



2º WORKSHOP

Melhoramento Vegetal

Contribuições, Avanços e Perspectivas para o Cerrado Brasileiro
- 14 a 16 de junho de 2016 | Campo Grande, MS -

Caracterização de novas espécies virais infectando plantas forrageiras no Brasil e reação de genótipos de *Panicum maximum* à virose

SILVA, K. N. (1); SOUZA, J. M. (1); MELO, F. L. (1); NAGATA, T. (1); SILVA, M. S. (2); ORILIO, A. F. (1); FERNANDES, C. D. (4); JANK, L. (4); SANTOS, M. F. (4); VERZIGNASSI, J. R. (4); FRAGOSO, R. R. (3); DESSAUNE, S. N. (3); RESENDE, R. O. (1)*

(1) Dept. De Biologia Celular – Universidade de Brasília

(2) Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

(3) Embrapa Cerrados

(4) Embrapa Gado de Corte

*Autor para correspondência: rresende@unb.br

Em área experimental da Embrapa Gado de Corte, Campo Grande-MS, genótipos de espécies de *Panicum*, *Brachiaria* e *Stylosanthes* têm exibido sintomas típicos de infecção viral, como mosaico nas folhas e redução do crescimento da parte aérea, cuja etiologia ainda não estava esclarecida. Fontes de resistência são as principais formas de controle da doença. Objetivou-se, neste trabalho, identificar o(s) vírus agente(s) da doença, bem como fontes de resistência de *P. maximum* à mesma. Folhas sintomáticas foram maceradas em tampão PBS e o extrato foliar foi centrifugado e filtrado. O RNA viral foi extraído utilizando-se RNeasy Mini Kit, de acordo com as instruções do fabricante. As amostras de RNA foram concentradas e sequenciadas na Macrogen inc. (Korea) usando-se a tecnologia Illumina HiSeq de 2000. Obtiveram-se cerca de 48 milhões de sequências, que foram processadas e montadas “de novo” usando-se CLC Genomics Workbench 7.0. Os contigs obtidos foram submetidos ao programa Blastx contra o banco de dados Viral RefSeq e selecionando-se os contigs relacionados a vírus de plantas. Identificaram-se os genomas completos de vírus de algumas famílias de fitovírus: Potyviridae, Secoviridae e Tymoviridae. Entre Potyviridae, identificaram-se contigs relacionadas com o Johnsongrass mosaic virus (JGMV) e dois genomas altamente divergentes relacionadas com Rose yellow mosaic and Blackberry virus Y, o que provavelmente constituem dois novos gêneros dentro da família Potyviridae. Em condições de campo, 1044 híbridos de *P. maximum*, oriundos de nove diferentes cruzamentos, avaliaram-se a severidade do mosaico, sendo possível agrupar genótipos em categorias altamente resistente, intermediária e suscetíveis.

Palavras chaves: gramíneas, forrageiras, estilósantes, diversidade viral, genoma, filogenia

Apoio financeiro: CNPq /Rede Pro-Centro-Oeste, FUNDECT-MS, FAP-DF, CAPES e UNIPASTO.

Realização:



Patrocínio:



Promoção:

