

African cassava mosaic virus (ACMV) e a
Doença do Mosaico da Mandioca (*Cassava
Mosaic Disease, CMD*):

Subsídios para inclusão de novas espécies de begomovírus
causadoras do CMD na lista de pragas quarentenárias A1 do Brasil



***Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
Embrapa Mandioca e Fruticultura
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento***

DOCUMENTOS 240

African cassava mosaic virus (ACMV) e a Doença do Mosaico da Mandioca (Cassava Mosaic Disease, CMD):

**Subsídios para inclusão de novas espécies
de begomovírus causadoras do CMD na lista
de pragas quarentenárias A1 do Brasil**

*Eduardo Chumbinho de Andrade
Francisco Ferraz Laranjeira
(Autores)*

***Embrapa Mandioca e Fruticultura
Cruz das Almas, BA
2019***

Exemplares desta publicação podem ser adquiridos na:

Nome-síntese da Unidade Responsável

Endereço, endereço, endereço
Endereço, endereço, endereço
CEP, cidade, UF
Fone: número(s) de telefone(s)
Fax: número(s) de fax
www.embrapa.br
www.embrapa.br/fale-conosco/sac

Comitê Local de Publicações
da Embrapa Mandioca e Fruticultura

Presidente
Francisco Ferraz Laranjeira

Secretário-Executivo
Lucidalva Ribeiro Gonçalves Pinheiro

Membros
Aldo Vilar Trindade, Ana Lúcia Borges, Eliseth de Souza Viana, Fabiana Fumi Cerqueira Sasaki, Harllen Sandro Alves Silva, Leandro de Souza Rocha, Marcela Silva Nascimento

Supervisão editorial
Francisco Ferraz Laranjeira

Revisão de texto
Adriana Villar Tullio Marinho

Normalização bibliográfica
Lucidalva Ribeiro Gonçalves Pinheiro

Projeto gráfico da coleção
Carlos Eduardo Felice Barbeiro

Editoração eletrônica
*Renan Mateus Rodrigues Cabral
Anapaula Rosário Lopes*

Foto da capa
Fotos publicadas por Ndunguru et al., 2005

1ª edição
On-line (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)

Embrapa Mandioca e Fruticultura

Andrade, Eduardo Chumbinho de

African cassava mosaic virus (ACMV) e a Doença do Mosaico da Mandioca (Cassava Mosaic Disease, CMD): subsídios para inclusão de novas espécies de begomovírus causadoras do CMD na lista de pragas quarentenárias A1 do Brasil / Eduardo Chumbinho de Andrade, Francisco Ferraz Laranjeira – Cruz das Almas, BA : Embrapa Mandioca e Fruticultura, 2019.

22 p. il. ; 21 cm. - (Documentos/ Embrapa Mandioca e Fruticultura, ISSN 1809-4996.240).

1. Doença de planta. 2. Praga de planta. I. Título II. Série.

CDD 632.3

Lucidalva Ribeiro Gonçalves Pinheiro (CRB 5/1161)

© Embrapa, 2019

Autores

Eduardo Chumbinho de Andrade

Engenheiro-agrônomo, doutor em Fitopatologia, Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura, Cruz das Almas, BA

Francisco Ferraz Laranjeira

Engenheiro-agrônomo, doutor em Fitopatologia, pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura, Cruz das Almas, BA

Apresentação

A mandioca tem importância destacada na agricultura brasileira, sendo cultivada em todo o território nacional. Além de ser fonte de renda e geração de empregos, possui grande importância na segurança alimentar de muitas famílias no Brasil e no mundo.

O vírus do mosaico africano da mandioca (ACMV) não está presente no Brasil, mas é a principal praga da cultura no mundo, provocando grandes prejuízos nos locais onde ocorre. O vírus já é classificado no Brasil como Praga Quarentenária Ausente (A1). Verificou-se, no entanto, que a doença, que está sendo denominada de “Mosaico Africano da Mandioca”, é na verdade causada por um complexo de espécies de vírus do mesmo gênero do ACMV, o que aumenta seu potencial destrutivo. O surgimento destas novas espécies torna necessária a atualização do status quarentenário desta praga com a inclusão destas outras espécies na lista de pragas A1 do país.

Esse documento apresenta subsídios para inclusão destas novas espécies de vírus causadoras do mosaico na mandioca (CMD) na lista de pragas quarentenárias A1 do Brasil. Ele descreve quais espécies devem ser incluídas, quais são as plantas hospedeiras já relatadas, os países de ocorrência e método para a identificação destas espécies.

É, sem dúvida, uma importante fonte de consulta para a elaboração de políticas públicas voltadas a ações de defesa fitossanitária, visando garantir a sustentabilidade da mandiocultura no Brasil.

Alberto Duarte Vilarinhos

Chefe-geral da Embrapa Mandioca e Fruticultura

Sumário

Introdução	9
Doença do Mosaico da Mandioca (Cassava Mosaic Disease, CMD)	10
Identificação das pragas causadoras da CMD	10
Posição taxonômica de todas as espécies:	11
Sinonímias.....	11
Hospedeiros	11
Sintomas	12
Distribuição geográfica e impacto dos vírus causadores de CMD	14
Vias de introdução e disseminação dos vírus causadores de CMD	15
Protocolo para o diagnóstico dos vírus causadores da Doença do mosaico da Mandioca (“Cassava mosaic disease”, CMD).....	16
Metodologia para extração do DNA de folhas de mandioca	17
Detecção por Reação em cadeia da polimerase (PCR e qPCR).....	18
Referências	19

Introdução

O cultivo da mandioca tem importância destacada na agricultura brasileira. A produção brasileira, em 2016, ocupou uma área de 1,5 milhões de hectares, produzindo 23 milhões de toneladas, totalizando R\$10,3 bilhões em receitas (IBGE, 2017). Um aspecto importante da cultura reside no fato de que todas as microrregiões do país produzem e fornecem a mandioca e seus derivados (farinha e fécula) para os mercados locais. Isso confere não apenas um caráter econômico regional a essa cultura, mas também de grande importância na segurança alimentar, pois, para muitas famílias, é a principal fonte de renda e de carboidratos (Souza et al., 2006).

O mosaico africano da mandioca (Cassava Mosaic Disease, CMD) foi descrito pela primeira vez neste continente, no final do século XIX (Warburg, 1894), sendo posteriormente relatado em diversos países locais (Fauquet; Fargette, 1990). Estudos identificaram um vírus como o agente causal da doença, que, após ser caracterizado, foi denominado *African cassava mosaic virus* (ACMV) (Bock Woods, 1983). Epidemias de ACMV vem sendo reportadas desde a década de 40 em diferentes países africanos, mas, a partir da década de 80, passaram a apresentar-se com maior severidade e abrangência, causando elevadas perdas e levando a situações de fome e morte em países do leste e da África central (Legg, 1999; Legg; Thresh, 2000; Legg et al., 2006; Patil; Fauquet, 2009).

Devido à importância da cultura da mandioca para o Brasil e o risco que a introdução e a disseminação do ACMV podem causar à cadeia produtiva da mandioca no país, o ACMV está incluído na lista de pragas quarentenárias A1 do Ministério da Agricultura (MAPA).

Porém, nos últimos 30 anos, o quadro do mosaico da mandioca no continente africano tornou-se mais complexo e severo com a ocorrência de pandemias (epidemias em diversos países simultaneamente) (Legg, 1999; Legg; Thresh, 2000). Os estudos sobre essas pandemias identificaram inicialmente uma nova espécie de begomovírus, denominada *East African cassava mosaic virus-Uganda* (EACMV-Ug), ocorrendo simultaneamente com o ACMV (Swanson and Harrison, 1994; Harrison et al., 1997; Pita et al.,

2001). Nos anos seguintes, novas espécies de begomovírus foram descritas, 3 causando o mosaico da mandioca no continente africano. Além disso, duas outras espécies de begomovírus foram identificados na Índia e no Sri Lanka, causando sintomas similares ao ACMV. Atualmente estão descritas onze espécies de begomovírus como causadores do Mosaico Africano da Mandioca (tabela 1). Diante deste novo quadro, este documento fornece subsídios para a ampliação do status quarentenário do ACVM, passando a ser incluído na lista das pragas quarentenárias A1 do MAPA o complexo de “Begomovírus do mosaico da mandioca”.

Doença do Mosaico da Mandioca (Cassava Mosaic Disease, CMD)

Identificação das pragas causadoras da CMD

Tabela 1. Nome científico das espécies de begomovírus já descritas como causadoras da Doença do Mosaico da Mandioca.

Espécies	Referência
<i>African cassava mosaic virus</i> (ACMV)	Bock & Woods, 1983
<i>African cassava mosaic Burkina Faso virus</i> (ACMBFV)	Tiendrébéogo et al., 2012
<i>Cassava mosaic Madagascar virus</i> (CMMGV)	Harimalala et al., 2012
<i>East African cassava mosaic virus</i> (EACMV)	Swanson & Harrison, 1994
<i>East African cassava mosaic Cameroon virus</i> (EACMCV)	Fondong et al., 1998
<i>East African cassava mosaic Kenya virus</i> (EACMKV)	Bull et al., 2006
<i>East African cassava mosaic Malawi virus</i> (EACMMV)	Zhou et al., 1998
<i>East African cassava mosaic Zanzibar virus</i> (EACMZV)	Maruthi et al., 2004
<i>South African cassava mosaic virus</i> (SACMV)	Berrie et al., 1998
<i>Indian cassava mosaic virus</i> (ICMV)	Hong et al., 1993
<i>Sri Lankan cassava mosaic virus</i> (SLCMV)	Saunders et al., 2002

Posição taxonômica de todas as espécies:

Vírus de DNA fita simples circular (ssDNA)

Ordem: não atribuída

Família: *Geminiviridae*

Gênero: *Begomovirus*

Sinonímias

Como a doença é causada por um grande número de espécies de geminivírus, ela é normalmente denominada de Doença do mosaico da mandioca (Cassava Mosaic Disease, CMD); Begomovírus do mosaico da mandioca (Cassava Mosaic Begomoviruses (CMBs); Geminivírus do mosaico da mandioca (Cassava Mosaic Geminiviruses, CMGs).

Hospedeiros

Segue abaixo a lista das espécies de plantas relatadas como hospedeiras (em condições naturais ou experimentais) de uma ou mais espécies de begomovírus causadores do mosaico da mandioca.

- *Ageratum conyzoides* (*Asteraceae*) (Saunders et al., 2002).
- *Arabidopsis thaliana* (*Brassicaceae*) - arábido (Mittal et al., 2008).
- *Centrosema pubescens* (*Fabaceae*) (Monde et al., 2010).
- *Chromolaena odorata* (*Asteraceae*) - capim mombutu (Eni & Fasasi, 2013).
- *Combretum confertum* (*Combretaceae*) (Alabi et al., 2008a).
- *Datura (ferox, stramonium)* (*Solanaceae*) (Bock et al., 1983).
- *Glycine max* (*Fabaceae*) - Soja (Mgbechi-Ezeri et al., 2008).
- *Hewittia sublobata* (*Convolvulaceae*) (Bock et al., 1981).
- *Jatropha curcas* (*Euphorbiaceae*) - Pinhão manso (Appiah et al., 2012).

- *Jatropha multifida* (*Euphorbiaceae*) (Fauquet & Fargette, 1990).
- *Laportea aestuans* (*Urticaceae*) - Urtiga (Rossel et al., 1987).
- *Leucana leucocephala* (*Fabaceae*) - Leucena (Alabi et al., 2008a).
- *Malva parviflora* (*Malvaceae*) - (Berrie et al., 2001).
- *Manihot esculenta* (família *Euphorbiaceae*) (Fauquet & Fargette, 1990).
- *Manihot glaziovii* (*Euphorbiaceae*) - Mandioca (Alabi et al., 2008a).
- *Nicandra physaloides* (*Solanaceae*) (Bock et al., 1978).
- *Nicotiana* (*benthamiana*, *clevelandii*, *debneyi*, *glutinosa*, *rustica*, *tabacum*). (*Solanaceae*) – Espécies de tabaco (Bock et al., 1983, Mittal et al., 2008).
- *Phaseolus vulgaris* (*Fabaceae*) - (Berrie et al., 2001).
- *Pueraria javanica* (*Fabaceae*) (Monde et al., 2010).
- *Ricinus communis* (*Euphorbiaceae*) - Mamona (Alabi et al., 2008a).
- *Senna occidentalis* (*Fabaceae*) - Fedegoso (Alabi et al., 2008a).
- *Senna alata* (*Fabaceae*) (Eni & Fasasi, 2013).
- *Solanum nigrum* (*Solanaceae*) (Bock et al., 1978).

Sintomas

Os sintomas típicos da infecção por CMD são o mosaico e a deformação foliar. A severidade destes sintomas irá variar em função das espécies de vírus, da ocorrência de infecções mistas, da variedade afetada e das condições ambientais (Figura 1).

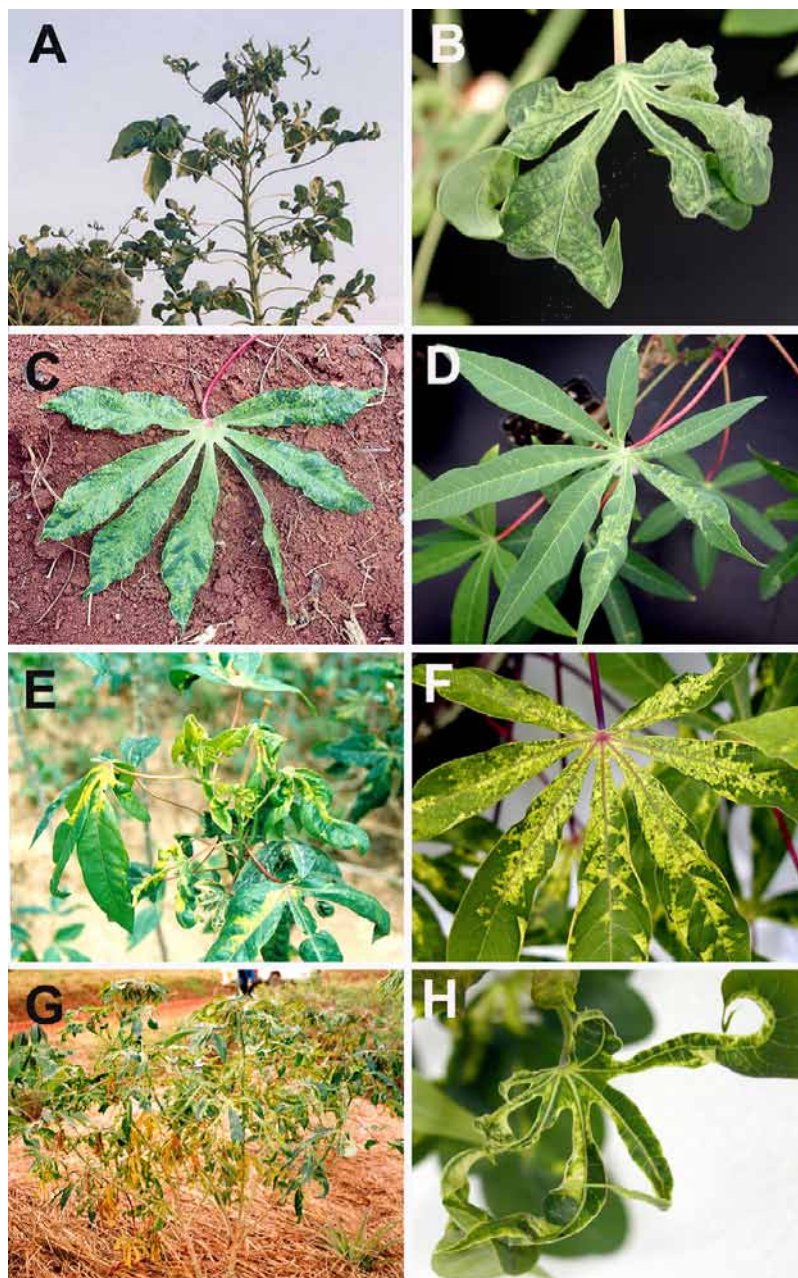


Figura 1. Sintomas induzidos em mandioca por diferentes espécies de begomovírus causadoras de CMD. (A e B) EACMKV, (C e D) ACMV, (E e F) EACMMV, (G e H) EACMV (fotos publicadas por Ndunguru et al., 2005).

Distribuição geográfica e impacto dos vírus causadores de CMD

A maioria das espécies dos vírus que causam o ACMD ocorrem nos seguintes países do continente africano: África do Sul, Angola, Benin, Burkina Faso, Burundi, Camarões, Costa do Marfim, Etiópia, Gabão, Gâmbia, Gana, Guiné, Guiné-Bissau, Guiné Equatorial, Quênia, Lesoto, Libéria, Madagascar, Malawi, Mauritânia, Moçambique, Nigéria, República Democrática do Congo, República do Congo, Ruanda, Senegal, Serra Leoa, Somália, Sudão, Sudão do Sul, Swazilândia, Tanzânia, Togo, Uganda, Zâmbia e Zimbábue. Ainda há a presença do ICMV na Índia e do SLCMV no Sri-Lanka, Vietnam e Camboja (Figura 2).

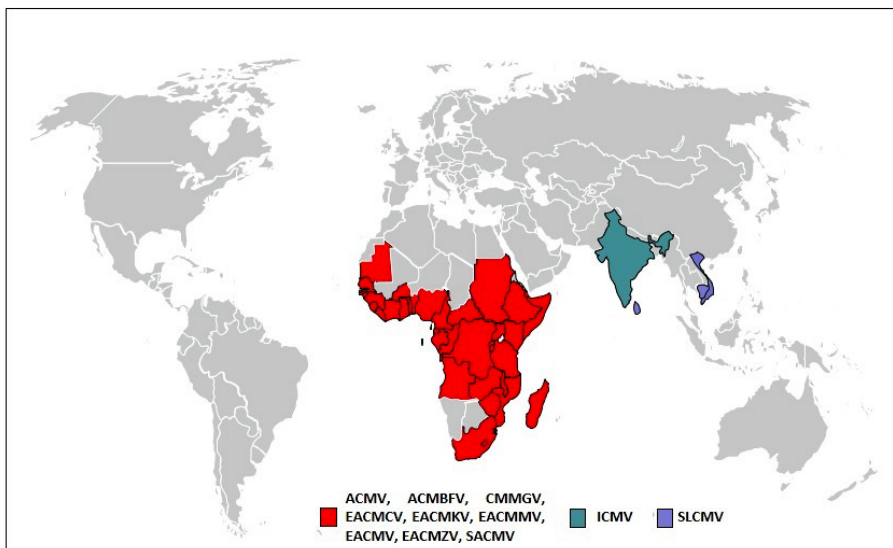


Figura 2. Distribuição global dos vírus causadores do ACMD.

Certamente CMD é o principal fator responsável pela redução da produção de mandioca na África (Fauquet; Fargette, 1990). As pandemias de CMD que ocorreram ao leste e ao centro da África afetaram pelo menos nove países, cobrindo uma área de 2,6 milhões de quilômetros quadrados e acarretando uma perda econômica estimada entre US\$ 1,9 e 2,7 bilhões,

sendo considerada a doença viral de maior dano no mundo, acarretando a fome e a morte de milhares de pessoas (Patil; Fauquet, 2009). Em regiões com alta incidência de CMD, as perdas na produção podem chegar a 95% (Fauque; Fargette, 1990).

Vias de introdução e disseminação dos vírus causadores de CMD

A entrada dos vírus do CMD no Brasil poderá ocorrer por meio de material propagativo infectado (manivas ou mudas de cultura de tecidos) ou de *B. tabaci* virulíferas presentes em plantas importadas, especialmente ornamentais (CABI, 2007). A entrada pode ocorrer pelas vias terrestre, marítima e aérea. A principal via de ingresso é a aérea, principalmente devido ao volume de passageiros que chegam ao Brasil, provenientes de países de ocorrência de CMD e que possam estar trazendo material vegetal (manivas ou folhas). Já houve a interceptação de material vegetal de mandioca infectada com ACMV no Brasil. Folhas de mandioca foram interceptadas na bagagem de um passageiro que desembarcava no Aeroporto Internacional do Rio de Janeiro. Análise da amostra identificou a presença do ACMV (Ambrozevicus et al., 2000).

No caso da via marítima, tripulantes de navios vindos de países afetados com a doença podem trazer plantas de mandioca ou de outra planta que esteja hospedando *B. tabaci* virulífera. Apesar de representar um volume de passageiros menor comparado à via aérea, é possível que uma fiscalização menos rigorosa possa aumentar os riscos de uma entrada acidental. No caso da via terrestre, apesar do CMD não estar presente em nenhum país fronteiriço ao Brasil, passageiros portando material contaminado (manivas, mudas ou plantas ornamentais) podem chegar a algum país fronteiriço por via aérea ou marítima e, em seguida, entrar no Brasil por via terrestre, portando material contaminado.

Uma vez introduzida em uma área, a disseminação do vírus (mandioca infectada para sadia) será realizada pela mosca branca *Bemisia tabaci* Gennadius (Hemiptera: Aleyrodidae). Por possuir hábito alimentar polífago,

B. tabaci tem o potencial de transmitir o(s) CMD(s) introduzidos para plantas espontâneas hospedeiras, impossibilitando uma possível erradicação do(s) CMD(s) da área inicialmente afetada.

A relação de transmissão dos CMDs por *B. tabaci* é do tipo persistente circulativo (Dubern, 1994). O período mínimo de alimentação necessário para a aquisição do vírus pelo inseto é de 3 horas. Após a aquisição, há um período de latência de 3-4 horas, quando o vírus circula no corpo do inseto, que então se torna apto a transmiti-lo. Para a transmissão do vírus, o inseto virulífero requer um período de alimentação de, no mínimo, 10-30 minutos (Dubern, 1994). Em condições experimentais, uma única mosca branca foi capaz de transmitir o vírus para plantas de mandioca. O ACMV, uma vez adquirido pela mosca branca, ainda na sua fase de ninfa, permanece no inseto até a fase adulta. Entretanto, não há transmissão transovariana do vírus (transmissão da mãe para a progênie) (Dubern, 1994). Na Índia, foi relatado que a espécie de mosca branca *B. afer* também é capaz de transmitir CMGs (Palaniswami et al., 1996).

Espécies do CMDs não são transmitidas de mandioca para mandioca por inoculação mecânica, e também não são transmitidas por sementes (Storey; Nichols, 1938).

Protocolo para o diagnóstico dos vírus causadores da Doença do mosaico da Mandioca (“Cassava mosaic disease”, CMD)

Os begomovírus causadores do CMD podem ser detectados por ELISA ou por métodos moleculares, como PCR e PCR em tempo real (qPCR). Os vírus podem ser detectados em todos os tecidos da planta de mandioca, sendo mais facilmente detectados nas folhas. O teste de PCR e qPCR são os mais indicados para a detecção e identificação das espécies de begomovírus causadoras de CMD pela sensibilidade, especificidade e também pela possibilidade de se sequenciar o fragmento viral amplificado por PCR para confirmar a identidade do begomovírus presente na amostra.

Metodologia para extração do DNA de folhas de mandioca

Existem diversos métodos de extração de DNA descritos e kits comerciais que podem ser utilizados. O procedimento apresentado a seguir é baseado no protocolo CTAB, adaptado por Abarshi et al. (2010), e foi escolhido por permitir a extração conjunta de DNA e RNA, e assim ser utilizado tanto para a detecção dos begomovírus causadores do CMD quanto para a detecção dos vírus causadores da Doença das estrias marrons da mandioca (Cassava brown streak disease, CBSD), o *Cassava Brown streak virus* (CBSV) e o Uganda cassava brown streak virus (UCBSV) (Abarshi et al. 2012), também consideradas pragas quarentenárias A1 pelo MAPA. Procedimento:

- 1) Macerar 0,1 - 0,3 g de folhas de mandioca em nitrogênio líquido em um almofariz com pistilo até a obtenção de um pó. Transfira o pó para um microtubo de 2,0 mL.
- 2) Adicionar 1 mL de tampão CTAB (2% CTAB (p/v), 1,4 M NaCl, 0.2% 2-mercaptoethanol (v/v), 20 mM EDTA, 100 mM Tris-HCl, pH 8.0).
- 3) Misturar vigorosamente em agitador tipo vortex.
- 4) Incubar a 65 °C por 10 minutos.
- 5) Centrifugar a 12.000g por 10 minutos. Transferir o sobrenadante para um novo microtubo de 2,0 mL.
- 6) Adicionar 1 volume de fenol: clorofórmio: álcool isoamílico (25:24:1), e misturar os tubos por inversão.
- 7) Centrifugar a 12.000g por 10 minutos. Transferir o sobrenadante (fase aquosa) para um novo microtubo de 1,5 mL.
- 8) Adicionar 0,6 volumes de isopropanol gelado e incubar a -20 °C por 1 hora.
- 9) Centrifugar a 12.000g por 10 minutos a 4 °C. Descartar o sobrenadante.
- 10) Adicionar 0,5 mL de etanol 75%, misturar por inversão.
- 11) Centrifugar a 12.000g por 2 minutos a 4 °C. Descartar o sobrenadante.
- 12) Secar o pellet à temperatura ambiente.

- 13) Ressuspender o pellet em 50 a 100 μ L de água livre de nucleases.
- 14) Quantificar a concentração do DNA.

Detecção por Reação em cadeia da polimerase (PCR e qPCR)

A detecção dos CMDs pela técnica de PCR possibilita tanto a detecção universal (sem identificação da espécie) quanto a específica, dependendo do conjunto de iniciadores utilizados. O quadro 1 contém alguns conjuntos de iniciadores universais ou espécie-específico utilizados na detecção das espécies de CMD por PCR.

A composição da reação de PCR irá depender do kit comercial a ser utilizado, entretanto recomenda-se utilizar pelo menos 20 ng de DNA total na reação de PCR. Além disso, é possível realizar multiplex-PCR para detecção simultânea de diferentes espécies de ACMV e EACMV (Aloyce et al., 2013).

Iniciador	Sequência (5' → 3')	Espécie de CMD	Fragmento PCR (nt)	Referência
Deng A Deng B	TAATATTACCKGWKGVCCSC TG- GACYTTRCAWGGBCCTTCACA	Universal	520	Deng et al. (1994)
JSP001 JSP002	ATGTCTGAAGCGACCAGGAGAT TGTTTATTAATTGCCAATACT	ACMV Universal	554	Fondong et al. (2000)
EAB555/F EAB555/R	TACATCGGCCTTTGAGTCGCATGG CTTATTAACGCCTATATAAACACC	EACMV universal	744	Ndunguru et al. (2000)
EACMCV1 EACMCV2	AAGCTGAGGATGTAACGAG ACCTAGACGAGGACAAGAATTCC	EACMCV	435	Aloyce et al. (2013)
EACMMV1 EACMMV2	GTGCCCTGTTCTTCACGGT ACACACGTCCCAGACGAAA	EACMMV	503	Aloyce et al. (2013)
EACMV1 EACMV2	GTTCCGGTATCACCTTCTAGAACA AAGGCTTACATTGAAAAGGGA	EACMV	375	Aloyce et al. (2013)
EACMZV1 EACMZV2	CCAGGTCGAAGAATCGCTTA AGGTGTCTCCAATTGCTCTC	EACMZV	260	Aloyce et al. (2013)
EACMKV1 EACMKV2	AAGGAGTCAGAGGCTCTTG CCACGT- TTGAATTTCAAATTC	EACMKV	669	Aloyce et al. (2013)
F461-CMMGV-A R1588-CMMGV-A	CAGGCACAAGCAAGTTCA AGACGTATCGACCTAAGC	CMMGV	1127	Harimalala et al. (2015)
F441-SACMV-A R1153-SACMV-A	CAAGGCACAACAAGCGT ACACTCCAGGTTACGGAGC	SACMV	712	Harimalala et al. (2015)
ICMV-AV1F ICMV-AV1R	ATGTCTGAAGCGACCAGCAGATATCAT TTAATTGCTGACCGAATCGTAGAAG	ICMV	770	Dutt et al. (2005)
SLCMV-A-F SLCMV-A-R	TGTAATTCTCAAAGTTACAGTC ATATGGACCACATCGTGTC	SLCMV	600	Makeshkumar et al. (2005)

Referências

- ABARSHI, M. M.; MOHAMMED, I. U.; JEREMIAH, S. C.; LEGG, J. P., LAVA KUMAR P.; HILLOCKS, R. J.; MARUTHI, M. N. Multiplex RT-PCR assays for the simultaneous detection of both RNA and DNA viruses infecting cassava and the common occurrence of mixed infections by two cassava brown streak viruses in East Africa. **Journal of Virol. Methods**, v.179, p. 176–184, 2012.
- ABARSHI, M. M.; MOHAMMED, I. U.; WASSWA, P., HILLOCKS, R. J.; HOLT, J.; LEGG, J. P.; SEAL, S. E.; MARUTHI, M. N. Optimization of diagnostic RT-PCR protocols and sampling procedures for the reliable and cost-effective detection of Cassava brown streak virus. **Journal of Virol. Methods**, v.163, p. 353–359, 2010.
- ALABI, O. J.; OGBE, F. O., BANDYOPADHYAY, R.; KUMAR, P. L., DIXON, A. G. O., HUGHES, J. d'A.; NAIDU, R. A. Alternate hosts of *African cassava mosaic virus* and *East African cassava mosaic Cameroon virus* in Nigeria. **Archives of Virology**, v. 153. p.1743-1747, 2008a.
- ALOYCE, R.C.; TAIRO, F.; SSERUWAGI, P.; REY, M. E. C.; NDUNGURU, J. A single-tube duplex and multiplex PCR for simultaneous detection of four cassava mosaic begomovirus species in cassava plants. **Journal of Virological Methods**, v.189, p.148– 156, 2013.
- AMBROZEVICIUS, L. P.; MELLO, R. N.; SANCHES, J. B.; ZERBINI, F. M. Detection of *African cassava mosaic virus* (ACMV) in cassava leaves intercepted at Galeão International Airport, Rio de Janeiro, Brazil. In: ENCONTRO NACIONAL DE VIROLOGIA, 9.,2000., São Lourenço-MG. **Virus Reviews & Research**, v. 5,. . p. 191, 2000.
- APPIAH, A. S.; AMOATEY, H. M.; KLU, G. Y. P.; Aful, N. T.; AZU, E.; OWUSU, G. K. Spread of *African cassava mosaic virus* from cassava (*Manihot esculenta* Crantz) to physic nut (*Jatropha curcas* L.) in Ghana. **Journal of Phytohylogy**, v.4, p. 31-37, 2012.
- BERRIE, L. C., PALMER.; K. E., RYBICKI, E. P.; REY, M. E. C. Molecular characterization of a distinct South African cassava infecting geminivirus. **Archives of Virology**, v. 143, p. 2253-2260, 1998.
- BERRIE, L. C.; RYBICKI, E. P.; REY, M. E. Complete nucleotide sequence and host range of *South African cassava mosaic virus*: further evidence for recombination amongst begomoviruses. **Journal of General Virology**, v.82, p.53-58, 2001.
- BOCK, K. R., GUTHRIE, E. J., FIGUEIREDO, G. A strain of cassava latent virus occurring in coastal districts of Kenya. **Annals of applied Biology**, v.99, p.151–159, 1981.
- BOCK, K. R., GUTHRIE, E. J., MEREDITH, G. Distribution, host range, properties and purification of cassava latent virus, a geminivirus. **Annals of Applied Biology**, v. 90, p.361-367, 1978.
- BOCK, K. R., Woods, R. D. Etiology of African cassava mosaic disease. **Plant Disease**, v. 67, p994-995, 1983.
- BULL, S. E., BRIDDON, R. W., SSERUBOMBWE, W. S., NGUGI, K., Markham, P. G., Stanley, J. Genetic diversity and phylogeography of cassava mosaic viruses in Kenya. **Journal of General Virology**, v.87, p.3053-3065, 2006.
- CABI. CPC Report: crop protection compendium, 2007.

DENG, D.; MCGRATH, P. F.; ROBINSON, D. J.; HARRISON, B. D. Detection and differentiation of whitefly-transmitted geminiviruses in plants and vector insects by the polymerase reaction with degenerate primers. **Ann. Appl. Biology**, v.125, p. 327–336, 1994.

DUBERN, J. Transmission of African cassava mosaic geminivirus by the whitefly (*Bemisia tabaci*). **Tropical Science**, v.34, p.82-91, 1994.

DUTT, N.; BRIDDON, R.W.; DASGUPTA, I. Identification of a second begomovirus, Sri Lankan cassava mosaic virus, causing cassava mosaic disease in India. **Arch. Virol.**, v.150, p. 2101-2108, 2005.

ENI, A. O.; FASASI, D. K. Molecular detection of two cassava Begomoviruses in some parts of Southern Nigeria. **African Journal of Agricultural Research**, v.8, p.1350 -1353, 2013.

FAUQUET, C.; FARGETTE, D. African cassava mosaic virus: etiology, epidemiology and control. **Plant Disease**, v. 74, p.404–411, 1990.

FONDONG, V. N.; PITA, J. S.; REY, C.; BEACHY, R. N.; FAUQUET, C. M. First report of the presence of East African cassava mosaic virus in Cameroon. **Plant Disease**, v.82, p.1172, 1998.

Fondong, V. N., Pita, J. S., Rey, M. E., de Kochko, A., Beachy, R. N., and Fauquet, C. M. Evidence of synergism between African cassava mosaic virus and a new double-recombinant geminivirus infecting cassava in Cameroon. **J. Gen. Virol.** v. 81, p.287–297, 2000.

FONDONG, V. N.; PITA, J. S.; REY, C.; BEACHY, R. N.; FAUQUET, C. M. First report of the presence of East African cassava mosaic virus in Cameroon. **Plant Disease**, v.82, p.1172, 1998.

HARIMALALA, M.; CHIROLEU, F.; GIRAUD-CARRIER, C.; HOAREAU, M.; ZINGA, I.; RANDRIAMAMPIANINA, J. A.; VELOMBOLA, S.; RANOMENJANAHARY, S.; ANDRIANJAKA, A.; REYNAUD, B.; LEFEUVRE, P.; LETT, J. Molecular epidemiology of cassava mosaic disease in Madagascar. **Plant Pathology**, v.64, p. 501-507, 2015.

HARIMALALA, M.; LEFEUVRE, P.; DE BRUYN, A.; TIENDRÉBÉOGO, F.; HOAREAU, M.; VILLEMOT, J.; RANOMENJANAHARY, S.; ANDRIANJAKA, A.; Reynaud, B., Lett, J-M. A novel cassava-infecting begomovirus from Madagascar: cassava mosaic Madagascar virus. **Archives of Virology**, v. 157, p.2027–2030, 2012.

HARRISON, B. D.; ZHOU, X.; OTIM-NAPE, G. W.; LIU, Y.; ROBINSON, D.J. Role of a novel type of double infection in the geminivirus-induced epidemic of severe cassava mosaic in Uganda. **Ann. Appl. Biol.** v.131, p.437-448, 1997.

HONG, Y. G.; ROBINSON, D. J., HARRISON, B. D. Nucleotide sequence evidence for the occurrence of three distinct whitefly-transmitted geminiviruses in cassava. **Journal of General Virology**, v.74, p.2437–2443, 1993.

IBGE. **Produção agrícola municipal**, 2015. Disponível em: <https://sidra.ibge.gov.br/tabela/5457>. Acesso em: 23 Out. 2017.

LEGG, J. P.; THRESH, J. M. Cassava mosaic virus disease in East Africa: a dynamic disease in a changing environment. **Virus Research**, v.71; P.135–149, 2000.

LEGG, J. P.; KAPINGA, R.; TERI, J.; WHYTE, J. B. A. The pandemic of cassava mosaic virus disease in East Africa: control strategies and regional partnerships. **Roots**, v. 6, n1, p.10–19, 1999.

- Legg, J.P., Owor, B., Sseruwagi, P. and Ndunguru, J. Cassava mosaic virus disease in East and Central Africa: epidemiology and management of a regional pandemic. **Advanced Virus Research**, V.67, P. 355–418, 2006.
- MAKESHKUMAR, T.; ANOOP, S.; NAIR, R. R.; EDISON, S. Detection of cassava mosaic virus in India using polymerase chain reaction and nucleic acid hybridization technique. **J. Root crops**, v.31, p.1-6, 2005.
- MARUTHI, M.; SEAL, S.; COLVIN, J.; BRIDDON, R. W.; BULL, S. E. East African cassava mosaic Zanzibar virus – a recombinant begomovirus species with a mild phenotype. **Archives of Virology**, v.149, p.2365-2377, 2004.
- MGBECHI-EZERI, J. U.; ALABI, O. J.; NAIDU, R. A.; LAVA KUMAR, P. First report of the occurrence of *African cassava mosaic virus* in soybean in Nigeria. **Plant Disease**, v.5, p.08-0317, 2008.
- MITTAL, D.; BORAH, B. K.; DASGUPTA, I. Agroinfection of cloned *Sri Lankan cassava mosaic virus* DNA to *Arabidopsis thaliana*, *Nicotiana tabacum* and cassava. **Archives of Virology**, v.153, p.2149–2155, 2008.
- MONDE, G.; WALANGULULU, J.; WINTER, S.; BRAGARD, C. Dual infection by cassava begomoviruses in two leguminous species (Fabaceae) in Yangambi, Northeastern Democratic Republic of Congo. **Archives of Virology**, v.155, p.1865-1869, 2010.
- NDUNGURU, J.; LEGG, J. P.; AVELING, T. A. S.; THOMPSON, G.; FAUQUET, C. M. Molecular biodiversity of cassava begomoviruses in Tanzania: evolution of cassava geminiviruses in Africa and evidence for East Africa being a center of diversity of cassava geminiviruses. **Virology Journal**, v.2, p. 21, 2005.
- PALANISWAMI, M. S.; NAIR, R. R.; PILLAI, K. S., THANKAPPAN, M. Whiteflies on cassava and its role as vector of cassava mosaic in India. **Journal of Root Crops**, v.22, p.1-8, 1996.
- PATIL, B. L.; FAUQUET, C. M. Cassava mosaic geminiviruses: actual knowledge and perspectives. **Molecular Plant Pathology**, v.10, p.685–701, 2009.
- PITA J. S.; FONDONG V. N.; SANGARE A.; OTIM-NAPE, G. W., Ogwal S.; FAUQUET C. M. Recombination, pseudorecombination and synergism of geminiviruses are determinant keys to the epidemic of severe cassava mosaic disease in Uganda. **Journal of General Virology**, v.82, p.655-665, 2001.
- ROSSEL, H. W.; THOTTAPPILLY, G.; VAN LENT, J. M. W.; HUTTINGA, H. The etiology of cassava mosaic in Nigeria. In: FAUQUET, C.; FARGETTE, D. (ed) **Proc. Intern. Seminar African Cassava Mosaic Disease and its Control**. Yamoussoukro; Cote d'Ivoire, 1987p 43–56.
- SAUNDERS, K.; SALIM, N.; MALIC, V. R.; MALATHID, V. G.; BRIDDON, R.; MARKHAM, P. G.; STANLEY, J. Characterization of *Sri Lankan Cassava Mosaic Virus* and *Indian Cassava Mosaic Virus*: Evidence for Acquisition of a DNA B Component by a Monopartite Begomovirus. **Virology**, v.293, p.63-74, 2002.
- SOUZA, L. da S.; FARIAS, A. R. N.; MATTOS, P. L. P. de; FUKUDA, W. M. G. (Ed.). **Aspectos socioeconômicos e agronômicos da mandioca**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica; Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical, 2006.. 817p.

STOREY, H. H.; NICHOLS, R. F. W. Studies of the mosaic disease of cassava. *Annals. Applied Biology*, v.25, p.790-806, 1938.

SWANSON, M. M.; HARRISON, B. D. Properties, relationships and distribution of cassava mosaic geminiviruses. *Tropical Science*, v.34, P.15–25, 1994.

TIENDRÉBÉOGO, F.; LEFEUVRE, P.; HOAREAU, M.; HARIMALALA, M. A.; BRUYN, A., VILLEMOT, J.; TRAORÉ, V. S. E.; KONATÉ, G.; TRAORÉ, A. S.; BARRO, N.; REYNAUD, B.; TRAORÉ, O.; LETT, J. M. Evolution of *African cassava mosaic virus* by recombination between bipartite and monopartite begomoviruses. *Virology Journal*, v.9, p.67, 2012.

WARBURG, O. Die kulturpflanzen usambaras. Mitt. *Deutsch. Schutz*, v.7, n.131. 1894.

ZHOU, X.; ROBINSON, D. J.; HARRISON, B. D. Types of variation in DNA-A among isolates of East African cassava mosaic virus from Kenya, Malawi and Tanzania. *Journal of General Virology*, v.79, p.2835-2840, 1998.



Mandioca e Fruticultura

MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA



PÁTRIA AMADA
BRASIL
GOVERNO FEDERAL

CGPE 15775