

COMUNICAÇÕES

Caracterização parcial de um begomovírus de mussambê proveniente do estado de Pernambuco

Andréa Félix Listik¹; Márcia da Silva Barros¹; Sarah Cavalante da Silva¹; Iraildes Pereira Assunção¹; Maria do Carmo do Carmo Pereira de Lira²; Gaus de Andrade Lima^{3*}

¹Departamento de Fitotecnia e Fitossanidade, Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Alagoas, CEP. 57100-000, Rio Largo, AL.; ²Universidade Federal Rural de Pernambuco. CEP 52171-900. Recife, PE, CEP 52171-900.; ³Departamento de Botânica, Centro de Ciências Biológicas, CEP. 57100-000, Maceió, AL.; *Autor para correspondência: Gaus de Andrade Lima e-mail: gausandrade@yahoo.com.br.

1230

Plantas de mussambê (*Cleome affinis* L.), uma invasora de culturas agrícolas e de terrenos baldios, pertencente à família Capparaceae, foram observadas apresentando mosaico amarelo (Figura 1), em Recife-PE, em novembro de 2002. Algumas plantas sintomáticas e uma planta sadia foram coletadas e encaminhadas ao Laboratório de Fitopatologia da Universidade Federal de Alagoas. A partir de tecidos jovens dessas plantas foi extraído DNA, utilizando-se o protocolo de Dellaporta et al. (Plant Mol. Biol. Rep. 1:19-21, 1983). Cerca de 30 ng do DNA extraído foi utilizado como molde em PCR's, contendo os pares de primers PAL1v1978 e parC496 ou PBL1v2040 e PCRc1 que direcionam a amplificação de regiões de aproximadamente 1,2 kb do DNA-A e 0,6 kb do DNA-B, do genoma dos Begomovírus, respectivamente (Rojas et al. Plant Dis. 77:340, 1993).

Fragmentos de tamanho esperado (provenientes do DNA-A e do DNA-B) foram amplificados apenas a partir do DNA total extraído de plantas sintomáticas, confirmando a infecção por Begomovírus. O fragmento amplificado a partir do DNA-A foi ligado ao vetor pKS, o qual foi transferido para *Escherichia coli* DH-5 ζ , por meio de choque térmico. A seqüência da extremidade 5' do fragmento clonado (412 nucleotídeos) foi determinada (DQ 306265) e comparada com seqüências depositadas no GenBank, utilizando-se o programa Blastn. Os maiores valores de identidades foram obtidos com outros Begomovirus encontrados infectando plantas invasoras, como o *Sida golden mosaic Florida virus* (SGMFV) (88 %), o *Wissadula golden mosaic geminivirus* (87 %) (WGMG) e o *Jatropha mosaic geminivirus* (JMoV) (87 %).

Os resultados sugerem que o isolado estudado pode ser uma nova espécie, uma vez que sua identidade com outros Begomovírus foi inferior a 90%, valor considerado limite para isolados de uma mesma



Figura 1. Planta de mussambê apresentando mosaico amarelo em decorrência da infecção por Begomovírus.

espécie desse gênero. Entretanto, tal critério não deve ser utilizado isoladamente, principalmente quando se dispõem de apenas uma fração do genoma. O sequenciamento completo do DNA-A e do DNA-B poderá esclarecer se o isolado estudado é, de fato, um novo Begomovírus.