



VÍRUS TRANSMITIDOS POR ÁCAROS BREVIPALPUS EM ORNAMENTAIS: IDENTIFICAÇÃO DE UMA NOVA ESTIRPE DE CLERODENDRUM LEAF SPOT VIRUS EM UMA NOVA HOSPEDEIRA

Giovana Silva dos **Santos**¹; Pedro Luis **Ramos-González**²; Camila **Chabi-Jesus**³; Laura Rossetto **Pereira**⁴; Juliana Freitas **Astua**⁵

Nº 22813

RESUMO – O Brasil é um grande produtor e exportador de produtos agrícolas. Em consequência, as pragas e doenças que atingem às culturas são um obstáculo para o desenvolvimento e sustentabilidade do agronegócio. Dentre as doenças, aquelas causadas pelos vírus transmitidos por ácaros *Brevipalpus* (VTB) são relevantes porque infectam culturas altamente valorizadas como citros, café e maracujá, e ornamentais. A presença de VTB em plantas de várias espécies de ornamentais com lesões cloróticas e/ou necróticas foram avaliadas mediante RT-PCR e 19 jogos de iniciadores específicos ou degenerados. Os genomas dos cilevirus passion fruit green spot virus e *Solanum violifolium* ringspot virus, e dos dichorhavirus orchid fleck virus e clerodendrum chlorotic spot virus foi detectada em várias espécies de orquídeas coletadas em Piracicaba, SP. Entretanto, na planta de *Alocasia* sp., coletada em São José do Preto, SP, foram detectados fragmentos de 595, 590, 639 e 568 pb, com iniciadores específicos para *Clerodendrum leaf spot virus* (CILSV), vírus de uma espécie tentativa de dichorhavirus. Os amplicons de CILSV isolado *Alocasia* (dois do RNA1, genes N e G, e dois do RNA2, gene L) foram purificados, clonados no vetor pGEM T easys e dois clones de cada um foram sequenciados pelo método de Sanger. Os alinhamento e comparação das sequências permitiram reconhecer que CILSV_*Alocasia* possui > 95% de identidade nucleotídica com os isolados previamente identificados nas ornamentais clerodendro (*Clerodendrum* sp.), camarão amarelo (*Pachystachys lutea*) e hibisco (*Hibiscus rosa-sinensis*). O genoma do novo isolado engrossará os estudos de filogenia, caracterização da epidemiologia de CILSV.

Palavras-chaves: *Brevipalpus*, VTBs, dichorhavirus, *Alocasia* sp., ornamentais.

1 Bolsista CNPq (PIBIC): Graduação em Ciências biológicas, Anhembí Morumbi, São Paulo-SP; gikaj160@outlook.com

2 Orientador: URL Biologia Molecular Avançada. Instituto Biológico, São Paulo, SP. Av. Conselheiro Rodrigues Alves, 1252, Vila Mariana, São Paulo, SP, CEP 04014-900; plrg1970@gmail.com

3 Colaborador: Bolsista FAPESP: ESALQ, Piracicaba, SP.

4 Colaborador: Instituto Biológico. São Paulo, SP.

5 Colaborador: Embrapa Mandioca e Fruticultura, Cruz das Almas, BA.

ABSTRACT – Brazil is a large producer and exporter of agricultural products. Consequently, the pests and diseases that affect crops are an obstacle to the development and sustainability of agribusiness. Among the diseases, those caused by viruses transmitted by *Brevipalpus* mites (VTB) are relevant because they infect highly valued crops such as citrus, coffee and passion fruit, and ornamentals. The presence of VTB in plants of several ornamental species with chlorotic and/or necrotic lesions was evaluated by RT-PCR and 19 specific or degenerate primer sets. The genomes of the cileviruses passion fruit green spot virus and solanum violifolium ringspot virus, and of the dichorhavirus orchid fleck virus and clerodendrum chlorotic spot virus were detected in several orchid species collected in Piracicaba, SP. However, in the plant of *Alocasia* sp. collected in São José do Preto, SP, fragments of 595, 590, 639, and 568 bp were detected, with specific primers for *Clerodendrum* leaf spot virus (CILSV), a virus of a tentative dichorhavirus species. Amplicons of CILSV isolate *Alocasia* (two from RNA1, genes N and G, and two from RNA2, gen L) were purified, cloned into the pGEM T easy vector, and two clones of each were sequenced by the Sanger method. Alignment and sequence comparison allowed us to recognize that CILSV_*Alocasia* has > 95% nucleotide identity with isolates previously identified in the ornamental plants *clerodendron* (*Clerodendrum* sp.), golden shrimp (*Pachystachys lutea*), and hibiscus (*Hibiscus rosa-sinensis*). The genome of the new isolate will enhance the phylogeny, characterization, and epidemiology studies of CILSV.

Keywords: *Brevipalpus*-transmitted viruses, ornamentals, dichorhavirus, *Alocasia* sp;