo foi avaliar a diversidade genética de isolados de B/CYDV brasileiros e estudar a sua relação com outros isolados da família *Luteoviridae* usando dados de sequenciamento do gene da capa protéica (cp). Em 2007 (14) e 2008 (28), 42 isolados da região sul do Brasil (RS - 33, SC - 2 e PR - 7) foram coletados de *Avena* sp. (26), *Triticum aestivum* (10), *Hordeum vulgare* (4), *Lolium multiflorum* (1) e *Zea mays* (1). Os isolados virais foram propagados em aveia (*Avena sativa*) ou trigo (*T. aestivum* cv. Embrapa 16) usando afídeos (*Rhopalosiphum padi* ou *Sitobion avenae*). Após a extração do RNA total das plantas de origem, o cDNA viral foi sintetizado com primers específicos e os produtos da PCR amplificados foram inseridos no vetor pGEM T-easy. Os clones foram sequenciados usando o Kit Big Die Terminator v3.1 Cycle Sequencing da Applied Biosystems e a eletroforese dos produtos da PCR foi realizada no sistema capilar modelo ABI3100. A identidade das seqüências foi verificada através da análise do BLAST com o banco de dados de nucleotídeos do GenBank. As seqüências de nucleotídeos foram alinhadas, analisadas e comparadas com outros isolados virais da família *Luteoviridae* usando ClustalW. Dos 42 isolados, 3 oriundos de aveias coletadas em 2007 foram identificados como CYDV-RMV (93% a 94% de identidade com o isolado "Illinois"-Z14123). Os outros 39 isolados foram identificados como BYDV-PAV, sendo que as seqüências de nucleotídeos do gene da capa protéica apresentaram identidade acima de 90% com outros isolados de BYDV-PAV. Os isolados brasileiros estabeleceram um conjunto homogêneo (identidade entre 99-100%, independente da localidade, ano e hospedeiro) formando um nó dentro do subgrupo A2 BYDV-PAV. A prevalência do BYDV-PAV na população brasileira, como anteriormente apontado por ELISA, e a baixa variabilidade indicam a prevalência do subgrupo A2 dos BYDV-PAV no Brasil.

** Trabalho previamente submetido ao XX Encontro Nacional de Virologia.

¹ Acadêmico do curso de Ciências Biológicas, Universidade de Passo Fundo. Bolsista PIBIC/CNPq.

² Pesquisador da Embrapa Trigo, *orientador.

³ Professor da Universidade de Passo Fundo.

⁴ Analista da Embrapa Trigo.