



ESTRUTURA DAS COMUNIDADES DE AFÍDEOS VETORES DE VÍRUS EM CULTIVOS DE BRÁSSICAS

Mikaelle Alves de **Sousa**¹; Cátia Jacira Martins de Moura²; Marcelo **Eiras**³; Alexandre Levi Rodrigues **Chaves**⁴

Nº 22829

RESUMO – Levantamentos em municípios produtores de brássicas do Estado de São Paulo constataram a ocorrência generalizada do cauliflower mosaic virus (CaMV), cole latent virus (CoLV) e turnip mosaic virus (TuMV), o relato do turnip yellows virus (TuYV) no Brasil e a descrição de uma nova espécie denominada cole mild mosaic virus (CoMMV). A dispersão desses vírus é realizada por afídeos, sendo o CaMV, CoLV, CoMMV e TuMV transmitidos de maneira não circulativa e o TuYV de maneira circulativa. Diante desses fatos, estudos da riqueza e frequência da afidofauna e sua influência na dispersão dos vírus foram conduzidos em áreas de produção de brássicas nos municípios de Biritiba Mirim e Ibiúna (SP). Para tanto, entre os anos de 2019 a 2021, amostragens quinzenais de plantas invasoras foram realizadas em transectos fixos estabelecidos às margens das áreas de produção. Constatou-se que doze espécies de plantas invasoras, das famílias Asteraceae, Brassicaceae, Fabaceae e Solanaceae estavam relacionadas com a manutenção das colônias de afídeos. A afidofauna, de ambas as áreas, caracterizou-se pela baixa diversidade. As espécies polífagas (*Aphis fabae*, *A. gossypii*, *A. craccivora*, *A. nasturtii*, *Macrosiphum euphorbiae* e *Myzus persicae*) corresponderam a 55% da afidofauna e as espécies oligófagas (*Brevicoryne brassicae*, *Lipaphis erysimi*, *Hyperomyzus lactucae* e *Uroleucon ambrosiae*) aos 45% restantes. Todas as espécies de afídeos comportaram-se como comuns ou intermediárias. Considerando o hábito alimentar e a maneira de transmissão, foi possível inferir que as espécies polífagas foram responsáveis dispersão do CaMV, CoLV, CoMMV e TuMV e as espécies oligófagas pela dispersão do TuYV.

Palavras-chaves: Epidemiologia, Carlavirus, Caulimovirus, Polerovirus, Potyvirus.

Financiamento: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP, Proc. 2018/17287-4)

1 Autor, Bolsista (PIBIC): Graduação em Biologia, Universidade Santo Amaro, São Paulo-SP; desousamikaelle@gmail.com

2 Colaborador, Doutorando do Programa de Pós-Graduação do Instituto Biológico, São Paulo-SP.

3 Colaborador, Pesquisador do Centro de Pesquisa de Sanidade Vegetal do Instituto Biológico, São Paulo-SP.

4 Orientador, Pesquisador do Centro de Pesquisa de Sanidade Vegetal do Instituto Biológico, São Paulo-SP; alexandre.chaves@sp.gov.br



ABSTRACT – Surveys in brassica producing municipalities in the State of São Paulo found the widespread occurrence of cauliflower mosaic virus (CaMV), cole latent virus (CoLV) and turnip mosaic virus (TuMV), the report of the turnip yellows virus (TuYV) in Brazil and the description of a new species named cole mild mosaic virus (CoMMV). The spread of these viruses is carried by aphids, with CaMV, CoLV, CoMMV and TuMV transmitted in a non-circulative manner and TuYV transmitted in a circulative manner. In view of these facts, studies on the richness and frequency of the aphid fauna and its influence on the dispersion of the viruses were carried out in brassica fields in the municipalities of Biritiba Mirim and Ibiúna (SP). Thus, in the period of 2019 and 2020, samples every fifteen days of weeds was carried out in fixed transects established on the margins the brassicas fields. Twelve weeds species the Asteraceae, Brassicaceae, Fabaceae and Solanaceae families were found to be related to the maintenance of aphids colonies. The aphid fauna in both areas was characterized by low diversity. Polyphagous species (*Aphis fabae*, *A. gossypii*, *A. craccivora*, *A. nasturtii*, *Macrosiphum euphorbiae* and *Myzus persicae*) accounted for 55% of the aphid fauna and oligophagous species (*Brevicoryne brassicae*, *Lipaphis erysimi*, *Hyperomyzus lactucae* and *Uroleucon ambrosiae*) at 45 % remaining. All aphid species behaved as common or intermediate. Considering the feeding habits and the way of transmission, it was possible to infer that the polyphagous species were responsible for the spread of CaMV, CoLV, CoMMV and TuMV and the oligophagous species for the spread of TuYV.

Keywords: Epidemiology, Carlavirus, Caulimovirus, Polerovirus, Potyvirus

Financial support: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP, Proc. 2018/17287-4)

1 Author, Scholarship (PIBIC): Universidade Santo Amaro, São Paulo-SP; desousamikaelle@gmail.com.

2 Collaborator, Doctor Student, Programa de Pós-Graduação do Instituto Biológico, São Paulo-SP.

3 Collaborator, Researcher, Centro de Pesquisa de Sanidade Vegetal do Instituto Biológico, São Paulo-SP.

4Advisor, Researcher, Centro de Pesquisa de Sanidade Vegetal do Instituto Biológico, São Paulo-SP; alexandre.chaves@sp.gov.br.