



VIROLOGIA

835

Caracterização da proteína supressora de silenciamento gênico (NSs) do *Zucchini lethal chlorosis virus* (ZLCV): análise de identidade e filogenia entre espécies do gênero *Tospovirus*

(Characterization of suppressor protein gene silencing (NSs) of *Zucchini lethal chlorosis virus* (ZLCV): analysis of identity and phylogeny among *Tospovirus* species)

Leastro, M.O.¹; Oliveira, A.S.²; Lima, M.F.³; Resende, R.O.⁴

^{1,2,4} Universidade de Brasília-UnB, Embrapa hortalças³. E-mail: m.leastro@gmail.com

Uma forma pela qual os vírus conseguem burlar o mecanismo de silenciamento gênico é através da ação de proteínas virais denominadas supressoras de silenciamento gênico, as quais possibilitam uma atuação patogênica mais eficaz. No gênero *Tospovirus*, a ORF codificadora da proteína (NSs) localiza-se no segmento S e sua função está associada à supressão de mecanismos do silenciamento gênico, através do sequestro de siRNAs. Até o momento, a maioria das proteínas NSs de espécies de *Tospovirus* do grupo Americano já foram sequenciadas, faltando, no entanto, a caracterização da NSs de espécies biologicamente divergentes. Este estudo visou à caracterização da proteína NSs de ZLCV, e sua análise taxonômica com outras espécies do gênero. Para a amplificação do gene, utilizou-se a combinação de 4 primers. A filogenia das espécies do gênero foi analisada, utilizando o software Clustal W para o alinhamento múltiplo das sequências. A análise de identidade e a árvore filogenética foram desenvolvidas com o auxílio da ferramenta DNAMAN. Com o resultado obtido mediante a análise da árvore filogenética, observou-se o agrupamento das espécies virais em dois grupos distintos, Americano e Euro-Asiático. Esta dicotomia observada para a proteína NSs corrobora a filogenia obtida com base nas proteínas do nucleocapsídeo viral, proteínas de movimento e as glicoproteínas. As análises comparativas indicam que a proteína NSs seguiu processo evolutivo semelhante as demais proteínas virais e que, portanto, pode ser utilizada como um fator adicional na taxonomia de *Tospovirus*.