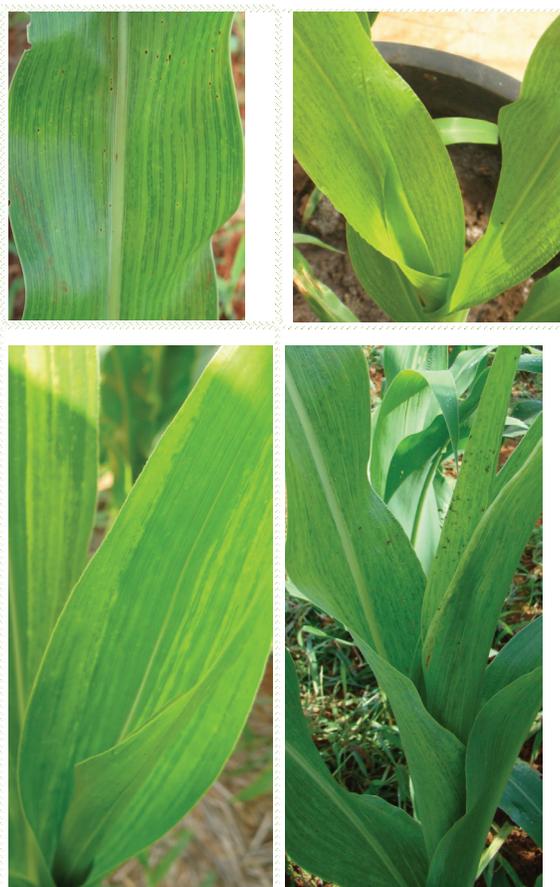


Espécies de Potyvírus Causando Mosaico Comum em Sorgo no Estado de Minas Gerais



PLANTAS DE SORGO SINTOMÁTICAS PARA MOSAICO COMUM

**Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
Embrapa Milho e Sorgo
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento**

**BOLETIM DE PESQUISA
E DESENVOLVIMENTO
199**

**Espécies de Potyvírus Causando Mosaico
Comum em Sorgo no Estado de Minas Gerais**

Isabel Regina Prazeres de Souza
André da Silva Xavier
Maria José Villaça de Vasconcelos
Beatriz de Almeida Barros
Samanta Gabriela Medeiros Carvalho
Cícero Beserra de Menezes

*Embrapa Milho e Sorgo
Sete Lagoas, MG
2019*

Esta publicação está disponível no endereço:
<https://www.embrapa.br/milho-e-sorgo/publicacoes>

Embrapa Milho e Sorgo
Rod. MG 424 Km 45
Caixa Postal 151
CEP 35701-970 Sete Lagoas, MG
Fone: (31) 3027-1100
Fax: (31) 3027-1188
www.embrapa.br/fale-conosco/sac

Comitê Local de Publicações
da Unidade Responsável

Presidente
Maria Marta Pastina

Secretário-Executivo
Elena Charlotte Landau

Membros
Antonio Claudio da Silva Barros, Cynthia Maria Borges Damasceno, Maria Lúcia Ferreira Simeone, Roberto dos Santos Trindade e Rosângela Lacerda de Castro

Revisão de texto
Antonio Claudio da Silva Barros

Normalização bibliográfica
Rosângela Lacerda de Castro (CRB 6/2749)

Tratamento das ilustrações
Mônica Aparecida de Castro

Projeto gráfico da coleção
Carlos Eduardo Felice Barbeiro

Editoração eletrônica
Mônica Aparecida de Castro

Foto da capa
Isabel Regina Prazeres de Souza

1ª edição
Publicação digitalizada (2019)

Todos os direitos reservados.

A reprodução não autorizada desta publicação, no todo ou em parte, constitui violação dos direitos autorais (Lei nº 9.610).

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)

Nome da unidade catalogadora

Espécies de potyvírus causando mosaico comum em sorgo no Estado de Minas Gerais / Isabel Regina Prazeres de Souza ... [et al.]. – Sete Lagoas : Embrapa Milho e Sorgo, 2019.
17 p. : il. -- (Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento / Embrapa Milho e Sorgo, ISSN 1679- 0154; 199).

1. Sorghum bicolor. 2. Doença de planta. 3. Vírus. I. Souza, Isabel Regina Prazeres de. II. Xavier, André da Silva. III. Barros, Beatriz de Almeida. IV. Carvalho, Samanta Gabriela Medeiros. V. Menezes, Cícero Beserra de. VI. Série.

CDD 633.174 (21. ed.)

Sumário

Resumo	05
Abstract	06
Introdução.....	07
Material e Métodos	10
Resultados e Discussão	12
Conclusões.....	14
Referências	15

Espécies de Potyvírus Causando Mosaico Comum em Sorgo no Estado de Minas Gerais

Isabel Regina Prazeres de Souza¹

André da Silva Xavier²

Maria José Villaça de Vasconcelos³

Beatriz de Almeida Barros⁴

Samanta Gabriela Medeiros Carvalho⁵

Cícero Beserra de Menezes⁶

Resumo – *Sorghum bicolor* (L.) Moench é cultivado em várias regiões tropicais e subtropicais do mundo. Entre as doenças, o mosaico comum causado por potyvírus é uma importante limitação, causando redução na produção de sorgo granífero e forrageiro. No Brasil, apenas o *Sugarcane mosaic virus* (SCMV) havia sido relatado anteriormente como espécie de potyvírus associada ao mosaico em sorgo e milho. Levantamento para monitorar a ocorrência da virose mosaico comum foi realizado em lavouras de sorgo no Estado de Minas Gerais durante a safra 2014/2015. Amostras de plantas de sorgo que expressavam sintomas de doenças virais foram coletadas para análises moleculares. A caracterização molecular da proteína capsidial (PC) dos potyvírus infectando naturalmente o sorgo permitiu identificar o *Johnsongrass mosaic virus* (JGMV) como mais um agente causal da doença do mosaico comum no sorgo em Minas Gerais. As sequências dos isolados brasileiros de JGMV identificados infectando o sorgo (JGMV-Sr) foram depositadas no GenBank sob os números de acesso KY952241, KY952242 e KY952243. Comparações das sequências do gene da PC desses isolados brasileiros de JGMV-Sr revelaram altas identidades de sequência de nucleotídeos (nt) e de aminoácidos (aa) com o isolado dos Estados Unidos U07218.1 (JGMV-

¹ Eng.-Agr., PhD. em Plant Science, Pesquisadora da Embrapa Milho e Sorgo

² Eng.Agr., DSc. em Fitopatologia, Professor da Universidade Federal do Espírito Santo.

³ Farmacêutica – Bioquímica, PhD., Pesquisadora da Embrapa Milho e Sorgo.

⁴ Bióloga, Dra. em Genética e Melhoramento de Plantas, Analista da Embrapa Milho e Sorgo

⁵ Bióloga, DSc. em Genética

⁶ Eng.-Agr., DSc. em Genética e Melhoramento de Plantas, Pesquisador da Embrapa Milho e Sorgo

MDKS1). Os isolados JGMV-Sr são distintos dos isolados brasileiros que infectam gramíneas forrageiras (JGMV-Fg) (KT833782 e KT289893).

Termos para indexação: *Sorghum bicolor* (L.) Moench, proteína capsial, virose, *Jonsongrass mosaic virus* (JGMV)

Potyvirus Species Causing Common Mosaic In Sorghum In The State Of Minas Gerais, Brazil

Abstract – *Sorghum bicolor* (L.) Moench is cultivated in several tropical and subtropical regions in the world. Among the diseases, the mosaic caused by potyviruses is an important limitation, causing reduction in grain and forage sorghum production. In Brazil, only *Sugarcane mosaic virus* (SCMV) had previously been reported as the potyvirus species causing common mosaic in sorghum and maize. A survey in the State of Minas Gerais, Brazil, was carried out in sorghum plantations during the 2014/2015 crop season for monitoring mosaic disease. Samples of sorghum plants expressing virus disease symptoms were collected for molecular analyzes. Molecular characterization of coat protein (CP) of the potyviruses naturally infecting sorghum allowed us to identify the *Johnsongrass mosaic virus* (JGMV) as one more causal agent of mosaic disease in sorghum in Minas Gerais. The sequences of the Brazilian JGMV sorghum-infecting (JGMV-Sr) isolates were deposited in the GenBank under the accession numbers KY952241, KY952242, and KY952243. Comparisons of the CP gene sequences of these Brazilian JGMV-Sr isolates revealed high nucleotide (nt) and amino acid (aa) sequence identities with the U07218.1 (JGMV-MDKS1), isolate from the USA. The JGMV-Sr isolates are distinct from the Brazilian forage grasses-infecting (JGMV-Fg) isolates (KT833782 and KT289893).

Index terms: *Sorghum bicolor* (L.) Moench, coat protein, viruses, *Jonsongrass mosaic virus* (JGMV).

Introdução

O sorgo [*Sorghum bicolor* (L.) Moench] é o quinto cereal mais plantado no mundo, após trigo, arroz, milho e cevada, sendo cultivado em várias regiões tropicais e subtropicais. Um diferencial do sorgo é que possui características adaptativas para cultivo em áreas de estresse hídrico, bem superiores aos outros cereais, o que explica o seu cultivo em milhões de hectares em países na África, Ásia, Oceania e nas Américas (Acompanhamento da Safra Brasileira [de] Grãos, 2019). Além disso, destaca-se por ser uma cultura versátil, apresentando diferentes usos: grãos, forragem e bioenergia.

A área plantada com sorgo granífero no Brasil, na safra 2018/19, está estimada em 728 mil ha, com uma produção de grãos em torno de 2,13 milhões de toneladas. O Estado de Goiás, maior produtor nacional, aumentou sua área em 8% e Minas Gerais, segundo maior produtor, em 9%. Já o Estado do Mato Grosso vem mantendo sua área nos últimos anos (Acompanhamento da Safra Brasileira [de] Grãos, 2019). Esses estados, mais o da Bahia, respondem por 90% da produção nacional de sorgo.

O sorgo grão tem um valor nutricional muito próximo ao do milho, e pode participar de rações como única fonte de amido sem comprometer o valor nutricional das dietas ou desempenho animal (Fernandes et al., 2014). O interesse no uso do sorgo grão como alimento humano tem crescido em diversos países, em especial, pelos seguintes fatores: a) não possui glúten e, por isso, é totalmente seguro para o desenvolvimento de produtos para pessoas celíacas; b) possui sabor neutro, o que é uma grande vantagem na indústria de alimentos; c) apresenta menor custo de produção, vislumbrando a possibilidade de redução dos custos na indústria alimentícia; d) apresenta uma variedade de compostos bioativos, com elevada capacidade antioxidante e com potencial para utilização em produtos com apelo funcional. Resultados de pesquisas realizadas no Brasil mostraram elevada aceitação de produtos elaborados com farinha de sorgo, comprovando, dessa forma, grande potencial do cereal para uso na alimentação humana no País (Queiroz et al., 2014).

Embora várias plantas forrageiras possam ser ensiladas, o sorgo e o milho são as culturas mais utilizadas para este propósito. O uso do sorgo pode ser atribuído a vários fatores: custo entre 80 e 85% do da silagem de milho, consumo equivalente a 90% da silagem de milho, valor nutritivo entre 85 e

92% da silagem de milho e elevado potencial produtivo, adaptação a épocas mais secas, capacidade de rebrota, podendo atingir até 60% da produção obtida no primeiro corte (Gonçalves et al., 2005). Outra forma de consumo de sorgo forrageiro é através do pastejo direto dos animais. A área nacional de plantio de sorgo silageiro é estimada em 330 mil hectares, concentrada nas regiões Sudeste, Centro-Oeste e Sul.

O etanol assume importância particular em relação ao petróleo, pois agrega as vantagens principais de poluir menos e possuir características físico-químicas semelhantes às da gasolina (Lipinski; Kresovich, 1982). O sorgo sacarino se assemelha à cana-de-açúcar, uma vez que o armazenamento de açúcares se localiza nos colmos, além de fornecer bagaço em quantidade suficiente para a geração de vapor para a operação industrial. Em microdestilarias, os seus colmos podem ser processados na mesma instalação destinada à produção de etanol de cana-de-açúcar, oferecendo também uma quantidade de resíduo fibroso (bagaço) para gerar o vapor necessário para a operação industrial. Resultados experimentais mostram que o sorgo sacarino pode ser uma cultura complementar à cana-de-açúcar para produção de etanol, podendo ser colhido na entressafra dela, reduzindo o período de ociosidade da indústria e favorecendo o corte da matéria-prima após maturação completa (Teixeira et al., 1997).

Face a importância da cultura, é essencial que se tenha conhecimento dos fatores que possam limitar o desenvolvimento das plantas de sorgo, afetando a produção. Dentre esses fatores, têm-se as doenças e, para que se consiga ter um manejo adequado delas, faz-se necessário identificá-las, tendo conhecimento sobre seu agente causal, seu vetor (quando este existir) e como afetam a cultura. Em relação às doenças, o mosaico comum, causado por espécies de potyvírus, destaca-se dentre as viroses mais importantes da cultura do sorgo (Gonçalves et al., 2007). Seis espécies de potyvírus têm sido identificadas no mundo, causando sintomas de mosaico em uma variedade de cultura de grãos e gramíneas, incluindo: *Sugarcane mosaic virus (SCMV)*, *Sorghum mosaic virus (SrMV)*, *Maize dwarf mosaic virus (MDMV)*, *Johnsongrass mosaic virus (JGMV)* (Shukla et al., 1994), *Zea mosaic virus (ZeMV)* (Sheifers et al., 2000), e *Pennisetum mosaic virus (PenMV)* (Deng et al., 2008).

Em sorgo, o SCMV pode provocar o aparecimento de dois sintomas, o mosaico típico e o sintoma necrótico, dependendo da cultivar (Figura 1). No necrótico, aparecem áreas necrosadas de cor avermelhada ou amarelada nas folhas, dependendo da cultivar atacada. Esses tipos de sintomas, na maioria das vezes, levam a planta do sorgo à morte, principalmente quando a infecção ocorre prematuramente (Casela et al., 2008).

No Brasil, até recentemente, havíamos identificado apenas o SCMV infectando e causando mosaico comum em sorgo e milho no Brasil. E, por meio da análise da sequência de nucleotídeos, especificamente da porção correspondente ao N-terminal da proteína capsial do SCMV, demonstramos tratar-se de nova estirpe distinta dentre as identificadas no mundo, pois, no N-terminal da proteína capsial, os isolados apresentam sequência repetida do dodeca pepitídeo, GTGTGATGGQAG, e parcialmente repetida do octo peptídeo, GTGATGGQ (Souza et al., 2012a, 2012b). Face a necessidade contínua de se ter um monitoramento das doenças que afetam a cultura, foi realizado na safra agrícola 2014/2015 um levantamento para identificação de potyvirus infectando e causando mosaico em sorgo, nas principais regiões produtoras do Estado de Minas Gerais.



Figura 1. Plantas de sorgo apresentando sintomas de mosaico típico à esquerda, necrótico ao centro e plantas de sorgo assintomáticas à direita. Fotos: Isabel R. P. de Souza

Material e Métodos

Tecido vegetal

Levantamento para virose do mosaico comum foi realizado na cultura do sorgo, em regiões produtoras do Estado de Minas Gerais na safra agrícola de 2014/2015. Folhas apresentando sintomas característicos de mosaico, pequenas áreas cloróticas entremeadas com pequenas áreas verdes, foram coletadas nessas lavouras. As amostras foram identificadas e adequadamente preservadas até análise em laboratório, para identificação viral.



Figura 2. Sintomas de mosaico em folhas de sorgo granífero à esquerda e sorgo forrageiro à direita em condições de campo, respectivamente, coletadas durante o levantamento em Paracatu e Felixlândia, municípios do Estado de Minas Gerais. Fotos: Isabel R. P. de Souza

Identificação da espécie e estirpe de potyvírus

A identificação molecular da espécie viral envolveu duas etapas. Primeiro o RNA foi extraído a partir do tecido foliar empregando-se o RNeasy®Plant Mini Kit (Qiagen) e o cDNA sintetizado a partir 1.0 µg de RNA total usando oligo(dT)₁₈ e o SuperScript®III First-Strand Synthesis System (Invitrogen). Na primeira etapa, oligonucleotídeos que anelam na região conservada da proteína capsial de potyvírus foram empregados, PZEO1 x PZEO2 (Sheifers et al., 2000). As amostras positivas foram submetidas às reações de PCR com oligonucleotídeos específicos para os seis potyvírus do complexo do mosaico, conforme descrito por Souza e Barros (2017) (**Tabela 1**). A combinação de oligonucleotídeos PJG_F X PSR (Jiang; Zhou, 2002) e PJG_F

(Jiang; Zhou, 2002) X PJG_R (desenhado pela autora Barros, B.A.) (Tabela 1) resultou na amplificação da espécie de potyvirus JGMV apresentando amplicons, respectivamente, tamanhos de 813 bp e 414 pb. Estes conjuntos de oligonucleotídeos anelam na porção N-terminal da proteína capsial, permitindo a identificação dos isolados de JGMV por meio do sequenciamento (Shukla; Ward, 1989). Amplicons foram purificados empregando ExoSAP-IT for PCR Product Cleanup (USB) e sequenciados. As sequências obtidas foram analisadas usando o software Sequencher 1.4.1.

Tabela 1. Sequência dos oligonucleotídeos usados nas análises de RT-PCR para identificação dos potyvirus em amostras de plantas de sorgo.

Potyvirus	Identificação Primer	Sequência 5' – 3' ^a	Referência
SCMV, SrMV, MDMV e JGMV	PSR ^c	CAGCTGTGTGBCKSTCTGTATT	Jiang e Zhou (2002)
JGMV	PJG ^b -F	AAACCAGCTAGTGGTGAAGGC	Jiang e Zhou (2002)
JGMV	PJG ^d -R	CACCAGACCATTAATCCGTTCC	Desenhado pela autora Barros, B. A.

^a– B= (G, C ou T); K = (G ou T); S = (G ou C); N = (A, G, C ou T); Y = (C ou T); R = (A ou G)

^b– Primer Forward específico para determinados potyvirus.

^c– Primer reverso comum a todos os potyvirus.

^d– Primer reverso desenhado pela autora Barros, B.A.

Alinhamento das sequências de nucleotídeos correspondente à porção N-terminal da proteína capsial e análise filogenética

Para o alinhamento foram utilizadas 32 sequências de nucleotídeos do gene da proteína capsial de isolados de JGMV obtidos do NCBI database, e nossos três JGMV-Sr isolados brasileiros. Adicionalmente, cinco outras espécies com *outgroups*: *Sugarcane mosaic virus* (SCMV_KR108212.1), *Maize dwarf mosaic virus A* (MDMV-A_U07216.1), *Zea mosaic virus* (ZeMV_AF228693.1), *Pennisetum mosaic virus* (PenMV_JX070151.1), e *Sorghum mosaic virus* (SrMV_KM025045.1). As sequências obtidas do NCBI database possuíam a ORF completa da proteína ou pelo menos 700 pb de comprimento.

Os alinhamentos foram obtidos e conferidos usando o ClustalOmega (<http://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalo/>) e MUSCLE (executado no MEGA7, Kumar et al., 2016). Comparação dos pares foi realizada usando SDT v. 1.2 (Muhire et al., 2014).

Reconstrução filogenética realizada por meio do MEGA7 (Kumar et al., 2016) baseada no método Neighbor-Joining (Saitou; Nei, 1987). As distâncias evolucionárias foram computadas usando o método Kimura 2-parameter (Kimura, 1980). A árvore foi gerada utilizando o Fig Tree (<http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/>) e a porcentagem de replicações das árvores do teste Bootstrap (1000) foi mostrada próximo aos ramos (Felsenstein, 1985).

Resultados e Discussão

Comparações entre sequências com similaridades no banco *NCBI sequence database (GenBank)* nos permitiu identificar a espécie *Johnsongrass mosaic virus* (JGMV) como mais um agente causal da virose mosaico comum do sorgo no Estado de Minas Gerais. Os isolados de JGMV, infectando sorgo granífero e sorgo forrageiro, foram coletados nos municípios de Paracatu e Felixlândia, respectivamente, ambos em Minas Gerais. Das quatro amostras coletadas na mesma lavoura de cada local, foi identificado o JGMV em uma lavoura de Paracatu e em duas de Felixlândia.

As sequências do gene e da proteína capsidial dos isolados JGMV-Sr foram depositadas no *GenBank* sob os números de acesso KY952241, KY952242 e KY952243.

Na árvore filogenética (**Figura 3**) é possível observar que os acessos brasileiros de JGMV estão divididos em dois grupos, um composto pelos isolados JGMV-Sr (KY952241, KY952242 e KY952243), além dos isolados dos Estados Unidos (U07218.1 e U07217.1), e o outro composto somente pelos isolados brasileiros JGMV-Fg que infectam forragens (KT833782, KT289893 e KC333416.1). Adicionalmente, um terceiro grupo composto de isolados de JGMV da Austrália.

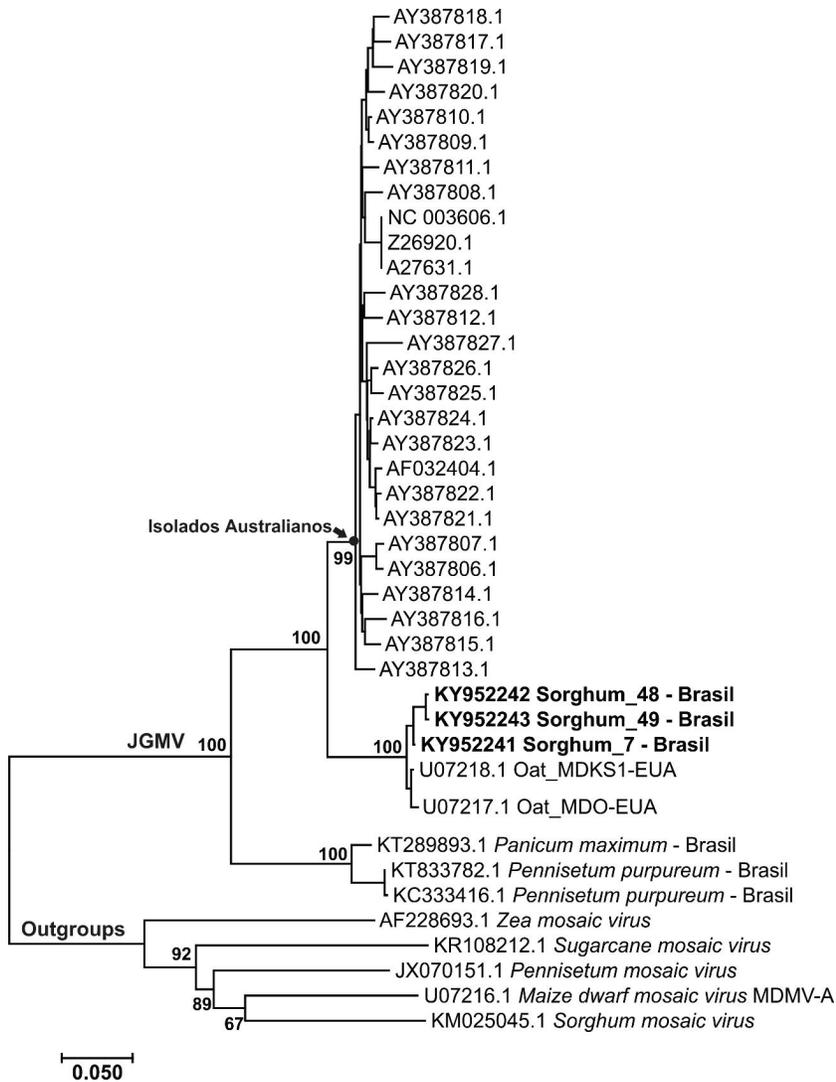


Figura 3. Árvore filogenética derivada da sequência de nucleotídeos de 32 isolados de *Johnsongrass mosaic virus* (JGMV), mais cinco potyvírus *outgroups*. A árvore foi gerada usando MEGA 7 por meio do método neighbor-joining com 1.000 replicações bootstrap. Os valores de bootstrap são mostrados nos internódios, e os números de acesso no NCBI estão indicados. Os isolados brasileiros deste estudo estão em negrito.

Foram encontradas variações distintas entre os isolados brasileiros infectando o sorgo (Souza et al., 2017): JGMV-Sr (GenBank KY952241, KY952242, e KY952243), e os infectando forragens no Brasil (Camelo-García et al., 2016; Silva et al., 2016): JGMV-Fg *Panicum maximum* (GenBank KT289893) e *Pennisetum purpureum* (GenBank KT833782), demonstradas por meio do sequenciamento de DNA e alinhamento das sequências da proteína capsial, com percentagem média de identidade de 77,77% e 82,88%, respectivamente.

A identidade de nucleotídeos dos isolados brasileiros, JGMV-Sr, atende ao critério para a classificação da espécie de potyvírus JGMV pela identidade da proteína capsial estar acima de 76-77% (Adams et al., 2012). No Brasil, tínhamos como agente causal do mosaico comum, em sorgo, apenas o *Sugarcane mosaic virus* (SCMV). Entretanto, a partir do estudo de Souza et al. (2017) tem-se a identificação de mais uma espécie de potyvírus, *Johnsongrass mosaic virus* (JGMV), como mais um agente causal no Estado de Minas Gerais. Como mencionado por Shukla et al. (1991), a correta identificação do patógeno é o primeiro passo em direção a estudos que permitam o seu eventual controle.

Conclusões

A identificação de isolados de *Johnsongrass mosaic virus* infectando naturalmente o sorgo (*Sorghum bicolor* (L.) Moench) em campo no Estado de Minas Gerais demonstra a existência de mais um agente causal do mosaico comum em sorgo. Os isolados brasileiros, JGMV-Sr, apresentaram maior identidade de sequência da proteína capsial com a estirpe de JGMV dos Estados Unidos, com as quais se agruparam na árvore filogenética. A partir de então, além do *Sugarcane mosaic virus*, tem-se mais uma espécie de potyvírus infectando e causando mosaico comum em sorgo no Brasil.

Agradecimentos

Ao assistente Célio Ramos das Neves, pelo apoio na coleta de amostras em campo e análises laboratoriais.

Referências

- ACOMPANHAMENTO DA SAFRA BRASILEIRA [DE] GRÃOS: safra 2018/19: nono levantamento. Brasília, DF: Conab, v. 6, n. 9, jun. 2019. 113 p.
- ADAMS, M. J.; ZERBINI, F. M.; FRENCH, R.; RABENSTEIN, F.; STENGER, D. C.; VALKONEN, J. P. T. Family potyviridae. In: KING, A. M. Q.; ADAMS, M. J.; CARSTENS, E. B.; LEFKOWITZ, E. J. (Ed.). **Virus taxonomy**. Oxford: Elsevier, 2012. p. 1069-1089.
- CAMELO-GARCÍA, V. M.; ANDRADE, A. C. S.; GEERING, A. D. W.; KITAJIMA, E. W.; REZENDE, J. A. M. Genome organization and host range of a Brazilian isolate of johnsongrass mosaic virus. **Archives of Virology**, v. 161, n. 5, p. 1335-1341, 2016.
- CASELA, C. R.; FERREIRA, A. da S.; FERNANDES, F. T.; PINTO, N. F. J. A. Doenças: mosaico da cana-de-açúcar (Virus - “SCMV”). In: RODRIGUES, J. A. S. (Ed.). **Cultivo do sorgo**. 4. ed. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2008. (Embrapa Milho e Sorgo. Sistema de Produção, 2).
- DENG, C. L.; WANG, W. J.; WANG, Z. Y.; JIANG, X.; CAO, Y.; ZHOU, T.; WANG, F. R.; LI, H. F.; FAN, Z. F. The genomic sequence and biological properties of *Pennisetum mosaic virus*, a novel monocot-infecting potyvirus. **Archives of Virology**, v. 153, n. 5, p. 921-927, 2008.
- FERNANDES, E. A.; LITZ, F. H.; CARVALHO, C. M. C.; SILVEIRA, M. M.; SILVA, M. C. A. Perspectivas da demanda de grãos de sorgo para alimentação animal. In: KARAM, D.; MAGALHÃES, P. C. (Ed.). **Eficiência nas cadeias produtivas e o abastecimento global**. Sete Lagoas: Associação Brasileira de Milho e Sorgo, 2014. p. 3-14.
- FELSENSTEIN, J. Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. **Evolution**, v. 39, n. 4, p. 783-791, 1985.
- GONÇALVES, L. C.; PIRES, D. A.; CASTRO, G. H. F. Algumas considerações sobre silagens de sorgo. In: SIMPÓSIO DE NUTRIÇÃO DE GADO DE LEITE, 13., 2005, Belo Horizonte. **Anais...** Belo Horizonte: UFMG, 2005. p. 5-18.
- GONÇALVES, M. C.; MAIA, I. G.; GALLETI, S. R.; FANTIN, G. M. Infecção mista pelo *Sugarcane mosaic virus* e *Maize rayado fino virus* provoca danos

na cultura do milho no Estado de São Paulo. **Summa Phytopathologica**, v. 33, n. 4, p. 348-352, 2007.

JIANG, J. X.; ZHOU, X. P. Maize dwarf mosaic disease in different regions of China is caused by *Sugarcane mosaic virus*. **Archives of Virology**, v. 147, n. 12, p. 2437-2443, 2002.

KIMURA, M. A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. **Journal of Molecular Evolution**, v. 16, n. 2, p. 111-120, 1980.

KUMAR, S.; STECHER, G.; TAMURA, K. Mega7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0 for bigger datasets. **Molecular Biology and Evolution**, v. 33, n. 7, p. 1870-1874, 2016.

LIPINSKI, E. S.; KRESOVICH, S. Sugar crops as a solar energy converters. **Experientia**, v. 38, p. 13-17, 1982.

MUHIRE, B. M.; VARSANI, A.; MARTIN, D. P. SDT: a virus classification tool based on pairwise sequence alignment and identity calculation. **PLoSOne**, v. 9, n. 9, p. 1-8, 2014.

QUEIROZ, V. A. V.; MORAES, E. A.; MARTINO, H. S. D.; PAIVA, C. L.; MENEZES, C. B. de. Potencial do sorgo para uso na alimentação humana. **Informe Agropecuário**, v. 35, n. 278, p. 7-12, jan./fev. 2014.

SAITOU, N.; NEI, M. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. **Molecular Biology and Evolution**, v. 4, n. 4, p. 406-425, 1987.

SHEIFERS, D. L.; SALOMON, R.; MARIE-JEANNE, V.; ALLIOT, B.; SIGNORET, P.; HABER, S.; LOBODA, A.; ENS, W.; SHE, Y. M.; STANDING, K. G. Characterization of a novel potyvirus isolated from maize in Israel. **Phytopathology**, v. 90, n. 5, p. 505-513, 2000.

SHUKLA, D. D.; FRENKEL, M. J.; WARD, C. W. Structure and function of the potyvirus genome with special reference to the coat protein coding region. **Canadian Journal of Plant Pathology**, v. 13, n. 2, p. 178-191, 1991.

SHUKLA, D. D.; WARD, C. W. Identification and classification of potyviruses on the basis of coat protein sequence data and serology. **Archives of Virology**, v. 106, n. 3/4, p. 171-200, 1989.

SHUKLA, D. D.; WARD, C. W.; BRUNT, A. A. **The potyviridae**. Cambridge: CAB International, 1994. 516 p.

SILVA, K. N.; MELO, F. L.; ORÍLIO, A. R.; NAGATA, T.; SILVA, M. S.; FERNANDES, C. D.; FRAGOSO, R. R.; DESSAUNE, S. N.; RESENDE, R. O. Biological and molecular characterization of a highly divergent johnsongrass mosaic virus isolate from *Pennisetum purpureum*. **Archives of Virology**, v. 161, n. 7, p. 1981-1986, 2016.

SOUZA, I. R. P. de; BARROS, B. de A. Detecção molecular e identificação de espécies de potyvirus do mosaico-comum em milho e sorgo. In: OLIVEIRA, C. M. de; SABATO, E. de O. (Ed.). **Doenças em milho: insetos-vetores, mollicutes e vírus**. Brasília, DF: Embrapa, 2017. p. 225-232.

SOUZA, I. R. P. de; BARROS, B. de A.; XAVIER, A. da S.; CARVALHO, S. G. M.; SABATO, E. de O.; GONÇALVES, I. A. M.; NODA, R. W.; RODRIGUES, J. A. S. Johnsongrass mosaic virus infecting sorghum in Brazil. **International Journal of Current Research**, v. 9, n. 12, p. 63415-63422, Dec. 2017.

SOUZA, I. R. P. de; CARNEIRO, N. P.; GIOLITTI, F.; LENARDON, S. L.; SABATO, E. de O.; GOMES, E. A.; NODA, R. W.; SOUZA, F. A. de. **Análise do N-terminal da proteína capsidial de SCMV infectando milho e sorgo no Brasil**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2012a. 14 p. (Embrapa Milho e Sorgo. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 59).

SOUZA, I. R. P. de; GIOLITTI, F.; CARNEIRO, N. P.; LENARDON, S. L.; OLIVEIRA, E. de; GOMES, E. A.; NODA, R. W.; SOUZA, F. A. de. Sequence diversity in coat protein of SCMV infecting maize and sorghum in Brazil. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 11, n. 2, p. 120-136, 2012b.

TEIXEIRA, C. G.; JARDINE, J. G.; BEISMAN, D. A. Utilização do sorgo sacarino como matéria-prima complementar à cana-de-açúcar para obtenção de etanol em microdestilaria. **Ciência e Tecnologia de Alimentos**, v. 17, n. 3, p. 221-229, 1997.

Embrapa

Milho e Sorgo



MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA, PECUÁRIA
E ABASTECIMENTO



PÁTRIA AMADA
BRASIL
GOVERNO FEDERAL

