

## Um isolado atípico do *Lettuce mosaic virus* que contorna o gene *mol<sup>2</sup>* em alface.

Gerson Shinya Suzuki<sup>1</sup>; Norberto da Silva<sup>1</sup>; Mônica Fecury Moura<sup>1</sup>; Tatiana Mituti<sup>1</sup>;  
Marcelo Agenor Pavan<sup>1</sup>; Renate Krause-Sakate<sup>1</sup>

<sup>1</sup>UNESP-FCA (Botucatu), Rua José Barbosa de Barros, 1780, Departamento de Proteção Vegetal – Laboratório de Virologia Vegetal.

Autor para Correspondência: Renate Krause-Sakate: (renatekrause@fca.unesp.br)

Data de chegada: 19/02/2016. Aceito para publicação em: 09/05/2017.

10.1590/0100-5405/2162

### RESUMO

Suzuki, G.S.; Silva, N.; Moura, M.F.; Mituti, T.; Pavan, M.A.; Krause-Sakate, R. Um isolado atípico do *Lettuce mosaic virus* que contorna o gene *mol<sup>2</sup>* em alface. *Summa Phytopathologica*, v.44, n.1, p.83-85, 2018.

A alface (*Lactuca sativa* L.) pertencente à família Asteraceae e é uma das hortaliças mais consumidas no Brasil. O *Lettuce mosaic virus* (LMV) é um dos vírus mais importantes da cultura e, atualmente, a principal forma de controle é a utilização de genótipos portadores do gene de tolerância *mol<sup>1</sup>* e *mol<sup>2</sup>*. Um isolado de LMV proveniente de Botucatu (SP), denominado LMV-Bot, foi identificado quanto as suas características biológicas e moleculares. Ao ser inoculado nas variedades de alface diferenciadoras de patótipos de LMV em alface ('Ithaca - gene *Mo*', 'Malika - *mol<sup>1</sup>*', 'Vanguard 75 -

*Mo* e *mol<sup>2</sup>*' e 'Salinas 88 - *mol<sup>2</sup>*'), o LMV-Bot induziu sintomas somente em 'Salinas 88'. A porção N' terminal que codifica a proteína capsidial foi amplificada, sequenciada e seu posicionamento filogenético revelou similaridade com dois isolados brasileiros denominados Br6 e A435 e também com um coletado na França (Fr4). Porém, o LMV-Bot não se enquadrou no sub-grupo Most e Common. Os resultados sugerem que apesar de raros, isolados atípicos de LMV são encontrados na natureza infectando alface, e podem contornar o gene de resistência *mol<sup>2</sup>*.

**Palavras-chave:** alface, LMV, patótipo.

### ABSTRACT

Suzuki, G.S.; Silva, N.; Moura, M.F.; Mituti, T.; Pavan, M.A.; Krause-Sakate, R. An atypical *Lettuce mosaic virus* isolate breaking *mol<sup>2</sup>* gene in lettuce. *Summa Phytopathologica*, v.44, n.1, p.83-85, 2018.

Lettuce (*Lactuca sativa* L.) belongs to the Asteraceae family and is one of the most consumed vegetables in Brazil. *Lettuce mosaic virus* (LMV) an important virus for this crop and, currently, its main control form is based on the utilization of genotypes carrying the tolerance gene *mol<sup>1</sup>* and *mol<sup>2</sup>*. A LMV isolate from Botucatu (SP), named LMV-Bot, was identified considering its biological and molecular characteristics. When inoculated in distinctive lettuce varieties that classifies LMV pathotypes ('Ithaca - *Mo* gene', 'Malika - *mol<sup>1</sup>*', 'Vanguard 75 - *Mo*

and *mol<sup>2</sup>*' and 'Salinas 88 - *mol<sup>2</sup>*'), LMV-Bot induced symptoms only in 'Salinas 88'. The N' terminal coding region for the capsid protein was amplified and sequenced, and its phylogenetic position revealed similarity to two Brazilian isolates named BR6 and A435 and to another one from France (FR4). However, LMV-Bot did not fit in the sub-group Most and Common. Results suggest that, although rare, atypical isolates of LMV are found in nature infecting lettuce and can break the resistance gene *mol<sup>2</sup>*.

**Keywords:** lettuce, LMV, pathotype.

A alface é uma das hortaliças mais cultivadas no mundo. No Brasil, a região sudeste concentra a maior produção, sendo o estado de São Paulo o principal produtor (1). Diante da monocultura intensiva, a cultura da alface é acometida por diversos problemas fitossanitários, entre eles estão as doenças causadas por vírus, sendo o mosaico do alface, causado pelo *Lettuce mosaic virus* (LMV), é uma das principais doenças (7, 5). Este vírus encontra-se disseminado por todo o mundo, devido ao intercâmbio de sementes infectadas (4). Atualmente, os isolados de LMV são divididos em dois sub-grupos denominados LMV-Common e LMV-Most. Isolados de LMV-Most têm a capacidade de superar a resistência conferida pelos genes *mol<sup>1</sup>* e *mol<sup>2</sup>* em alface e são eficientemente transmitidos por semente. Já os isolados de LMV-Common não infectam cultivares portadoras dos genes *mol<sup>1</sup>* e *mol<sup>2</sup>* (7). Outra proposta de classificação de isolados do LMV utilizada é baseada na resposta biológica em cultivares de alface diferenciadoras

para patótipos I, II, III, IV (8, 9).

Neste trabalho, um isolado de LMV obtido de amostras de alface foi coletado em Botucatu pelo laboratório de Virologia da Faculdade de Ciências Agrônomicas, Unesp-Botucatu, denominado LMV-Bot, foi caracterizado pela avaliação dos sintomas nas cultivares diferenciadas de alface e teve a porção N- terminal codificadora para a proteína capsidial sequenciada e analisada filogeneticamente.

Foram inoculadas as variedades de alface: 'Salinas', 'Ithaca (*Mo<sup>2</sup>*)', 'Malika (*mol<sup>1</sup>*)', 'Salinas 88 (*mol<sup>2</sup>*)' e 'Vanguard 75 (*mol<sup>2</sup>*, *Mo<sup>2</sup>*)', que são capazes de diferenciar os isolados de LMV em quatro patótipos (8,9). Como inóculo, foram utilizadas folhas de alface 'Trocadero' infectadas com o LMV-Bot. As folhas foram maceradas (1:3 p/v) em almofariz contendo tampão de inoculação (fosfato de potássio 0,05 M pH 7,0), e adição de abrasivo carborundum 600 mesh. A inoculação foi realizada pela da fricção do extrato vegetal do inóculo sobre as folhas



do gene *mol*<sup>2</sup> não é considerado no momento um problema no Brasil, uma vez que há a disponibilidade de variedades comerciais de alface que possuem o gene *mol*<sup>1</sup>. O LMV é um dos principais vírus que infecta alface no Brasil e no mundo, e de acordo com levantamentos realizados, a sua incidência vem diminuindo no Estado de São Paulo, devido o uso prioritário de variedades tolerantes (9, 3). Mesmo assim, o seu monitoramento no campo é uma prática importante a fim de detectar epidemias ou identificar previamente o surgimento de novos patótipos que possam infectar as variedades tolerantes existentes no mercado, evitando assim novas perdas econômicas.

#### REFERÊNCIAS

1. Anuário da Agricultura Brasileira – AGRIFANUAL. Alface. São Paulo: FNP Consultoria & Comércio, p. 127-128, 2015.
2. Bertheau, Y.; Frechon D.; Toth, I.K.; Hyman, L.J. DNA amplification by polymerase chain reaction (PCR). In: Perombolon, M.C.M.; Van Der Wolff, J.M. **Methods for the detection and quantification of *Erwinia carotovora* subsp. *atroseptica* on potatoes**. Aberdeen: Scottish Crop Research Institute, 1998.
3. De Marchi, B.R.; Spadotti, D.M.A.; Oliveira, M.L.; Sanches, M.M.; Krause-Sakate, R.; Pavan, M.A. Levantamento revela a predominância do Lettuce mottle virus em três regiões produtoras de alface no Estado de São Paulo. **Summa Phytopathologica**, Botucatu, v.38, n.3, p.245-

- 247, 2012.
4. Dinant, S.; Lot, H. Lettuce Mosaic Virus. **Plant Pathology**, Sutton Bonington, v.41, p.528-542, 1992.
5. Firmino, A.C.; Krause-Sakate, R.; Pavan, M.A.; Silva, N.; Hanai, S.M.; Anbo, R.H.; NietzscheI, T.; Le Gall O. Prevalence of *Lettuce mosaic virus* - common strain on three lettuce producing areas from São Paulo State. **Summa Phytopathologica**, Botucatu, v.34, n.2, p.161-163, 2008.
6. Krause-Sakate, R.; Mello, R.N.; Pavan, M.A.; Zambolim, E.M.; Carvalho, M.G.; Le Gall, O.; Zerbini, F.M. Molecular characterization of two Brazilian isolates of *Lettuce mosaic virus* with distinct biological properties. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, DF, v.26, p.153-157, 2001.
7. Krause-Sakate, R.; Le Gall, O.; Fakhfakh, H.; Peypelut, M.; Marrakchi, M.; Varveri, C.; Pavan, M.A.; Souche, S.; Hervé Lot; Zerbini, F.M.; Candresse, T. Molecular characterization of *Lettuce mosaic virus* field isolates reveals the emergence and spread of a resistance-breaking strain, LMV-Most. **Phytopathology**, Davis, v.92, p.563-571, 2002.
8. Pink, D.A.C.; Kostava, D.; Walkey, D.G.A. Differentiation of pathotypes of lettuce mosaic virus. **Plant Pathology**, Sutton Bonington, v.41, p.5-12, 1992.
9. Revers, F.; Lot, H; Souche, S.; Legall, O; Candresse, T.; Dunez, J. Biological and molecular variability of lettuce mosaic virus isolates. **Phytopathology**, Davis, v.83, p.397-403, 1997.
10. Tamura, K.; Stecher, G.; Peterson, D.; Filipski, A.; Kumar, S. MEGA 6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Bersion 6.0. *Molecular Biology and Evolution*, Oxford, v.30, p.2725-2729, 2013.