

II SIMPÓSIO EM PROTEÇÃO DE PLANTAS

Campus de Engenharias e de Ciências Agrárias

Rio Largo, Alagoas

10 e 11 de março de 2020



DETECÇÃO DE BADNAVÍRUS EM GENÓTIPOS DE CANA-DE-AÇÚCAR DO BANCO DE GERMOPLASMA DA SERRA DO OURO, MURICI-AL

Mayara Oliveira de Lima¹; Lívia Francayne Gomes Chaves²; Lucas Marques Menezes³; Mayra Machado de Medeiros Ferro⁴; Sarah Jacqueline Cavalcanti da Silva⁵; Iraildes Pereira Assunção⁶; Gaus Silvestre de Andrade Lima⁷

*Departamento de Fitopatologia, Universidade Federal de Alagoas, Alagoas, Brasil; E-mails: ¹mayaralima1811@gmail.com; ²liviagomezz@gmail.com; ⁴mayra.ferro@hotmail.com; ⁵sarah.silva@ceca.ufal.br; ⁶iraildes.assuncao@ceca.ufal.br; ⁷gausandrade@yahoo.com.br

RESUMO

O Brasil é o maior produtor e exportador de açúcar do mundo, para isso o banco de germoplasma do Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar (PMGCA/CECA/UFAL) tem sido primordial para o desenvolvimento de dezenas de variedades que ocupam mais de 65% da área de cultivo do país. Em 2015, estudos mostraram a presença de vírus do gênero *Badnavirus* ocorrendo em genótipos deste banco de germoplasma. O objetivo do presente estudo foi verificar a incidência e caracterizar espécies de badnavírus presentes no banco de germoplasma do PMGCA/CECA/UFAL. DNA total foi extraído, a partir de 60 genótipos de cana-de-açúcar, e utilizado como molde para amplificação da região RT/RNaseH por PCR. Posteriormente, os produtos foram diretamente sequenciados. As sequências foram montadas no programa CodonCode Aligner e alinhadas na ferramenta MUSCLE disponível no programa MEGA 7.0. Para determinação do posicionamento taxonômico foram feitas comparações pareadas utilizando o programa *Sequence Demarcation Tool* e construída uma árvore filogenética de Máxima Verossimilhança (ML). Os resultados indicaram que 36,94% dos genótipos avaliados estavam infectados com badnavírus, sendo 15,21% em *Saccharum* sp. e 21,73% em *Saccharum spontaneum*. Com base nos critérios taxonômicos do ICTV, na análise de comparações pareadas e filogenia foi possível identificar 5 espécies de badnavírus: *Sugarcane bacilliform BB virus* (SCBBBV), *Sugarcane bacilliform BRU virus* (SCBBRUV), *Sugarcane bacilliform BT virus* (SCBBTV), *Sugarcane bacilliform virus Clone 10* (SCBV-Clone 10) e *Banana streak OL virus* (BSOLV), além de duas prováveis novas espécies representadas pelos isolados CHC10 e CH-C11, as quais foram mais intimamente relacionadas com a espécie *Banana streak UA virus* (BSUAV) que infecta banana. O trabalho revelou ainda, uma alta incidência e diversidade de badnavírus nos genótipos de cana-de-açúcar no banco de germoplasma e suscetibilidade da espécie *S. spontaneum* a estes vírus, representando uma ameaça para a produção e coleção de germoplasma de cana-de-açúcar.

PALAVRAS-CHAVE: *Caulimoviridae*; Diversidade genética; *Saccharum* sp.

APOIO: CAPES/FAPEAL