



**Universidade de Brasília  
Instituto de Ciências Biológicas  
Departamento de Fitopatologia**

**Trabalho de Conclusão de Curso**

**Monitoramento da diversidade de begomovírus ocorrendo no cultivo do tomateiro no  
Distrito Federal**

**Brasília - DF  
2021**

**Letícia Aparecida Belmira da Silva**

**Monitoramento da diversidade de begomovírus ocorrendo no cultivo do tomateiro no Distrito Federal**

Trabalho de Conclusão de Curso  
apresentado na Universidade de Brasília  
como requisito parcial para obtenção  
do título de Graduação em Agronomia.

**Orientadora**

Dra. Rita de Cássia Pereira Carvalho

**Brasília - DF**  
**2021**

## **FICHA CATALOGRÁFICA**

Belmira-Silva, L. A.

### **Monitoramento da diversidade de begomovírus ocorrendo no cultivo do tomateiro no Distrito Federal**

Letícia Aparecida Belmira Da Silva.

Brasília, 2021.

49 páginas

Trabalho de conclusão de curso - Departamento de Fitopatologia, Universidade de Brasília, Brasília, DF

À minha família,  
dedico o resultado do esforço realizado ao longo deste percurso.

## **Agradecimentos**

A Deus.

Ao meu pai Joelson Caetano, por ser minha força, minha mãe Márcia Belmira, por ser meu coração e meus irmãos Matheus Caetano e Isabella Aparecida, por serem meu orgulho. A toda minha família pelo apoio e incentivo pela minha carreira acadêmica.

Quero agradecer os meus amigos, pela amizade, companheirismo, apoio, respeito, alegria e por continuarem presente em todos esses anos: Thiago Tomé, Isabella Pereira, Madson Rodrigues, Yonara Karine, Evelyn Rabelo, Jordânia Davi.

Ao Paulo Leonardo por todo carinho e vivência.

A minha orientadora Dra. Rita de Cássia, por me inserir na área da virologia vegetal, por toda sabedoria, atenção, capricho e trabalho em conjunto.

A equipe de virologia vegetal, em nome da Dra. Luciane Reis pelo acolhimento, profissionalismo e colaboração.

Aos membros da banca, pela presença, atenção e disponibilidade de seu tempo.

Em especial gostaria de agradecer a minha avó Gelcira (in memoriam) e meu tio Márcio (in memoriam) pela honra que foi o meu tempo com vocês.

**Monitoramento da diversidade de begomovírus ocorrendo no cultivo do tomateiro no Distrito Federal**

Letícia Aparecida Belmira Da Silva  
Trabalho de Conclusão de Curso aprovado pela Banca Examinadora,  
em 05/11/2021 Composta por:

---

Dra. Michelle Souza Vilela  
Faculdade de Agronomia e Veterinária - FAV  
(Membro Externo)

---

Dra. Luciane Nazaré de Almeida Reis  
Departamento de Fitopatologia - UnB  
(Membro Interno)

---

Dr. Cleber Furlanetto  
Departamento de Fitopatologia - UnB  
(Membro Interno - Suplente)

---

Dra. Rita de Cássia Pereira Carvalho  
Departamento de Fitopatologia - UnB  
(Orientadora Presidente)

**Brasília - DF  
2021**

## LISTA DE FIGURAS

**Figura 1.** Representação da organização genômica de espécies de *Begomovirus* relatadas nesse trabalho: A) Chino del tomate Amazonas virus – CdTAV (DF-023); B) Tomato golden vein virus – TGVV (DF-027); C) Tomato chlorotic mottle virus – ToCMoV (DF-048); D) Tomato severe rugose virus – ToSRV (DF-550) e E) Tomato mottle leaf curl virus – ToMoLCV (DF-676). As ORFs (*Open Reading Frame*) AV1, AC1, AC2, AC3, AC4 e AC5 correspondentes ao DNA-A foram identificadas (representadas por cores) de acordo com as proteínas que codificam: CP: proteína capsidial; Rep: proteína associada à replicação; TrAp: proteína ativadora de transcrição; REn: proteína intensificadora de replicação; AC4: determinante de sintoma; AC5: possível supressor de silenciamento e IR: região intergênica.  
.....40

**Figura 2.** Análise filogenética composta por sequências completas do DNA-A espécies de *Begomovirus* obtidas nesse trabalho destacadas em vermelho: Tomato severe rugose virus – ToSRV (DF-550); Tomato chlorotic mottle virus – ToCMoV (DF-048); Tomato golden vein virus – TGVV (DF-027); Chino del tomate Amazonas virus – CdTAV (DF-023) e Tomato mottle leaf curl virus – ToMoLCV (DF-676) e outras retiradas de banco de dados (Genbank). As sequências retiradas do banco de dados e empregadas nesta análise foram identificadas por seu acrônimo, seu número de acesso e sigla dos países onde foram originalmente descritas: BR= Brasil; GT=Guatemala; MX=México; CU=Cuba; DO=República Dominicana; HT= Haiti; PA=Panamá; ES=Espanha. As espécies virais e os números de acesso do Genbank são os seguintes: ToSRV (MT733815; JX415196; MT733811; JX415198; KC004075; JF803261; MT215001); ToCMoV (MT733804; MT215003; MT214086; KC706546; KC706561; KC706542; KC706550); TGVV, de acordo com Reis et al. (2021) destacados na cor azul (KC706630; KC706631; KC706629; KC706648; KC706643 – isolados classificados como Tomato yellow vein streak virus – ToYVSV) TGVV (MN928612; MN928610); ToMoLCV (MT733810; MT733817; MT733813; MT215005; KC706616; KC706615; JF803250); Sida golden mosaic Honduras virus – SGMHV (KT099121); Sida yellow mosaic Yucatan virus – SiMYuV (DQ875872); Rhynchosia rugose golden mosaic virus – RhGMHaV (HM236370); Jatropha mosaic virus – JMV (KJ174330); Tobacco leaf curl Cuba virus – TbLCuCV (MH514009); CdTAV (MH243423) e Potato yellow mosaic Panamá virus – PYMPV (Y15034). Sequência de Tomato yellow leaf curl virus – TYLCV (AJ489258) foi utilizada como *outgroup*.....41

**Figura 3.** *Sequence Demarcation Tool* – SDT representando a porcentagem de nucleotídeos entre as sequências completas do DNA-A de espécies de *Begomovirus* obtidas nesse trabalho, e destacadas em vermelho: Tomato severe rugose virus – ToSRV (DF-550); Tomato chlorotic mottle virus – ToCMoV (DF-048); Tomato golden vein virus – TGVV (DF-027); Chino del tomate Amazonas virus – CdTAV (DF-023) e Tomato mottle leaf curl virus – ToMoLCV (DF-676) e outras retiradas de banco de dados (Genbank). As sequências de espécies retiradas de banco de dados empregadas nesta análise foram identificadas por seu acrônimo, seu número de acesso e sigla dos países onde foram originalmente descritas: BR= Brasil; GT=Guatemala;

MX=México; CU=Cuba; DO=República Dominicana; HT= Haiti; PA=Panamá; ES=Espanha. As espécies virais e os números de acesso do Genbank são os seguintes: ToSRV (MT733815; JX415196; MT733811; JX415198; KC004075; JF803261; MT215001); ToCMoV (MT733804; MT215003; MT214086; KC706546; KC706561; KC706542; KC706550); TGVV de acordo com Reis et al. (2021) destacados na cor azul (KC706630; KC706631; KC706629; KC706648; KC706643 – isolados classificados como Tomato yellow vein streak virus - ToYVSV) TGVV (MN928612; MN928610); ToMoLCV (MT733810; MT733817; MT733813; MT215005; KC706616; KC706615; JF803250); Sida golden mosaic Honduras virus – SGMHV (KT099121); Sida yellow mosaic Yucatan virus – SiMYuV (DQ875872); Rhynchosia rugose golden mosaic virus – RhGMHaV (HM236370); Jatropha mosaic virus – JMV (KJ174330); Tobacco leaf curl Cuba virus – TbLCuCV (MH514009); CdTAV (MH243423) e Potato yellow mosaic Panama virus – PYMPV (Y15034). Sequência de Tomato yellow leaf curl virus – TYLCV (AJ489258) foi utilizada como *outgroup*.  
 .....42

## LISTA DE TABELAS

<b>Tabela 1.</b> Produção de tomate em toneladas (safra de 2020), por regiões, fonte: IBGE.	17
<b>Tabela 2.</b> Indicadores de produção de tomate no ano de 2019.	17
<b>Tabela 3.</b> Códigos dos isolados de tomateiro coletados no Distrito Federal, utilizados neste trabalho.	36
<b>Tabela 4.</b> <i>Primers</i> usados para componentes DNA-A e DNA-B	37
<b>Tabela 5.</b> Informações de cobertura, porcentagem de identidade e <i>E-value</i> obtidos após <i>Blastn</i> no GenBank para os componentes do DNA A dos seis begomovírus, provenientes de amostras do Distrito Federal.	40



## SUMÁRIO

<b>RESUMO GERAL</b>	<b>10</b>
<b>GENERAL ABSTRACT</b>	<b>11</b>
<b>INTRODUÇÃO</b>	<b>12</b>
<b>JUSTIFICATIVA</b>	<b>14</b>
<b>OBJETIVO GERAL</b>	<b>14</b>
<b>OBJETIVOS ESPECÍFICOS</b>	<b>14</b>
<b>CAPÍTULO 1: Revisão Bibliográfica</b>	<b>15</b>
1.1 Características da cultura do tomate	15
1.2 Importância econômica e dados de produção no mundo e no Brasil.	16
1.3 Patógenos que acometem o tomateiro	18
1.4 Família <i>Geminiviridae</i>	19
1.5 Gênero <i>Begomovirus</i> – características gerais e plantas hospedeiras	20
1.6 Aspectos da transmissão de begomovírus pelo vetor <i>Bemisia tabaci</i>	21
1.7 Aspectos de variabilidade em begomovírus	22
1.8 Uso de genes de resistências em <i>Solanum lycopersicum</i>	23
Referências Bibliográficas	25
<b>CAPÍTULO 2: Diversidade de begomovírus ocorrendo em tomateiro no Distrito Federal</b>	<b>33</b>
2.1 Introdução	33
2.2 Material e métodos	35
2.2.1 Obtenção e armazenamento dos isolados virais de begomovírus	35
2.2.2 Extração de DNA e RCA	35
2.2.3 Recuperação do genoma viral	36
2.2.4 Análises das sequências obtidas	37
2.3 Resultados e Discussão	37
2.3.1 Recuperação do genoma completo de begomovírus componente DNA-A	42
2.3.2 Análise filogenética	43
2.3.3 <i>Sequence Demarcation Tool</i> (SDT)	
2.4 Conclusão	44
Referências Bibliográficas	44

## RESUMO GERAL

Belmira-Silva, Letícia Aparecida. **Monitoramento da diversidade de begomovírus ocorrendo no cultivo do tomateiro no Distrito Federal**, novembro de 2021. Trabalho de Conclusão de Curso (TCC em Fitopatologia) - Universidade de Brasília, Brasília, DF, Brasil.

O cultivo do tomateiro apresenta grande importância no Brasil. No Distrito Federal (DF), essa hortaliça ocupa um expressivo contingente de mão de obra nos sistemas de cultivo protegido e sob céu aberto. O cultivo quase ininterrupto durante todo o ano, propicia condições para o desenvolvimento de patógenos na cultura. As begomovirose, causadas por diferentes isolados de espécies classificadas no gênero *Begomovirus* (família *Geminiviridae*), são consideradas como uma das mais importantes doenças do tomateiro. Begomovírus podem possuir uma molécula de DNA circular de fita simples encapsidada em uma partícula (vírus monopartidos) ou duas moléculas de DNA encapsidadas em duas partículas separadamente (vírus bipartidos). No Brasil, predominam no tomateiro e plantas daninhas as espécies bipartidas. Esse cenário potencializa a ocorrência de eventos geradores de variabilidade (mutações, recombinações e pseudo-recombinações) neste grupo de patógenos que por sua vez modulam a estrutura genética populacional, contribuindo para aumento da diversidade e emergência de novas espécies virais. Além disso, a transmissão desses vírus de maneira eficiente pelo vetor polífago aleirodídeo, conhecido como mosca-branca [*Bemisia tabaci Middle East Asian Minor* - MEAM-1 (= biótipo B)], favorece o aumento da diversidade de begomovírus. Existem relatos de mais de 100 espécies de begomovírus em tomateiro no mundo. No Brasil, 21 espécies já foram relatadas, sendo 15 delas na região Centro-Oeste. Algumas espécies também apresentam ciclos epidêmicos transitórios e podem perder a importância epidemiológica ao longo do tempo. A melhor estratégia para controle se baseia no uso de cultivares portando genes que conferem resistência e/ou tolerância. O gene *Ty-1* é o mais utilizado pelos programas de melhoramento no Brasil. Entretanto, isolados que superam a resistência deste gene podem estar presentes nas populações virais. Em algumas regiões, plantas com o gene *Ty-1* foram coletadas exibindo severos sintomas de infecção por begomovírus. Neste contexto, torna-se necessário o monitoramento e levantamento constantes destas populações virais com ênfase especial na detecção de novas espécies, que podem superar a resistência em cultivares de tomateiro. No presente projeto, seis amostras de tomateiro provenientes do DF e previamente classificadas com sendo potenciais espécies novas de begomovírus foram selecionadas para confirmação e recuperação do genoma completo. A análise dos dados e confirmação individual das amostras foi realizada conforme metodologia já usada por nossa equipe de pesquisa gerando informações de levantamento da diversidade e distribuição de espécies. Um desses isolados (DF-023), correspondeu a um novo vírus (previamente detectado pela nossa equipe no Estado do Amazonas e em processo de caracterização) denominado chinó del tomate Amazonas vírus (CdTAV). Os demais isolados corresponderam às espécies, tomato golden vein virus – TGVV (DF-027), tomato chlorotic mottle virus – ToCMoV (DF-048), tomato severe rugose virus – ToSRV (DF-550) e tomato mottle leaf curl virus – ToMoLCV (DF-676). O isolado denominado DF-028 representa uma potencial nova espécie e o seu genoma será recuperado futuramente. Os dados gerados no presente projeto irão fornecer para os programas de melhoramento genético um panorama mais completo sobre os principais begomovírus ocorrendo no cultivo do tomateiro no DF.

**Palavras-chave:** *Begomovirus*, variabilidade genética, mosca-branca, caracterização molecular

## GENERAL ABSTRACT

Belmira-Silva, Letícia Aparecida. Monitoring the diversity of begomoviruses in tomato crops in the Federal District, November 2021. Course Conclusion Paper - (TCC in Phytopathology) - University of Brasília, Brasília, DF, Brazil.

The tomato crop is of great importance in Brazil. In the Federal District (DF), this vegetable occupies an expressive contingent of labor under both protected cultivation systems and open-field conditions. The almost uninterrupted cultivation throughout the year provides conditions for the development of wide array of pathogens in this crop. Begomoviruses, caused by different isolates of species classified in the genus *Begomovirus* (family *Geminiviridae*), are considered one of the most important diseases of tomato. Begomoviruses can have a single-stranded circular DNA molecule encapsidated in one particle (monopartite viruses) or two DNA molecules encapsidated in two separate particles (bipartite viruses). In Brazil, bipartite species predominate in tomato as well as in weeds. This scenario enhances the incidence of events that generate variability in this group of pathogens (mutations, recombinations and pseudo-recombinations), which in turn modulate genetic structure of the viral populations, contributing to increased diversity as well as the potential emergence of new viral species. Furthermore, the efficient transmission of these viruses by the polyphagous aleirodid vector, known as whitefly [*Bemisia tabaci* Middle East Asian Minor – MEAM-1 (= biotype B)], also favors the increase in the diversity of begomoviruses. There are reports of more than 100 begomoviruses infecting tomatoes across the world. In Brazil, 21 species have already been reported, 15 of them in the Midwest region. Some species also have transient epidemic cycles and may lose their epidemiological importance over time. The best strategy for control is based on the use of cultivars carrying genes that confer resistance and/or tolerance. The *Ty-1* gene is the most used by breeding programs in Brazil. However, isolates that overcome the resistance of this gene may be present already in natural pathogen populations. In some regions, plants with the *Ty-1* gene were collected exhibiting severe symptoms of begomovirus infection. In this context, it is necessary to continuously monitor and survey these viral populations with special emphasis on detecting new species that can overcome resistance in tomato cultivars. In the present project, six tomato samples from the DF and previously classified as potential new species of begomoviruses were selected for confirmation and recovery of the complete genome. Data analysis and individual confirmation of samples were carried out according to the methodology already used by our research team, generating information for surveying the diversity and distribution of viral species. One of these isolates (DF-023) corresponded to a new virus (previously detected by our group in the State of Amazonas and in the process of fully characterization) called chino del tomato Amazonas virus (CdTAV). The other isolates corresponded to the species, tomato golden vein virus – TGVV (DF-027), tomato chlorotic mottle virus – ToCMoV (DF-048), tomato severe rugose virus – ToSRV (DF-550) and tomato mottle leaf curl virus – ToMoLCV (DF-676). The isolate named as DF-028 represents a potential new species and its genome will be recovered in the future. The data generated in this project will provide to breeding programs with a more complete overview of the main begomoviruses occurring in tomato crops in the DF region.

**Key-words:** *Begomovirus*, genetic variability, whitefly, molecular characterization.

## INTRODUÇÃO

O tomateiro (*Solanum lycopersicum* L.) está classificado na família botânica Solanaceae e o seu consumo contribui para uma alimentação saudável e bem equilibrada. O centro de origem espécie engloba desde o norte do Chile ao sul do Peru, Equador e Ilhas Galápagos (Darwin et al. 2003; Peralta et al. 2005) e centro de domesticação no México, nas cidades de Puebla e Veracruz. A partir destas cidades, o tomate teria sido levado para países da Europa como Espanha e Itália e posteriormente, distribuído pelo mundo (Monardes 2009; Ruiz et al. 2013).

Dois sistemas de produção de tomate são conduzidos no Brasil e no mundo: **a)** sistema de produção para processamento industrial e **b)** sistema de produção para consumo *in natura* (Filho et al. 2001). No Distrito Federal (DF), Entorno e Goiás (GO), os dois tipos de produção são observados, e o cultivo apresenta importância social e econômica, ocupando um expressivo contingente de mão de obra.

O cultivo do tomate possui elevado valor econômico em vários países do mundo (Monardes 2009; Inoue-Nagata et al. 2016). O país com a maior produção da hortaliça é a China, com uma produção anual de mais de 52.6 milhões de toneladas (t) (Quintanilha et al. 2020). O Brasil ocupa a décima posição no ranking mundial com destaque para as regiões Centro-Oeste e Sudeste (FAO 2019). De acordo com o IBGE (2021) a produção nacional de tomate alcança os 4,0 milhões de toneladas.

No entanto, os custos de produção do tomateiro têm sofrido fortes oscilações de alta, sendo que um destes fatores refere-se às doenças causadas por diferentes patógenos, incluindo isolados de espécies do gênero *Begomovirus*, família *Geminiviridae*. Este gênero apresenta uma grande quantidade de espécies virais. Até o momento 445 espécies já foram descritas em *Begomovirus* (Brown et al. 2015; ICTV 2021), sendo que mais de 100 já foram relatadas em tomateiro no mundo e 21 delas foram relatadas em tomateiro no país, sendo que destas 11 foram relatadas também na região Centro-Oeste e tomato severe rugose virus (ToSRV) corresponde ao begomovírus amplamente disseminado no país e é encontrado com maior frequência, principalmente na região Central do país (Reis et al. 2020).

Vírus classificados em *Begomovirus* apresentam DNA circular de fita simples com 2.600 a 2.800 nucleotídeos (nts), podendo ser monopartidos (apenas uma molécula de

DNA-A) ou bipartidos (duas moléculas, DNA-A e DNA-B). Estas moléculas são encapsidadas separadamente por partículas de 18-30 nanômetros (Harrison et al. 1999; Rojas et al. 2018; Fiallo-Olivé et al. 2020; ICTV 2021). No Brasil, predominam isolados com genoma bipartido. Até o momento 21 begomovírus já foram relatados no Brasil, sendo que pelo menos 15 desses vírus foram relatados também no Brasil Central. Algumas destas espécies são tomato golden vein virus – TGVV, tomato chlorotic mottle virus – ToCMoV, tomato common mosaic virus – ToCmMV, tomato severe rugose virus – ToSRV, tomato rugose mosaic virus – ToRMV e tomato mottle leaf curl virus – ToMoLCV, tomato yellow vein streak virus – ToYVSV, tomato rugose yellow leaf curl virus – ToRYLCV, tomato mosaic severe dwarf virus – ToMSDV, Cleome leaf crumple virus – CILCrV, sida micrantha mosaic virus – SiMMV, bean golden mosaic virus – BGMV, tomato apical leaf curl virus – ToALCV, tomato interveinal chlorosis virus-2 – ToICV2, tomato mottle leaf distortion virus – ToMoLDiV (Fernandes et al. 2008; Batista et al. 2019; Rego-Machado et al. 2019; Andrade 2020; Reis et al. 2020; Martins et al. 2021).

Na natureza as espécies de begomovírus são disseminadas eficientemente pelo vetor e praga mosca branca, *Bemisia tabaci Middle East Asia Minor* - MEAM1 (= biótipo B). A eficiência e polifagia do vetor, aliadas às características intrínsecas dos begomovírus como genoma pequeno e multipartido permitem que os mecanismos geradores de variabilidade (mutação, recombinação e pseudorecombinação) alterem a estrutura genética populacional de begomovírus, aumentando a diversidade viral e o surgimento de espécies novas.

O controle de begomovírus pode ser feito mediante controle do vetor. Entretanto, o número excessivo de aplicações químicas para controle do inseto, tem onerado os custos e muitas vezes não são totalmente eficientes (Sani et al. 2020). Neste cenário, uma das opções mais atrativas é o uso de plantas carregando genes de resistência/tolerância. Diferentes genes já foram descritos e encontram-se em fase de caracterização. Dentre eles: *Ty-1*, introgridido de *Solanum chilense* LA 1969 (Zamir et al. 1994), *Ty-2*, derivado de *S. habrochaites* (Hanson et al. 2006), *Ty-3*, obtido de *S. chilense* LA 2779 (Ji et al. 2006), *Ty-4*, também proveniente de *S. chilense* (Ji et al. 2009), *Ty-5*, introgridido de *S. peruvianum* (Anbinder et al. 2009), *Ty-6*, *tcm-1* e *tgr-1* (Giordano et al., 2005; Bian et al. 2007). *Ty-1* tem sido o fator incorporado em maior escala em variedades comerciais. Entretanto, já existem relatos de que isolados de espécies de begomovírus podem superar

genes de resistência/tolerância. Um destes exemplos, é o isolado DF-640, que corresponde a um vírus recombinante e foi detectado em uma planta de tomateiro contendo o fator *Ty-1*, exibindo severos sintomas. Com intuito de dar suporte a programas de melhoramento torna-se imprescindível o levantamento e monitoramento constante das espécies ocorrendo em campos de produção.

Neste contexto, o objetivo deste trabalho é realizar o levantamento da diversidade de begomovírus ocorrendo em amostras do Brasil Central, para ampliar o conhecimento da diversidade viral e de potenciais espécies novas, visando dar suporte a programas de melhoramento. Para isto, seis isolados provenientes do DF denominados DF-023, DF-027, DF-28, DF-048, DF-550, DF-676 foram selecionados a partir de uma coleção de 1.500 isolados de begomovírus no Brasil (sendo  $\approx$  200 isolados coletados na região do DF), e que vem sendo caracterizados pela nossa equipe (Pereira-Carvalho et al. 2015; Naito et al. 2019; Reis et al. 2020; Batista et al. 2021; Duarte et al. 2021; Reis et al. 2021). Para o presente estudo, os genomas completos de um subgrupo de isolados de begomovírus provenientes do Brasil Central (previamente caracterizados como potenciais espécies novas) foram obtidos e analisados.

## **JUSTIFICATIVA**

Diante da grande diversidade de begomovírus observada no país e com a recente confirmação de isolado que supera a resistência conferida por *Ty-1*, torna-se necessário o levantamento e monitoramento constantes de isolados de begomovírus já conhecidos e/ou novas espécies ocorrendo no Distrito Federal.

## **OBJETIVO GERAL**

Analisar a diversidade de um subgrupo de isolados de begomovírus associados com tomateiros no Brasil Central, visando monitorar as espécies virais mais relevantes e fornecer informações e suporte aos programas de melhoramento, com a finalidade de proporcionar resistência a esse grupo de patógenos.

## **OBJETIVOS ESPECÍFICOS**

- Caracterizar seis isolados de begomovírus reportados infectando tomateiro no Distrito Federal.
- Realizar análises filogenéticas destes isolados.

## CAPÍTULO 1: Revisão Bibliográfica

### 1.1 Características da cultura do tomate

Solanaceae (reino Plantae, classe Magnoliopsida e ordem Solanales) é uma das maiores famílias de plantas dentre as angiospermas (Naturdata 2021). A família possui cerca de 3.000 espécies classificadas em 106 gêneros (Bovini et al. 2006, Agra et al. 2009; Pereira et al. 2016), e detém espécies de elevado valor econômico como tomate (*Solanum lycopersicum* L.), batata (*Solanum tuberosum* L.), fumo (*Nicotiana tabacum* L.), e pimentão (*Capsicum annuum* L.). O gênero *Solanum* é o maior e mais complexo da família, contendo aproximadamente 1.500 espécies e 5.000 epítetos publicados (Agra 1999).

Dentre as espécies do gênero *Solanum*, o tomateiro tem como centro de origem, desde o norte do Chile até o sul do Peru, Equador e Ilhas Galápagos (Darwin et al. 2003; Peralta et al. 2005). Estima-se que posteriormente o tomateiro tenha sido domesticado na América Central e no México de forma silvestre nas cidades de Puebla e Veracruz, e então levado para países da Europa como Espanha e Itália, e posteriormente, distribuído pelo mundo (Monardes 2009; Ruiz et al. 2013).

A descrição taxonômica do tomate sofreu algumas alterações com o tempo, e pesquisadores foram nomeando a hortaliça de diferentes formas. De acordo com Peralta et al. (2006) e Knapp e Spooner (2006) ocorreram as seguintes alterações: para nomear o gênero, Tournefort em (1692) usou o nome *Lycopersicon*, Carl Van Linnaeus em (1753) usou *Solanum*. No ano seguinte, Miller retornou para *Lycopersicon* e logo depois em (1758) ele usou o termo "*L. esculentum*". Após as mudanças de nomenclaturas, foi notado uma significativa similaridade genética entre as espécies ao gênero *Solanum* e *Lycopersicon esculentum*, com isso o nome depois de várias alterações, é atualmente classificado como *Solanum lycopersicum* L., retomando o gênero proposto por Linnaeus (Spooner et al. 2006).

A grande popularização do tomate ocorre pelo fato da hortaliça ser rica em nutrientes e ser uma hortaliça de grande variedade de consumo. O fruto do tomate apresenta grandes quantidades de vitaminas B e C, ferro, fósforo, minerais, aminoácidos e fibras (Naika et al. 2006). A substância mais característica do tomate é o licopeno, que se trata de um carotenóide antioxidante, responsável pela cor do fruto. O tomate e seus derivados são a principal fonte de licopeno na dieta humana (Candelas-Cadillo et al. 2005).

Conforme a Embrapa Hortaliças (2020) a planta do tomate tem uma maior distribuição pelo globo, devido a sua grande variedade e uma boa adaptabilidade em diferentes regiões.

Quanto às suas características fisiológicas, o tomateiro apresenta o hábito de crescimento determinado e indeterminado e um porte arbustivo.

## **1.2 Importância econômica e dados de produção no mundo e no Brasil.**

A FAO registrou a produção de tomate no ano de 2016 em 175 países, sendo este, cultivado em condições de altas latitudes como Canadá e Rússia, e próximo a linha do Equador como Colômbia e Nigéria, totalizando uma produção de mais de 177 milhões de (t) em uma área cultivada de aproximadamente 4,8 milhões de hectares (ha). O maior produtor mundial de tomate é a China com uma área cultivada de mais de um milhão de ha e uma produção anual de mais de 56 milhões de toneladas (Faostat 2018). De acordo com o IBGE (2021) a produção nacional de tomate alcança os 4,0 milhões de toneladas.

Segundo o Anuário Hortifruti 2020 (2019), somente em 2019, o Brasil plantou mais de 58.000 ha de tomate, com vendas anuais no varejo acima de 9 bilhões de reais. No Brasil, principalmente em São Paulo, à medida que a economia do país se desenvolveu, a produção de tomate e os desenvolvimentos tecnológicos no mercado provaram ser competitivos e dinâmicos (Camargo et al. 2006). Desde a década de 1970, a indústria brasileira de processamento de tomate se desenvolveu rapidamente, o que levou a um aumento significativo na área plantada com esta hortaliça.

O país se tornou um dos dez principais produtores industriais de tomate do mundo, juntamente com os Estados Unidos. Atualmente, a cultura do tomate é a maior fonte de produção da indústria hortícola brasileira e o estado de Goiás é referência nacional de cultivo e o principal centro de produção nacional do país (Landau et al. 2020).

Em uma comparativa feita com 60 hortaliças diferentes, o tomate é a principal hortaliça produzida no país e encontra-se distribuído em quatro regiões brasileiras (Nordeste, Centro-Oeste, Sudeste e Sul), com 50 mil estabelecimentos, dos quais boa parte é de gestão familiar. Esses empreendedores precisam administrar muitos recursos (físicos e financeiros) e um alto contingente de mão de obra, o que, por sua vez, gera elevado valor na cadeia e torna a tomaticultura um setor de destaque no Brasil (Brasil Hortifruti 2020). Na **Tabela 1**, seguem dados de produção da safra de tomate do ano de 2020, por regiões do Brasil. Os dados de produção do ano de 2021 corroboram com os dados apresentados:



**Tabela 1.** Produção de tomate em toneladas (safra de 2020), fonte: IBGE.

<b>Região</b>	<b>Produção (t)</b>
Norte	11.749
Nordeste	496.721
Sudeste	1.851.962
Sul	503.637
Centro-Oeste	1.092.445

O Brasil, em 2021, produziu, segundo o IBGE, 3.956.559 t de tomate em uma área de 80.241.907 ha, alcançando uma produtividade média de 55.545 t/ha.

Na **Tabela 2**, encontram-se informações da safra de 2019 nos diferentes estados do Brasil, destacando-se os estados do Pará, Bahia, São Paulo, Paraná e Goiás na produção de tomate.

**Tabela 2.** Indicadores de produção de tomate no ano de 2019.

<b>Regiões</b>	<b>Produção (t)</b>
Rondônia	1.521
Roraima	4.689
Pará	5.610
Maranhão	3.806
Piauí	4.511
Ceará	157.059
Rio Grande do Norte	7.264
Paraíba	14.580
Pernambuco	47.094
Alagoas	8.530
Bahia	275.800
Minas Gerais	523.525
Espírito Santo	170.042
Rio de Janeiro	163.451
São Paulo	860.600
Paraná	236.955
Santa Catarina	161.928
Rio Grande do Sul	104.171
Mato Grosso do Sul	2.995
Mato Grosso	3.625
Goiás	1.290.134
Distrito Federal	28.000

### 1.3 Patógenos que acometem o tomateiro

Na cultura do tomate há ocorrência de diversos isolados de espécies de patógenos, causando danos à hortaliça, e que levam a grandes perdas econômicas. Dentre os fungos mais importantes economicamente para o tomateiro podem-se citados isolados de espécies que causam a podridão-de-colo e tombamento-de-mudas como *Pythium* spp., *Phytophthora* spp. e *Rhizoctonia solani*, característicos por se desenvolver em solo com alta umidade e causar infecção em plantas mais jovens (Lopes e Reis 2011; Inoue-Nagata 2016).

Exemplos de espécies causadoras dos sintomas conhecidos como murcha no tomateiro são *Fusarium oxysporum*, f. sp. *lycopersici* (Inoue-Nagata et al. 2016). Isolados de *Stemphylium solani* e isolados de diferentes espécies de alternaria (*Alternaria tomatophila* e *Alternaria grandis*) são relatados causando manchas foliares (Lopes et al. 2011; Inoue-Nagata et al. 2016) a diferentes organismos.

Dentre as bactérias destacam-se no Brasil, isolados de *Pectobacterium* que causam a doença do talo-oco; *Ralstonia solanacearum* que provoca a murcha-bacteriana (Inoue-Nagata et al. 2016) e várias espécies de *Xanthomonas* causando sintomas como a mancha-bacteriana. Espécies como *Xanthomonas euvesicatoria* (Vancheva et al. 2021), *Xanthomonas perforans* (Inoue-Nagata et al. 2016), *Xanthomonas gardneri* e *Xanthomonas cynarae* também acometem a cultura (Timilsina et al. 2019).

Dentre os nematoides, destacam-se os causadores do sintoma popularmente conhecido como galhas: *Meloidogyne javanica* (Pimentel et al. 2021), *Meloidogyne arenaria* (Grabau et al. 2020) e *Meloidogyne incognita* (Pimentel et al. 2021).

Dentre as principais espécies virais do gênero *Begomovirus* relatadas em tomateiro no Brasil Central, podem ser citadas: tomato golden vein virus – TGVV, tomato chlorotic mottle virus – ToCMoV, tomato common mosaic virus – ToCmMV, tomato severe rugose virus – ToSRV, tomato rugose mosaic virus – ToRMV e tomato mottle leaf curl virus – ToMoLCV, tomato yellow vein streak virus – ToYVSV,, tomato rugose yellow leaf curl virus – ToRYLCV, tomato mosaic severe dwarf virus – ToMSDV, cleome leaf crumple virus – CILCrV, sida micrantha mosaic virus – SiMMV, bean golden mosaic virus – BGMV, tomato apical leaf curl virus – ToALCV, tomato interveinal chlorosis virus-2 – ToICV2, tomato mottle leaf distortion virus – ToMoLDiV (Fernandes et al. 2008; Batista et al. 2019; Rego-Machado et al. 2019; Andrade 2020; Reis et al. 2020; Martins et al. 2021).

De acordo com Brown et al. (2015) espécies com identidade de sequências de nucleotídeos para o genoma do componente A completo, abaixo de 91% quando comparadas

com sequências disponíveis em banco de dados são consideradas como espécies novas para o gênero *Begomovirus*. Este critério vem sendo utilizado desde então.

#### 1.4 Família *Geminiviridae*

*Geminiviridae* corresponde a uma família de vírus de plantas contendo espécies, cujos isolados provocam doenças importantes economicamente na maioria das regiões tropicais e subtropicais do mundo (Zerbini et al. 2017). No país existem relatos de representantes da família *Geminiviridae*, desde a década de 1940, infectando plantas invasoras (Assunção et al. 2006). Atualmente a família é composta por quatorze gêneros, que juntos contém mais de 520 espécies, sendo eles *Becurtovirus*, *Begomovirus*, *Capulavirus*, *Curtovirus*, *Mastrevirus*, *Eragrovirus*, *Grablovirus*, *Topocovirus*, *Turncurtovirus*, *Citlodavirus*, *Maldovirus*, *Mulcrilevirus*, *Opunvirus* e *Topilevirus* (ICTV 2021).

Estes vírus apresentam genoma pequeno de 2.600 a 2.800 nucleotídeos (nts) composto por DNA fita simples e não envelopados (Zerbini et al. 2017). A proteína capsidial (CP) atua no processo de encapsidação viral, processo esse, em que o capsídeo se organiza na forma de 22 capsômeros, desencadeando o arranjo de partículas formadas por dois icosaedros incompletos de aproximadamente 22-30 nm, característica de partícula geminada, típica da família (Zerbini et al. 2017; Navas-Castillo et al. 2020).

Na família *Geminiviridae* moléculas circulares de fita dupla são usadas como modelo para os processos de transcrição e replicação. Na replicação do vírus é utilizado o mecanismo de círculo rolante (Zerbini et al. 2017) o que confere ao vírus uma rápida replicação.

Isolados de espécies na família *Geminiviridae* reprogramam o ciclo da célula hospedeira para fazerem a replicação do DNA viral (Hanley-Bowdoin et al. 2013) e conseguem mudar os padrões da expressão gênica da própria hospedeira, redirecionando ou bloqueando as defesas da planta e a sinalização hormonal através de alterações no tráfego macromolecular e interferências na sinalização celular (Hanley-Bowdoin et al. 2013).

Os sintomas da infecção por representantes da família variam com a idade da planta no momento da infecção e condições ambientais. Os sintomas podem ter várias combinações entre mosaico amarelo brilhante, margens de folhas cloróticas, enrugamento das folhas, redução do tamanho da folha, atrofia da planta, encarquilhamento e coloração púrpura (Polston et al. 1997; Inoue-Nagata et al. 2016; Macedo et al. 2018; Rojas et al. 2018).

A transmissão dos isolados na família ocorre por meio de diferentes tipos de insetos vetores como cigarrinhas, pulgões e mosca branca (Varsani et al. 2014; Zerbini et al. 2017;

Rojas et al. 2018;). Maiores detalhes sobre a transmissão de begomovírus serão apresentadas posteriormente.

### 1.5 Gênero *Begomovirus* – características gerais e plantas hospedeiras

O tomate é infectado principalmente por representantes do gênero *Begomovirus* (Polston et al. 1997; Rojas et al. 2018; Reis 2020). Este gênero possui 445 espécies descritas (ICTV 2021). Mais de 40 espécies de begomovírus podem infectar tomateiro (Reis et al. 2020). Isolados de espécies deste gênero podem apresentar uma ou duas moléculas de DNA, sendo denominados mono partidos (DNA-A) ou bipartidos (DNA-A e DNA-B) e são encapsidados separadamente em partículas geminadas de 22 nm × 38 nm constituída a partir de 110 cópias de um único tipo de proteína (Polston et al. 1997; Czosnek et al. 2017; Zerbini et al. 2017).

No DNA-A, são encontradas de 5-6 ORFs (*Open Reading Frames*) que codificam proteínas envolvidas na replicação, sintomas e transmissão viral. Duas destas ORFs ocorrem no sentido viral (AV1/V1 e AV2/V2) e cinco no sentido complementar (AC1/C1 a AC5/C5). A ORF AC5, descrita recentemente, está presente em algumas espécies de begomovírus, e, possivelmente está relacionada à patogenicidade viral e supressão do silenciamento das defesas das plantas (Li et al. 2015).

No DNA-B são encontradas duas ORFs, uma no sentido viral (BV1) e a outra no sentido complementar (BC1), codificando proteínas relacionadas ao movimento viral na planta (Hanley-Bowdoin et al. 2013; Navas-Castillo et al. 2020). A fita de DNA-A no sentido viral, codifica proteínas de revestimento, e a fita no sentido complementar codifica a proteína associada à replicação (Rep), e a proteína C4 que intensifica o processo de replicação Fiallo-Olivé (2020).

Conforme mencionado, a transcrição ocorre no sentido bidirecional e não existe homologia na identidade de sequências entre o DNA-A e o DNA-B, exceto por uma região comum (RC) de aproximadamente 200 nts (Melgarejo et al. 2015; Navas-Castillo et al. 2020). Que está localizado na região intergênica que inclui a origem de replicação (Fiallo-Olivé 2020).

Isolados de begomovírus infectam dicotiledôneas como tomateiro, feijoeiro, algodoeiro, pimenteiras, além de plantas daninhas e ornamentais como *Lonicera* spp. (madressilva) (Rojas et al. 2018). Begomovírus podem ser encontrados tanto no Velho, quanto no Novo Mundo (Zerbini et al. 2017).

Atualmente existem mais de 21 espécies de begomovírus infectando plantas de tomate no Brasil (Reis et al. 2020). A transmissão dos isolados ocorre de maneira eficiente pelo vetor

aleirodídeo, *Bemisia tabaci Middle East Asian Minor* - MEAM1 (= biótipo B) (Navas-Castillo et al. 2020).

### **1.6 Aspectos da transmissão de begomovírus pelo vetor *Bemisia tabaci***

*Bemisia tabaci*, classificada na família *Aleyrodidae*, ordem *Hemiptera* (Navas-Castillo et al. 2011) atua como inseto vetor de isolados virais de distintos gêneros como *Begomovirus*, *Crinivirus*, *Carlavirus*, *Torradovirus* e *Ipomovirus* (Navas-Castillo et al. 2011). Este aleirodídeo, é considerado o inseto de maior importância econômica da agricultura brasileira e está amplamente distribuído pela América do Sul (Cavalcante et al. 2006; Krause-Sakate et al. 2020). Segundo Hogenhout et al. (2008) são descritas 115 espécies de begomovírus que são exclusivamente transmitidas por moscas brancas e a relação estabelecida entre begomovírus e mosca-branca é do tipo circulativa não propagativa. Quando ingeridas, as partículas virais são transportadas via canal alimentar para o esôfago, posteriormente da parede de todo o intestino para a hemocele em média 90 minutos após sua aquisição pelo vetor, e posteriormente translocadas da hemolinfa para as glândulas salivares (Harris et al. 2001; Hogenhout et al. 2008; Czosnek et al. 2017; Fiallo-Olivé et al. 2020). Uma vez que o vírus chega às glândulas salivares, é quase instantaneamente inoculado para a planta (Harris et al. 2001) podendo ser detectados entre 4 e 7 horas após o início da alimentação do inseto (Czosnek et al. 2017).

A *B. tabaci* produz entre 100-300 ovos no decorrer do seu ciclo de vida, podendo ocorrer variações na taxa de oviposição de acordo com a temperatura ou hospedeira. Os ovos são piriformes e variam de coloração amarela a marrom de acordo com a proximidade da eclosão. Após a deposição dos ovos na parte abaxial das folhas, eles permanecem presos por um pedúnculo, passando a seguir pelo estágio de ninfa e na proximidade da emergência do adulto aparecem dois ocelos vermelhos (Haji et al. 2005; Kodama et al. 2012).

A mosca branca apresenta um ciclo de vida com 3 estágios, com o início na postura dos ovos, com a duração de 4-7 dias, seguidos dos estágios ninfais, os quais são divididos em 4 ínstar, as ninfas de primeiro ínstar são móveis e selecionam o local de alimentação onde permanece imóvel até o quarto ínstar, o período de tempo entre a fase de ovo e adulto em média dura 18 a 19 dias, com a temperatura ideal em 32°C (Byrne et al. 1991; Kodama et al. 2012).

Adultos de *B. tabaci*, medem aproximadamente de 1 a 3 mm de comprimento e normalmente os machos são menores. Estes indivíduos apresentam dois ocelos, um aparelho bucal do tipo sugador labial pungitivo, asas membranosas nuas, e o nome popular característico “mosca branca” é devido a presença de uma cera pulverulenta ou branca sobre o seu corpo e

asas na fase adulta. O inseto é de clima tropical, porém é encontrado em regiões quentes e temperadas também (Lima et al. 2001; Fiallo-Olivé et al. 2020), possuindo reprodução assexuada ou partenogênica (Haji et al. 2005).

Além da transmissão de vírus, *Bemisia tabaci* provoca danos diretos à planta hospedeira, como a sucção da seiva e a diminuição do vigor (Navas-Castillo et al. 2011).

O controle da mosca branca é abordado de diferentes formas, como a prevenção excluindo material infectado, selecionando local e época de plantio, e barreiras físicas para impedir o movimento do inseto pelo vento. É feito o uso de controle por produtos químicos como neonicotinóides (inseticidas sistêmicos) ou Ciazipir (inseticida seletivo), e o desenvolvimento de material resistente (Costa 1976; Rojas et al. 2018).

### **1.7 Aspectos de variabilidade em begomovírus**

Os mecanismos geradores de variabilidade nas populações virais são mutação, recombinação e pseudorecombinação (Roossinck et al. 1997). As mutações atuam na seleção natural segundo a teoria de Darwin, e por sua vez a recombinação e a pseudorecombinação entre isolados de espécies diferentes de vírus podem conduzir a saltos evolutivos (Roossinck et al. 2005). Considera-se que a rápida evolução recorrente na família *Geminiviridae*, ocorre em parte por processos mutacionais que ocorrem especificamente em ssDNA (Harkins et al. 2009).

As mutações são geradas em isolados virais através de eventos aleatórios e por variados fatores como, o contato com compostos químicos mutagênicos, irradiação por luz ultravioleta, oscilação de temperatura, e erros que ocorrem durante o processo de replicação (Eiras et al. 2018). As enzimas responsáveis pela replicação não apresentam mecanismos para corrigir incorporações errôneas de nucleotídeos, o que gera um alto número de mutações incorporadas ao genoma viral, ou seja acarreta a uma população de moléculas de ácidos nucleicos semelhantes, que não são idênticas (Eiras et al. 2018).

As mutações com um maior significado são aquelas que ocasionam na alteração do códon de leitura, e alteram a sequência de aminoácidos, podendo resultar em uma modificação na estrutura das proteínas. A deleção, incorporação e a troca de nucleotídeos são os mecanismos resultantes da mutação (Eiras et al. 2018).

Em vírus com DNA de fita simples, a recombinação entre espécies ocorre com grande frequência (Lefeuvre et al. 2009). A recombinação se trata de um processo em que o segmento de fita de nucleotídeos, se incorpora em outra fita diferente, durante a replicação (Seal et al. 2006). Na recombinação homóloga, em que há ocorrência em sítios com alta identidade, ou na

recombinação não homóloga, que ocorrem em sítios com baixa/sem identidade de sequência (Eiras et al. 2018). González-Aguilera et al (2012) demonstraram que vírus detectados preferencialmente em ervas daninhas recombina com outros vírus, possivelmente oriundos de isolados melhores adaptados à planta do tomate.

Na pseudorecombinação ocorre troca de segmentos de pequenas porções do genoma em vírus multipartidos (Roossinck 1997; Padidam et al. 1999; Eiras et al. 2018). O termo quase-espécie manifesta uma estrutura populacional, em que os genomas são submetidos a constantes processos de seleção, competição e variabilidade genética. É um processo que proporciona aos vírus adaptação a ambientes que estão constantemente mudando, permitindo o desenvolvimento de resistência (Eiras et al. 2018).

### **1.8 Uso de genes de resistências em *Solanum lycopersicum***

As plantas naturalmente desenvolvem mecanismos de defesa a diferentes organismos (Carvalho 2012). Plantas resistentes a doenças são aquelas em que os genes de resistência estão presentes naturalmente ou foram inseridos por meios convencionais do melhoramento genético, como por exemplo, as plantas comerciais de tomate (Rojas et al. 2018). Diante da alta diversidade das espécies virais, uma opção viável é o desenvolvimento de variedade com genes de resistência/tolerância é de grande importância (Pereira-Carvalho et al. 2014).

A resistência em plantas pode ser classificada como monogênica, transferência de um gene, mais estável em condições ambientais variadas, e pouco duráveis por oferecer uma certa pressão de seleção sobre o patógeno. E resistência poligênica, transferência de mais de um gene, diminui a probabilidade de ocorrência de novos isolados/raças de vírus mais agressivos, devido ao fato de oferecer uma menor pressão de seleção, uma vez que o vírus ainda consegue se interagir com a planta hospedeira (Eiras et al. 2018).

No mercado brasileiro as variedades disponíveis em sua maioria são portadoras do gene *Ty-1* (Aguilera et al. 2011). O gene *Ty-1* foi introgridido da espécie *Solanum chilense* - LA 1969, e está presente no cromossomo 6 (Zamir et al. 1994). *Ty-1* confere resistência ou tolerância contra vírus com genoma bipartido de predominância no Brasil (Boiteux et al. 2007; Aguilera et al. 2011). O fator de resistência *Ty-2* localiza-se no cromossomo 11, e foi utilizado a partir de acessos da espécie nativa *Solanum habrochaites* (Hanson et al. 2006). O gene introgridido, parcialmente dominante, *Ty-3* localizado no cromossomo 6 apresenta resistência para o tomato yellow leaf curl virus - TYLCV e pode colaborar em um menor grau na resistência



da tomato mottle virus (ToMoV), derivado de LA2779 (Ji et al. 2006). O gene *Ty-4* de *Solanum chilense*, juntamente com *Ty-3* apresentam altos níveis de resistência ao TYLCV (Ji et al. 2009).

O gene *ty-5* localiza-se no cromossomo 4 e apresenta alta resistência à espécie TYLCV. *Ty-5* foi obtido a partir da introgressão da espécie *Solanum peruvianum* (Anbinder et al. 2009). *Ty-6* localizado no cromossomo 10 e confere alta eficácia na resistência aos begomovírus monopartidos e bipartidos (Gill et al. 2019). O *locus* para resistência a begomovírus *tcm-1* (tomato chlorotic mottle virus resistance-1) é derivado de TX 468-RG, tratando-se de um *locus* recessivo e retém um amplo espectro de resistência a isolados de begomovírus com genoma monopartido e bipartido (Giordano et al. 2005; García-Cano et al. 2008; Pereira-Carvalho et al. 2010). O *locus* de resistência *tgr-1* também apresenta resistência a espécies do gênero *begomovirus* (Bian et al. 2007).

Exemplos de cultivares resistentes lançados pela Embrapa Hortaliças (Brasília, DF) presente no mercado é o tomate tipo salada BRS Imigrante, híbrido F1, que confere tolerância às principais espécies de begomovírus, a cultivar BRS Couto do tipo mini saladete resistente a isolados de begomovírus, e a cultivar BRS Portinari do tipo caqui longa-vida e também confere resistência contra espécies de begomovírus (Pereira-Carvalho 2014; Embrapa 2021).

Programas de melhoramento genético devem apresentar flexibilidade em seus processos, em termos de adaptação às novas tendências de mercado, e realizar um trabalho em conjunto com o sistema produtivo para a detecção antecipada de potenciais novas doenças virais, as quais podem limitar o cultivo do tomateiro no país (Pereira-Carvalho et al. 2014).

## Referências Bibliográficas

Agra MF (1999) A new species of *Solanum* subgenus *leptostemonum* (Solanaceae) from Chapada da Diamantina, Bahia, Brazil. *Novon* 9: 292-295

Agra MF, Nurit-Silva K, Berger LR (2009) Flora da Paraíba, Brasil: *Solanum* L. (Solanaceae). *Acta Botanica Brasilica* 23: 826-842

Aguilera JG, Hurtado FD, Xavier CAD, Laurindo BS, Nick C, Gil MA, Silva DJH, Zerbini FM (2011) Identificação dos genes *Ty-2* e *Ty-3* de resistência a begomovírus em genótipos de tomateiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 46: 772-775

Anbinder I, Reuveni M, Azari R, Paran I, Nahon S, Shlomo H, Chen L, Lapidot M, Levin I (2009) Molecular dissection of *Tomato leaf curl virus* resistance in tomato line *TY172* derived from *Solanum peruvianum*. *Theoretical and Applied Genetics* 119: 519-530

Andrade IA (2020) Levantamento de novas espécies de begomovírus no Distrito Federal e em Goiás e caracterização molecular de uma nova espécie associada a tomateiro contendo *Ty-1*. Dissertação (Mestrado em Biologia Microbiana) - Universidade de Brasília, Brasília

Assunção IP, Listik AF, Barros MCS, Amorim EPR, Silva SJC, Izael OS, Ramalho Neto CE, Lima GSA (2006) Diversidade genética de begomovírus que infectam plantas invasoras na Região Nordeste. *Planta Daninha* 24: 239-244

Batista JG, Melo FFS, Nery FMB, Melo FL, Boiteux LS, Fonseca MEN, Lacorte C, Alves-Freitas DMT, Ribeiro SG, Pereira-Carvalho RC (2021) Characterization of genetically divergent tomato-associated geminivirus 1 isolates from table beet (*Beta vulgaris*) and tomato (*Solanum lycopersicum*). *Tropical Plant Pathology* 46: 62-68

Batista JG, Melo FL, Pereira-Carvalho RC, Alves-Freitas DMT, Ribeiro SG (2019) First report of *Tomato apical leaf curl virus* infecting tomato in Brazil. *Plant Disease* 103: 1443-1444

Bian XY, Thomas MR, Rasheed MS, Saeed M, Hanson P, De Barro PJ, Rezain MA (2007) A recessive allele (*tgr-1*) conditioning tomato resistance to *geminivirus* infection is associated with impaired viral movement. *Phytopathology* 97: 930-937

Boiteux LS, Oliveira VR, Silva CH, Makishima N, Inoue-Nagata AK, Fonseca MEN, Giordano LB (2007) Reaction of tomato hybrids carrying the *Ty-1* locus to Brazilian bipartite *Begomovirus* species. *Horticultura Brasileira*, Brasília 25: 020-023

Brasil Hortifruti (2020) Tomaticultura em números. CEPEA – USP/ESALQ 201:36 Disponível em: <<https://www.hfbrasil.org.br/br/hortifruti-cepea-tomaticultura-em-numeros.aspx>>. Acesso em 15 de julho de 2021

Buntin GD, Gilbertz DA, Oetting RD (1993) Chlorophyll loss and gas exchange in tomato leaves after feeding injury by *Bemisia tabaci* (Homoptera: *Aleyrodidae*). *Entomological Society of America* 86: 517-522

Byrne DN, Bellows JR TS (1991) Whitefly biology. *Annual Review of Entomology* 36: 431-457

Camargo Filho WP (2001) Perspectivas dos mercados de tomate para indústria e mesa. *Informações Econômicas* 31: 51-54

Camargo FP, Alves HS, Filho WPC, Vilela NJ (2006) Cadeia produtiva de tomate industrial no Brasil: resenha da década de 1990, produção regional e perspectivas. *Informações Econômicas* 36: 7-20

Candelas-Cadillo MG, Alanís-Guzmán MGJ, Bautista-Justo M, Del Río-Olague F, García-Díaz C (2005) Contenido de licopeno en jugo de tomate secado por aspersion. *Revista Mexicana de Ingeniería Química* 4: 299-307

Carvalho LD´ÁF, Bovini MG (2006) Solanaceae na reserva Rio das Pedras, Mangaratiba, Rio De Janeiro - Brasil. *Rodriguésia* 57: 75-98

Carvalho NL (2012) Resistência genética induzida em plantas cultivadas. Revista eletrônica em Gestão, Educação e Tecnologia Ambiental 7: 1379-1390

Cavalcante MG, Moreira AFC, Vasconcelos SD (2006) Potencialidade inseticida de extratos aquosos de essências florestais sobre mosca-branca. Pesquisa Agropecuária Brasileira 41: 9-14

Costa AS (1976) Whitefly transmitted plant diseases. Annual Review of Phytopathology 14: 429-449

Cotrim MAA, Krause-Sakate R, Narita N, Zerbini FM, Pavan MA (2007) Diversidade genética de begomovírus em cultivos de tomateiro no Centro-Oeste Paulista. Summa Phytopathologica 3: 300-303

Czosnek H, Hariton-Shalev A, Sobol I, Gorovits R, Ghanim M (2017) The incredible journey of begomoviruses in their whitefly vector. Viruses 9: 273-292

Darwin SC, Knapp S, Peralta IE (2003) Taxonomy of tomatoes in the Galapagos Islands: native and introduced species of *Solanum* section *Lycopersicon* (*Solanaceae*). Systematics and Biodiversity 1: 29-53

Duarte MF, Fonseca MEN, Costa H, Fernandes NAN, Reis A, Boiteux LS, Pereira-Carvalho RC (2021) Diversity of tomato-infecting begomoviruses and spatiotemporal dynamics of an endemic viral species of the Brazilian atlantic rain forest biome. Virus Genes 57: 83-93

Eiras M, Dianese EC, Pereira-Carvalho RC (2018) Resistência genética de plantas a vírus em Resistência genética de plantas a patógenos. UFPel 1: 296-358

EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (2020) A cultura do tomate disponível em: <<https://www.embrapa.br/hortalicas/tomate-de-mesa/caracteristicas>>. Acesso em: 25 jul. 2021

EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (2021) Tomate BRS Imigrante combina rendimento e resistência a fungos e geminivírus Disponível em: <<https://www.embrapa.br/busca-de-noticias/-/noticia/1577578/tomate-brs-imigrante-combina-rendimento-e-resistencia-a-fungos-e-geminivirus>>. Acesso em: 28 ago. 2021

FAO - Food and agriculture organization of the United Nations (2019) Países por producto. Disponível em: <[https://www.fao.org/faostat/es/#rankings/countries\\_by\\_commodity](https://www.fao.org/faostat/es/#rankings/countries_by_commodity)>. Acesso em: 10 jun. 2021

Fernandes FR, Albuquerque LC, Giordano LB, Boiteux LS, Ávila AC, Inoue-Nagata AK (2008) Diversity and prevalence of Brazilian bipartite begomovirus species associated to tomatoes. Virus Genes 36: 251-258

Fiallo-Olivé E, Pan LL, Liu SS, Navas-Castillo J (2020) Transmission of begomoviruses and other whitefly-borne viruses: Dependence on the vector species. The American Phytopathological Society 110: 10-17

García-Cano E, Resende RO, Boiteux LS, Giordano LB, Fernández-Muñoz R, Moriones E (2008) Phenotypic expression, stability, and inheritance of a recessive resistance to monopartite

begomoviruses associated with *tomato yellow leaf curl virus* disease in tomato. *Phytopathology* 98: 618-627

Gill U, Scott JW, Shekasteband R, Ogundiwin E, Schuit C, Francis DM, Sim SC, Smith H, Hutton SF (2019) *Ty-6*, a major *begomovirus* resistance gene on chromosome 10, is effective against *Tomato yellow leaf curl virus* and *Tomato mottle virus*. *Theoretical and Applied Genetics* 132: 1543-1554

Giordano LB, Silva-Lobo VL, Santana FM, Fonseca MEN, Boiteux LS (2005) Inheritance of resistance to the bipartite *Tomato chlorotic mottle* begomovirus derived from *Lycopersicon esculentum* cv. Tyking. *Euphytica* 143: 27-33

González-Aguilera J, Tavares SS, Sobrinho RR, Xavier CAD, Dueñas-Hurtado F, Lara-Rodrigues RM, Silva DJH, Zerbini FM (2012) Genetic structure of a Brazilian population of the *begomovirus* Tomato severe rugose virus (ToSRV). *Tropical Plant Pathology* 37: 346-353

Grabau ZJ, Mauldin MD, Habteweld A, Carter ET (2020) Nematicide efficacy at managing *Meloidogyne arenaria* and non-target effects on free-living nematodes in peanut production. *Journal of Nematology* 52: 1-10

Haji FNP, Mattos MAA, Alencar JA, Barbosa FR, Paranhos BJ (2005) Manejo da mosca-branca na cultura do tomate. Embrapa Semiárido Circular Técnica (INFOTECA-E)

Hanley-Bowdoin L, Bejarano ER, Robertson D, Mansoor S (2013) Geminiviruses: masters at redirecting and reprogramming plant processes. *Nature Reviews Microbiology* 11: 777-788

Hanson P, Green SK, Kuo G (2006) *Ty-2*, a gene on chromosome 11 conditioning *geminivirus* resistance in tomato. *Tomato Genetics Cooperative report* 56: 17-18

Harkins GW, Delport W, Duffy S, Wood N, Monjane AL, Owor BE, Donaldson L, Saumtally S, Triton G, Briddon RW, Shepherd DN, Rybicki EP, Martin DP, Varsani A (2009) Experimental evidence indicating that mastreviruses probably did not co-diverge with their hosts. *Virology Journal* 6: 114-118

Harris KF, Smith OP, Duffus JE (2001) *Virus-insect-plant interactions*. Academic Press 1: 1-363

Harrison BD, Robinson DJ (1999) Natural genomic and antigenic variation in whitefly transmitted geminiviruses (begomoviruses). *Annual Review of Phytopathology* 37: 369-398

Hogenhout SA, Ammar ED, Whitfield AE, Redinbaugh MG (2008) Insect vector interactions with persistently transmitted viruses. *Annual Review of Phytopathology* 46:327-359

IBGE (2021) Indicadores IBGE Levantamento Sistemático da Produção Agrícola Estatística da Produção Agrícola Disponível em: <<https://www.ibge.gov.br/estatisticas/economicas/agricultura-e-pecuaria/9201-levantamento-sistemico-da-producao-agricola.html>>. Acesso em: 25 jul. 2021

ICTV - International Committee on Taxonomy of Viruses (2021) Disponível em: <<https://talk.ictvonline.org/taxonomy/>>. Acesso em 2 de Ago. de 2021

Inoue-Nagata AK, Lopes CA, Reis A, Pereira RB, Quezado-Duval AM, Pinheiro JB, Lima MF (2016) Doenças do tomateiro. In: Amorim L, Rezende JAM, Bergamin Filho A, Camargo LEA (Eds.) Manual de Fitopatologia. Agronômica Ceres 2: 267-371

Inoue-Nagata AK, Mirtes FL, Gilbertson RL (2016) A review of geminivirus diseases in vegetables and other crops in Brazil: current status and approaches for management. Horticultura Brasileira 34: 8-18

Ji Y, Scott JW (2006) *Ty-3*, a begomovirus resistance locus linked to *Ty-1* on chromosome 6 of tomato. Tomato genetics cooperative report 56: 22-25

Ji Y, Scott JW, Schuster DJ (2009) Molecular mapping of *Ty-4*, a new *Tomato yellow leaf curl virus* resistance locus on chromosome 3 of tomato. Journal American Society Horticultural Science 134: 281-288

Jones JB, Lacy GH, Bouzar H, Stall RE, Schaad NW (2004) Reclassification of the *xanthomonads* associated with bacterial spot disease of tomato and pepper. Systematic and Applied Microbiology 27: 755-762

Kodama E, Degrande PE (2012) Não-preferência para oviposição e viabilidade de ninfas de *Bemisia tabaci* Biótipo B (Hemiptera: Aleyrodidae) em algodão-Bt e em sua isolinha não-transgênica. Interciência 37: 377-380

Krause-Sakate R, Watanabe LFM, Gorayeb ES, Silva FB, Alvarez DL, Bello VH, Nogueira AM, Marchi BR, Vicentin E, Ribeiro-Junior MR, Marubayashi JM, Rojas-Bertini CA, Muller C, Bueno RCOF, Rosales M, Ghanim M, Pavan MA (2020) Population dynamics of whiteflies and associated viruses in south america: Research Progress and Perspectives. Insects 11: 847-910

Landau EC, Da Silva GA (2020) Evolução da produção de tomate (*Solanum lycopersicum*, Solanaceae). Embrapa Milho e Sorgo-Capítulo em livro científico 40: 1-26

Lefeuvre P, Lett JM, Varsani A, Martin DP (2009) Widely conserved recombination patterns among single-stranded DNA viruses. Journal of Virology 83: 2697-2707

Li F, Xu X, Huang C, Gu Z, Cao L, Hu T, Ding M, Li Z, Zhou X (2015) The AC5 protein encoded by *Mungbean yellow mosaic India virus* is a pathogenicity determinant that suppresses RNA silencing-based antiviral defenses. New Phytologist 208: 555-569

Lima ACS, Lara FM, Dos Santos EJM (2001) Morfologia da mosca branca, *Bemisia tabaci* biótipo "B" (Hemiptera: Aleyrodidae), encontrada em jaboticabal, SP, com base em eletronicografias de varredura. Boletín de Sanidad Vegetal Plagas 27: 315-322

Lopes CA, Reis A (2011) Doenças do tomateiro cultivado em ambiente protegido. Embrapa Hortaliças, Brasília - DF. Circular técnica 100

Martins TP, Souza TA, Silva PS, Nakasu EYT, Melo FL, Inoue-Nagata AK, Nagata T (2021) Nanopore sequencing of *tomato mottle leaf distortion virus*, a new bipartite *begomovirus* infecting tomato in Brazil Archives of Virology 11:3217-3220

Matiello RR, Barbieri RL, Carvalho FIF (1997) Resistência das plantas a moléstias fúngicas. *Ciência Rural*, Santa Maria 27: 161-168

Melgarejo TA, Tatsuya K, Robert LG (2015) Molecular and biological characterization of distinct strains of *Jatropha mosaic virus* from the Dominican Republic reveal a potential to infect crop plants. *Phytopathology* 105: 141-153

Monardes H (2009) Importancia económica del cultivo en la región, país y el mundo. In: Escalona VC, Alvarado PV, Monardes HM, Urbina CZ, Martin AB Manual de cultivo de tomate (*Lycopersicon esculentum* Mill.). Santiago de Chile (Chile): Nodo Hortícola VI Región 10: 5-9

Naika S, Jeude JVL, Goffau M, Hilmi M, Dam Bv (2006) A cultura do tomate produção, processamento e comercialização. *Agrodok* 1: 1-102

Naito FYB, Melo FL, Fonseca MEN, Santos CAF, Chanes CR, Ribeiro BM, Gilbertson RL, Boiteux LS, Pereira-Carvalho RC (2019) Nanopore sequencing of a novel bipartite New World begomovirus infecting cowpea. *Archives of Virology* 164: 1907-1910

NATURDATA (2021) *Solanum lycopersicum* Linnaeus Disponível em: <<https://naturdata.com/especie/solanum-lycopersicum/6358/0/>>. Acesso em: 25 jul. 2021  
Navas-Castillo J, Fiallo-Olivé E (2020) *Geminiviruses (Geminiviridae)*. Elsevier 1: 1-9

Navas-Castillo J, Fiallo-Olivé E, Sanchez-Campos S (2011) Emerging virus diseases transmitted by whiteflies. *Annual Review of Phytopathology* 49: 219-248

Peralta IE, Knapp S, Spooner DM, (2005) New Species of wild tomatoes (*Solanum* Section *Lycopersicon: Solanaceae*). *Systematic Botany* 30: 424-434

Peralta IE, Spooner DM (2005) Morphological characterization and relationships of wild tomatoes (*Solanum* L. SECT. *Lycopersicon*). *Monographs In Systematic Botany* 104: 227-258

Pereira ISP, Rodrigues VF, Vega MRG (2016) Flavonoides do gênero *Solanum*. *Revista Virtual de Química* 8: 4-26

Pereira-Carvalho RC, Boiteux LS, Fonseca MEN, Díaz-Pendón JA, Moriones E, Fernández-Muñoz R, Charchar JM, Resende RO (2010) Multiple resistance to *Meloidogyne* spp. and to bipartite and monopartite *Begomovirus* spp. in wild *Solanum (Lycopersicon)* accessions. *Plant Disease* 94: 179-185

Pereira-Carvalho RC, Díaz-Pendón JA, Fonseca MEN, Boiteux LS, Fernández-Muñoz R, Moriones E, Resende RO (2015) Recessive resistance derived from *Tomato cv. Tyking-Limits* drastically the spread of *Tomato yellow leaf curl virus*. *Viruses* 7: 2518-2533

Pereira-Carvalho RC, Tobar LLM, Dianese EC, Fonseca MEN, Boiteux LS (2014) Melhoramento genético do tomateiro para resistência a doenças de etiologia viral: Avanços e perspectivas. *Revisão Anual de Patologia de Planta* 22: 280-361

- Pimentel RR, Anjos RL, Ferreira AA, Domiciano GP, Oliveira RC, Furlanetto C (2021) Host status of plants from the Cerrado Biome to *Meloidogyne* spp. *Ciência Florestal* 31: 705-724
- Polston, JE, Anderson PK (1997) The emergence of whitefly- transmitted *geminiviruses* in tomato in the western hemisphere. *Plant Disease* 81: 1358-1369
- Quintanilha KT, Tavares EB, Rodrigues VDV, Corcioli G (2020) Correlation analysis between tomato price and wheat price in Brazil in the period 2010 to 2018. *Research, Society and Development* 9: 1-11
- Rego-Machado CM, Nakasu EYT, Blawid R, Nagata T, Inoue-Nagata AK (2019) Complete genome sequence of a new bipartite *begomovirus* infecting tomato in Brazil. *Archives of Virology* 164: 2873-2875
- Reis LNA, Boiteux LS, Fonseca MEN, Pereira-Carvalho RC (2021) *Tomato yellow vein streak virus* and *Tomato golden vein virus*: a reappraisal of the classification status of two South American *begomovirus* species based upon genome-wide pairwise identity of multiple isolates. *Virus Genes* 57: 127-131
- Reis LNA, Fonseca MEN, Ribeiro SG, Naito FYB, Boiteux LS, Pereira-Carvalho RC (2020) Metagenomics of neotropical single-stranded DNA viruses in tomato cultivars with and without the *Ty-1* Gene. *Viruses* 12: 819
- Rojas MR, Macedo MA, Maliano MR, Soto-Aguilar M, Souza JO, Briddon RW, Kenyon L, Bustamante RFR, Zerbini FM, Adkins S, Legg JP, Kvarnheden A, Wintermantel WM, Sudarshana MR, Peterschmitt M, Lapidot M, Martin DP, Moriones E, Inoue-Nagata AK, Gilbertson RL (2018) World management of *geminiviruses*. *Annual Review of Phytopathology* 56: 637-77
- Roossinck MJ (1997) Mechanisms of plant virus evolution. *Annual Review of Phytopathology* 35: 191-209
- Roossinck MJ (2005) Symviosis versus competition in plant virus evolution. *Nature Reviews Microbiology* 3: 917-924
- Sani I, Ismail SI, Abdullah S, Jalinas J, Jamian S, Saad N (2020) A review of the biology and control of whitefly, *Bemisia tabaci* (Hemiptera: *Aleyrodidae*), with special reference to biological control using entomopathogenic fungi. *Insects* 11: 619-637
- Seal SE, VandenBosch F, Jeger MJ (2006) Factors influencing *begomovirus* evolution and their increasing global significance: Implications for sustainable control. *Critical Reviews in Plant Sciences* 25: 23-46
- Vancheva T, Bogatzevska N, Moncheva P, Mitrev S, Vernière C, Koebnik R (2021) Molecular epidemiology of *Xanthomonas euvesicatoria* strains from the Balkan Peninsula revealed by a new multiple-locus variable-number tandem-repeat analysis scheme. *Microorganisms* 9: 553-572

Villegas-Ruíz X, Rodríguez-Armas DN, Guerrero-Beltrán JA, Bárcenas-Pozos ME (2013) Estabilidad de un producto dulce de tamarillo (*Cyphomandra betacea*) conservado por métodos combinados. *Scientia Agropecuária*. 4: 89-100

Zamir D, Ekstein-Michelson I, Zakay Y, Navot N, Zeidan M, Sarfatti M, Eshed Y, Harel E, Pleban T, Van-Oss H, Kedar N, Rabinowitch HD, Czosnek H (1994) Mapping and introgression of a *Tomato yellow leaf curl virus* tolerance gene, *Ty-1*. *Theoretical and Applied Genetics* 88: 141-146

Zerbini FM, Briddon RW, Idris A, Martin DP, Moriones E, Navas-Castillo J, Rivera-Bustamante R, Roumagnac P, Varsani A, ICTV Report Consortium (2017) ICTV Virus Taxonomy Profile: *Geminiviridae*. *Journal of General Virology* 98: 131-133

Zhou X (2013) Advances in understanding begomovirus satellites. *Annual Review of Phytopathology* 51: 357-381



## CAPÍTULO 2

### Monitoramento da diversidade de begomovírus ocorrendo no tomateiro no Distrito Federal

Letícia Aparecida Belmira Da Silva<sup>1</sup> • Leonardo Silva Boiteux<sup>2</sup> • Maria Esther de Noronha Fonseca<sup>2</sup>  
Jordânia Davi Oliveira<sup>1</sup> • Rita de Cássia Pereira Carvalho<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Universidade de Brasília (UnB), Dept. Fitopatologia, Área de Virologia Vegetal, Brasília-DF 70910-900, Brasil

<sup>2</sup> National Center for Vegetable Crops Research (CNPH), Embrapa Hortaliças, Brasília – DF, Brasil.

#### 2.1 Introdução

O cultivo do tomateiro tem uma distribuição pelo globo, devido a sua grande diversidade e uma boa adaptabilidade em diferentes regiões (EMBRAPA Hortaliças 2021). A grande popularização da hortaliça ocorre pelo fato do fruto ser rico em nutrientes, e apresentar elevada variedade de consumo. O fruto do tomate apresenta grandes quantidades de vitaminas B e C, ferro, fósforo, minerais, aminoácidos e fibras (Naika et al. 2006). Além disso, o tomate é considerado como a hortaliça mais cultivada no mundo e o seu cultivo possui elevado valor econômico (Monardes 2009; Inoue-Nagata et al., 2016). De acordo com o IBGE (2021) a produção nacional de tomate alcança os 4,0 milhões de toneladas. No Brasil, destacam-se como grandes produtores, estados das regiões Centro-Oeste e Sudeste.

O cultivo do tomateiro durante o ano todo, propicia condições favoráveis para o desenvolvimento de patógenos. Dentre eles, podemos citar os begomovírus (família *Geminiviridae*), cujos isolados provocam doenças importantes economicamente na maioria das regiões tropicais e subtropicais do mundo (Zerbini et al. 2017). Atualmente essa família viral é composta por quatorze gêneros, que juntos contém mais de 520 espécies (ICTV 2021). Estes vírus apresentam genoma pequeno de 2.600 a 2.800 nucleotídeos (nts) composto por DNA de fita simples e não envelopados (Zerbini et al. 2017). A proteína capsidial (CP) atua no processo de encapsidação viral (Zerbini et al. 2017; Navas-Castillo et al. 2020).

Dentre os gêneros da família, destaca-se *Begomovirus*, composto por 445 espécies (ICTV 2021). Trata-se do gênero que contém mais representantes infectando o tomateiro (Polston et al. 1997; Rojas et al. 2018; Reis 2020). Isolados do gênero *Begomovirus*, podem apresentar uma ou duas moléculas de DNA, sendo denominados monopartidos (DNA-A) ou bipartidos (DNA-A e DNA-B) e que são encapsidados separadamente em partículas geminadas (Polston et al. 1997; Czosnek et al. 2017; Zerbini et al. 2017). Em tomateiro, no Brasil, predominam os begomovírus bipartidos. No DNA-A, são encontradas de 5-6 ORFs (*Open*

*Reading Frame*) que codificam proteínas envolvidas na replicação, sintomas e transmissão viral. Duas destas ORFs ocorrem no sentido viral (AV1/V1 e AV2/V2) e cinco no sentido complementar (AC1/C1 a AC5/C5). A ORF AC5, descrita recentemente, está presente em algumas espécies de begomovírus, possivelmente está relacionada à patogenicidade viral e supressão do silenciamento das defesas das plantas (Li et al. 2015). No DNA-B são encontradas duas ORFs, uma no sentido viral (BV1) e a outra no sentido complementar (BC1), codificando proteínas relacionadas ao movimento viral na planta (Hanley-Bowdoin et al. 2013; Navas-Castillo et al. 2020).

De acordo com Brown et al. (2015) espécies com identidade de sequências de nucleotídeos para o genoma do componente DNA-A completo, abaixo de 91% quando comparadas com sequências disponíveis em banco de dados são consideradas como espécies novas para o gênero *Begomovirus*. Até o presente momento 21 espécies de begomovírus já foram relatados no Brasil, sendo que pelo menos 15 desses vírus foram relatados também no Brasil Central. Algumas destas espécies são: tomato golden vein virus – TGVV, tomato chlorotic mottle virus – ToCMoV, tomato common mosaic virus – ToCmMV, tomato severe rugose virus – ToSRV, tomato rugose mosaic virus – ToRMV e tomato mottle leaf curl virus – ToMoLCV, tomato yellow vein streak virus – ToYVSV, tomato rugose yellow leaf curl virus – ToRYLCV, tomato mosaic severe dwarf virus – ToMSDV, cleome leaf crumple virus – CILCrV, sida micrantha mosaic virus – SiMMV, bean golden mosaic virus – BGMV, tomato apical leaf curl virus – ToALCV, tomato interveinal chlorosis virus-2 – ToICV2, tomato mottle leaf distortion virus – ToMoLDiV (Fernandes et al. 2008; Batista et al. 2019; Rego-Machado et al. 2019 Andrade 2020; Reis et al. 2020; Martins et al. 2021).

O genoma pequeno e bipartido favorece a ocorrência dos mecanismos geradores de variabilidade (mutações, recombinações e pseudorecombinações), propiciando desta forma o aumento da diversidade de populações virais. Além disto, a eficiência e polifagia do vetor *Bemisia tabaci Middle East Asian Minor* – MEAM1 (= biótipo B) favorece para a ocorrência dos eventos geradores de variabilidade e consequentemente estrutura genética das populações de begomovírus e número de espécies. Este inseto, polífago e de ampla distribuição pela América do Sul e pelo Mundo age também como praga ao alimentar-se e injetar toxinas nas plantas (Cavalcante et al. 2006; e Krause-Sakate et al. 2020). A relação estabelecida entre begomovírus e o vetor mosca-branca é do tipo circulativa não propagativa (Harris et al. 2001; Hogenhout et al. 2008; Czosnek et al. 2017; Fiallo-Olivé et al. 2020).

A melhor opção para controle de begomovírus consiste no uso de plantas carregando genes que conferem resistência e tolerância. Dentre eles, podem ser citados: Gene *Ty-1* (Zamir et al. 1994), *Ty-2* (Hanson et al. 2006), *Ty-3* (Ji et al. 2006), *Ty-4* (Ji et al. 2009), *Ty-5* (Anbinder et al. 2009), *Ty-6* (Gill et al. 2019), *tcm-1* (Giordano et al. 2005) e *tgr-1* (Bian et al. 2007). Neste contexto, o objetivo deste trabalho foi monitorar a diversidade e realizar a caracterização do genoma completo viral de seis isolados de begomovírus infectando tomateiro no Distrito Federal. Os dados gerados no presente trabalho irão fornecer para os programas de melhoramento genético um panorama mais completo sobre os principais begomovírus ocorrendo no cultivo do tomate no DF.

## 2.2 Material e métodos

### 2.2.1 Obtenção e armazenamento dos isolados virais de begomovírus

As amostras de tomateiro exibindo sintomas típicos de begomovírus, que foram utilizadas neste trabalho encontram-se armazenadas na coleção de begomovírus de tomateiro do Laboratório de Melhoramento Vegetal da Embrapa Hortaliças (Brasília-DF). Foram coletadas em diferentes cidades do Distrito Federal no período de 2003-2016. Maiores informações podem ser encontradas na **Tabela 3**.

**Tabela 3.** Códigos dos isolados de tomateiro coletados no Distrito Federal, utilizados neste trabalho.

Isolados	Local de coleta	Ano
DF-023	Gama - DF	2003
DF-027	Gama -DF	2003
DF-028	Gama - DF	2003
DF-048	Gama - DF	2003
DF-550	Pipiripau - DF	2013
DF-676	Planaltina - DF	2016

### 2.2.2 Extração de DNA e RCA

As amostras foram submetidas ao processo de extração de DNA total utilizando tampão 2X CTAB e solventes orgânicos, de acordo com o protocolo descrito por Boiteux et al. (1999).

Com finalidade de aumentar a concentração de DNA viral presente nas amostras realizou-se o procedimento de amplificação de círculo rolante – RCA (*Rolling Circle Amplification*) (Inoue-Nagata et al. 2004; Reis et al. 2020). As amostras advindas do processo de RCA foram empregadas na reação PCR.

### 2.2.3 Recuperação do genoma viral

Foram utilizados seis conjuntos de pares de *Primers* para os componentes de DNA-A e B, de begomovírus (Rojas et al. 1993; Duarte et al. 2020) e suas sequências encontram-se na **Tabela 4**. Os protocolos para a PCR foram de acordo com Duarte et al. (2020) e Reis et al. (2020). A amplificação do DNA foi realizada na seguinte sequência: A amostra foi submetida a 94°C por 3 minutos por 35 ciclos, sendo compostos por 94°C por 30 segundos para a ocorrência da desnaturação, seguido de 50°C por 1 minuto para o anelamento, e 72°C por 1 minuto para extensão, acompanhada de uma extensão final à 72°C por 7 minutos.

Os produtos resultantes da sequência de processos foram visualizados em gel de agarose a 1%, e obteve coloração com a aplicação do brometo de etídeo. A seguir, procedeu-se ao aumento do volume de cada reação positiva de PCR para posterior purificação usando kit da Promega, de acordo com as condições do fabricante. As amostras foram quantificadas em nanodrop e em gel de agarose a 1% antes de serem submetidas ao sequenciamento *Sanger* no Laboratório de Análise Genômica da Embrapa Hortaliças, com sequenciador ABI PRISM 3100 utilizando o protocolo BigDye® Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kit version 3.1 (Applied Biosystems).

**Tabela 4.** *Primers* usados para componentes DNA-A e DNA-B

<i>Primers</i>	Sequências
PAR1c496 <sup>1</sup>	5' AAT-ACT-GCA-GGG-CTT-YCT-RTA-CAT-RGG 3'
PAL1v1978 <sup>1</sup>	5' GCA-TCT-GCA-GGC-CCA-CAT-YGT-CTT-YCC-NGT 3'
BegomoAFor <sup>2</sup>	5' ATH-CCM-DCH-ATC-KTB-CTI-TGC-AAT-CC 3'
BegomoARev <sup>2</sup>	5' TGY-GAR-GGI-CCI-TGY-AAR-GTY-CAR-TC 3'
PBL1v2040 (DNA B) <sup>1</sup>	5' GCC-TCT-GCA-GCA-RTG-RTC-KAT-CTT-CAT-ACA 3'
PCRC1 (DNA B) <sup>1</sup>	5' CTA-GCT-GCA-GCA-TAT-TTA-CRA-RWA-TGC-CA 3'

<sup>1</sup> (Rojas et al. 1993) e <sup>2</sup>(HA et al. 2006)

## 2.2.4 Análises das sequências obtidas

As sequências obtidas com os *primers*, PAL1v1978, PAR1c496, Begomo AF, Begomo AR, 13AF, 13AR, 14AF, 14AR, 4AF, 12AF, PBL1v2040, PCc1 foram montadas com o auxílio do programa Geneious 11.0.5 (<https://www.geneious.com/>) (Kearse et al. 2012). Foi realizada uma montagem de NOVO (De Novo Assembly) a partir das sequências de amplicons obtidas com o objetivo de obter componentes do DNA-A para cada isolado. Após a montagem e análise de qualidade dos *contigs*, foi realizada uma análise das sequências por meio da ferramenta BLASTn (Altschul et al. 1997).

A ferramenta foi utilizada para a realização de comparação das sequências obtidas, com as sequências contidas no banco público de dados GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>), com a finalidade de identificar os isolados virais. As sequências foram alinhadas com genomas de maior porcentagem de identidade advindos da ferramenta BLASTn como referência, e então os genomas montados foram anotados para posterior depósito no GenBank.

As análises filogenéticas foram realizadas a partir das sequências do DNA-A obtidas no trabalho e de 35 sequências advindas do Genbank, utilizando do alinhamento MUSCLE e do método FasTree, utilizando também o programa Geneious 11.0 (Kearse et al. 2012). Múltiplos alinhamentos foram feitos com o programa SDT (Muhire et al., 2014) e as figuras foram elaboradas com o auxílio do programa Adobe Illustrator CC.

## 2.3 Resultados e Discussão

**2.3.1. Recuperação do genoma completo de begomovírus (componente DNA-A):** Foi possível recuperar o genoma completo (DNA-A) de begomovírus presentes em cinco das seis amostras analisadas neste trabalho: DF-023, DF-027, DF-028, DF-048, DF-550 e DF-676, mediante sequenciamento *Sanger* dos amplicons obtidos com os *primers* para os componentes DNA-A completo e parcialmente para o DNA-B. Os *contigs* foram então montados no programa *Geneious* (Kearse et al. 2012) gerando os genomas de aproximadamente 2.600 nts para o componente DNA-A de cada um dos isolados. Informações para o componente DNA-B (ca. 400 nucleotídeos) permitiram a confirmação de begomovírus bipartidos em todas as amostras (resultados não apresentados). Foi possível montar os genomas completos para os cinco begomovírus presentes nas seis amostras. Informações de *Blastn* encontram-se resumidas na **Tabela 5**.

A identidade do begomovírus recuperado de DF-023 foi menor que 91%, indicando tratar-se de uma nova espécie, denominada *Chino del tomate Amazonas virus* (*Blastn* MH243423.1). Esta espécie encontra-se em fase de escrita final de artigo pela nossa equipe.

Os demais begomovírus, correspondem a espécies já conhecidas, descritas e detectadas anteriormente: Um isolado de tomato severe rugose virus (*Blastn* MT733811.1) foi recuperado da amostra DF-550. ToSRV, teve o seu primeiro relato formal, infectando tomateiro no Brasil (Minas Gerais) no ano de 1999. A primeira sequência do DNA-A foi depositada no GenBank no ano de 2001 (Acesso AY029750) (Rezende et al. 2001 não publicado). Anos mais tarde vários trabalhos foram realizados relatado ToSRV em diversas áreas com produção de tomaticultura pelo país, incluindo o Distrito Federal (Ribeiro et al. 2003; Cotrim et al. 2007; Fernandes et al. 2008; Rocha et al. 2010, 2013; González-Aguilera et al. 2012; Mituti et al. 2019; Duarte et al. 2021; Reis et al. 2020; Souza et al. 2020).

Dois isolados de tomato chlorotic mottle virus - ToCMoV (*Blastn* MT733804.1) foram recuperados de DF-028 e DF-048. ToCMoV foi relatado pela primeira vez no Distrito Federal por Ribeiro et al. (2003) e posteriormente descrito por outros autores como Giordano et al. (2005).

Importante ressaltar que a sequência obtida para o isolado DF-028, corresponde a sequência parcial (2034 nts) de um isolado proveniente do Gama – DF. Entretanto a identidade com as sequências depositadas no GenBank, foi considerada baixa (89,30%). Esforços serão realizados para recuperar o restante do genoma. Aparentemente é possível que DF-028 corresponda a uma nova espécie para o gênero *Begomovirus* (**Tabela 5**).

Um isolado de tomato golden vein virus - TGVV (*Blastn* KC706643.1) foi recuperado a partir de DF-027. O nosso isolado, embora tenha apresentado uma alta identidade com um isolado do GenBank denominado como TYVSV, foi corrigido aqui para TGVV, seguindo o que foi apresentado, proposto e analisado por Reis et al. (2021). Neste trabalho comprova-se que as espécies TGVV e ToYVSV apresentam uma estreita relação filogenética e alguns equívocos na classificação de isolados de para estes dois vírus TGVV e TYVSV foram realizados. TGVV já foi relatado no DF (Reis et al. 2020), assim como o tomato mottle leaf curl virus - ToMoLCV (amostra DF-676) (*Blastn* MT215005.1) que foi relatado por Fernandes et al. (2008), seguido de trabalhos de Albuquerque et al. (2012).

**Tabela 5.** Informações de cobertura, porcentagem de identidade e *E-value* obtidos após *Blastn* no GenBank para os componentes do DNA-A dos seis begomovírus, provenientes de amostras do Distrito Federal.

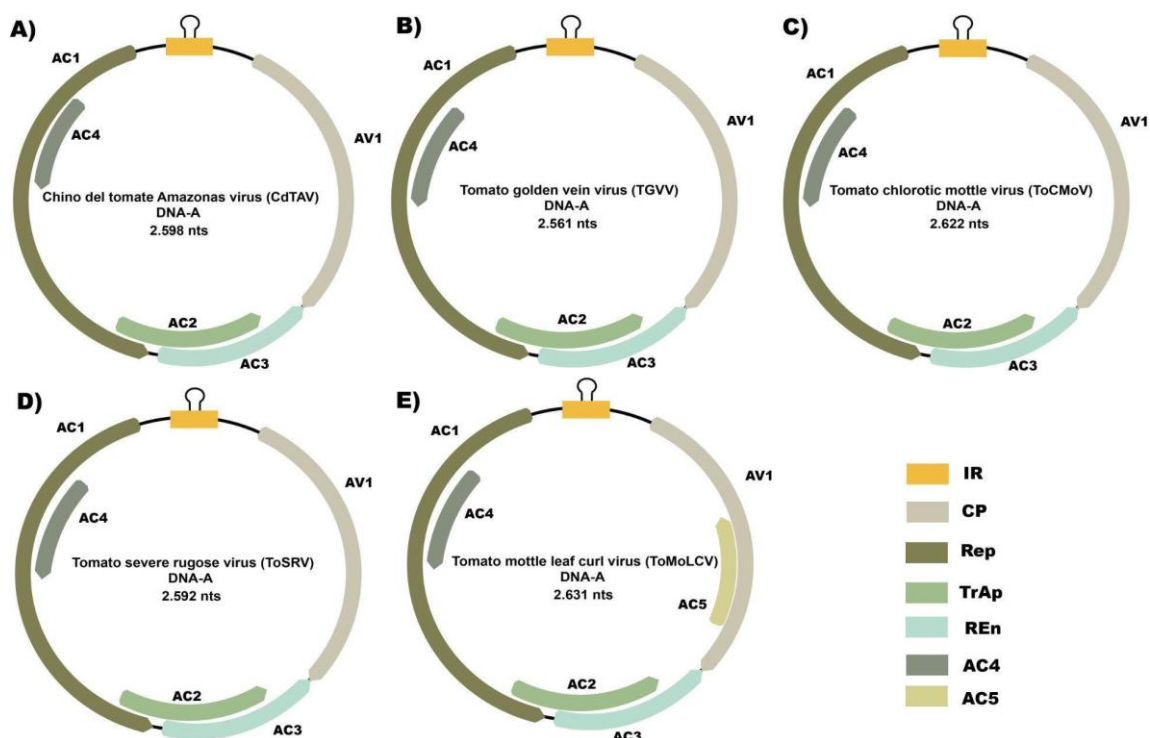
<b>Código</b>	<b>Tamanho *</b>	<b>Vírus - <i>Blastn</i></b>	<b>Cobertura (%)</b>	<b>Identidad e. (%)</b>	<b>E-Value</b>
DF-023	2598	Chino del tomate amazonas virus	99%	95.36%	0.0
DF-027	2561	Tomato golden vein virus	100%	93.01%	0.0
DF-028	2034	Tomato chlorotic mottle virus	92%	89.30%	0.0
DF-048	2622	Tomato chlorotic mottle virus	100%	98.02%	0.0
DF-550	2592	Tomato severe rugose virus	100%	98.50%	0.0
DF-676	2631	Tomato mottle leaf curl virus	100%	97.91%	0.0

\*nts – nucleotídeos,

Vários estudos vêm sendo publicados com a descrição de novas espécies para o gênero *Begomovirus*, com finalidade de aumentar o conhecimento e a gama de espécies já descritas, conhecer os seus hábitos, hospedeiras e tipo de transmissão que cercam esse gênero (Cotrim et al. 2007; Fernandes et al. 2008; Blawid et al. 2013; Reis et al. 2020). Trabalhos esses de grande importância, considerando a dimensão da cultura do tomate, mencionada anteriormente, a disseminação do inseto vetor e grande variabilidade que sofre as espécies do gênero begomovirus.

A organização genômica observada para os begomovírus em todas as amostras, foi típica aos begomovírus bipartidos do Novo Mundo (NW), conforme pode ser observado na **FIGURA 1 (A-E)**. Todos os genomas apresentaram as seis ORFs (*Open Reading Frame*) no componente DNA-A, nos tamanhos esperados. As ORFs codificam proteínas envolvidas na replicação, indução de sintomas na planta e transmissão viral. Uma ORF no sentido viral (AV1/V1) e cinco no sentido complementar (AC1/C1 a AC5/C5) (Hanley-Bowdoin et al. 2013; Fiallo-Olivé 2020; Navas-Castillo et al. 2020). A ORF AC5 está presente em algumas espécies de begomovírus como na espécie ToMoLCV **FIGURA 1 (E)**. Acredita-se que a AC5 esteja

relacionada à patogenicidade viral e supressão do silenciamento das defesas das plantas (Li et al. 2015).

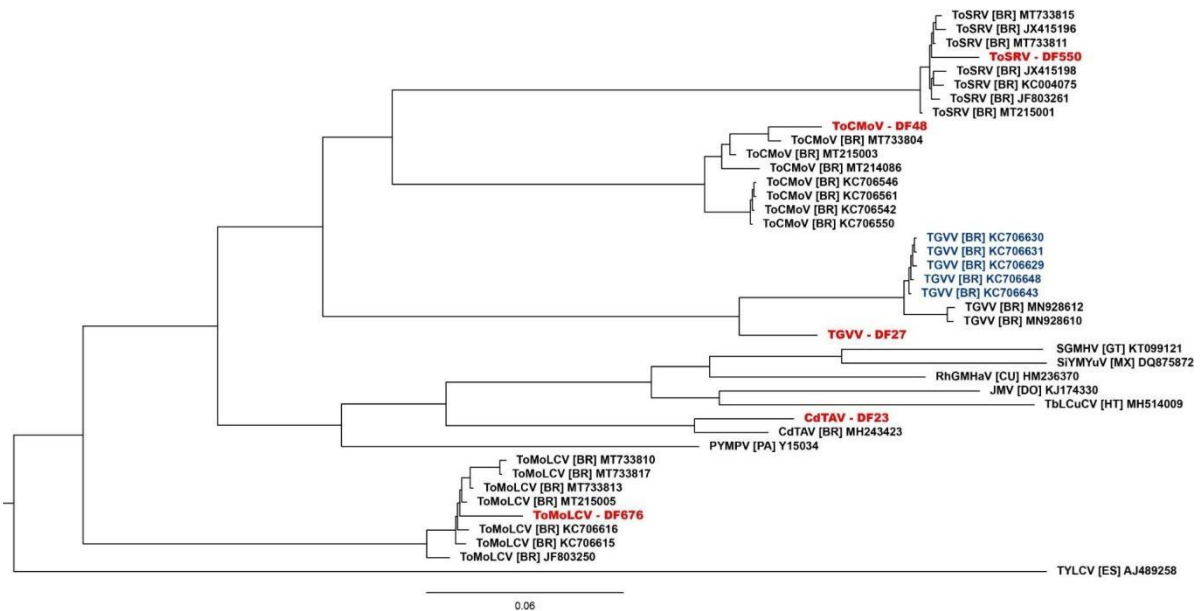


**FIGURA 1.** Representação da organização genômica de espécies de *Begomovirus* relacionadas nesse trabalho: A) Chino del tomate Amazonas virus – CdTAV (DF-023); B) Tomato golden vein virus – TGVV (DF-027); C) Tomato chlorotic mottle virus – ToCMoV (DF-048); D) Tomato severe rugose virus – ToSRV (DF-550); E) Tomato mottle leaf curl virus – ToMoLCV (DF-676). As ORFs (*Open Reading Frame*) AV1, AC1, AC2, AC3, AC4, AC5 correspondentes ao DNA- A foram identificadas (representadas por cores) codificando respectivamente as proteínas: CP: proteína capsidial; Rep: proteína associada à replicação; TrAp: proteína ativadora de transcrição; REn: intensificador de replicação; AC4: determinante de sintoma; AC5: possível supressor de silenciamento e IR: Região intergênica.

### 2.3.2 Análise filogenética e *Sequence Demarcation Tool* (SDT)

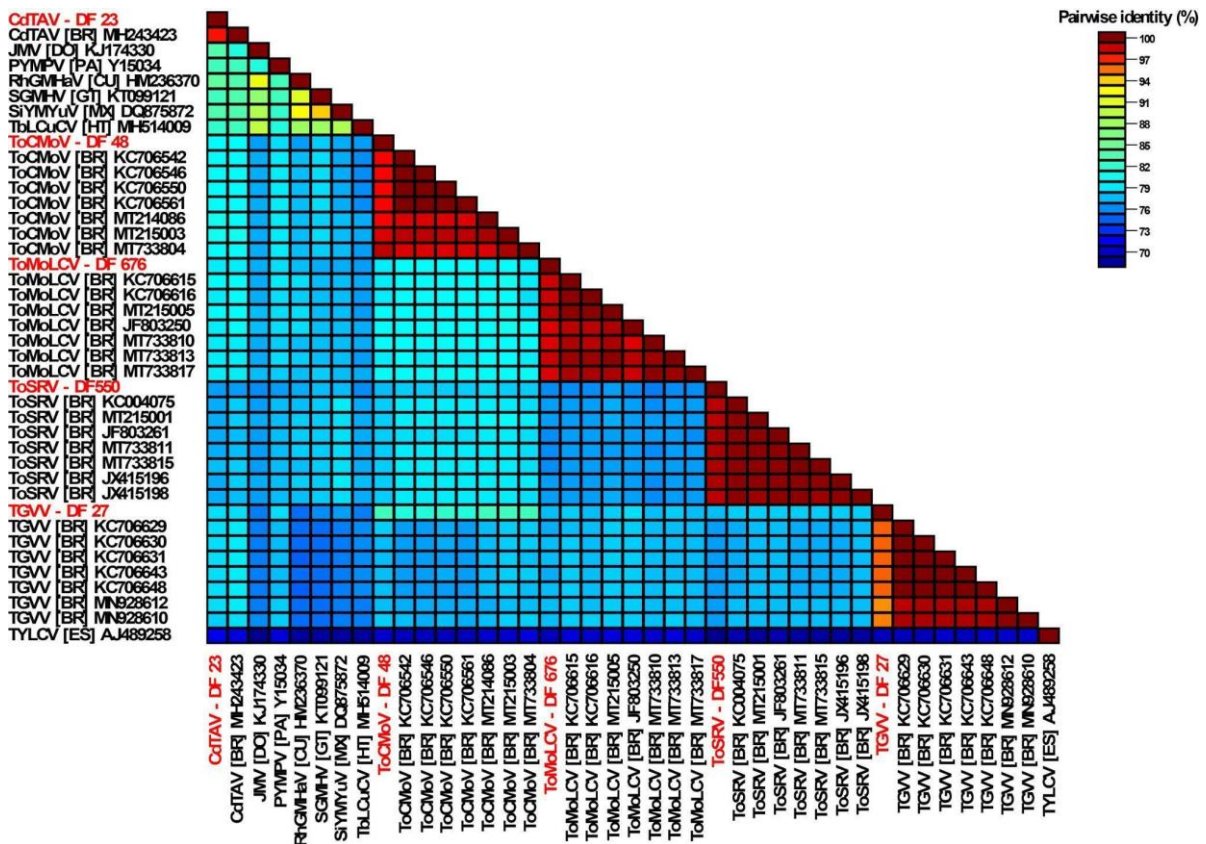
A árvore filogenética foi construída no Geneious 11.0 (Kearse et al. 2012), utilizando 40 sequências de nucleotídeos do genoma completo (DNA-A), sendo cinco delas correspondentes aos genomas recuperados neste trabalho e 35 sequências provenientes do GenBank (**FIGURA 2**). O vírus monopartido tomato yellow leaf curl virus, foi utilizado como *outgroup*. Foi possível observar um agrupamento por espécie conforme esperado. As espécies já relatadas infectando tomate no Brasil formaram clados com isolados já descritos no Brasil Central, enquanto o isolado de *Chino del tomate Amazonas virus* (DF-023), se agrupou com espécies diferentes relatadas fora do Brasil, como a espécie *Rhynchosia rugose golden mosaic virus* - RhGMHaV (HM236370), detectada em Cuba (Fiallo-Olivé et al. 2010).





**FIGURA 2.** Análise filogenética composta por sequências completas do DNA-A espécies de *Begomovirus* obtidas nesse trabalho destacadas em vermelho: Tomato severe rugose virus – ToSRV (DF-550); Tomato chlorotic mottle virus – ToCMoV (DF-048); Tomato golden vein virus – TGVV (DF-027); Chino del tomate Amazonas virus – CdTAV (DF-023) e Tomato mottle leaf curl virus – ToMoLCV (DF-676) e outras retiradas de banco de dados (Genbank). As sequências retiradas do banco de dados e empregadas nesta análise foram identificadas por seu acrônimo, seu número de acesso e sigla dos países onde foram originalmente descritas: BR= Brasil; GT=Guatemala; MX=México; CU=Cuba; DO=República Dominicana; HT= Haiti; PA=Panamá; ES=Espanha. As espécies virais e os números de acesso do Genbank são os seguintes: ToSRV (MT733815; JX415196; MT733811; JX415198; KC004075; JF803261; MT215001); ToCMoV (MT733804; MT215003; MT214086; KC706546; KC706561; KC706542; KC706550); TGVV, de acordo com Reis et al. (2021) destacados na cor azul (KC706630; KC706631; KC706629; KC706648; KC706643 – isolados classificados como Tomato yellow vein streak virus – ToYVSV) TGVV (MN928612; MN928610); ToMoLCV (MT733810; MT733817; MT733813; MT215005; KC706616; KC706615; JF803250); Sida golden mosaic Honduras virus – SGMHV (KT099121); Sida yellow mosaic Yucatan virus – SiMYuV (DQ875872); Rhynchosia rugose golden mosaic virus – RhGMHaV (HM236370); Jatropha mosaic virus – JMV (KJ174330); Tobacco leaf curl Cuba virus – TbLCuCV (MH514009); CdTAV (MH243423) e Potato yellow mosaic Panamá virus – PYMPV (Y15034). A sequência de Tomato yellow leaf curl virus – TYLCV (AJ489258) foi utilizada como *outgroup*.

**2.3.3 Sequence Demarcation Tool (SDT):** Foram realizados múltiplos alinhamentos por meio do programa *Sequence Demarcation Tool* - SDT, gerando uma matriz de comparação. O resultado obtido está ilustrado na **FIGURA 3**. Dois isolados apresentaram valores de identidade nucleotídica abaixo de 91% (DF-023 e DF-028), indicando prováveis novas espécies de begomovírus segundo os critérios de Brown et al. (2015). Neste trabalho foi realizada a detecção de *Chino del tomate Amazonas virus* (espécie nova) em tomateiro, e seu primeiro relato no DF, conforme mencionado anteriormente. Os demais isolados apresentaram uma identidade superior a 91% indicando espécies de begomovírus conhecidas e já relatadas. O conhecimento da diversidade de begomovírus e a detecção de novas espécies do gênero, quando aliados à futura produção de clones infecciosos, podem permitir futuros estudos visando determinar a gama de hospedeiras destas novas espécies e testes em cultivares contendo genes de resistência (Pereira-Carvalho et al. 2014).



**FIGURA 3.** *Sequence Demarcation Tool* – SDT representando a porcentagem de nucleotídeos entre as sequências completas do DNA-A de espécies de *Begomovirus* obtidas nesse trabalho, e destacadas em vermelho: Tomato severe rugose virus – ToSRV (DF-550); Tomato chlorotic mottle virus – ToCMoV (DF-048); Tomato golden vein virus – TGVV (DF-027); Chino del tomate Amazonas virus – CdTAV (DF-023) e Tomato mottle leaf curl virus – ToMoLCV (DF-676) e outras retiradas de banco de dados (Genbank). As espécies retiradas de banco de dados empregadas nesta análise foram identificadas por seu acrônimo, seu número de acesso e sigla

dos países onde foram originalmente descritas: BR= Brasil; GT=Guatemala; MX=México; CU=Cuba; DO=República Dominicana; HT= Haiti; PA=Panamá; ES=Espanha. As espécies virais e os números de acesso do Genbank são os seguintes: ToSRV (MT733815; JX415196; MT733811; JX415198; KC004075; JF803261; MT215001); ToCMoV (MT733804; MT215003; MT214086; KC706546; KC706561; KC706542; KC706550); TGVV de acordo com Reis et al. (2021) destacados na cor azul (KC706630; KC706631; KC706629; KC706648; KC706643 – isolados classificados como Tomato yellow vein streak virus - ToYVSV) TGVV (MN928612; MN928610); ToMoLCV (MT733810; MT733817; MT733813; MT215005; KC706616; KC706615; JF803250); Sida golden mosaic Honduras virus – SGMHV (KT099121); Sida yellow mosaic Yucatan virus – SiMYuV (DQ875872); Rhynchosia rugose golden mosaic virus – RhGMHaV (HM236370); Jatropha mosaic virus – JMV (KJ174330); Tobacco leaf curl Cuba virus – TbLCuCV (MH514009); CdTAV (MH243423) e Potato yellow mosaic Panama virus – PYMPV (Y15034). A sequência de Tomato yellow leaf curl virus – TYLCV (AJ489258) foi utilizada como *outgroup*.

## 2.4 Conclusões

Foi possível detectar uma nova espécie para o gênero *Begomovirus*: *Chino del tomate Amazonas virus* (DF-023), e relatá-la pela primeira vez infectando tomate no Distrito Federal. Houve a detecção de uma provável nova espécie na amostra DF-028 pela sua baixa identidade (89,30%). Estudos futuros serão necessários para recuperar o genoma completo deste vírus.

Detectou-se vírus já conhecidos: Tomato golden vein virus, Tomato severe rugose virus, Tomato mottle leaf curl virus, e Tomato chlorotic mottle virus. Estas detecções colaboram para o levantamento e monitoramento constantes da diversidade de begomovírus no Distrito Federal, o que poderá auxiliar programas de melhoramento genético.

Espera-se, futuramente, produzir clones infecciosos destas espécies para a realização de testes em cultivares com a presença de genes de resistência. Tais resultados ampliam o conhecimento da diversidade de begomovírus, e auxiliam nos futuros estudos e criação de variedades com resistência/tolerância a essa nova espécie.

**Agradecimentos** – Os autores agradecem a Antônio Francisco Costa pelo suporte técnico para as reações de PCR e sequenciamento *Sanger*. Aos estudantes frequentadores do Laboratório de Virologia Vegetal, que durante realização de atividades realizaram algumas reações de PCR de algumas amostras.

**Contribuição de cada autor** – Letícia Aparecida Belmira Da Silva (LABS), Maria Esther de Noronha Fonseca (MENF), Leonardo Silva Boiteux (LSB), e Rita de Cássia Pereira-Carvalho (RCPC) conceberam e desenharam o experimento; Francisco Costa (FC) extraiu DNA, e sequenciamento *Sanger*; RCPC: condução de experimentos, RCA, PCR, purificações, análises

de bioinformática e anotação de genomas; RCPC, LSB e LABS escreveram o artigo e todos revisaram.

**Apoio financeiro** – A pesquisa foi financiada pelo CNPq, Embrapa, FAP–DF, CAPES e UnB.

**Conflito de interesse** – Os autores declaram que não houve conflito de interesse.

## Referências bibliográficas

Albuquerque LC, Varsani A, Fernandes F, Pinheiro B, Martin D, Ferreira P, Lemos T, Inoue-Nagata A. 2012. Further characterization of tomato-infecting *begomoviruses* in Brazil. *Archives of Virology* 157: 747-752

Altschul SF, Madden TL, Schäffer AA, Zhang J, Zhang Z, Miller W, Lipman DJ (1997) Gapped BLAST and PSI-BLAST: A new generation of protein database search programs. *Nucleic Acids Research* 25: 3389-3402

Anbinder I, Reuveni M, Azari R, Paran I, Nahon S, Shlomo H, Chen L, Lapidot M, Levin I (2009) Molecular dissection of *Tomato leaf curl virus* resistance in tomato line *TY172* derived from *Solanum peruvianum*. *Theoretical and Applied Genetics* 119: 519-530

Andrade IA (2020) Levantamento de novas espécies de begomovírus no Distrito Federal e em Goiás e caracterização molecular de uma nova espécie associada a tomateiro contendo *Ty-1*. Dissertação (Mestrado em Biologia Microbiana) - Universidade de Brasília, Brasília

Batista JG, Melo FL, Pereira-Carvalho RC, Alves-Freitas DMT, Ribeiro SG (2019) First report of *Tomato apical leaf curl virus* infecting tomato in Brazil. *Plant Disease* 103: 1443-1444

Bian X, Thomas MR, Rasheed MS, Saeed M, Hanson P, Barro PJ, Rezaian MA (2007) A recessive allele (*tgr-1*) conditioning tomato resistance to geminivirus infection is associated with impaired viral movement. *Phytopathology* 97: 930-937

Blawid R, Fontenele RS, Lacorte C, Ribeiro SG (2013) Molecular and biological characterization of *corchorus mottle virus*, a new begomovirus from Brazil. *Archives of Virology* 158: 2603-2609

Boiteux LS, Fonseca MEN, Simon PW (1999) Effects of plant tissue and DNA purification method on randomly amplified polymorphic DNA-based genetic fingerprinting analysis in carrot. *Journal of the American Society for Horticultural Science* 124: 32-38

Boiteux LS, Fonseca MEN, Vieira JV, Pereira-Carvalho RC (2012) Melhoramento para resistência a doenças virais 89-119 in: Melhoramento de plantas para condições de estresse bióticos (Borém A, Fritsch-Neto R, editores). Suprema, Visconde de Rio Branco, MG 240

Brown JK, Zerbini FM, Navas-Castillo J, Moriones E, Ramos Sobrinho R, Silva JCF, Fiallo-Olivé E, Briddon RW, Hernández-Zepeda C, Idris A, Malathi VG, Martin DP, Rivera Bustamante R, Ueda S, Varsani A (2015) Revision of *Begomovirus* taxonomy based on pairwise sequence comparisons. *Archives of Virology* 160: 1593-1619

Cavalcante MG, Moreira AFC, Vasconcelos SD (2006) Potencialidade inseticida de extratos aquosos de essências florestais sobre mosca-branca. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 41: 9-14

Czosnek H, Hariton-Shalev A, Sobol I, Gorovits R, Ghanim M (2017) The incredible journey of begomoviruses in their whitefly vector. *Viruses* 9: 273-292

Duarte MF (2019) Diversidade espaço-temporal de espécies de Begomovirus em regiões produtoras de tomateiro no Bioma Mata Atlântica. Dissertação (Mestrado em Biologia Microbiana). Universidade de Brasília, Brasília

Duarte MF, Fonseca MEN, Costa H, Fernandes NAN, Reis A, Boiteux LS, Pereira-Carvalho RC (2021) Diversity of tomato-infecting begomoviruses and spatiotemporal dynamics of an endemic viral species of the Brazilian Atlantic rain forest biome. *Virus Genes* 57: 83-93

Eini O, Sahraei GE, Behjatnia SAA (2016) Molecular characterization and construction of an infectious clone of a pepper isolate of *Beet curly top Iran virus*. *Molecular Biology Research* 5: 101-113

EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (2021) A cultura do tomate disponível em: <<https://www.embrapa.br/hortalicas/tomate-de-mesa/caracteristicas>>. Acesso em: 25 jul. 2021

FAOSTAT (2017) Databaseresults Disponível em: <<http://faostat3.fao.org/home/E>>. Acesso em 06 de Fevereiro de 2020

Fernandes FR, Albuquerque LC, Giordano LB, Boiteux LS, Ávila AC, Inoue-Nagata AK (2008) Diversity and prevalence of Brazilian bipartite begomovirus species associated to tomatoes. *Virus Genes* 36: 251-258

Fiallo-Olivé E, Pan LL, Liu SS, Navas-Castillo J (2020) Transmission of begomoviruses and other whitefly-borne viruses: Dependence on the vector species. *The American Phytopathological Society* 110: 10-17

Flores E, Silberschmidt K, Kramer M (1960) Observações de clorose infecciosa das malváceas em tomateiros do campo. *O Biológico* 26: 65-69

Fontenele RS, Ribeiro GC, Lamas NS, Ribeiro SG, Costa AF, Boiteux LS, Fonseca MEN (2018) First report of *Sida micrantha mosaic virus* infecting *Oxalis* species in Brazil. *Plant Disease* 102: 1862

Gill U, Scott JW, Shekasteband R, Ogundiwin E, Schuit C, Francis DM, Sim SC, Smith H, Hutton SF (2019) *Ty-6*, a major begomovirus resistance gene on chromosome 10, is effective

against *Tomato yellow leaf curl virus* and *Tomato mottle virus*. *Theoretical and Applied Genetics* 132: 1543-1554

Giordano LB, Silva-Lobo VL, Santana FM, Fonseca MEN, Boiteux LS (2005) Inheritance of resistance to the bipartite *Tomato chlorotic mottle* begomovirus derived from *Lycopersicon esculentum* cv. Tyking. *Euphytica* 143: 27-33

Hanley-Bowdoin L, Bejarano ER, Robertson D, Mansoor S (2013) Geminiviruses: masters at redirecting and reprogramming plant processes. *Nature Reviews Microbiology* 11: 777-788

Hanson P, Green SK, Kuo G (2006) *Ty-2*, a gene on chromosome 11 conditioning geminivirus resistance in tomato. *Tomato Genetics Cooperative Report* 56: 17-18

Harris KF, Smith OP, Duffus JE (2001) *Virus-insect-plant interactions*. Academic Press 1: 1-363

Herrera F, ABOUGHANEM N, VALVERDE R (2015) A begomovirus associated with *yellow vein* symptoms of *Oxalis debilis*. *European Journal of Plant Pathology* 142: 203-208

Hogenhout SA, Ammar ED, Whitfield AE, Redinbaugh MG (2008) Insect vector interactions with persistently transmitted viruses. *Annual Review of Phytopathology* 46:327-359

Hutton SF, Scott JW, Schuster DJ (2012) Recessive resistance to *Tomato yellow leaf curl virus* from the tomato cultivar Tyking is located in the same region as *Ty-5* on chromosome 4. *HortScience* 47: 324-327

IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (2021) Indicadores IBGE Levantamento Sistemático da Produção Agrícola Estatística da Produção Agrícola Disponível em: <<https://www.ibge.gov.br/estatisticas/economicas/agricultura-e-pecuaria/9201-levantamento-sistemico-da-producao-agricola.html>>. Acesso em: 25 jul. 2021

ICTV - International Committee on Taxonomy of Viruses (2021) Disponível em: <<https://talk.ictvonline.org/taxonomy/>>. Acesso em 2 de Agosto de 2021

Inoue-Nagata AK, Albuquerque LC, Rocha WB, Nagata T (2004) A simple method for cloning the complete begomovirus genome using the bacteriophage phi29 DNA polymerase. *Journal of Virology Methods* 116: 209-211

Inoue-Nagata AK, Mirtes FL, Gilbertson RL (2016) A review of *geminivirus* diseases in vegetables and other crops in Brazil: current status and approaches for management. *Horticultura Brasileira* 34: 8-18

Ji Y, Schuster DJ, Scott JW (2007) *Ty-3*, a begomovirus resistance locus near the *Tomato yellow leaf curl virus* resistance locus *Ty-1* on chromosome 6 of tomato. *Molecular Breeding* 20: 271-284

Ji Y, Scott JW (2006) *Ty-3*, a begomovirus resistance locus linked to *Ty-1* on chromosome 6 of tomato. *Tomato Genetics Cooperative Report* 56: 22-25

Ji Y, Scott JW, Schuster DJ, Maxwell DP (2009) Molecular mapping of *Ty-4*, a new *Tomato yellow leaf curl virus* resistance locus on chromosome 3 of tomato. *Journal of the American Society for Horticultural Science* 134: 281-288

Kearse M, Moir R, Wilson A, Stones-Havas S, Cheung M, Sturrock S, Buxton S, Cooper A, Markowitz S, Duran C, Thierer T, Ashton B, Meintjes P, Drummond A (2012) Geneious basic: An integrated and extendable desktop software platform for the organization and analysis of sequence data. *Bioinformatics* 28: 1647-1649

Krause-Sakate R, Watanabe LFM, Gorayeb ES, Silva FB, Alvarez DL, Bello VH, Nogueira AM, Marchi BR, Vicentin E, Ribeiro-Junior MR, Marubayashi JM, Rojas-Bertini CA, Muller C, Bueno RCOF, Rosales M, Ghanim M, Pavan MA (2020) Population dynamics of whiteflies and associated viruses in south america: Research Progress and Perspectives. *Insects* 11: 847-910

Li F, Xu X, Huang C, Gu Z, Cao L, Hu T, Ding M, Li Z, Zhou X (2015) The AC5 protein encoded by *Mungbean yellow mosaic India virus* is a pathogenicity determinant that suppresses RNA silencing-based antiviral defenses. *New Phytologist* 208: 555-569

Lourteig A (1982) *Oxalidaceae extra-austroamericanae* IV. *Oxalis* L. *Sectio Articulatae* Knuth. *Phytologia* 50: 130-142

Martins TP, Souza TA, Silva PS, Nakasu EYT, Melo FL, Inoue-Nagata AK, Nagata T (2021) Nanopore sequencing of tomato mottle leaf distortion virus, a new bipartite *begomovirus* infecting tomato in Brazil. *Archives of Virology* 11:3217-3220

Mituti T, Moura MF, Macedo MA, Silva TNZ, Pinto LR, Costa H, Krause-Skate R, Inoue-Nagata AK, Nunes GG, Lima MF, Rezende JAM (2019) Survey of *begomoviruses* and the *crinivirus*, *tomato chlorosis virus*, in *solanaceous* in Southeast/Midwest of Brazil. *Tropical Plant Pathology* 44: 468-472

Monardes H (2009) Importancia económica del cultivo en la región, país y el mundo. In: Escalona VC, Alvarado PV, Monardes HM, Urbina CZ, Martin AB Manual de cultivo de tomate (*Lycopersicon esculentum* Mill.). Santiago de Chile (Chile): Nodo Hortícola VI Región 10: 5-9

Muhire BM, Varsani A, Martin DP (2014) SDT: A virus classification tool based on pairwise sequence alignment and identity calculation. *Plos One* 9: 1-8

Naika S, Jeude JVL, Goffau M, Hilmi M, Dam Bv (2006) A cultura do tomate produção, processamento e comercialização. *Agrodok* 1: 1-102

Navas-Castillo J, Fiallo-Olivé E (2020) *Geminiviruses (Geminiviridae)*. Elsevier 1: 1-9

- Pereira-Carvalho RC, Tobar LLM, Dianese EC, Fonseca MEN, Boiteux LS (2014) Melhoramento genético do tomateiro para resistência a doenças de etiologia viral: Avanços e perspectivas. *Revisão Anual de Patologia de Planta* 22: 280-361
- Polston, JE, Anderson PK (1997) The emergence of whitefly- transmitted *geminiviruses* in tomato in the western hemisphere. *Plant Disease* 81: 1358-1369
- Rego-Machado CM, Nakasu EYT, Blawid R, Nagata T, Inoue-Nagata AK (2019) Complete genome sequence of a new bipartite *begomovirus* infecting tomato in Brazil. *Archives of Virology* 164: 2873-2875
- Reis LNA (2020) Metagenomic analysis of the *Begomovirus* diversity in tomatoes in Central Brazil and impact of the *Ty-1* tolerance gene on viral evolutionary dynamics. Tese Doutorado. Universidade de Brasília (UnB)
- Reis LNA, Fonseca MEN, Boiteux LS, Fonseca MEN, Pereira-Carvalho RC (2021) *Tomato yellow vein streak virus* and *Tomato golden vein virus*: A reappraisal of the classification status of two South American *Begomovirus* species based upon genome-wide pairwise identity of multiple isolates. *Virus Genes* 57: 127-131
- Reis LNA, Fonseca MEN, Ribeiro SG, Naito FYB, Boiteux LS, Pereira-Carvalho RC (2020) Metagenomics of neotropical single-stranded DNA viruses in tomato cultivars with and without the *Ty-1* Gene. *Viruses* 12: 819
- Ribeiro SG, Ambrozevícius LP, Avila AC, Bezerra IC, Calegario RF, Fernandes JJ, Lima MF, Mello RN, Rocha H, Zerbini FM (2003) Distribution and genetic diversity of tomato-infecting *begomoviruses* in Brazil. *Archives of Virology* 148: 281-295
- Rocha CS, Castillo-Urquiza GP, Lima ATM, Silva AN, Xavier CAD, Hora-Junior BT, Beserra-Junior JEA, Malta AWO, Martin DP, Varsani A, Alfenas-Zerbini P, Mizubuti ESG, Zerbini FM (2013) Brazilian *Begomovirus* populations are highly recombinant, rapidly evolving, and segregated based on geographical location. *Journal of Virology* 87: 5784-5799
- Rocha KCG, Marubayashi JM, Navas-Castillo J, Pavan MA, Krause-Sakate R (2010) Ocorrência e variabilidade genética do *Tomato severe rugose virus* em tomateiro e pimentão no Estado de São Paulo. *Summa Phytopathology* 36: 222-227
- Rojas M, Gilbertson R, Russel D, Maxwell D (1993) Use of degenerate primers in the polymerase chain reaction to detect whitefly-transmitted *geminiviruses*. *Plant Disease* 77: 340-347
- Rojas MR, Macedo MA, Maliano MR, Soto-Aguilar M, Souza JO, Briddon RW, Kenyon L, Bustamante RFR, Zerbini FM, Adkins S, Legg JP, Kvarnheden A, Wintermantel WM, Sudarshana MR, Peterschmitt M, Lapidot M, Martin DP, Moriones E, Inoue-Nagata AK, Gilbertson RL (2018) World management of *geminiviruses*. *Annual Review of Phytopathology* 56: 637-77



Sani I, Ismail SI, Abdullah S, Jalinas J, Jamian S, Saad N (2020) A review of the biology and control of whitefly, *Bemisia tabaci* (Hemiptera: *Aleyrodidae*), with special reference to biological control using entomopathogenic fungi. *Insects* 11: 619-637

Souza TA, Silva JMF, Nagata T, Martins TP, Nakasu EYT, Inoue-Nagata AK (2020) A temporal diversity analysis of Brazilian begomoviruses in tomato reveals a decrease in species richness between 2003 and 2016. *Frontiers in Plant Science* 11: 1-13

Villamor DEV, Ho TAL, Rwahnih M, Martin RR, Tzanetakis IE (2019) High throughput sequencing for plant virus detection and discovery. *Phytopathology* 109: 716-725

Zamir D, Ekstein-Michelson I, Zakay Y, Navot N, Zeidan M, Sarfatti M, Eshed Y, Harel E, Pleban T, Van-Oss H, Kedar N, Rabinowitch HD, Czosnek H (1994) Mapping and introgression of a *Tomato yellow leaf curl virus* tolerance gene, *Ty-1*. *Theoretical and Applied Genetics* 88: 141-146

Zerbini FM, Briddon RW, Idris A, Martin DP, Moriones E, Navas-Castillo J, Rivera-Bustamante R, Roumagnac P, Varsani A, ICTV Report Consortium (2017) ICTV Virus Taxonomy Profile: *Geminiviridae*. *Journal of General Virology* 98: 131-133