

Estudo da variabilidade genética do gene da proteína de movimento de isolados de *Apple chlorotic leaf spot virus* (ACLSV) de ameixeiras e macieiras

Daiana Luisa Stein¹; Osmar Nickel²; Thor Vinícius Martins Fajardo²; Marcos F. Vanni²

A infecção pelo *Apple chlorotic leaf spot virus* (ACLSV) ocorre, geralmente, de forma assintomática na maioria das cultivares comerciais de macieiras, pereiras, nectarineiras, cerejeiras e ameixeiras. Em outras cvs., isolados do vírus causam sintomas severos e o impacto econômico das doenças provocadas é substancial. O uso de material propagativo infectado é a única forma conhecida de disseminação da doença. A proteína de movimento (MP) do ACLSV, similarmente a um grande número de vírus de plantas, pertence ao grande grupo de proteínas da superfamília “30K”. Elas possuem atividade não específica de ligação a RNA, formando complexos RNA-MP que se movem entre células adjacentes. O trabalho tem como objetivo a caracterização molecular de genes da proteína de movimento (MP) de isolados de ACLSV do Brasil, visando subsídios ao diagnóstico específico. A extração de RNA total foi feita pelo método de adsorção em dióxido de silício de amostras de macieiras (cvs. Nova Easygro, Cripps Pink, Red Delicious e Golden Delicious) e da ameixeira Poli Rosa. O desenho dos iniciadores se deu com base em estudo *in silico* de sequências do gene de MP depositadas no GenBank, incluindo análise comparativa com dezesseis sequências do genoma completo do ACLSV, alinhadas no *software CLC Sequence Viewer* (QIAGEN). As posições dos iniciadores senso (posição 5717-5741) 5'-GAT GGC GAT GAT AAG GGG TCA C-3' e antisenso (posição 7086-7103) 5'-GCC TCA CAC ACC TGG CGG-3', referem-se à sequência tipo NC_001409. As sequências do gene de MP de isolados do GenBank foram analisadas, observando-se alta variabilidade de aminoácidos na região C-terminal (340-458). Domínios essenciais para o movimento do complexo RNA-MP entre as células têm baixa variação, em especial os motivos conservados G⁸⁸ (Glicina) e D¹¹² (Aspartato). A maior distância genética observada entre as sequências traduzidas foi de 0,1906 (número de substituições por sítio). Os fragmentos amplificados de 5 isolados brasileiros estão sendo sequenciados e suas características moleculares serão analisadas comparativamente às sequências da base de dados.

Financiamento: Embrapa Uva e Vinho, proj. nº 03.13.05.007

¹ Graduanda em Engenharia de Bioprocessos e Biotecnologia, Universidade Estadual do Rio Grande do Sul - UERGS, Bento Gonçalves, RS. Bolsista de Iniciação Científica PIBIC CNPq. E-mail: daiana.lstein@hotmail.com

² Pesquisadores da Embrapa Uva e Vinho, Caixa Postal 130, CEP 95701-008, Bento Gonçalves, RS. E-mails: osmar.nickel@embrapa.br, thor.fajardo@embrapa.br