

847-2 **Sequência completa do DNA-A de um isolado de Tomato chlorotic vein virus infectando tomateiro no Estado do Ceará, Brasil**
(Complete DNA-A sequence of Tomato chlorotic vein virus isolate infecting tomato in Ceara State, Brazil)

Autores: **ACIOLI, N. A. N. F.** - nidaynunes@gmail.com (UNB - Universidade de Brasília) ; **BOITEUX, M. E. D. N. F.** (CNPq - Embrapa Hortaliças) ; **BOITEUX, L. S.** (CNPq - Embrapa Hortaliças / UNB - Universidade de Brasília)

Resumo

Um complexo de espécies de *Begomovirus* (Geminiviridae) tem causado sérios danos às lavouras de tomateiro em diversas regiões do Brasil. Amostras de tomateiro exibindo sintomas severos de clorose apical e nanismo foram coletadas na região produtora de tomate para consumo *in natura* no município de Croatá (CE) em 2002. O isolado (denominado CE-023) foi analisado inicialmente via PCR usando *primers* universais para segmentos conservados do DNA-A e DNA-B e a comparação com sequências depositadas no GenBank indicou nível de identidade de 94% com um segmento da capa protéica da espécie tentativa Tomato chlorotic vein virus – ToCVV (AY049205.1), uma potencial nova espécie de begomovirus que, até o presente momento, encontra-se apenas parcialmente caracterizada. Para o sequenciamento completo do genoma viral, o DNA total foi amplificado via RCA (*rolling circle amplification*) usando Φ 29 DNA polimerase. O produto da amplificação foi clonado e sequenciado por *primer walking*. A análise via BLAST do genoma completo do DNA-A indicou uma identidade de 85% com o *Tomato rugose virus* (AF291705.1) e 83% com *Tomato chlorotic mottle virus* (KC706551.1), mostrando que o clone representa um vírus distinto. Embora presente com relativa frequência nos primeiros anos da epidemia de begomovírus do tomateiro no Brasil, Tomato chlorotic vein virus não tem sido detectado em recentes levantamentos conduzidos no país, indicando uma baixa competência epidemiológica dessa espécie. A recuperação, bem como a caracterização completa do genoma de um isolado de ToCVV, poderá permitir a construção de clones infectivos, a confirmação de seu status taxonômico como uma nova espécie viral bem como a comparação das sequências de proteínas codificadas por essa espécie com aquelas dos begomovírus que passaram a predominar em condições de campo no Brasil.

Apoio: FAPDF, CNPq