



## DIVERSIDADE E VARIABILIDADE DE BEGOMOVÍRUS EM *Sida acuta*

Oliveira, P.G.S.; Zerbini<sup>1</sup>, F.M.; Silva<sup>1</sup>, J.P.

<sup>1</sup>Laboratório de Ecologia e Evolução de Vírus, Departamento de Fitopatologia, Universidade Federal de Viçosa

Palavras-chave: begomovírus, *Sida acuta*, geminiviridae

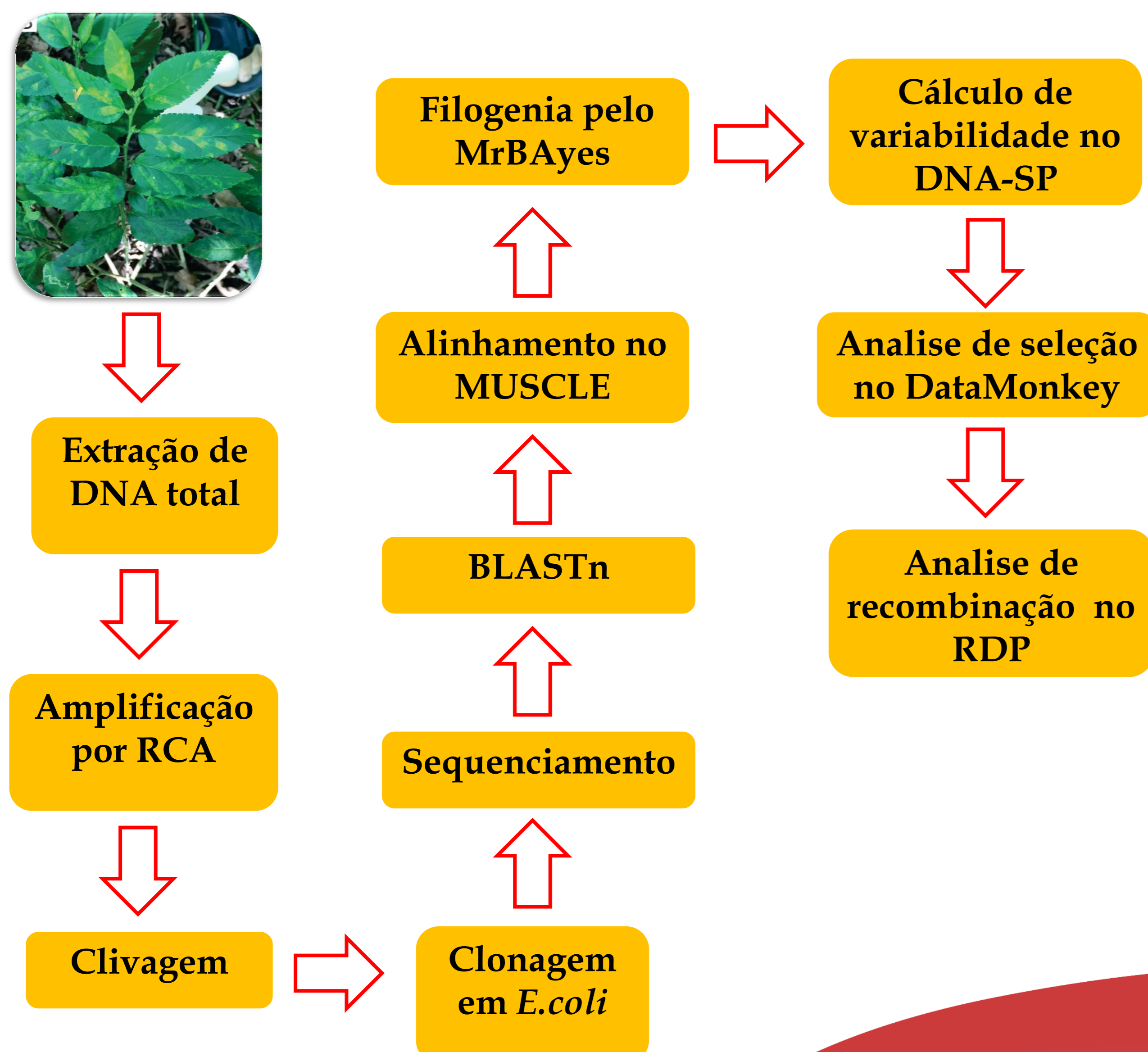
### Introdução

Os begomovírus pertencentes a família *Geminiviridae*, são vírus de plantas que são transmitidos pelo inseto vetor do complexo de espécies *Bemisia tabaci*, e tem grande relevância na agricultura. Possuem um capsídeo icosaédrico geminado constituinte de uma única proteína estrutural e um genoma de DNA circular de fita simples. Os begomovírus divididos em 2 grupos: os de Velho Mundo (VM) caracterizado geralmente por apresentar um DNA monossegmentado, e os de Novo Mundo (NM) com genoma bissegmentado, os componentes DNA-A e DNA-B. Plantas não-cultivadas são reconhecidas como reservatórios de biodiversidade viral, e contribuem como fonte de inóculo para hospedeiros cultivados.

### Objetivos

O objetivo desse estudo foi avaliar a diversidade e a variabilidade genética de begomovírus na *Sida acuta* de modo exploratório em uma pequena área pouco antropizada.

### Material e Métodos



### Resultados e Discussão

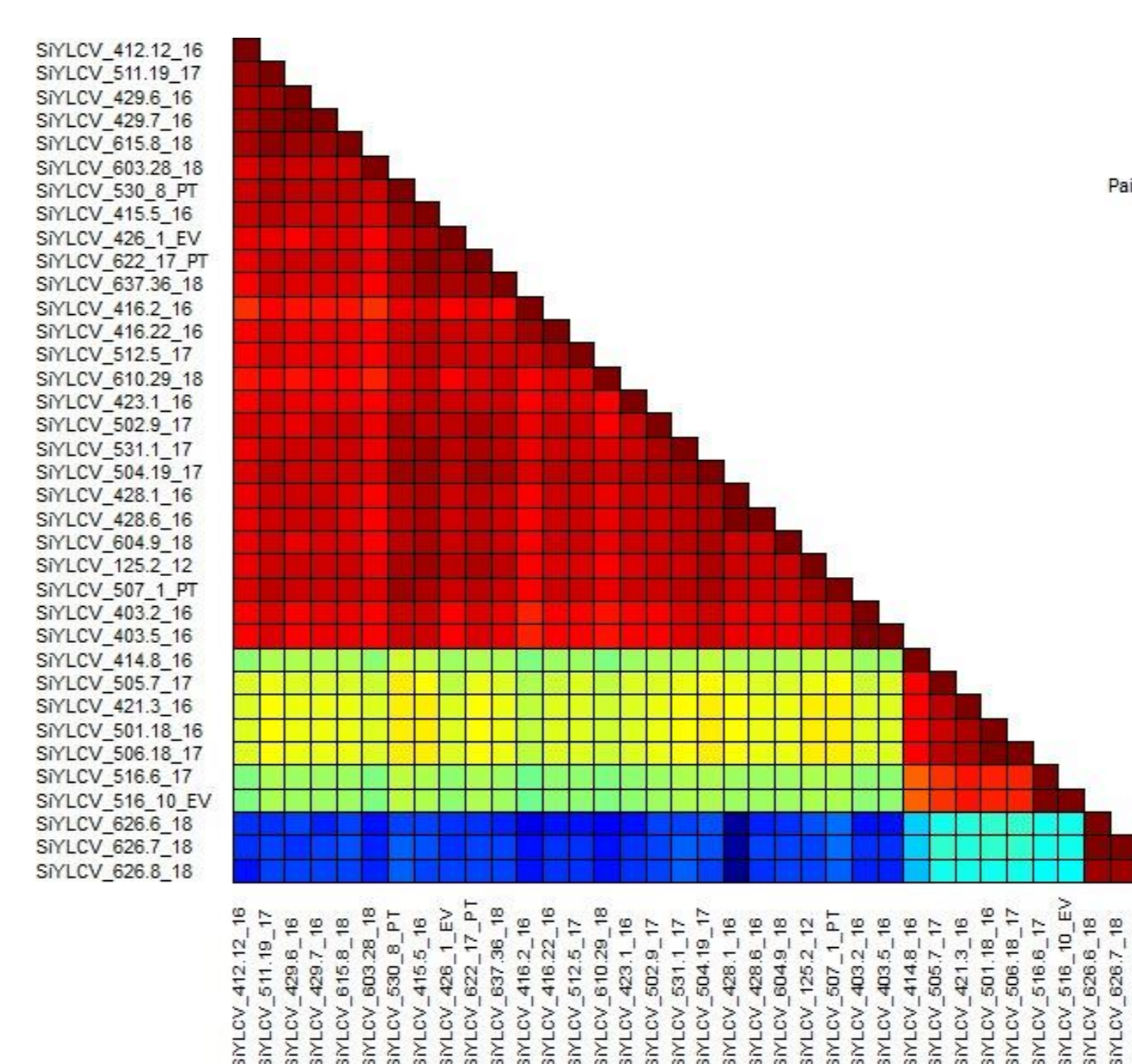
#### Número de clones

SiYLCV I	SiYLCV II	SiYLCV III	Total
26	7	3	36

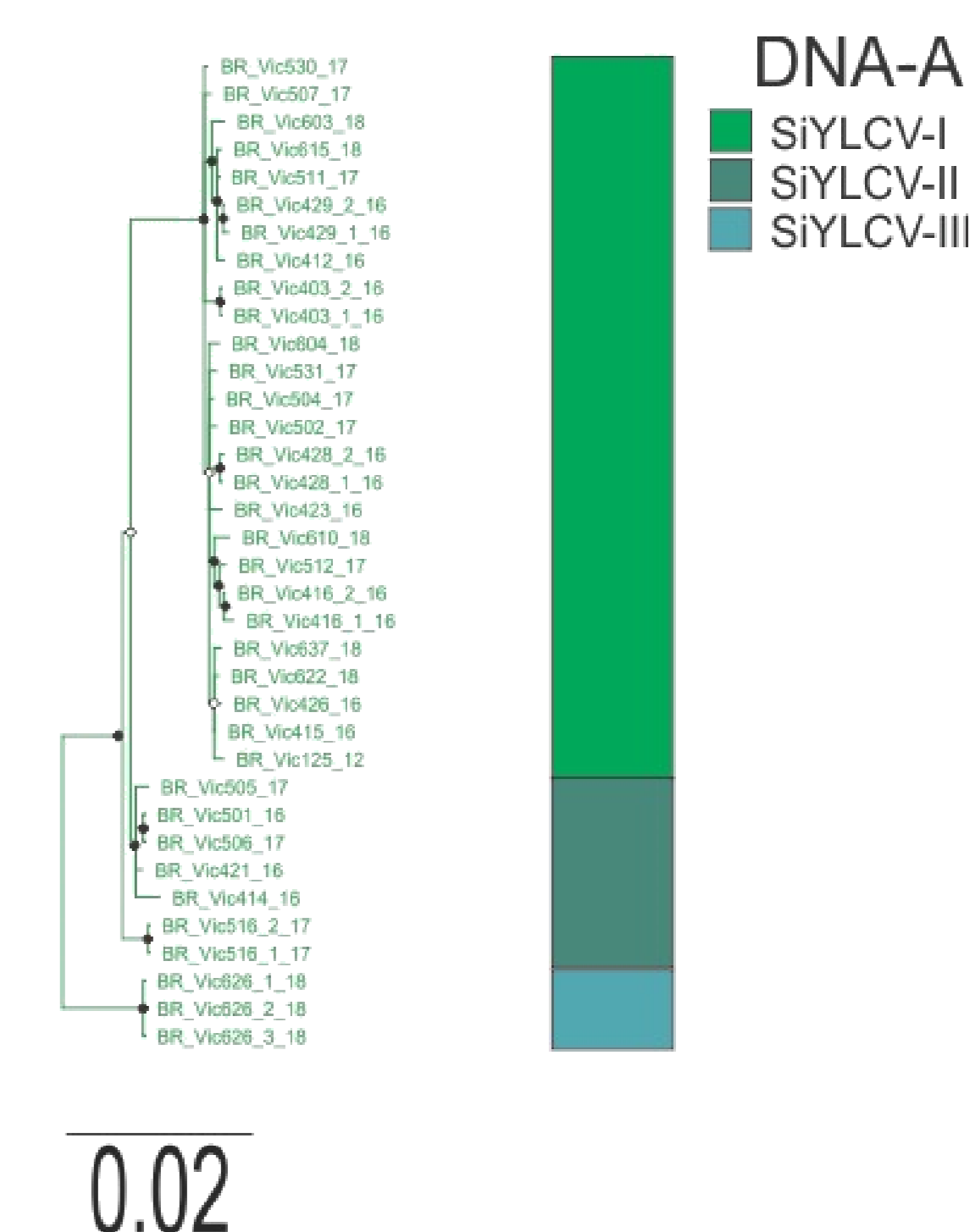
#### Análise de variabilidade

Population	N	H	Hd	$\pi$
SiYLCV	36	29	0,987	0,00917

#### Identidade entre as variantes



#### Filogenia de SiYLCV e suas variantes



### Conclusões

Conclui-se que mesmo em uma pequena área as populações virais se apresentam como complexos compostos por variantes distintas, apesar de baixa variabilidade genética em SiYLCV.

### Bibliografia

- SILVA, J.P. Evolution of a DNA virus in the natural environment - a journey through time. Dissertação, 2020 – Departamento de Fitopatologia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa MG.

### Agradecimentos