

E. Ciências Agrárias - 1. Agronomia - 3. Fitossanidade

DIVERSIDADE GENÉTICA DO Cassava vein mosaic virus - CSVMV PRESENTE NO GERMOPLASMA DE MANDIOCA DO SEMI-ÁRIDO.

Karina Vieira Chiacchio Velame ¹

Eduardo Chumbinho de Andrade ²

Alfredo Augusto Cunha Alves ³

Adriana Fiuza dos Santos ⁴

1. Bolsista ITEC -2 FAPESB
2. Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical
3. Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical
4. Universidade Federal do Recôncavo da Bahia

INTRODUÇÃO:

A mandioca *Manihot esculenta* Crantz uma das principais fontes de energia na dieta dos países tropicais. Propagada de maneira vegetativa, utilizando-se pequenos segmentos do caule, chamado de manivas, tem a vantagem de não gerar custos ao produtor, em contrapartida, facilita a disseminação ou a introdução de viroses em áreas de plantio. A utilização de manivas infectadas irá gerar plantas diminuídas com menor desempenho a cada ciclo de produção.

Na cultura da mandioca, os vírus de maior importância no Brasil são do mosaico das nervuras- *Cassava vein mosaic virus*, - CsVMV; o vírus do mosaico comum *Cassava common mosaic virus*, CsCMV. Na região semi árida do Brasil há a prevalência do CSVMV, frequentemente alcançando incidência elevada em áreas de plantio, inclusive entre os acessos Banco Ativo de Germoplasma - BAG da Embrapa Semi árido - CPATSA. O objetivo deste trabalho foi avaliar o grau de diversidade genética dos isolados de CsVMV identificados nos acessos contaminados do BAG do CPATSA.

METODOLOGIA:

Para avaliar a diversidade genética do CsMVV nos acessos foi utilizado a técnica de PCR com Polimorfismo do Tamanho do Fragmento de Restrição (PCR-RFLP). O DNA foi extraído por meio da maceração das amostras foliares em 500 µL de tampão de extração, seguido por uma limpeza com clorofórmio, precipitação do DNA pela adição de 0,7V de isopropanol e ressuspensão em água. Este DNA foi utilizado para a amplificação de um fragmento do genoma viral PCR utilizando-se oligonucleotídeos específicos para o CsVMV, que possibilitam a amplificação de um fragmento de aproximadamente 750 pb. Em seguida o fragmento foi incubado com a enzima de restrição, Taq I e o produto desta reação foi separado em gel de agarose. Os isolados foram agrupados de acordo com o padrão de restrição observado.

RESULTADOS:

O BAG do CPATSA conta com 375 acessos, dos quais 135 se encontram contaminados com o CsVMV, estando os acessos infectados distribuídos de forma agrupada dentro das linhas de plantio. A análise destes isolados por PCR-RFLP agrupou-os em quatro padrões de restrição distintos, denominados grupos 1 a 4, evidenciando a variabilidade dentro desta população viral. Dos acessos contaminados, 72 apresentavam-se infectados pelos isolados do grupo 2, e 4 com isolados do grupo 4, e o restante dos acessos apresentaram prevalência similar entre isolados dos grupos 1 e 3. A distribuição espacial dos grupos de isolados dentro do BAG segue o padrão agregado, com acessos próximos estando infectados pelo mesmo grupo. A variabilidade genética entre a população viral é esperada, por que estes isolados devem ter sido introduzidos no BAG através dos acessos que foram coletados em

diferentes regiões. Existem algumas hipóteses que podem explicar a maior prevalência de isolados do grupo 2 entre os acessos contaminados. Os isolados do grupo 2 sejam mais prevalentes ou estejam a mais tempo no campo e por isso tenham sido introduzidos no BAG por um número maior de acessos contaminados, ou que possuam uma maior facilidade de transmissão por instrumentos de corte forma de transmissão do vírus.

CONCLUSÃO:

A variabilidade genética entre a população viral é esperada, por que estes isolados geralmente são introduzidos através de material propagativa obtidos pela coleta em diferentes regiões. O dado interessante é a tendência dos isolados do mesmo grupo estarem presentes em acessos localizados próximo entre si, padrão que é favorecido pela utilização das ferramentas de corte utilizadas para o corte e plantio dos acessos durante a renovação anual do BAG.

Instituição de Fomento: EMBRAPA, FAPESB.

Palavras-chave: Manihot esculenta, Diversidade genética, Vírus.