

# 1 **Levantamento da diversidade de vírus em batata-doce no Brasil**

2 **Jamile Mendes de Souza<sup>1</sup>; Raquel Cassimiro Alves<sup>1</sup>; Fernanda Rausch Fernandes<sup>2</sup>**

3 <sup>1</sup>Universidade Católica de Brasília, 71966-700, Brasília-DF; <sup>2</sup>Embrapa Hortaliças, C. Postal 218, 70359-  
4 970 Brasília-DF; jamilemendes.s@gmail.com; raquelcassimiroalves@gmail.com;  
5 fernanda@cnph.embrapa.br.

## 7 **RESUMO**

8 Mais de 30 vírus que infectam a cultura da batata-doce (*Ipomoea batatas*), distribuídos  
9 em nove famílias taxonômicas, já foram identificados: *Bromoviridae* (1 vírus),  
10 *Bunyaviridae* (1), *Caulimoviridae* (3), *Closteroviridae* (1), *Comoviridae* (1),  
11 *Flexiviridae* (1), *Geminiviridae* (15), *Luteoviridae* (1) e *Potyviridae* (9). A maioria  
12 desses vírus está associada a infecções assintomáticas em batata-doce e, em alguns  
13 casos, até mesmo na planta indicadora *Ipomoea setosa*. A identificação das espécies de  
14 vírus que ocorrem em batata-doce no Brasil é de grande importância para o  
15 delineamento de estratégias de manejo das lavouras e para a indexação de matrizes nos  
16 programas de produção de batata-doce livre de vírus. O presente trabalho teve o  
17 objetivo de realizar um levantamento de vírus no Banco Ativo de Germoplasma de  
18 Batata-doce da Embrapa Hortaliças. Foram amostrados 100 genótipos de batata-doce  
19 para a análise, que consistiu inicialmente na enxertia na planta indicadora *Ipomoea*  
20 *setosa* e posterior detecção viral pela técnica NCM-Elisa para dez vírus que infectam a  
21 batata-doce: *Sweet potato mild mottle virus* (SPMMV), *Sweet potato latent virus*  
22 (SPLV), *Sweet potato chlorotic fleck virus* (SPCFV), *Sweet potato mild speckling virus*  
23 (SPMSV), *Sweet potato chlorotic stunt virus* (SPCSV), C-6, *Sweet potato collusive*  
24 *virus* (SPCV), *Sweet potato virus G* (SPVG), *Cucumber mosaic virus* (CMV) e *Sweet*  
25 *potato feathery mottle virus* (SPFMV). Oito antissoros foram adquiridos no Centro  
26 Internacional de la Papa (Lima, Peru) e os outros dois (para o SPFMV e CMV) foram  
27 produzidos na Embrapa Hortaliças. Infecções simples e mistas foram identificadas nas  
28 amostras submetidas à análise. Foram observadas plantas infectadas por apenas uma  
29 espécie de vírus (26%), duas (11%), três (12%), quatro (14%), cinco (15%), seis (3%) e  
30 sete espécies de vírus (1%). Ou seja, grande parte das plantas de batata-doce está  
31 infectada por complexos virais (compostos por diferentes combinações de vírus).  
32 Dezoito acessos de batata-doce (18%) não apresentaram a infecção para nenhum dos  
33 dez vírus testados (não houve reação com os antissoros testados), o que os torna

34 potenciais fontes de estudo para análise de resistência a vírus no programa de  
35 melhoramento genético da cultura.

36 **PALAVRAS-CHAVE:** diagnose viral, batata-doce, indexação, vírus.

37 **ABSTRACT**

38 **Survey of sweet potato viruses in Brazil**

39 More than 30 viruses that infect the culture of sweet potato, distributed in nine  
40 taxonomic families were identified: *Bromoviridae* (1 virus), *Bunyaviridae* (1),  
41 *Caulimoviridae* (3), *Closteroviridae* (1), *Comoviridae* (1), *Flexiviridae* (1),  
42 *Geminiviridae* (15), *Luteoviridae* (1) and *Potyviridae* (9) (Clark et al., 2012). Most of  
43 these viruses is associated with asymptomatic infections sweet potato, and in some  
44 cases even the indicator host *Ipomoea setosa*. The identification of virus species that  
45 occur in Brazil is of great importance for the design of management strategies for crops  
46 and for indexing arrays of sweet potato virus-free production programs. This work  
47 presents a survey of viruses in the Sweet Potato Active Germplasm Bank from Embrapa  
48 Vegetables. We sampled 100 genotypes of sweet potato for the analysis, which  
49 originally consisted of grafting on indicator plant *Ipomoea setosa* and subsequent viral  
50 detection in NCM-ELISA for ten viruses infecting sweet potato: *Sweet potato mild*  
51 *speckling virus* (SPMMV), *Sweet potato latent virus* (SPLV), *Sweet potato chlorotic*  
52 *flecks virus* (SPCFV), *Sweet potato mild speckling virus* (SPMSV), *Sweet potato*  
53 *chlorotic stunt virus* (SPCSV), C-6, *Sweet potato collusive virus* (SPCV), *Sweet potato*  
54 *virus G* (SPVG), *Cucumber mosaic virus* (CMV) and *Sweet potato feathery mottle virus*  
55 (SPFMV). Eight antisera were purchased from the Centre International de la Papa  
56 (Lima, Peru) and the other two (for SPFMV and CMV) were produced in Embrapa  
57 Vegetables. Single and mixed infections were identified in samples submitted for  
58 analysis. Infected plants were observed for only one kind of virus (26%), two (11%),  
59 three (12%), four (14%), five (15%), six (3%) and seven species of viruses (1%). That  
60 is, most plants of sweet potato are infected by virus complex (composed of different  
61 combinations of viruses). Eighteen genotypes of sweet potato (18%) had infection for  
62 any of the ten viruses tested (there was no reaction with the antisera tested), which  
63 makes them potential sources of study for analysis of virus resistance in the sweet  
64 potato breeding program.

65 **Keywords:** viral diagnostics, sweet potato, indexing and virus.

## 66 INTRODUÇÃO

67 Anualmente cerca de três mil espécies vegetais são cultivadas, entretanto, dentre essas  
68 apenas 150 são consideradas de valor econômico no mercado internacional e apenas 12  
69 são consideradas culturas fundamentais. A batata-doce (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.),  
70 membro da família *Convolvulaceae*, está incluída nesse grupo restrito e é considerada  
71 uma importante cultura para a segurança alimentar nos países em desenvolvimento  
72 (Barrera, 1986; Valverde et al., 2007; Gibson et al., 2009). A batata-doce apresenta  
73 grande importância em áreas de baixa fertilidade por ser de fácil cultivo e destaca-se por  
74 possuir ampla adaptação, ciclo curto, tolerância à seca e baixo custo de produção. No  
75 Brasil, a batata-doce apresenta características de cultivo de subsistência. É rica em  
76 carboidratos, vitaminas C e do complexo B e minerais, podendo apresentar altos teores  
77 de vitamina A (Miranda et al., 1987). Na maioria dos países latino-americanos, essa  
78 cultura desempenha maior importância para populações de baixa renda, sendo  
79 produzida geralmente com pouca tecnologia e em pequenas áreas marginais. É cultivada  
80 em todas as áreas tropicais e subtropicais do mundo e, consistentemente, está no ranking  
81 entre as 10 mais importantes culturas do mundo inteiro com base na elevada  
82 produtividade, atingindo em torno de 130 milhões de toneladas por ano em torno de 9  
83 milhões de hectares (Loebenstein & Thottappilly, 2009).

84 O método de propagação vegetativo facilita o acúmulo de fitopatógenos,  
85 particularmente os de etiologia viral, causando a degenerescência e resultando em  
86 declínio na produtividade e na qualidade do produto colhido (revisado por Karyeija et  
87 al., 1998; Loebenstein et al., 2003; Tairo et al., 2005; Valverde et al., 2007). Embora  
88 esta seja uma característica comum da produção da batata-doce, a natureza dos  
89 complexos virais que ocorrem em diferentes regiões e as estratégias tomadas para  
90 manejar a doença tem sido bastante variadas nos diferentes países (Clark et al., 2012). A  
91 batata-doce é frequentemente infectada por complexos virais (infecções mistas) e as  
92 interações entre esses vírus influenciam os sintomas e as perdas de produção (Carey et  
93 al., 1999; Chung et al., 1986; Clark et al., 1998; Cohen, Milgram & Loebenstein, 1995;  
94 Di Feo et al., 2000; Scheafers & Terry, 1976, Valverde, 2007). Existem combinações  
95 virais que refletem em um quadro sintomatológico mais expressivo e,  
96 conseqüentemente, maior perda de rendimento da cultura e outras combinações que  
97 conduzem a infecções mais brandas.

98 Mais de 30 vírus que infectam a cultura da batata-doce, distribuídos em nove famílias  
99 taxonômicas, foram identificados: *Bromoviridae* (1 vírus), *Bunyaviridae* (1),  
100 *Caulimoviridae* (3), *Closteroviridae* (1), *Comoviridae* (1), *Flexiviridae* (1),  
101 *Geminiviridae* (15), *Luteoviridae* (1), e *Potyviridae* (9). Metade deles são vírus de DNA  
102 recentemente descritos pertencentes às famílias *Geminiviridae* e *Caulimoviridae*. A  
103 maioria desses vírus está associada com infecções assintomáticas em batata-doce e, em  
104 alguns casos, até mesmo na planta indicadora *Ipomoea setosa*. Alguns são sinergizados  
105 pelo SPCSV, o mediador de doenças virais severas em batata-doce, enquanto outros  
106 aparentemente não são. A infecção simultânea de SPCSV e *Sweet potato feathery mottle*  
107 *virus* (SPFMV) caracterizam a doença SPVD (“Sweet potato virus disease”),  
108 responsável por perdas consideráveis na produção de batata-doce (Scheafers & Terry,  
109 1976; Ngeve & Bouwkamp, 1991; Winter et al., 1992; Gibson et al., 1998; Valverde et  
110 al., 2007). Essa doença é caracterizada por clorose, deformação e diminuição do  
111 tamanho das folhas, além de enfezamento da planta, podendo reduzir a produtividade  
112 das plantas infectadas até 80% (Hahn, 1976; Mukiibi, 1977).

113 A detecção rápida e precisa dos vírus é essencial para o seu correto manejo. No entanto,  
114 a diagnose dos vírus de batata-doce é dificultada devido à ocorrência de infecções  
115 mistas, diversas estirpes virais, e a distribuição desigual do vírus no interior da planta  
116 (Valverde et al., 2007; Clark et al., 2012). Devido à grande variabilidade de sintomas  
117 em função do genótipo e idade da planta, condições ambientais e presença de  
118 complexos virais, os sintomas na batata-doce, inclusive a ausência de sintomas, têm  
119 pequeno valor no diagnóstico viral. Nos anos recentes, os vírus têm sido detectados por  
120 meio de uma combinação de ensaios sorológicos e baseados em ácido nucléico, mas em  
121 muitos casos, os títulos virais são tão baixos que esses métodos devem ser combinados  
122 com a enxertia prévia em *I. setosa* ou outros hospedeiros (Pozzer et al., 1995). Quando  
123 se promove a enxertia combinada com os métodos de detecção sorológica, verifica-se  
124 que a eficiência de detecção pode ser altamente incrementada. Os métodos sorológicos  
125 mais conhecidos, tais como o ELISA em membrana de nitrocelulose (NCM-Elisa) ou  
126 em microplaca são amplamente utilizados para a detecção de vírus de batata-doce. O  
127 CIP (Centro Internacional de La Papa, Lima – Peru) fornece um kit diagnóstico para a  
128 detecção sorológica de um número dos mais comuns vírus de RNA de batata-doce.

129 O objetivo do presente trabalho foi realizar um levantamento de vírus no Banco Ativo  
130 de Germoplasma de Batata-doce da Embrapa Hortaliças. Foram amostrados genótipos  
131 de batata-doce para a análise, que consistiu inicialmente na enxertia na planta  
132 indicadora *Ipomoea setosa* e posterior detecção viral em NCM-Elisa para dez vírus que  
133 infectam a batata-doce: *Sweet potato mild mottle virus* (SPMMV), *Sweet potato latent*  
134 *virus* (SPLV), *Sweet potato chlorotic fleck virus* (SPCFV), *Sweet potato mild speckling*  
135 *virus* (SPMSV), *Sweet potato chlorotic stunt virus* (SPCSV), C-6, *Sweet potato*  
136 *collusive virus* (SPCV), *Sweet potato virus G* (SPVG), *Cucumber mosaic virus* (CMV)  
137 e *Sweet potato feathery mottle virus* (SPFMV). A identificação das espécies de vírus  
138 que ocorrem no Brasil é de grande importância para o delineamento de estratégias de  
139 manejo das lavouras e para a indexação de matrizes de batata-doce nos programas de  
140 produção de batata-doce livres de vírus.

#### 141 MATERIAL E MÉTODOS

142 O trabalho de levantamento de vírus no Banco Ativo de Germoplasma de Batata-doce  
143 foi iniciado em 2011. A coleção de batata-doce fica situada na Fazenda Tamanduá,  
144 localizada na BR-060, Km 09, Bairro Gama, Brasília-DF, com as seguintes  
145 coordenadas: latitude de 15°56'31"S e longitude 48°8'55"O e a uma altitude de 997m  
146 sobre o nível do mar. Um total de 100 genótipos foram submetidos à detecção viral.  
147 Foram coletadas ramas de batata-doce com três nós e levadas para a casa-de-vegetação  
148 onde foi realizada a enxertia em *Ipomoea setosa*. Para tal, foram realizadas sementeiras  
149 da planta indicadora de modo que houvesse a disponibilização de plantas em ponto de  
150 enxertia de forma escalonada para a avaliação. Para cada amostra, realizou-se a enxertia  
151 em três plantas de *Ipomoea setosa*, tomando o cuidado para evitar contaminação por  
152 enxerto como a utilização de lâminas individuais para cada genótipo enxertado e a  
153 lavagem das mãos com sabão em água corrente a cada mudança de genótipo. O  
154 procedimento de enxertia consistiu em utilizar excisões de aproximadamente 3 cm de  
155 comprimento de caules de batata-doce coletadas como enxerto em *I. setosa*. As excisões  
156 foram cortadas em bisel e enxertadas lateralmente na região do hipocótilo das plantas-  
157 teste (*I. setosa*) que tiveram suas folhas e ápice destacados. Enxerto e porta-enxerto  
158 foram unidos por meio de uma presilha. As plantas foram cobertas por plástico  
159 umedecido por um período de dois dias e foram identificadas com o registro do BAG  
160 utilizadas como enxerto e a data de realização da enxertia. Adicionalmente, as plantas

161 foram mantidas em casa-de-vegetação e continuamente observadas quanto á  
162 manifestação de sintomas nas novas folhas emergentes de *I. setosa* por um período de  
163 30 dias. Posteriormente, três folhas de *I. setosa* foram coletadas (uma de cada planta que  
164 recebeu enxerto do mesmo acesso de batata-doce do BAG), formando uma amostra  
165 composta, e foram levadas ao Laboratório de Virologia Vegetal da Embrapa Hortaliças  
166 para a diagnose viral.

167 Oito antissoros foram adquiridos no Centro Internacional de la Papa (Lima, Peru) e os  
168 outros dois (para o SPFMV e CMV) foram produzidos na Embrapa Hortaliças. As  
169 amostras foram processadas por meio de maceração manual com um rolinho na  
170 presença do tampão de extração 0,5 PBS (0,07M NaCl + 1mM KH<sub>2</sub>PO<sub>4</sub> + 4mM  
171 Na<sub>2</sub>HPO<sub>4</sub>. 12H<sub>2</sub>O + 1mM KCl). Foram aplicadas em membrana de nitrocelulose  
172 (Millipore 0,45 µM) alíquotas de 6µL de cada amostra, assim como os controles de  
173 planta sadia (negativo) e controles positivos que acompanham o kit de antissoros do  
174 CIP. As membranas foram deixadas para secar por um período de 1 hora em  
175 temperatura ambiente para a fixação do extrato vegetal aplicado na membrana. Em  
176 seguida, as membranas foram mergulhadas em solução bloqueadora composta pelo  
177 tampão 0,5 PBS, acrescido de 2% de leite em pó desnatado, permanecendo por 1 hora a  
178 temperatura ambiente sob agitação de 60rpm. Após o bloqueio, colocou-se as  
179 membranas no IgG (imunoglobulina) antissoros na diluição 1:1000 sob agitação constate  
180 de 60 rpm em *overnight*.

181 No dia seguinte as membranas foram submetidas à tríplice lavagem em tampão 0,5  
182 PBS, em intervalos de 3 minutos, sob agitação a 100rpm e seguida incubadas numa  
183 solução de tampão 0,5 PBS diluiu-se o anti-IgG (imunoglobulina) geral para todos os  
184 vírus testados (SPFMV, SPMSV, SPCFV, SPMMV, SPLV, SPVG, SPCSV, SPCV, C-6  
185 e CMV) na diluição 1:1000 por 4 horas com agitação de 60 rpm. Após as 3 horas de  
186 agitação, as membranas foram submetidas à tríplice lavagem em tampão 0,5 PBS, em  
187 intervalos de 3 minutos, sob agitação a 100rpm. Seguindo de uma fase de revelação  
188 onde a detecção do complexo antígeno-anticorpo foi detectado adicionando-se 10mL de  
189 tampão de revelação (100mM NaCl + 100mM Tris-base + 5mM MgCl<sub>2</sub>) acrescido de  
190 30µL BCIP e 60µL NBT. A interpretação dos resultados foi feita visualmente,  
191 considerando-se positivas as amostras que resultaram no aparecimento de manchas de

192 coloração púrpura na membrana de nitrocelulose e negativa quando mantidas a  
193 coloração de clorofila verde.

## 194 **RESULTADOS E DISCUSSÃO**

195 A enxertia de caule mostrou-se como um eficiente método de transmissão para os vírus  
196 testados, além da nitidez das amostras aplicadas. Apresentou-se como um método de  
197 elevada simplicidade e confiabilidade, sendo os seus resultados associados à NCM-Elisa  
198 bastante eficazes na diagnose dos vírus de batata-doce. Além de econômico e rápido,  
199 pode ser largamente adotada nos estudos de diversidade viral e no processo de  
200 indexação de plantas matrizes de batata-doce proveniente do processo de limpeza  
201 clonal. É possível verificar também que, muitas vezes, a planta de batata-doce não  
202 manifesta sintomas claros da infecção viral, entretanto, após a enxertia em *Ipomoea*  
203 *setosa*, verifica-se a expressão de sintomas típicos da infecção viral.

204 Um total de 100 plantas foram submetidas às análises por meio da enxertia em *I. setosa*  
205 e posterior diagnose por NCM-Elisa. Um maior percentual de amostras de batata-doce  
206 mostrou-se infectado pelo SPFMV (49%) que é o mais comum, seguindo pelo SPCSV  
207 (46%), SPCV (42%), SPVG (41%), SPMSV (30%), SPCFV (14%), SPMMV (11%) e  
208 SPLV (7%). Infecções simples e mistas foram identificadas nas amostras submetidas à  
209 análise. Foram observadas plantas infectadas por apenas uma espécie de vírus (26%),  
210 duas (11%), três (12%), quatro (14%), cinco (15%), seis (3%) e sete espécies de vírus  
211 (1%) (Figuras 1 e 2). Ou seja, grande parte das plantas de batata-doce está infectada por  
212 complexos virais (compostos por diferentes combinações de vírus). Dezoito plantas de  
213 batata-doce (18%) não apresentaram a infecção para nenhum dos dez vírus testados (não  
214 houve reação com os antissoros testados), o que os torna potenciais fontes de estudo  
215 para análise de resistência a vírus, um possível melhoramento genético, haja vista que as  
216 plantas do BAG são mantidas em condições *in vivo*, suscetíveis à infecção pelos vírus  
217 por meio da transmissão via vetor.

218 É possível verificar uma elevada proporção de acessos de batata-doce apresentando  
219 infecção simultânea pelo SPFMV e SPCSV (24%), caracterizando a combinação viral  
220 responsável pela “sweet potato virus disease” (SPVD). Pelo fato de cada acesso do  
221 BAG ser representado por apenas duas plantas de batata-doce (cultivadas em vasos),  
222 não é possível inferir em relação a possíveis decréscimos de produtividade em função  
223 da infecção simultânea das espécies SPFMV e SPCSV, mas é possível multiplicar os

224 acessos para serem cultivados em condições de campo, possibilitando a avaliação do  
225 desempenho agrônômico, contrastando-se a produtividade dos acessos infectados com  
226 diferentes combinações virais.

227 Um total de 15 acessos do BAG analisados foram provenientes do Centro-Oeste  
228 (Distrito Federal e Mato grosso), 35 da região Norte (Rondônia e Amazonas), 7 da  
229 região Nordeste (Ceará e Piauí), 14 da região Sul (Paraná e Santa Catarina), 11 da  
230 região Sudeste (Minas Gerais e São Paulo) e 18 amostras de procedência desconhecida.  
231 Ao se considerar as diferentes regiões geográficas brasileiras de onde os acessos foram  
232 provenientes, verifica-se grande diferença na distribuição dos vírus associados a essas  
233 plantas, como pode ser verificado na Figura 3. Os materiais analisados apresentam  
234 diferentes características de coloração de polpa e pele da raiz tuberosa, porte, ciclo,  
235 entre outros descritores morfológicos. É de se esperar uma tolerância/resistência à  
236 infecção viral diferenciada entre os genótipos, haja vista que apresentam diferentes  
237 constituições genéticas.

238 Estudos recentes indicam que o controle das doenças virais nas lavouras de batata-doce  
239 é mais desafiador do que se pensava previamente. Existem muito mais vírus que  
240 infectam a cultura do que se conhecia previamente. A maioria, senão todos os vírus  
241 parecem ser distribuídos no mundo inteiro como consequência do movimento de  
242 germoplasma ao longo das últimas décadas e séculos. Apesar dos progressos na  
243 identificação dos vírus de batata-doce, muitos dos quais provaram ser disseminados,  
244 várias linhas de evidências sugerem que mais vírus permanecem ainda sem  
245 identificação (Clark et al., 2012) e programas de quarentena continuaram a enfrentar  
246 novos desafios. Vírus de batata-doce continuam sendo frequentemente detectados em  
247 programas de quarentena e testes adicionais podem ser necessários para estes vírus (Li  
248 et al., 2008; Paprotka et al., 2010). Os resultados obtidos indicam elevada diversidade  
249 viral associada à cultura da batata-doce em condições brasileiras, em materiais  
250 provenientes de diferentes unidades da federação. As informações geradas serão de  
251 grande importância no processo de indexação de matrizes de batata-doce após o  
252 processo de limpeza clonal.

253 O presente trabalho foi bastante relevante pelas informações geradas para a  
254 caracterização inicial do BAG quanto à resistência a viroses e direcionará estudos  
255 futuros que enfoquem a avaliação da resistência em condições controladas para que



256 sejam selecionados genótipos no programa de melhoramento. A facilidade ou  
257 dificuldade manifestada por um acesso à infecção viral caracterizam o seu nível de  
258 resistência, informação muito importante no desenvolvimento de clones superiores para  
259 serem recomendados para o plantio pelo agricultor. A origem dos diferentes genótipos  
260 componentes do Banco Ativo de Germoplasma de Batata-doce da Embrapa Hortaliças é  
261 bastante variada, ou seja, esses são provenientes de regiões com características  
262 climáticas e edáficas diferentes, com conseqüente adaptação particular para cada região.  
263 Em relação à indexação de plantas matrizes, o conhecimento da diversidade viral  
264 associada à cultura possibilitará o delineamento de ferramentas de detecção que  
265 contemplem a diversidade encontrada em território brasileiro. Métodos são necessários  
266 para permitir detecção rápida e de baixo custo dos vírus no campo e possibilitar a  
267 execução de estudos epidemiológicos e o planejamento adequado de sistemas de  
268 multiplicação de sementes, levando em consideração ambos: pressão de infecção e  
269 manejo do vetor.

## 270 **REFERÊNCIAS**

- 271 BARRERA, P. Batata-doce: uma das doze mais importantes culturas do mundo.  
272 (Coleção Brasil Agrícola). São Paulo: Ícone Editora, 91 p, 1986
- 273 CAREY, EE; GIBSON, RW; FUENTES, S; MACHMUD, M; MWANGA, ROM;  
274 TURYAMUREEBA, G; ZHANG, L; MA, D; ABO EL-ABBAS, F; EL-BEDEWY,  
275 . & SALAZAR, LF. 1999. The causes and control of virus diseases of sweetpotato  
276 in developing countries: is sweetpotato virus disease the main problem? CIP  
277 program report 241-248, International Potato Center, Lima, Peru 1997-98.
- 278 CHARCHAR, JM; VIEIRA, JV; HUANG CS. 1982. Ciclos de seleção em cenoura para  
279 resistência a *Meloidogyne*. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE  
280 OLERICULTURA, 22. Vitória, ES. p.216. Resumo.
- 281 CHARCHAR, JM; VIEIRA, JV. 1990. Seleção de linhagens de cenoura para resistência  
282 a nematoides das galhas *Meloidogyne* spp. *Fitopatologia Brasileira*. 15, n.2: 130.  
283 Resumo.
- 284 CHARCHAR, JM; VIEIRA, JV. 1994. Seleção de cenoura com resistência a  
285 nematoides de galhas (*Meloidogyne* spp.). *Horticultura Brasileira*.12, n.2.
- 286 CHARCHAR, JM; VIEIRA, JV; FACION, CE. 2000. Controle de nematoides das  
287 galhas em cenoura através de rotação. *Fitopatologia brasileira* 25(suplemento): 335.  
288 Resumo.
- 289 CHUNG, ML; HSU, YH; CHEN, MJ & CHIU, RJ. Virus diseases of sweet potato in  
290 Taiwan. *Plant Virus Diseases of Horticultural Crops in the Tropics and Sub-Tropics*  
291 33, 84. FFTC Book Series, 1986.
- 292 CLARK, CA; HOY, MW; Valverde, RA; Cannon, JM; La Bonte, D.R. & Wallace, H.  
293 1998. Effect of viruses on yield of sweetpotato in Louisiana, *Phytopathology* 88,  
294 S17, 1996-1997.
- 295 CLARK, CA; DAVIS, JA; ABAD, JA; CUELLAR, WJ; FUENTES, S; KREUZE, JF;  
296 GIBSON, RW; MUKASA, SB; TUGUME, AK; TAIRO, FD; VALKONEN, JPT.

- 297 Sweetpotato Viruses: 15 Years of Progress on Understanding and Managing  
298 Complex Diseases. *Plant Disease* 96:2, 168-185, 2012.
- 299 COHEN, J; MILGRAM, M & LOEBENSTEIN, G. Virus diseases of sweet-potato in  
300 Israel-epidemiological aspects. Abstracts of the International Society of Plant  
301 Pathology, 6th International Plant Virus Epidemiology Symposium, p 42, 1995.
- 302 COVOLO, G; BENETTI. 1981. Comportamento de algumas cultivares de cenoura  
303 (*Daucus carota* L.) ao nematoide *Meloidogyne javanica* (Treub, 1885) Chitwood,  
304 1949. *Revista Centro Ciências Rurais* 11: 163-168.
- 305 CRUZ, Cosme Damião. Programa Genes - Biometria. 1a. ed. Viçosa, MG: Editora  
306 UFV, 2006. v. 1. 382 p
- 307 DAVIS, RM; RAID, RD. 2002. Compendium of umbelliferous crop diseases. American  
308 Phytopathological Society, St. Paul, MN.
- 309 DI FEO, L; NOME, SF; BIDERBOST, E; FUENTES, S & SALAZAR, LF. Etiology of  
310 sweet potato chlorotic dwarf disease in Argentina. *Plant Disease* 84, 35-39, 2000.
- 311 FERRAZ, S; SANTOS, JM. 1984. Os problemas com nematoides na cultura da cenoura  
312 e da mandioquinha-salsa. *Informe Agropecuário*. 10, n.120:52-57.
- 313 GIBSON, RW; MPEMBE, I; ALICAI, T; CAREY, EE; MWANGA, RO, M; SEAL, SE  
314 & VETTEN, HJ. Symptoms, aetiology and serological analysis of sweet potato  
315 virus disease in Uganda. *Plant Pathol*, 47:95-102, 1998.
- 316 GIBSON, RW; MWANGA, ROM; NAMANDA, S; JEREMIAH, SC; BARKER, I.  
317 Review of sweetpotato seed systems in East and Southern Africa. International  
318 Potato Center (CIP), Lima, Peru, Integrated Crop Management Working Paper,  
319 2009-1.
- 320 HAHN, SK. Effects of viruses (SPVD) on growth and yield of sweet potato.  
321 *Experimental Agriculture*, 15, 253-256, 1976.
- 322 HUANG, CS; CHARCHAR, JM. 1982. Preplanting inoculum densities of root-knot  
323 nematode to carrots yield in greenhouse. *Planta Disease*, v.66, p.1064-1068.
- 324 HUANG, SP; MIRANDA, JEC; MALUF, WR. 1986. Resistance to root-knot  
325 nematodes in Brazilian sweet potato collection. *Fitopatologia Brasileira*. 11, n.4:  
326 761-767.
- 327 JENKINS, WR. 1964. A rapid centrifugal flotation technique for separating nematodes  
328 from soil. *Plant Disease Reporter* 48, n.9: 692-695.
- 329 KARYEIJIA, RF; GIBSON, RW; VALKONEN, JPT. Resistance to sweetpotato virus  
330 disease (SPVD) in wild East African *Ipomoea*. *Ann. Appl. Biol*, 133:39-44, 1998.
- 331 LI, R; MOCK, R; HUANG, Q; ABAD, J; HARTUNG, J; KINARD, G. A reliable and  
332 inexpensive method of nucleic acid extraction for the PCR-based detection of  
333 diverse plant pathogens. *J. Virol. Methods*, 154:48-55, 2008.
- 334 LOEBENSTEIN, G; THOTTAPPILLY, G; FUENTES, S; COHEN, J. Virus and  
335 phytoplasma diseases. Pages 105-134 in: *The Sweetpotato*. G. Loebenstein and G.  
336 Thottappilly, eds. Dordrecht, The Netherlands, Springer Sciences Business Media  
337 BV, 2003.
- 338 LOEBENSTEIN, G; THOTTAPPILLY, G; EDS. *The Sweetpotato*. Dordrecht, The  
339 Netherlands, Springer Sciences Business Media BV, 2009.
- 340 MIRANDA, JEC; FRANÇA, FH. Melhoramento de batata-doce no CNPHortaliças. *In*:  
341 França, F.H., Lopes, C.A., Jabuonski, R.E., eds. *Seminário sobre a cultura da*  
342 *batata-doce*. Brasília: EMBRAPA-CNPH, p. 37-54, 1987.
- 343 MIRANDA, JEC; FRANÇA, FH; CARRIJO, AO; SOUZA, AF. *Batata-doce*. Brasília:  
344 Embrapa- CNPH, 14p. (Embrapa-CNPH. Circular Técnica, 3),1987.

345 MUKIIBI, J. Effects of mosaic on the yield of sweet potatoes. Proceedings of the 4th  
 346 International Society for Tropical Root Crops. International Center of Tropical  
 347 Agriculture (CIAT), Cali, Colombia, 169-170, 1977.

348 NGEVE, JM; BOUWKAMP, JC. Effect of Sweet potato virus disease” (SPVD) on the  
 349 yield of sweet potato genotypes un Cameroon. Experimental Agriculture. V. 27,  
 350 221-225, 1991

351 PAPROTKA, T; BOITEUX, LS; FONSECA, MEN; RESENDE, RO; JESKE, H;  
 352 FARIA, JC et al. Genomic diversity of sweet potato geminiviruses in a Brazilian  
 353 germplasm bank. Virus Res. 149:224-233, 2010.

354 POZZER, L; DUSI, NA; LIMA, MI; KITAJIMA, EW. Caracterização de um isolado  
 355 brasileiro do Sweet potato feathery mottle virus infectando batata-doce. 20(1) p. 65-  
 356 71 Fitopatologia Brasileira, 1995.

357 SCHAEFERS, GA & TERRY, ER. Insect transmission of sweet potato disease agents  
 358 in Nigeria. Phytopathology 66, 642-645, 1976.

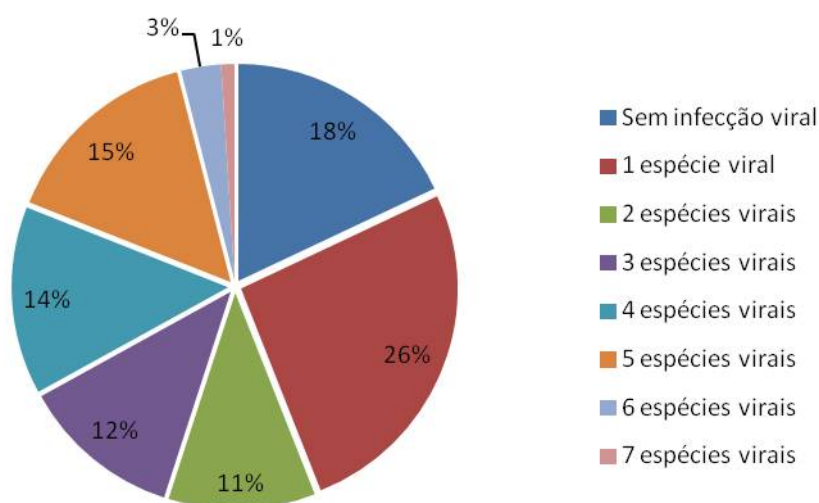
359 SILVA, GO; PINHEIRO, JB; VIEIRA, JV; CARVALHO, ADF. 2011. Seleção para  
 360 resistência de genótipos de cenoura aos nematoides-das-galhas. Horticultura  
 361 brasileira 29, n.3: 335-341.

362 SIMON, PW; MATTHEWS, W; ROBERTS, PA. 2000. Evidence for simply inherited  
 363 dominant resistance to *Meloidogyne javanica* in carrot. Theoretical and Applied  
 364 Genetics 100: 735-742.

365 TAIRO, F; MUKASA, SB; JONES, RAC; KULLAYA, A; RUBAIHAYO, PR &  
 366 VALKONEN, JPT. Unravelling the genetic diversity of the three main viruses  
 367 involved in Sweet Potato Virus Disease (SPVD), and its practical implications.  
 368 Mol. Plant Pathol. 6:199-211, 2005.

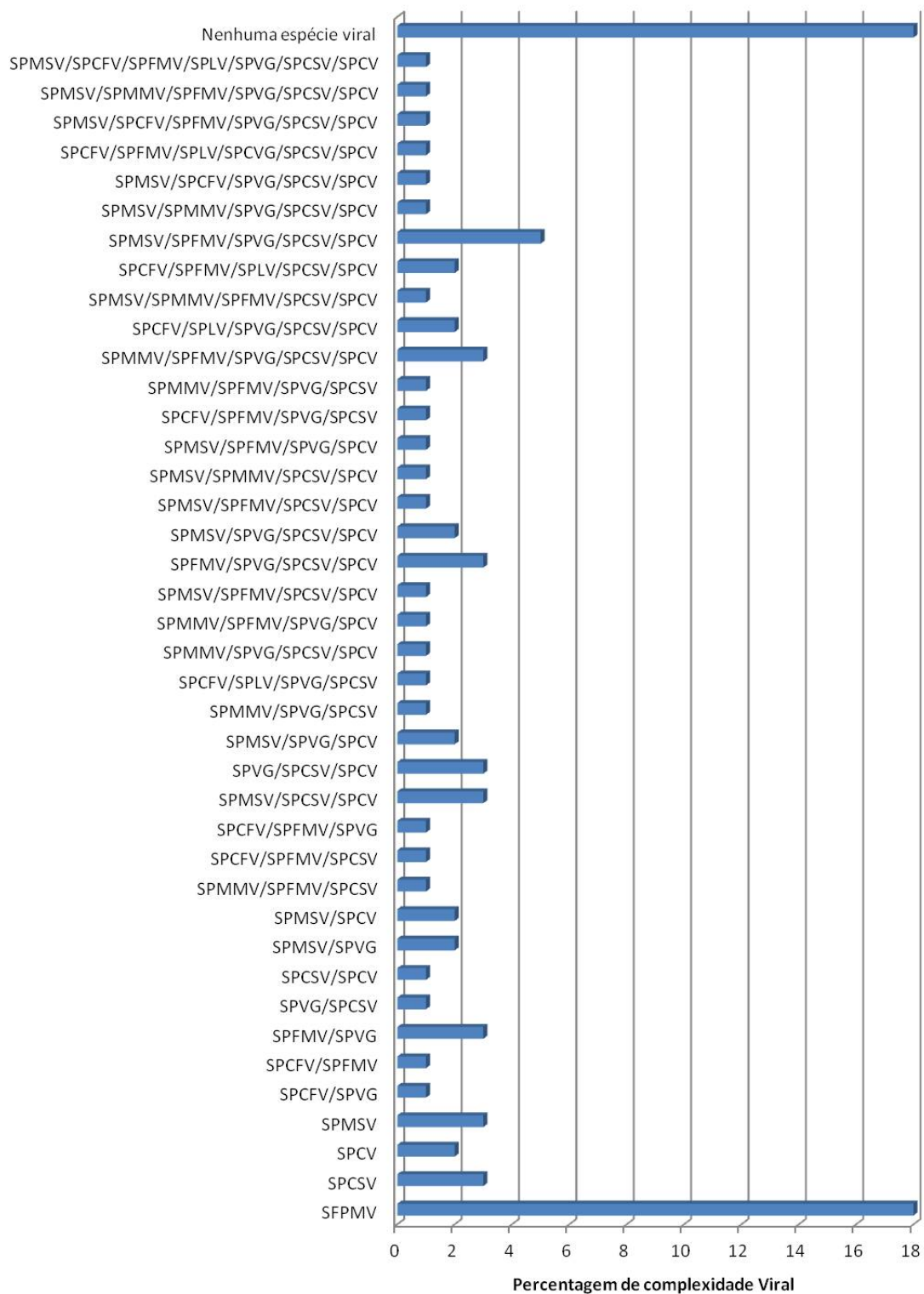
369 VALVERDE, RA; CLARK, CA; AND VALKONEN, JPT. 2007. Viruses and virus  
 370 disease complexes of sweetpotato. Plant Viruses 1:116-126.

371



372

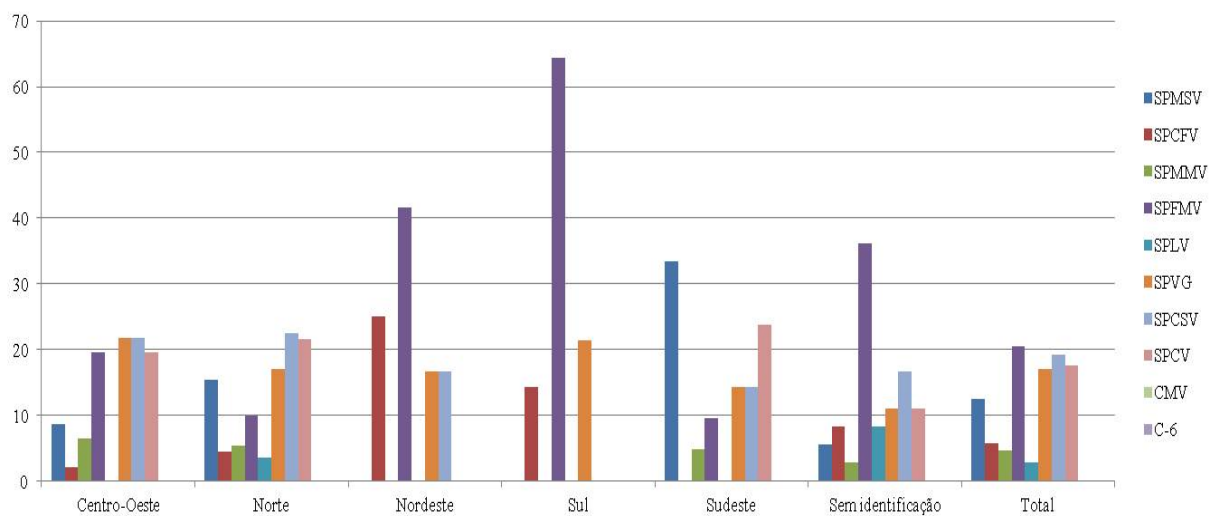
373 Figura 1. Percentagem de acessos de batata-doce não infectados por vírus (18%) e infectados  
 374 por diferentes combinações virais (92%). Embrapa Hortaliças, 2012.



375

376 Figura 2. Diferentes combinações virais associadas aos acessos de batata-doce analisados.  
 377 Embrapa Hortaliças, 2012.

378



379

380 Figura 3. Distribuição das espécies virais detectadas por região geográfica. Embrapa Hortaliças,  
 381 2012.  
 382