



ISBN 978-85-66836-16-5

VARIABILIDADE DA PROTEÍNA P22 EM POPULAÇÕES DE *Tomato chlorosis virus* INFECTANDO TOMATEIRO<sup>1</sup> / Genetic variability of the p22 protein of *Tomato chlorosis virus* populations infecting tomatoes. L.M. COELHO<sup>2</sup>; T.M. CARNEIRO<sup>2</sup>, A.A.I. RIZO<sup>2</sup>; A.K. INOUE-NAGATA<sup>3</sup>; L.C. ALBUQUERQUE<sup>2</sup>. <sup>2</sup>Instituto Federal Goiano, Morrinhos, Brasil/ <sup>3</sup>Embrapa, Gama, Brasil. E-mail: laysla.agro@gmail.com

*Tomato chlorosis virus* (ToCV, gênero *Crinivirus*, família *Closteroviridae*) é transmitido por espécies de mosca-branca e possui genoma bipartido de RNA fita simples positiva (RNA1 e RNA2). O RNA1 codifica proteínas envolvidas na replicação do RNA e na supressão do silenciamento gênico, enquanto o RNA2 codifica proteínas envolvidas no movimento, encapsidação viral e transmissão pelo vetor. No Brasil, ToCV está dissimulado em várias regiões produtoras causando a doença conhecida como amarelão do tomateiro. Baseado nisso, o objetivo do trabalho foi estudar a estrutura genética de populações ToCV, especificado na sequência nucleotídica completa da ORF2 que codifica a proteína p22, descrita como sendo uma supressora de silenciamento gênico. Amostras foliares de tomateiros (*Solanum lycopersicum*), exibindo sintoma de clorose internerval, foram coletadas nos anos de 2015 e 2016 em três estados: Goiás (GO), Paraná (PR) e Rio de Janeiro (RJ). O RNA total foi extraído de 66 amostras e a detecção de ToCV foi realizada por RT-PCR utilizando os primers ToC- 5 e ToC- 6. No total, 60 amostras foram PCR positivas (14/14 de GO, 18/24 do RJ e 28/28 do PR). Foram selecionados 10 isolados de cada estado e novos primers foram desenhados para amplificar a região genômica correspondente à p22. Os produtos de PCR foram ligados ao vetor pGEM-T e 28 clones foram obtidos. As sequências correspondentes as três subpopulações (GO, PR e RJ) foram analisadas utilizando o programa DnaSP. A diversidade nucleotídica para as subpopulações de GO, PR e RJ foram 0,00401, 0,00327 e 0,00229, respectivamente. Baseado nas análises de  $G_{st}$ , as subpopulações apresentam uma baixa diferenciação genética ( $G_{st}=0,0315$ ). Para as análises de pressão de seleção, valores de  $dN/dS < 1$  foram encontrados, indicando que uma seleção purificadora está atuando na p22 das populações. Portanto, as populações de ToCV do Brasil apresentam uma baixa variabilidade genética, se comparadas a de outros países. As subpopulações não são subdivididas de acordo com a localidade, mas constituem uma única população, sugerindo uma forte evidência de migração entre as regiões produtoras. Além disso, a seleção purificadora pode estar atuando na manutenção da sequência de aminoácidos da p22, conservando sua integridade e conseqüentemente o seu desempenho como supressora de silenciamento gênico.

Palavras-chave: *Crinivirus*; *Closteroviridae*; *Solanum lycopersicum*; ToCV.

---

<sup>1</sup>Informação do subsídio: FAPEG e CNPq.