



ISBN 978-85-66836-16-5

ESTRUTURA GENÉTICA DE POPULAÇÕES DE *Tomato severe rugose virus* INFECTANDO TOMATEIRO NO ESTADO DE GOIÁS. T.M.R. OLIVEIRA¹; T.M. CARNEIRO¹; A.K. INOUE-NAGATA²; A.T.M. LIMA³; L.C. ALBUQUERQUE¹. ¹Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Goiano - Campus Morrinhos / ²Embrapa Hortaliças / ³Universidade Federal de Uberlândia. E-mail: thayssa28@hotmail.com

Os begomovírus (família *Geminiviridae*, gênero *Begomovirus*) estão entre os principais patógenos do tomateiro, sendo responsáveis por significativas perdas na produção de tomate. No Brasil, várias espécies de begomovírus têm sido identificadas, no entanto, *Tomato severe rugose virus* (ToSRV) tem sido a espécie predominante, especialmente na região Centro-Oeste. Baseado nisso, o objetivo do trabalho foi verificar a variabilidade genética de populações de ToSRV em tomateiro no estado de Goiás, atualmente o maior produtor do país. Amostras foliares de tomateiro apresentando sintomas típicos de infecção por begomovírus foram coletadas nos anos de 2003, 2008 e 2015 em municípios do estado. O DNA total das amostras foi extraído e usado na amplificação via círculo rolante (RCA) do genoma viral. Os produtos da amplificação foram digeridos com as enzimas de restrição *HindIII*, *PstI*, *BamHI*, *EcoRI* ou *XbaI*, para obter o fragmento de DNA de aproximadamente 2,6 kb correspondente ao componente DNA-A de ToSRV, e ligados ao vetor pBluescript previamente digerido com a mesma enzima. A ligação foi então usada para transformar células competentes de *Escherichia coli* por choque térmico. Um total de 61 clones do DNA-A de ToSRV oriundos de diferentes cidades do estado ao longo dos três anos foram analisados. Os baixos valores dos índices de diferenciação G_{ST} estimados entre isolados amostrados de diferentes localidades e/ou épocas de coleta sugerem a existência de uma única população viral. Enquanto isolados coletados nos anos de 2003 e 2008 apresentaram graus similares de variabilidade genética, isolados coletados em 2015 foram comparativamente mais variáveis. Para os testes de neutralidade, foram observados valores negativos, possivelmente resultado de um evento demográfico recente (expansão ou contração de população). Análises de seleção códon-a-códon sugerem que a seleção negativa ou purificadora atua predominantemente ao longo dos genes virais com ocorrências esporádicas de sítios sob seleção positiva. Apenas um evento de recombinação foi detectado, sugerindo que a mutação é o principal mecanismo responsável pela geração de variabilidade genética em populações de ToSRV do estado de Goiás.

PALAVRAS-CHAVE: *Tomato severe rugose virus*; Variabilidade genética; Evolução.