



17 e 20 de setembro de 2012
Uberlândia-MG-Brasil

XXV Congreso de la Asociación Latinoamericana de la Papa - ALAP
XIV Encontro Nacional de Produção e Abastecimento de Batata - ENB

PROPRIEDADES BIOLÓGICAS E MOLECULARES DE ISOLADOS BRASILEIROS DE *POTATO VIRUS S (PVS)*

Santos, Bárbara A.¹, Figueira, Antonia R.¹, Ramalho, Thaís Oliveira¹, Geraldino-Duarte, Priscilla S¹.

¹Universidade Federal de Lavras, barbara.bioufla@gmail.com

Introdução

O *Potato virus S (PVS)* é um dos vírus mais importantes para a bataticultura e encontra-se amplamente distribuído no mundo. Pertencente à família *Flexiviridae* e ao gênero *Carlavirus*, o PVS possui uma partícula alongada, flexuosa de aproximadamente 610–710nm de comprimento, contendo ssRNA⁺ (Mackenzie et al., 1989; Lin, et al., 2009). O PVS possui duas estirpes: a estirpe comum (PVS⁰), que induz apenas lesões locais em plantas de *Chenopodium quinoa* e a estirpe andina (PVSA) que, ao contrário da comum, tem como principais características a capacidade de infectar sistemicamente essas plantas (Foster & Mills, 1992; Matousek et al., 2005), e de ser transmissível por afídeos (Rose, 1983; Slack, 1983). Assim sendo, a caracterização dos isolados de PVS presentes no Brasil, bem como sua indexação para estudos posteriores é de grande importância, visto que a identificação das estirpes presentes nos campos produtores do país é indispensável para subsidiar as medidas de controle adotadas. Além disso, o fato de o PVS não apresentar sintomas visíveis faz com que as plantas infectadas com o vírus sejam eficientes fontes de inóculo, além de disseminadoras silenciosas para lavouras de batata vizinhas. No presente trabalho foram analisados isolados de PVS detectados em lotes de sementes produzidos em Minas Gerais e São Paulo, com a finalidade de determinar as suas características biológicas e moleculares.

Materiais e Métodos

Os isolados foram detectados inicialmente por meio de teste sorológico DAS-ELISA e os tubérculos infectados foram depois plantados em casa de vegetação para multiplicação e estudo. O extrato foliar das plantas infectadas foi utilizado para inoculação mecânica em plantas de *C. quinoa*, que permaneceram em casa de vegetação até a avaliação final dos sintomas. Os isolados também foram caracterizados por meio da técnica de RT-PCR, com os primers específicos para cada estirpe do PVS (Ribeiro et al., 2007; Boohman et al. 2003). O gene da capa proteica dos isolados foi sequenciado e analisado com base na sequência de nucleotídeos e aminoácidos, utilizando os softwares BLAST e MEGA 5, e o alinhamento das sequências foi realizado pelo programa ClustalW.

Resultados e Discussão

Todos os 14 isolados estudados foram caracterizados como PVS⁰ após realização de inoculação em plantas indicadoras, sendo que estas apresentaram lesões locais cloróticas. No teste de RT-PCR, todos os isolados apresentaram resultado positivo apenas para os primers específicos para a estirpe comum; nenhuma banda foi observada quando se utilizaram os primers específicos para a estirpe andina. Tais resultados revelam a predominância do PVS⁰ nos campos de batata das principais regiões produtoras do país. Com base na análise das sequências obtidas, as porcentagens de identidade de nucleotídeos e aminoácidos variaram entre 70-100% e 80-99% respectivamente, quando comparados com outros isolados de PVS⁰ provenientes de diversas regiões do mundo também com o BB-AND, isolado detectado recentemente no Brasil, pertencente

à estirpe andina do PVS. Análises filogenéticas com base na sequência do gene na capa proteica revelaram grande variabilidade, sugerindo que outros isolados de outras regiões, bem como outras ORFs devem ser analisadas a fim de possibilitar a classificação do PVS em grupos menores. Os isolados brasileiros de PVS⁰ agruparam-se com o isolado dos Estados Unidos, formando um clado com os isolados americanos. Os resultados das análises filogenéticas estão de acordo com Foster (1991) e Cox & Jones (2010) que encontraram grande variabilidade nas sequências nucleotídicas do gene da capa proteica e da proteína 11K. Lin et al (2009) analisaram a sequência do gene da capa proteica de isolados norte americanos, e estes foram comparados com outras do banco de dados. Também foi constatada a grande variabilidade da sequência do gene da CP e o agrupamento dos isolados norte americanos em um único clado. Os resultados obtidos pela análise filogenética também indicaram uma inconsistência na classificação por genótipos proposta inicialmente por Cox & Jones (2010) e reformulada por Salari et al. (2011). De acordo com Salari et al. (2010), a estirpe comum do PVS pode ser dividida em 15 genótipos e a estirpe comum em três, com base na sequência do gene da CP. No entanto, a inclusão dos isolados brasileiros formou um novo clado, indicando que ainda são necessárias análises de outros isolados, principalmente provenientes de países onde o PVS tem sido pouco estudado, como no Brasil, para obter maiores informações que permitam embasar com mais consistência a classificação das estirpes e isolados do PVS.

Palavras-chave: *Potato virus S* (PVS); caracterização; capa proteica, RT-PCR.

Apoio: CNPq, FAPEMIG, CAPES.

Referências Bibliográficas:

BOONHAM, N. K. WALSH A, P. SMITH A, K. MADAGAN B, I. GRAHAM B, I. BARKER. Detection of potato viruses using microarray technology: towards a generic method for plant viral disease diagnosis. **Journal Virology Methods**, v.108, n.2, p.181-187, 2003.

COX, B.A.; JONES, R.A.C. Genetic variability in the coat protein gene of *Potato virus S* isolates and distinguishing its biologically distinct strains. **Achieves of virology** v. 155, p. 1163-1169, mai 2010.

FOSTER, G.D. Molecular variation between ordinary and Andean strain of *Potato virus S*. Mini-Review. **Research in Virology**, Paris, n.142, p.413-416, 1991.

FOSTER, G.D.; MILLS, P.R. The 3'-nucleotide sequence of an ordinary strain of *Potato virus S*. Botany Department, University of Leicester, UK. **Virus Genes**, v.6, n.3, p.213-320, ago. 1992.

LIN, Y.H.; DRUFFEL K.L.; WHITWORTH, J.; PAVEK, M.J.; PAPPU, H.R. Molecular characterization of two potato virus S isolates from late blight resistant genotypes of potato (*Solanum tuberosum*). **Archives of Virology** v.154, n.11, p.1861–1863, nov. 2009

MACKENZIE, D.J.; TREMAINE, J.H.; STACE-SMITH, R. Organization and interviral homologies of the 3'-terminal portion of *Potato virus S* RNA. **Journal of General Virology**, v.70, p.1053-1063, 1989.

MATOUSEK, J.; SCHUBERT, J.; PTACEK, J.; KOZLOVA, DEDIC, P.; et al. Complete nucleotide sequence and molecular probing of *Potato virus S* genome. **Acta Virologica**, v.49, n.3, p.195-205, 2005.

RIBEIRO, S. R. R. P. Caracterização de isolados de *Potato virus S* (PVS) no Brasil e seu efeito na produção de batata. 2007. 108 p. Tese (Doutorado em Fitopatologia) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2007.

ROSE, D.G. Some properties of an unusual isolate of *Potato virus S*. **Potato Research**, v.26, p.49-62, 1983.

SALARI, K.; MASSUMI, H.; HEYDARNEJAD, J.; POUR, A.H.; VARSANI, A. Analysis of Iranian *Potato virus S* isolates. **Virus Genes** v.43, n.2, p.281-288, out. 2011.

SLACK, S. A. Identification of an isolate of the Andean strain of *Potato virus S* in North America. **Plant Disease**, v.67, n.7, p.786-789, jul. 1983.