



**INCIDÊNCIA E DIVERSIDADE GENÉTICA DO *Cassava vein mosaic virus* - CSVMV
DENTRO DO GERMOPLASMA DE MANDIOCA DO SEMI-ÁRIDO.**

Karinna Vieira Chiacchio Velame¹; Eduardo Chumbinho de Andrade¹; Alfredo Augusto Cunha Alves¹; Alineaurea Florentino da Silva²; Adriana Fiuza dos Santos¹; Carlos Alberto da Silva Ledo¹.

¹Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical - kvchiacchio@ig.com.br;
eandrade@cnpmf.embrapa.br; aalves@cnpmf.embrapa.br; adriana.fiuza@yahoo.com.br;
ledo@cnpmf.embrapa.br ²Embrapa Semi-Árido - alinefs@cpatsa.embrapa.br

Palavras-chave: *Manihot esculenta*; Diversidade genética; Vírus.

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) é uma das principais fontes de energia na dieta das populações de países tropicais. Ela é propagada de maneira vegetativa, utilizando-se para o plantio pequenos segmentos do caule, prática que facilita a disseminação das viroses. Na região semi-árida do Brasil há a prevalência do vírus do mosaico das nervuras, CSVMV. Objetivando avaliar o grau de incidência e a variabilidade genética do CSVMV no Banco Ativo de Germoplasma (BAG) da Embrapa Semi-árido, foi realizada detecção do vírus nos acessos utilizando a técnica de PCR com Polimorfismo do Tamanho do Fragmento de Restrição (PCR-RFLP). A avaliação de 375 acessos realizada em 2009 constatou a presença de 36,8% de acessos infectados, distribuídos de forma agrupada dentro de linhas de plantio. Para avaliar a diversidade genética do CsMVV nos acessos, o fragmento viral amplificado por PCR foi tratado com a enzima de restrição de corte frequente, *Taq* I resultando em quatro padrões distintos (denominados de grupo 1 a 4), evidenciando a presença de variabilidade dentro desta população viral. Entre os acessos contaminados 54% apresentavam-se infectados pelos isolados do grupo 2, enquanto que apenas 3% dos acessos estavam contaminados com isolados do grupo 4, e o restante dos acessos apresentando prevalência similar entre isolados dos grupos 1 (21%) e 3 (22%). A distribuição espacial dos grupos de isolados dentro do BAG segue, de certa forma, o padrão agregado, com acessos próximos estando infectados pelo mesmo grupo. A variabilidade genética entre a população viral é esperada, visto que estes isolados devem ter sido introduzidos no BAG juntamente com os acessos que foram coletados em diferentes regiões, principalmente do nordeste, ao longo dos anos. Existem algumas hipóteses para explicar a maior prevalência de isolados do grupo 2 entre os acessos contaminados: (1) os isolados do grupo 2 sejam mais prevalentes no campo e por isso tenham sido introduzidos no BAG por um número maior de acessos contaminados, (2) que eles estejam presentes a um maior tempo no BAG ou (3) que possuam uma maior facilidade de transmissão via instrumentos de corte utilizados para a renovação do BAG.

Fonte Financiadora: EMBRAPA, FAPESB