



**RAFAELLA MARQUES SIQUARA SILVA**

**CARACTERIZAÇÃO DAS ESPÉCIES DE *BADNAVIRUS* QUE  
OCORREM EM MINAS GERAIS**

**Lavras – MG**

**2025**

**RAFAELLA MARQUES SIQUARA SILVA**

**CARACTERIZAÇÃO DAS ESPÉCIES DE *BADNAVIRUS* QUE OCORREM EM  
MINAS GERAIS**

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado à  
Universidade Federal de Lavras, como parte  
das exigências do Curso de Agronomia, para a  
obtenção do título de Bacharel.

Prof. Dra. Antonia dos Reis Figueira

Orientadora

Dra. Antonia Thalyta Lopes Silveira

Coorientadora

**LAVRAS-MG**

**2025**

**RAFAELLA MARQUES SIQUARA SILVA**

**CARACTERIZAÇÃO DAS ESPÉCIES DE BADNAVIRUS QUE OCORREM EM  
MINAS GERAIS**

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado à  
Universidade Federal de Lavras, como parte  
das exigências do Curso de Agronomia, para a  
obtenção do título de Bacharel.

APROVADO em 20 de dezembro de 2024.

Dra. Antonia dos Reis Figueira - DFP/UFLA

Dra. Antonia Thalyta Lopes Silveira – DFP/UFLA

Layla Victória da Silva Sousa – DFP/UFLA

Prof. Dra. Antonia dos Reis Figueira

Orientadora

Dra. Antonia Thalyta Lopes Silveira

Coorientadora

**LAVRAS-MG**

**2025**

## RESUMO

A virose denominada estria da bananeira é causada por diversas espécies do gênero *Badnavirus* e é potencialmente capaz de causar perdas significativas na qualidade e quantidade de produção desta frutífera. A planta infectada apresenta sintomas variáveis, como subdesenvolvimento e estrias cloróticas e necróticas nas folhas. Em alguns casos, quando as mudas são produzidas por cultura de tecidos, as folhas novas não apresentam sintomas, de modo que a diagnose precoce dos vírus nas mudas destinadas ao plantio é fundamental para evitar a introdução e disseminação do patógeno nos campos de produção. O objetivo deste trabalho foi coletar amostras de banana nas principais regiões produtoras no estado de Minas Gerais, visando a caracterização molecular para a determinação da espécie de *Badnavirus* presente e fornecer subsídios para os testes de diagnose. Foram analisados cinco isolados provenientes de Janaúba, Jaíba, Delfinópolis e de mudas produzidas por cultura de tecidos e enviadas ao Laboratório de Virologia Molecular no Departamento de Fitopatologia da Universidade Federal de Lavras, para indexação, e para serem submetidas ao teste de diagnose e análise molecular. Após a extração do DNA e do mRNA total das amostras, os DNAs foram submetidos primeiro à amplificação por PCR utilizando-se os primers específicos para a região da RT/RNase-H, empregada para diferenciação das espécies. Como testaram positivas para *Badnavirus*, em seguida foi feita a confirmação por RT-PCR do mRNA extraído, empregando-se o primeiro oligo dT, para descartar possível falso positivo. Os DNAs amplificados dos cinco isolados foram enviados para sequenciamento e as sequências obtidas foram analisadas e comparadas com as de outros isolados do *GenBank* para determinação da espécie de *Badnavirus* presente em cada amostra. OS isolados MG-WIL3 e MG-GRN7 foram classificados como BSUDV; os isolados MG-MYS7 e MG-MYS8 foram classificados como BSUMYV e a classificação do isolado MG-WIL1 ficou indefinida entre BSUDV e BSUCV. As substituições observadas no isolado MG-WIL3 e MG-GRN7 foram do tipo sinônima, enquanto as observadas nos demais isolados foram do tipo não sinônimas. Os resultados obtidos demonstraram a ocorrência dessas espécies em Minas Gerais e são importantes para fornecer os subsídios indispensáveis para a diagnose desses vírus nas mudas certificadas produzidas para formação das lavouras comerciais.

**Palavras-chave:** RT/RNaseH, fitossanitário, viroses, pararetrovírus, genoma.

## SUMÁRIO

<b>1.</b>	<b>INTRODUÇÃO .....</b>	<b>7</b>
<b>2.</b>	<b>REFERENCIAL TEÓRICO .....</b>	<b>8</b>
<b>2.1.</b>	<b>A Cultura da Banana.....</b>	<b>8</b>
<b>2.1.1.</b>	<b>Produção e propagação de mudas.....</b>	<b>10</b>
<b>2.1.2.</b>	<b>Mudas micropropagadas.....</b>	<b>11</b>
<b>2.2.</b>	<b>Principais doenças .....</b>	<b>12</b>
<b>2.2.1.</b>	<b>Doenças fúngicas.....</b>	<b>12</b>
<b>2.2.2.</b>	<b>Doenças bacterianas .....</b>	<b>13</b>
<b>2.2.3.</b>	<b>Doenças causadas por nematoides .....</b>	<b>14</b>
<b>2.3.</b>	<b>Doenças viróticas .....</b>	<b>14</b>
<b>2.3.1.</b>	<b>Cucumber mosaic virus (CMV) .....</b>	<b>14</b>
<b>2.3.2.</b>	<b>Estrias da bananeira.....</b>	<b>15</b>
<b>3.</b>	<b>OBJETIVOS .....</b>	<b>16</b>
<b>4.</b>	<b>MATERIAIS E MÉTODOS .....</b>	<b>17</b>
<b>4.1.</b>	<b>Coleta das amostras.....</b>	<b>17</b>
<b>4.2.</b>	<b>Extração de DNA .....</b>	<b>17</b>
<b>4.3.</b>	<b>Reação em cadeia da polimerase (PCR).....</b>	<b>18</b>
<b>4.4.</b>	<b>Extração do RNA mensageiro .....</b>	<b>18</b>
<b>4.5.</b>	<b>Reação de transcriptase reversa seguida de reação em cadeia da polimerase (RT-PCR) .....</b>	<b>19</b>
<b>4.6.</b>	<b>Análise da sequência.....</b>	<b>19</b>

<b>5.</b>	<b>RESULTADOS E DISCUSSÃO .....</b>	<b>20</b>
<b>5.1.</b>	<b>Testes diagnósticos .....</b>	<b>21</b>
<b>5.2.</b>	<b>Caracterização molecular de cinco isolados de <i>Badnavirus</i>.....</b>	<b>21</b>
<b>6.</b>	<b>CONCLUSÕES.....</b>	<b>28</b>
	<b>REFERÊNCIAS .....</b>	<b>29</b>

## 1. INTRODUÇÃO

A banana (*Musa* spp.) é a fruta fresca mais consumida no mundo, sendo o Brasil o quarto maior produtor mundial, ficando atrás somente da Índia, China e Indonésia (Santos, G.; Silvério, L., 2023). O crescimento e o desenvolvimento da bananeira e sua consequente produtividade são processos dependentes das interações água-solo-genótipo-atmosfera e da interferência humana (Baptistella; Coelho; Ghobril, 2019). No Brasil, o estado que mais produz a fruta é São Paulo, detendo quase um milhão de toneladas em aproximadamente 46 mil hectares (IBGE, 2023).

Estes dados mostram a força do cultivo da banana, sendo altamente viável o investimento, visto que a fruta possui propriedades funcionais, por ser rica em compostos biologicamente ativos e benéficos à saúde (Carra *et al.*, 2021). Como exemplo, a banana pacovã, verde e cozida, assume atividades funcionais em forma de probiótico, pois possui em sua composição os dois tipos de fibras, solúveis e insolúveis, desenvolvendo boas funções ao organismo humano. Os alimentos probióticos, como a banana pacovã verde, são definidos como alimentos que resistem ao processo de digestão, sendo fermentados, então, pelas bactérias benéficas presentes no intestino e estimulando o seu desenvolvimento (Leon, 2010).

A cultura da banana pode ser afetada por muitos patógenos como fungos, bactérias, nematoides e vírus, portanto, a escolha e a aquisição do material propagativo são fundamentais na implantação de um pomar saudável e com qualidade de produção (Borges *et al.*, 2009). Um dos principais patógenos que afetam a produtividade da bananeira é representado por uma diversidade de espécie de vírus, destacando o *Badnavirus*, que reúne espécies caracterizadas por causarem estrias na bananeira (banana streak virus, BSV). O estudo destas espécies de *Badnavirus* é fundamental para os programas de melhoramento genético, além de fornecer subsídios para empresas certificadoras de mudas sadias, auxiliando a identificar e evitar a presença do patógeno, prezando por cultivares livres de sequências do vírus integradas ao genoma da planta infectada (Daniells *et al.*, 2001; Lockhart *et al.*, 1986). Por integrar seu genoma, em condições de estresse da planta, o vírus pode se tornar ativo. Essa condição ocorre em mudas micropropagadas, com a exposição da planta a condições de estresse, resultando na ativação das partículas endógenas do vírus e levando à expressão dos sintomas da doença. As plantas infectadas geralmente não mostram sintomas em todas as folhas (Lockhart, *et al.*, 1986), mas apresentam redução do vigor e a diminuição do tamanho dos frutos, que ficam deformados (Ramirez; Rivera, 1994).

Em 2010, o Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) estabeleceu critérios e procedimentos de prevenção e controle para os vírus BSV e cucumber mosaic virus (CMV), visando à certificação fitossanitária para comercialização das mudas de banana no país (MAPA, 2010). A Instrução Normativa nº 46, instituída em 2010, considera estas espécies de vírus como Não Quarentenária Regulamentada, mas, quando presentes nas plantas, influi no seu uso proposto com impactos econômicos inaceitáveis. Define, também, que o órgão estadual de defesa sanitária deverá inscrever os viveiros produtores de mudas de bananeiras, a pedido do responsável técnico, habilitando-os à certificação fitossanitária de origem (MAPA, 2010). As plantas matrizes de bananeira deverão ser mantidas em ambientes protegidos do ataque de insetos sugadores, como pulgões e cochonilhas, e isentos de espécies hospedeiras do BSV e CMV. As matrizes deverão ser submetidas aos métodos de PCR (reação em cadeia da polimerase) e RT-PCR (transcriptase reversa seguida da reação em cadeia da polimerase), a fim de detectar a possível presença das doenças (MAPA, 2010). As mudas e seus respectivos lotes devem ser identificados, passando por análises moleculares para certificar a sanidade das plantas, portanto somente será permitido o trânsito de mudas de bananeira quando emitida a Permissão de Trânsito de Vegetais (MAPA, 2010).

Apesar de presente nos campos brasileiros de produção (Figueiredo *et al.*, 2006; Brioso *et al.*, 2011), pouco se conhece a respeito das variantes genéticas de banana streak virus (BSV) que aqui ocorrem e não existe, até o momento, nenhum trabalho envolvendo o sequenciamento genômico dos isolados de BSV detectados. Portanto, nenhuma sequência genômica de isolados brasileiros de BSV está disponível.

## **2. REFERENCIAL TEÓRICO**

### **2.1. A Cultura da Banana**

A banana (*Musa spp.*), pertencente à família Musaceae, é originária do sudeste da Ásia, sendo uma das frutas mais consumidas no mundo, preferencialmente, *in natura* (Queiroga *et al.*, 2023, p. 11). No Brasil, o pseudofruto não apenas constitui um elemento vital na alimentação, especialmente para populações de menor renda, mas também desempenha papel crucial no sustento da mão de obra rural. A bananeira é cultivada em todos os estados brasileiros, com 456.522 hectares de área colhida e rendimento médio de 14,95 toneladas por hectare, em dados obtidos pelo Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE, 2023). O Brasil é o quarto maior produtor de banana a nível mundial, sendo os três primeiros: Índia, China e



Indonésia (Comunicação CNA, 2021). Praticamente tudo o que é produzido é destinado ao mercado interno, sendo um país autossuficiente, além de que a fruta *in natura* é difícil comercializar à longas distâncias, com exportação de aproximadamente 1% (IBGE, 2023). Segunda a instituição, São Paulo é o maior estado produtor de banana com 1 milhão de toneladas e participação de 14,30% do total Brasil. Em segundo lugar o estado da Bahia, com 862,6 mil toneladas. Em seguida, Minas Gerais (846,8 mil toneladas) e Santa Catarina (693 mil toneladas). Todavia, a produtividade média nacional não é uniforme, devido principalmente às grandes diferenças tecnológicas entre as regiões produtoras, como por exemplo em São Paulo com produtividade de 21,3 t/ha, ter grande contraste com a produção da Bahia, que apesar de ser o estado com maior área plantada e o segundo no ranking de produção, a produtividade não passa de 14 t/ha.

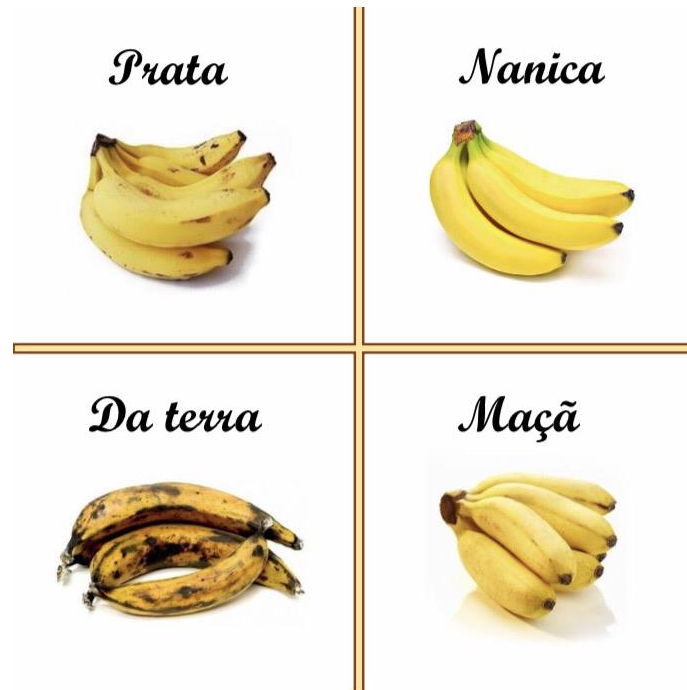
Como dito na edição sobre a cultura da banana, na coleção SENAR (2011), o cultivo da banana possui grande importância econômica e social, e produz frutos com alto valor nutricional e medicinal. Sendo uma cultura explorada por pequenos e por grandes produtores. A banana é um alimento energético, composto basicamente de água e carboidratos, contendo pouca proteína e gordura. Além de rica em sais minerais como sódio, magnésio, fósforo e, especialmente, potássio, a fruta contém vitamina C, A, B2, B6, niacina, entre outras. Na medicina popular, a banana é indicada contra anemias, constipações intestinais, câimbras, depressão, azia, estresse, hipertensão, entre outras (SENAR, 2011).

Levando em conta seu centro de origem, a bananeira é uma planta tipicamente tropical, ou seja, exige maiores temperaturas e chuvas bem distribuídas, além de elevada umidade relativa para seu desenvolvimento. Essas condições climáticas são encontradas em todo o território nacional, proporcionando boa produtividade, com grande volume de importação, embora que boa parte do consumo ocorre no mercado interno, pelo fato da fruta ter características de um produto altamente perecível, como visto no boletim da Superintendência de Estudos Econômicos e Sociais da Bahia (SEI, 2023).

Com relação às cultivares comercializadas, no Brasil, as principais são as de mesa, como a prata, nanica, maçã e ouro. Cada bananeira produz de uma só vez, de 5 a 15 pencas e cada fruta madura pesa, em média, 100 gramas com uma composição de 75% de água e 25% de matéria seca (Comunicação CNA, 2021). As principais cultivares (Figura 1) pertencem ao subgrupo Prata, como: Prata comum, Pacovan, Prata Santa Maria, Prata ponta aparada e Prata São Tomé. O subgrupo Terra abrange os plátanos, que necessitam de cozimento prévio antes do consumo. O subgrupo 'Maçã' é considerado uma cultivar nobre para os brasileiros. Entretanto,

as principais cultivares comercializadas no mercado internacional pertencem ao subgrupo Cavendish, sendo as principais cultivares: Nanica, Nanicão e Grande Naine (Coutinho, 2023).

Figura 1 – Diferentes cultivares de banana comercializadas no Brasil.



Fonte: Damy (2017)

### 2.1.1. Produção e propagação de mudas

Normalmente, a banana é propagada vegetativamente através da emissão de novos filhos (rebentos), que se originam da germinação de gemas vegetativas externas da planta matriz, localizadas na região denominada rizoma (caule verdadeiro). As mudas são obtidas a partir do desenvolvimento natural de rebentos ou por técnicas de fracionamento de rizoma, por propagação acelerada *in vivo* e *in vitro*. Utilizar mudas de alta qualidade genética e fitossanitária é fundamental para o sucesso da cultura (Produção [...], 2020).

Para um cultivo de qualidade é necessário obter-se mudas originárias de viveiros certificados e que estejam em locais próximos dos canteiros em que serão transplantadas, facilitando o transporte (Produção [...], 2020). Os tipos de mudas que caracterizam rizomas inteiros são: Chifrinho (2 – 3 meses de idade); Chifre (3- 6 meses de idade); Chifrão (ideal, 6 – 9 meses de idade); Guarda-Chuva (mudas pequenas, porém com poucas reservas); adulta ou muda alta (muda em fase de diferenciação floral); rizoma com filho aderido (mudas com brotação desenvolvida junto com o rizoma); pedaço de rizoma. Ao contrário das mudas obtidas

por micropropagação, prioriza-se o plantio da mesma cultivar no mesmo local para garantir um estande uniforme (Produção [...], 2020).

A produção de muda por corte de rizoma é comum em propriedades de agricultura familiar. O canteiro ou leira-alta é preparado com 1m de largura e comprimento variável; o manejo é feito visando manter a touceira com uma planta-mãe, uma filha e uma neta; o pomar deve ser sadio e com bom aspecto nutricional, resultando em touceiras de qualidade para cortes do rizoma; escolhe-se a planta com até 8 meses, sem emissão de cachos (mais vigorosas); a parte aérea é retirada e devem ser selecionados rizomas livres de brocas, nematóides e outras doenças; a limpeza dos rizomas selecionados é feita com solução de cloro; cortam-se as raízes e partes defeituosas; utilizar ferramentas desinfetadas; mudas tipo chifrinhos são levadas diretamente aos canteiros; mudas maiores são cortadas em sessões; o canteiro deve ser previamente preparado com matéria orgânica; as sessões cortadas são plantadas no canteiro; irrigação auxilia no índice de pegamento; cria-se condições favoráveis ao início do desenvolvimento radicular e para acelerar intumescimento das gemas laterais; as mudas desenvolvidas são levadas para local definitivo para plantio; uso de palhada para melhorar o microclima; separar mudas por tamanho, a fim de obter talhões uniformes; plantio em cova adubada (Produção [...], 2020).

### **2.1.2. Mudanças micropropagadas**

O uso da micropropagação para a produção de mudas de bananeira vem crescendo cada vez mais no Brasil. Diversos laboratórios foram instalados em diferentes regiões do país, permitindo um acesso rápido a mudas de melhor qualidade, provenientes de variedades tradicionais e de híbridos, adaptadas à região em que serão plantadas. A técnica utilizada envolve o desenvolvimento *in vitro* de brotos a partir de gemas dos ápices caulinares ou florais, a fim de induzir a formação de novas gemas, em condições controladas (Alves *et al.*, 2021).

Comparado ao método convencional de produzir mudas, a micropropagação permite obter maior número de mudas com menor tempo gasto. A produção ocorre o ano todo e em grande escala, economizando tempo e espaço, priorizando a uniformidade do plantio e sincronização da colheita. As gerações são obtidas a partir de matrizes, ou seja, possuem características genéticas idênticas (clones), sendo necessário que a planta mãe esteja sadia, evitando a disseminação de pragas e doenças. As mudas micropropagadas sobrevivem mais no campo e tem a juvenilidade reduzida, apresentando maior precocidade no primeiro ciclo com florescimento até quatro meses antes, comparadas às mudas convencionais. Outra vantagem é

o aumento da produção em cerca de 30% a mais, devido ao fato de serem obtidas a partir de matrizes selecionadas e isentas de doenças sistêmicas. Também são mais precoces na emissão de filhos e no número de filhos emitidos por ano (Alves *et al.*, 2021).

Portanto, uma grande limitação da micropropagação é a variação somaclonal que pode ocasionar o aparecimento de plantas anormais durante o processo de multiplicação, quanto à estatura, cor, forma, arquitetura das folhas e má formação dos cachos. Estas alterações podem causar perdas em produtividade, causando prejuízos. É necessário adquirir estas mudas de empresas idôneas, por serem superiores em qualidade (Alves *et al.*, 2021).

## 2.2. Principais doenças

### 2.2.1. Doenças fúngicas

A cultura da banana enfrenta sérios desafios fitossanitários que ameaçam sua produtividade. Entre as doenças fúngicas mais prejudiciais estão a Sigatoka-negra (*Pseudocercospora fijiensis*), a Sigatoka-amarela (*Pseudocercospora musae*) e a murcha de Fusarium (*Fusarium oxysporum* f.sp. *cubense*), conhecida como mal-do-Panamá (Ploetz, 2006).

A Sigatoka-negra é transmitida por um ascomiceto da espécie *Mycosphaerella fijiensis*, com forma assexuada *Pseudocercospora fijiensis* (Cordeiro, Kimati, 1997). Os sintomas são manchas negras, praticamente sem halo amarelo da lesão nos estágios mais avançados da doença, além de possuir maior concentração de lesões ao longo da nervura principal, observadas pela parte inferior da folha, prevalecendo a cor marrom (Garcia; Medeiros Costa, 2000). Estima-se que as perdas devido à Sigatoka-negra têm variado de 70% nos plátanos a 100% nas variedades tipo Prata e Cavendish. Outro efeito imediato provocado pela presença dessa doença é o aumento do custo de controle, em função, basicamente, do maior número de aplicações anuais de fungicidas (Cordeiro; De Matos; Filho, 2021). A Sigatoka-amarela é transmitida pela *Pseudocercospora musae*, com morfologia sexual *Mycosphaerella musicola* (Cordeiro; Kimati, 1997). O maior dano provocado pela Sigatoka-amarela é a morte prematura das folhas, que causa redução da área foliar, induzindo perdas na produtividade e qualidade da fruta, resultando na diminuição do número de pencas por cacho, redução do tamanho do cacho e maturação precoce dos frutos no campo ou mesmo durante o transporte. Os prejuízos causados pela Sigatoka-amarela são da ordem de 50% da produção, mas, podem atingir os 100%, uma

vez que os frutos, quando produzidos sem nenhum controle da doença, não apresentam valor comercial (Cordeiro; De Matos; Filho, 2021).

A murcha de fusarium é transmitido por *Fusarium oxysporum* f.sp. *cubense* Smith. Essa doença fúngica acomete principalmente a bananeira Maçã e também atinge variedades do subgrupo Prata, que responde por aproximadamente 70% da área cultivada com bananeiras no País, gerando grandes prejuízos em polos de produção (Leandro, 2022). Os sintomas exibidos pela planta atacada pelo mal-do-panamá podem ser observados externa e internamente. Nas folhas há amarelecimento progressivo e murcha; rachaduras no pseudocaule e pontuações pardo-amarelas no rizoma (Garcia; Medeiros Costa, 2000). O controle da murcha de Fusarium é limitado, uma vez que, após a infestação do solo pelo fungo, é praticamente impossível erradicá-lo, impedindo o replantio de variedades suscetíveis de bananeira no local por décadas. Assim, deve-se partir para uma estratégia de manejo integrado (Leandro, 2022).

### **2.2.2. Doenças bacterianas**

As principais doenças bacterianas, aparentemente secundárias, dependendo do manejo, que afetam a bananeira são: Moko ou Murcha Bacteriana e Podridão-Mole ou Podridão de *Erwinia*. Ambas podem comprometer a produtividade da cultura (Manual [...], 2017).

O Moko ou Murcha Bacteriana (*Ralstonia solanacearum*, raça 2), tem como sintomas: em plantas jovens, coloração verde ou amarela e quebra das folhas; em plantas adultas, ocorre o amarelecimento, murcha e quebra do pecíolo; a descoloração vascular do pseudocaule na parte interna, sendo mais intensa no centro, ao contrário do que ocorre no mal do Panamá. Pode haver presença de frutos amarelos em cachos verdes, e com o corte transversal dos frutos é possível observar uma podridão seca, firme e de coloração parda. Um método característico, para identificar se há infecção por bactéria, é realizar o teste do copo para observar a exsudação de pus bacteriano do tecido infectado (Manual [...], 2017). Esta praga quarentenária presente está sob controle oficial, e se encontra disseminada nos estados do Amapá, Amazonas, Pará, Rondônia e Roraima e em focos isolados em Alagoas e Sergipe (MAPA, 2022).

A Podridão-Mole ou Podridão de *Erwinia* (*Erwinia musae*), tem como sintomas o apodrecimento do rizoma, evoluindo da base para o ápice. Na parte aérea a planta expressa sintomas de amarelecimento e murcha das folhas e, após a murcha, a folha pode quebrar no meio do limbo ou junto ao pseudocaule. Cortando o rizoma ou pseudocaule será possível observar liberação de material líquido e fético (Manual [...], 2017).

### 2.2.3. Doenças causadas por nematoides

Além de pragas e doenças, a cultura da banana também é afetada por nematóides. Os principais são: nematoide cavernícola; nematóides das lesões; nematóide espiralado; nematoide das galhas.

Nematoide cavernícola (*Radopholus similis*) apresenta sintomas de plantas amareladas, pode abortar o lançamento do cacho, sistema radicular reduzido, necrose no rizoma e tombamento das plantas devido à destruição radicular. Nematoide das lesões (*Pratylenchus offeae*) apresenta os mesmos sintomas do nematoide cavernícola, porém, as lesões se desenvolvem mais lentamente (Manual [...], 2017). Nematoide espiralado (*Helicotylenchus multicinctus*) tem como sintomas característicos pequenas lesões acastanhadas, com pontuações superficiais e, em infecções mais severas, as lesões podem coalescer e necrosar a superfície da raiz. Nematoide das galhas (*Meloidogone* spp.) é comum em muitas culturas, apresenta como sintomas, ao realizar corte longitudinal das raízes, halo enegrecido ao redor da fêmea, que faz nodulações de tamanhos variados nas raízes infectadas, para proteção de seus descendentes (Manual [...], 2017).

### 2.3. Doenças viróticas

No Brasil existem duas viroses importantes na cultura da bananeira o cucumber mosaic virus (CMV), vírus do mosaico do pepino, e o banana streak virus (BSV), vírus da estria da bananeira, os quais podem afetar de modo expressivo a produtividade e viabilidade econômica da cultura (Silva Neto; Silva, 2009, apud Bouhida; Lockhart, 1990). As condições ambientais e a permanência de vetores no campo durante todo o ano, intensificam a ocorrência da doença podendo causar perdas significativas. A utilização de práticas preventivas, como a eliminação dos vetores, bem como de suas hospedeiras naturais, é essencial para garantir a produtividade dessa cultura. (Meissner Filho; Brioso, 2011).

#### 2.3.1. cucumber mosaic virus (CMV)

O vírus cucumber mosaic virus (CMV), causador do mosaico do pepino, é caracterizado como clorose infecciosa. Desde sua primeira descrição, em 1930, na Austrália, vem sendo disseminada nas lavouras de banana, sendo um dos vírus mais comuns na natureza (Cordeiro *et al.*, 2004, Figueiredo; Brioso, 2007). O vírus pertence à família *Bromoviridae*, com partículas isométricas tripartidas de 28 a 30 nm de diâmetro, constituído de RNA fita simples (Fauquet *et al.* 2005, Palukatis *et al.*, 1992).

Sua primeira descrição foi baseada na infecção das plantas de pepino, porém, atualmente possui uma ampla gama de hospedeiras. Relacionado ao fato de ser transmitido, em condições naturais, de modo não circulativo, não persistente, por mais de 85 espécies de afídeos vetores, assim como, a possibilidade de transmissão por sementes em espécies hospedeiras, o vírus está presente em praticamente todas as regiões do Brasil e do mundo. Os principais afídeos vetores do CMV são os pulgões *Aphis gossypii*, *Myzus persicae* e *Rhopalosiphum* spp. (Lockhart; Jones, 2000). Este vírus tem diversos hospedeiros, se destacando entre os vírus conhecidos que causam perdas nas culturas, infecta mais de 1.000 espécies de plantas, incluindo monocotiledôneas e dicotiledôneas, plantas herbáceas, arbustos e árvores (Edwardson; Christie, 1991). A caracterização do vírus para reconhecer novas estirpes auxiliam na diagnose e possíveis métodos de controle preventivos, além de conhecer os possíveis hospedeiros alternativos.

As estirpes do CMV foram divididas nos subgrupos I e II, porém não é considerado um vírus quarentenário, por ser disseminado a nível mundial. Entretanto a introdução de novas estirpes em determinados ambientes deve ser evitada sob pena de ocorrência de danos severos, em caso de introdução de estirpes mais virulentas (Bouhida; Lockhart, 1990).

Os sintomas da infecção pelo CMV incluem a produção de estrias amarelas ou esverdeadas entre as nervuras, que pode ser confundida com deficiência de zinco, e a formação de mosaico nas folhas, ocorrendo o enrolamento dos seus bordos. Em períodos frios com temperaturas abaixo de 24°C, pode ocorrer a necrose das folhas centrais e do centro do pseudocaule e até morte de plantas. As plantas infectadas podem não produzir frutos ou eles apresentarem manchas ou anéis necróticos. As plantas severamente afetadas produzem cachos ou frutos mal-formados, pouco desenvolvidos e com maturação irregular. Em algumas bananeiras os sintomas podem ser suprimidos por temperaturas elevadas (Pereira *et al.*, 1999; Ploetz, 1994).

### **2.3.2. Estrias da bananeira**

A doença denominada de estria da bananeira é causada por diversas espécies de vírus pertencentes à família *Caulimoviridae*, gênero *Badnavirus*, cujo virion é constituído por uma partícula baciliforme de 50 nm x 130-150 nm, com dsDNA de aproximadamente 7,2 a 7,8 kb (Yot-Dauthy; Bove, 1996; Dahal *et al.*, 1998). É um pararetrovírus, ou seja, durante o processo de replicação o seu genoma é diretamente transcrito a partir de um RNA mensageiro que é sintetizado a partir do genoma original (Lockhart, 1986; Harper; Hull, 1998). A sua transmissão no campo se dá por meio de cochonilhas da família *Pseudococcidae*: *Planococcus*

*citri* (Risso), *Planococcus minor* (Maskell) e *Saccharicoccus sacchari* (Cockerell), possivelmente de modo semipersistente (Kubiriba, *et.al.* 2001).

Os sintomas induzidos pelos badnavirus são variáveis, entretanto é comum o aparecimento de estrias cloróticas e necróticas ao longo do limbo foliar, distorção de folhas e pecíolos, rachaduras no caule, desenvolvimento anormal dos cachos e, às vezes, pode ocorrer a morte do cartucho ou folhas apicais recém-abertas (Dahal *et al.*, 2000).

Diversos trabalhos têm demonstrado que o BSV, sendo um pararetrovírus, tem a propriedade de se integrar ao genoma da hospedeira. Sequências endógenas de pararetrovirus (EPRVs) são o tipo mais comum de sequências virais que se integram nas células germinativas e se tornam parte dos genomas das plantas. Ocasionalmente, essas sequências podem ser ativadas, resultando na liberação de genomas virais funcionais que infectam a planta hospedeira, que no caso de infecções pelo BSV são conhecidas como BSVs endógenos ativáveis (eaBSVs) e consistem no genoma completo dos BSVs episomais. Sob condições específicas de estresse, principalmente em estresses hídricos e cultura de tecidos podem acontecer eventos de recombinação nas sequências integradas, possibilitando a ocorrência de recombinações que resultam na reconstituição e ativação do genoma viral (Kunii *et al.*, 2004; Geering *et al.*, 2005; Gayral; Iskra-Carvana, 2009; James *et. al.*, 2011).

Com essa variabilidade do BSV e sua capacidade de se integrar ao genoma do hospedeiro, recombinar essas sequências e tornar-se ativo, a diagnose desse vírus nas mudas produzidas por culturas de tecidos, que atualmente compõem a maioria das mudas comercializadas no Brasil, bem como nas mudas importadas de outros países, que representam uma grande proporção das mudas plantadas, tem sido bastante ineficiente, causando problemas inclusive internacionais.

### 3. OBJETIVOS

Devido à variabilidade do BSV e à sua capacidade de se integrar ao genoma do hospedeiro, o objetivo desse projeto é coletar isolados de *Badnavirus* nas regiões produtoras de Minas Gerais. Amplificar a região clivada pela RT/RNase H, que consiste no produto da atividade enzimática que copia uma parte do genoma conservado de RNA fita simples em um DNA fita dupla (Takashi; Shigenori, 2009). Sequenciar e analisar filogeneticamente os genomas desses isolados, visando fazer a sua caracterização molecular para identificar as espécies que ocorrem no estado e fornecer subsídios para os testes de diagnose obrigatória no sistema de produção de mudas certificadas em Minas Gerais.



## 4. MATERIAIS E MÉTODOS

### 4.1. Coleta das amostras

Foram coletados cinco isolados (Tabela 1) para análise e processamento no Laboratório de Virologia Molecular da Universidade Federal de Lavras. Parte das amostras foram submetidas às extrações de DNA e de RNA, a outra parte foi armazenada em ultra freezer a -80°C para testes futuros.

Tabela 1. Relação dos isolados coletados em diferentes regiões produtoras de banana no estado de Minas Gerais.

CIDADE	ISOLADO
Janaúba	MG-WIL3
Jaíba	MG-GRN7
Delfinópolis	MG-MYS7
	MG-MYS8
Cultura de Tecido	MG-WIL1

Fonte: Do autor (2025).

### 4.2. Extração de DNA

O DNA total das plantas foi extraído a partir do tecido foliar, segundo o protocolo de Lodhi *et al.* (1994) com algumas modificações, como segue: 0,15g de tecido vegetal fresco foram macerados na presença de nitrogênio líquido e em seguida foram adicionados 1,5ml de tampão CTAB 2% (100 mM Tris-HCL, pH8,0; 20 mM EDTA; 1,4 M NaCl; 80 mM Na<sub>2</sub>SO<sub>3</sub>; 2 % PVP-10; e 2 % de Brometo de Cetil-Trimetil-Amônio) contendo 0,2% de β mercaptoetanol. A mistura foi incubada em banho-maria por 30 minutos e a cada 10 minutos os tubos foram misturados por inversão. Logo após, foi adicionado igual volume do extrato uma solução 24:1 de clorofórmio e álcool isoamílico, seguido de vórtex para homogeneizar. Os microtubos foram centrifugados a 12.000 rpm por 10 minutos a 4°C e o sobrenadante transferido para novos microtubos. A precipitação do DNA foi realizada com a adição de 0,6 vezes o volume de isopropanol frio (-20°C). A solução foi gentilmente homogeneizada por inversão e armazenada a -80°C por 30 minutos. Após a precipitação, foi realizada uma centrifugação de 12000 rpm

por 10 minutos a 4°C. O sobrenadante foi descartado e o pellet lavado com 500 µl de álcool 70%, seguido por centrifugação de 12000 rpm por 1 minuto, o sobrenadante foi descartado e o pellet seco em temperatura ambiente. Em seguida o pellet seco foi ressuscitado em 30 µl de água ultra-pura com DEPC. Após a extração a qualidade do DNA extraído foi avaliada por eletroforese em gel de agarose 0,7%.

#### 4.3. Reação em cadeia da polimerase (PCR)

O DNA proveniente das plantas com suspeita de infecção foi amplificado por PCR, utilizando dois primers específicos o BadnaFP (5' ATGCCITTYGGIITIAARAAYGCICC3') e o BadnaFR (5'CCAYTTRCAIACISCICCCCAICC3'), que amplificam um fragmento de 540 pb referente a região RT/RNaseH, utilizada para diferenciação de espécies (Yang *et al.*, 2003).

A reação da PCR (25µl) foi composto por 2,5µl de 10X Tampão; 0,75 µl de cada um dos primers Badna FP/RP (10 pmol); 0,75µl MgCl<sub>2</sub>; 0,5µl de dNTP's (10 mM); 0,25 µl de enzima Taq polimerase (Ludwig); 1,5µl de DNA e 18 µl água ultrapura com DEPC. O ciclo da PCR partiu de uma desnaturação de 95°C durante 3 min, seguido por 35 ciclos de 95°C durante 45 s, 50°C por 30 s e 72°C durante 1 min, com uma extensão final de 72°C durante 5 min. O produto da PCR foi analisado por eletroforese em gel de agarose a 0,7%.

#### 4.4. Extração do RNA mensageiro

Com a finalidade de determinar se as amostras que foram positivas no PCR se tratavam de (EPRVs) ou (eaBSVs), houve o processamento destas amostras com a extração de mRNA e com o teste de diagnose pelo método de RT-PCR. A extração do mRNA foi feita pelo método descrito por Chang *et al.* (1993): 0,1g de tecido vegetal foram macerados na presença de nitrogênio líquido, em seguida foram adicionados 700 ul de tampão de extração (2% de CTAB; 100 mM de Tris-HCl, pH 8; 25 mM de EDTA, pH 8; 2 M de NaCl; 0,5 g/l de Spermidina; 2 % de Beta-mercaptoetanol) pré-aquecido a 65°C. A mistura foi homogeneizada com o pistilo e transferida para microtubos de 1,5 ml. Igual volume de clorofórmio e álcool isoamílico na proporção 24:1 foram adicionados à mistura, foi dado vórtex para homogeneizar e os microtubos foram centrifugados a 12.000 rpm por 10 minutos. O sobrenadante foi coletado e transferido para novos microtubos, foi novamente adicionado o mesmo volume de clorofórmio e álcool isoamílico na proporção 24:1, foi dado vórtex e os tubos foram centrifugados a 12.000 rpm por 10 minutos. A fase superior foi coletada e transferida para novos tubos. Para a precipitação do RNA foi adicionado ¼ do volume de Cloreto de Lítio a 10 M. A mistura ficou em geladeira (4°C) *overnight*, seguido de centrifugação a 12.000 rpm por 10 minutos. O pellet

foi dissolvido em tampão SSTE (1 M NaCl, 0,5% SDS, 10 mM Tris-HCl pH 8, 1 mM EDTA pH 8), em seguida, foi adicionado o mesmo volume de clorofórmio e álcool isoamílico e foi dado vórtex. A mistura foi levada a centrifuga por 10 minutos a 12.000 rpm e o sobrenadante foi transferido para novos tubos. Foi adicionado duas vezes o volume de etanol a mistura. Os tubos foram mantidos a -20 °C por 2 horas para que ocorresse a precipitação. Após, os tubos foram centrifugados a 12.000 rpm por 20 minutos. O pellet foi lavado com 500ul de etanol 70%. O pellet foi seco em temperatura ambiente e ressuspendido em 25 ul de água ultrapura com DEPC. A qualidade do RNA extraído foi avaliada por eletroforese em gel de agarose 0,7%.

Para a eliminação do DNA residual, os RNA's foram tratados com DNase I (Fermentas®) segundo as recomendações do fabricante. A eficiência do processo foi observada em gel de agarose 0,7%.

#### **4.5. Reação de transcriptase reversa seguida de reação em cadeia da polimerase (RT-PCR)**

Na reação de RT-PCR, inicialmente o RNA foi transcrito para cDNA utilizando a enzima MMLV da marca Ludwig e o primer oligo dT. O mix da reação foi composto de 2,5 µl de mRNA, 1 µl de dNTP's (10 mM), 1 µl de primer Oligo dT (10 mM) e 10,7 µl de água ultrapura com DEPC. Este foi inicialmente aquecido a 70°C por 5 minutos, e depois transferido imediatamente para um recipiente com gelo moído. Posteriormente, após a adição de 0,8 µl da enzima MMLV e 4 µl de 5X RT Buffer, foi incubado a 42°C por 1 hora seguido de 10 minutos a 70°C para a inativação da enzima. O cDNA obtido foi amplificado utilizando os primers Badna-FP/RP (Yang *et al.*, 2003) conforme descrito anteriormente.

#### **4.6. Análise da sequência**

Foram separados os cinco isolados e enviados para sequenciamento. A análise das sequências obtidas foi realizada utilizando NCBI BLAST (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>). Para o alinhamento das sequências de nucleotídeos e aminoácidos foi utilizado o site CLUSTAL W (<https://www.genome.jp/tools-bin/clustalw>). Os isolados do *GenBank* empregados para comparação estão descritos na Tabela 2. As relações filogenéticas foram estudadas utilizando o algoritmo *Neighbor-Joining*, para aminoácidos e nucleotídeos, empregando um Bootstrap com 2000 repetições, usando o programa MEGA 11 (Tamura *et. al* 2021). Durante toda análise foi levado em consideração os critérios de identificação de espécies demarcados pelo *International Committee on Taxonomy of Viruses*

(ICTV), que organiza a classificação taxonômica e as nomenclaturas dos vírus, determinando que as espécies do gênero *Badnavirus* são iguais se apresentarem uma identidade mínima de 80% com na sequência de nucleotídeos.

Tabela 2. Relação dos isolados do *GenBank* que foram empregados para comparação com os isolados brasileiros sequenciados.

<b>Nº DE ACESSO</b>	<b>ESPÉCIE</b>	<b>ACRÔNIMO</b>	<b>PAÍS DE ORIGEM</b>
DQ092436	Banana streak acuminata Yunnan virus	BSAcYNV	China
NC_008018	Banana steak acuminata Vietman virus	BSAcYNV	China
AJ968435	Banana streak GF virus	BSGFV	Uganda
JF911406	Banana streak GF virus	BSGFV	Quênia
NC_007002	Banana streak GF virus	BSGFV	Equador
AB252638	Banana streak Imové virus	BSImV	Indonésia
AB252637	Banana streak Mysore virus	BSMyV	Indonésia
JF911395	Banana streak Mysore virus	BSMyV	Índia
KF724855	Banana streak Mysore virus	BSMyV	Índia
AJ002234	Banana streak OL virus	BSOLV	Nigéria
JQ409539	Banana streak OL virus	BSOLV	Índia
KF545103	Banana streak OL virus	BSOLV	Tanzânia
KF545132	Banana streak Uganda A virus	BSUgAV	Uganda
AJ968464	Banana streak Uganda C virus	BSUgCV	Uganda
KJ201882	Banana streak Uganda C virus	BSUgCV	Uganda
AJ968465	Banana streak Uganda D virus	BSUgDV	Uganda
AJ968470	Banana streak Uganda G virus	BSUgGV	Uganda
AJ968471	Banana streak Uganda G virus	BSUgGV	Uganda
HQ593109	Banana streak Uganda L virus	BSUgLTV	Uganda
AJ968558	Banana streak Uganda M virus	BSUgMV	Uganda
FJ439816	Sugarcane bacilliform virus	SCBV	Caribe

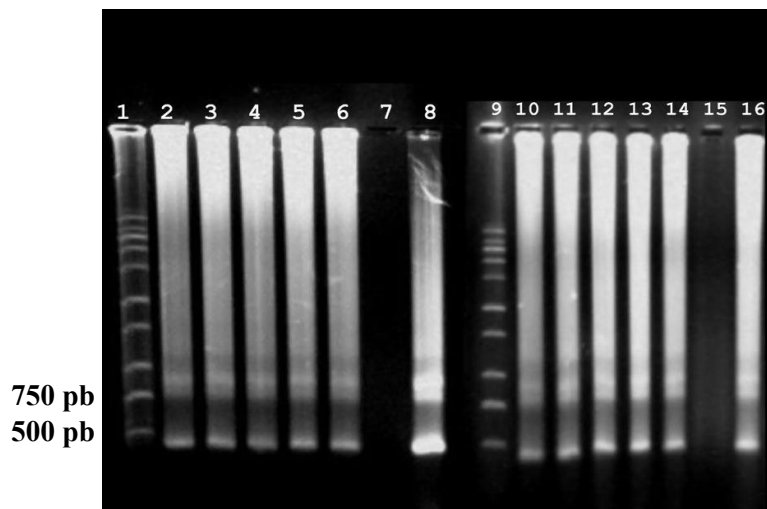
Fonte: Do autor (2025).

## 5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 5.1. Testes diagnósticos

As cinco amostras analisadas que testaram positivo para *Badnavirus* nos testes iniciais de PCR, testaram também positivo (Figura 2) nos testes de RT-PCR indicando que se tratava de sequências epissomais, ou seja, o DNA se manteve na forma circular sem ocorrer a integração ao DNA da célula hospedeira (Diniz, 2009), indicando sequências do vírus ativo na planta.

Figura 2. Análise eletroforética dos produtos da PCR e RT-PCR amplificados a partir dos ácidos nucleicos extraídos dos isolados coletados em Jaíba, Janaúba e Delfinópolis.



Legenda: 1: 1Kb DNA ladder; 2: produto da amplificação do DNA do isolado MG-Wil1; 3: produto da PCR do isolado: MG-Wil3; 4: produto da PCR do isolado MG-MYS7; 5: produto da PCR do isolado MG-MYS8; 6: produto da PCR do isolado MG-GRN7; 7: Controle negativo; 8: Controle positivo; 9: 1Kb DNA ladder; 10: produto da RT-PCR do isolado MG-Wil1; 11: produto da RT-PCR do isolado MG-Wil3; 12: produto da RT-PCR do isolado MG-MYS7; 13: produto da RT-PCR do isolado: MG-MYS8; 14: produto da RT-PCR do isolado MG-GRN7; 15: Controle negativo; 16: Controle positivo.

Fonte: Do autor (2024).

### 5.2. Caracterização molecular de cinco isolados de *Badnavirus*

Quando a sequência de nucleotídeos dos isolados MG-MYS7 e MG-MYS8 foram comparados entre si, apresentaram uma identidade de 92% e, quando comparado com os demais isolados de Minas Gerais, apresentaram identidades menores que 80% (Tabela 3). Quando foram comparados com os isolados do *GenBank* o isolado MG-MYS7 apresentou identidade igual a 89% com três isolados pertencentes a espécie banana streak mysore virus (BSMYV): AB252637 da Indonésia; JF911395 e KF724855 provenientes da Índia. O isolado MG-MYS8

apresentou de 93% com o Isolado da Indonésia e com o JF911395 da Índia e 94% com o outro isolado da Índia. Como o critério para separação das espécies estabelecida pelo ICTV (*International Committee on Taxonomy of Viruses*) é de uma identidade igual ou maior que 80% na região do gene da RT/RNaseH (Geering; Hull, 2012), esse isolado demonstrou pertencer a esta espécie.

Na comparação do isolado MG-Wil3 com os outros quatro isolados de Minas Gerais, ele apresentou uma identidade de 91% com o isolado MG-GRN7, 82% com o isolado MG-WIL1, 72% com o isolado MG-MYS7 e 68% com o MG-MYS8. Quando foi comparado com os isolados disponíveis no *GenBank*, apresentou identidade de 85% com o isolado AJ968465 proveniente da Uganda, descrito como banana streak uganda d virus (BSUDV). O isolado MG-GRN-7 também apresentou uma identidade de 86% com o isolado AJ968465, classificando-se na mesma espécie. Finalmente o MG-WIL1 apresentou identidades de 89% e 91%, respectivamente, com os isolados ugandenses AJ958464 e AJ291882 pertencentes à espécie banana streak uganda c virus (BSUCV). Entretanto, se forem observadas as identidades deste isolado com o MG-GRN7 (83%) e MG-WIL3 (82%) também ficaram acima de 80%, indicando que o critério empregado pelo ICTV não foi adequado para classificar estas espécies brasileiras. Provavelmente deverá haver uma nova avaliação deste critério para resolver a proximidade destas espécies/isolados.

As mutações gênicas ocorrem quando há mudança na sequência do DNA, alterando nucleotídeos, que podem, ou não, codificarem novos aminoácidos. As mutações sinônimas ou silenciosas ocorrem quando a mudança no par de bases no DNA codifica o mesmo aminoácido, permanecendo com a mesma proteína produzida. A mutação não sinônima ou mutações de troca de sentido resultam na substituição de um aminoácido por outro, ocasionada pela alteração no par de bases (Almeida, 2022). As mutações que ocorrem nos patógenos têm como consequência aumento da aptidão evolutiva, porque dependem do hospedeiro para sobreviver, fazendo com que características desejáveis à infecção sejam selecionadas positivamente, aumentando sua infectividade e driblando os mecanismos anti-parasíticos do hospedeiro (Aguileta *et al.*, 2009). As mutações não-sinônimas normalmente diminuem a aptidão evolutiva do patógeno, reduzindo a eficiência da proteína codificada. Entretanto, quando a frequência de mutações deste tipo é elevada, tendendo à fixação de novos alelos ao invés da conservação do aminoácido em sua posição, há uma seleção positiva, mantendo a alteração ao decorrer das gerações, buscando ganho na relação patógeno-hospedeiro (Aguileta *et al.*, 2009; Aguileta *et al.*, 2010; Nielsen, 2005).

A identidade de aminoácidos entre o MG-MYS7 e MG-MYS8 entre si foi de 86% (Tabela 4) e com os isolados do *GenBank* ficou entre 81 e 91%, portanto menores que as identidades de nucleotídeos, indicando que as substituições foram do tipo sinônimas (Nei; Gojobori, 1986). Já as identidades entre os isolados brasileiros MG-WIL3 e MG-GRN7 foi maior, de 94% indicando que parte das substituições foi do tipo não sinônimo. O mesmo aconteceu com as identidades entre MG-GRN7 e MG-WIL1 que foi de 90%. Por outro lado, quando se comparou o isolado MG-WIL1 com os isolados da espécie BSUCV as identidades de aminoácidos foram de 70% e o isolado MG-GRN7 com o isolado da espécie BSUDV foi de 73%.

O cladograma construído com base na sequência de nucleotídeos está representado na Figura 3. De um modo geral houve um claro agrupamento das espécies nos mesmos clados. Os isolados MG-WIL3 e MG-GRN7 se agruparam com o isolado BSUDV do *GenBank*, embora em isolados distintos, indicando um grupamento por região geográfica. O mesmo aconteceu com o isolado MG-WIL1 que se agrupou com os isolados da espécie BSUCV em subclado distinto e com os isolados MG-MYS7 e MG-MYS8.

Já no cladograma baseado na sequência de aminoácidos (Figura 4), essa separação não ocorreu para todas as espécies de *Badnavirus*, com destaque para os isolados brasileiros MG-WIL1, MG-WIL3 e MG-GRN7 que se agruparam em um clado distinto. Os isolados MG-MYS7 e MG-MYS8 também se agruparam em subclados distintos.

Tabela 3. Identidade de nucleotídeos entre os isolados brasileiros e entre estes e os isolados do *GenBank* utilizados para comparação.

Nº	Isolados	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26		
1	MG-MYS7	-	92	72	63	65	65	66	89	89	89	69	69	70	68	68	69	70	68	68	69	65	64	69	70	72	69		
2	MG-MYS8			68	62	64	64	67	93	94	93	67	67	68	68	65	66	69	66	66	68	64	64	68	67	69	67		
3	MG-WIL3				66	65	65	69	67	67	67	68	68	69	69	79	79	85	76	76	70	67	68	70	70	91	82		
4	AJ968435-BSGFV					91	92	68	63	63	63	66	66	64	65	64	65	66	65	65	68	63	62	68	67	67	65		
5	JF911406-BSGFV						98	68	65	64	64	65	65	65	65	61	64	66	65	65	67	63	62	67	66	67	65		
6	NC_007002-BSGF							68	65	65	64	65	65	65	65	63	65	67	66	66	67	64	62	67	67	66	66		
7	AB252638-BSIMV								67	67	66	72	72	72	71	64	64	68	67	67	75	64	64	75	71	68	68		
8	AB252637-BSMYV									99	99	68	68	69	69	65	65	68	65	65	67	64	65	67	67	68	65		
9	JF911395-BSMYV										99	68	68	69	69	64	65	68	65	65	67	64	65	67	67	68	65		
10	KF724855-BSMYV											68	68	69	69	64	64	68	65	65	67	60	65	67	67	68	65		
11	AJ00234-BSOLV												99	94	73	64	64	67	68	68	70	64	65	70	81	69	68		
12	JQ409539-BSOLV													95	72	64	64	67	67	67	70	64	65	70	81	69	68		
13	KF545103-BSOLV														72	64	64	68	68	68	70	63	64	70	82	68	68		
14	KF545132-BSUAV															66	67	67	65	65	70	63	64	70	74	69	66		
15	AJ968464-BSUCV																96	71	72	72	66	62	64	66	65	78	89		
16	KJ201882-BSUCV																		72	72	72	66	63	64	66	65	79	91	
17	AJ968465-BSUDV																			75	75	67	66	63	67	69	86	76	
18	AJ968470-BSUGV																				100	68	63	65	68	66	77	74	
19	AJ968471-BSUGV																					68	63	65	68	66	77	74	
20	NC008018- BSAcYNV																						64	64	100	67	69	68	
21	HQ593109-BSULV																							75	64	66	66	64	
22	AJ968558-BSUMV																								64	65	64	66	
23	DQ092436- BSAcYNV																										67	69	68
24	FJ439816-SCBV																										-	70	67
25	MG-GRN7																												83
26	MG-WIL1																												-

Fonte: Do autor (2025).

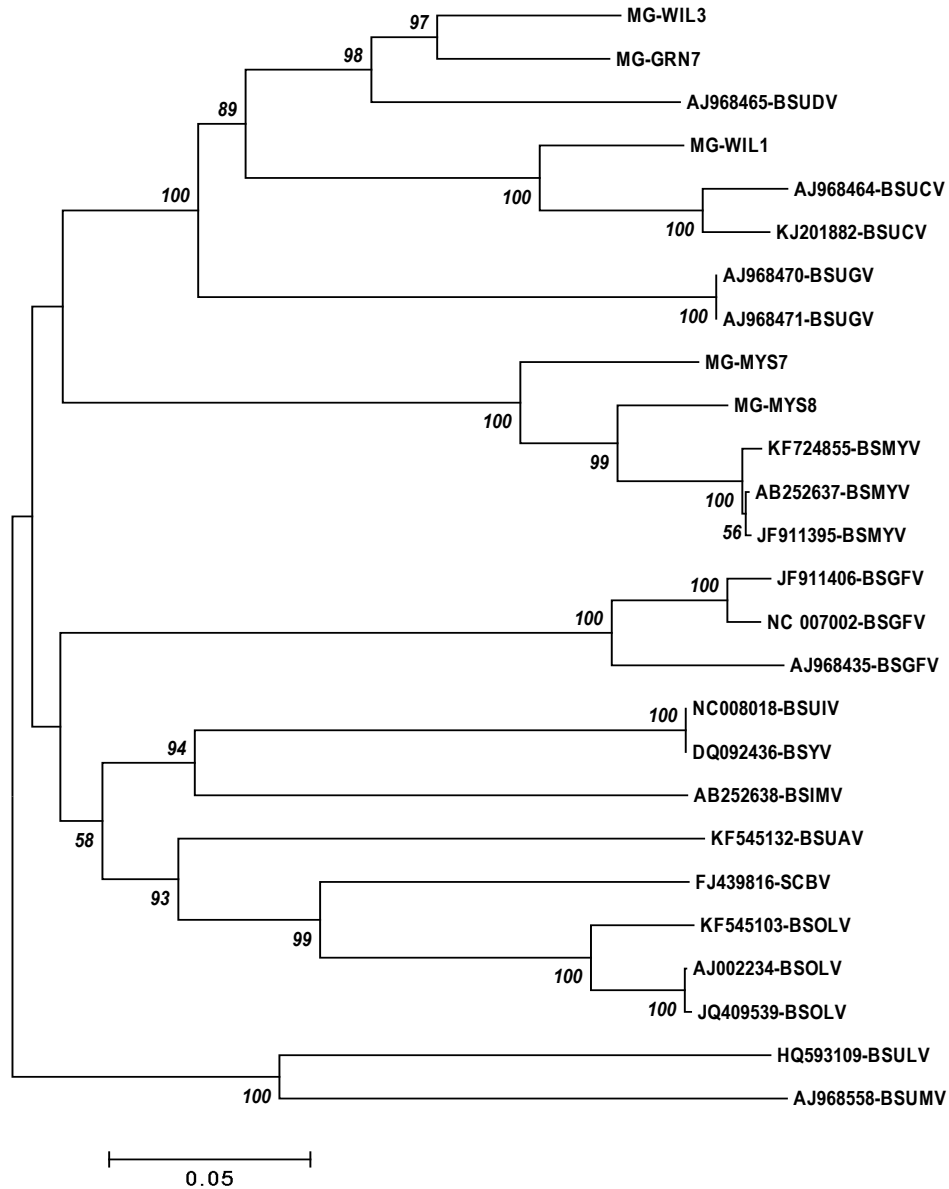


Tabela 4. Identidade de aminoácidos entre os isolados brasileiros e entre estes e os isolados do *GenBank* utilizados para comparação.

Nº	Isolados	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	
1	MG-MYS7		86	72	63	64	64	70	81	85	81	72	72	72	68	62	67	72	64	64	71	61	60	71	68	74	71	
2	MG-MYS8			71	63	63	63	72	87	91	88	72	72	72	71	62	65	73	64	64	73	61	61	73	69	73	69	
3	MG-WIL3				64	65	65	71	67	71	67	70	70	71	68	77	85	92	85	85	71	63	62	71	68	94	88	
4	AJ968435-BSGFV					96	96	71	60	64	60	71	71	70	66	57	62	64	63	63	67	60	63	67	67	63	64	
5	JF911406-BSGFV						99	72	61	65	61	71	71	70	67	58	63	64	63	63	68	60	63	68	67	65	64	
6	NC_007002-BSGF							72	61	65	61	71	71	70	67	58	63	64	63	63	68	61	63	68	67	64	65	
7	AB252638-BSIMV								69	73	69	80	80	80	76	62	68	71	68	68	87	62	63	87	78	70	71	
8	AB252637-BSMYV										93	97	70	70	70	70	60	62	68	60	60	70	60	58	70	68	73	70
9	JF911395-BSMYV											95	75	75	75	75	60	66	72	64	64	75	63	62	75	72	73	70
10	KF724855-BSMYV												71	71	70	70	60	62	68	61	61	70	60	58	70	68	73	70
11	AJ00234-BSOLV													100	98	81	60	66	70	66	66	76	61	63	76	90	73	70
12	JQ409539-BSOLV														98	81	60	66	70	66	66	76	61	63	76	90	73	70
13	KF545103-BSOLV															80	60	66	70	67	67	75	61	62	75	89	73	70
14	KF545132-BSUAV																60	64	68	66	66	75	60	59	75	81	73	70
15	AJ968464-BSUCV5																	85	72	70	70	62	55	57	62	57	73	70
16	KJ201882-BSUCV																		80	77	77	68	60	63	68	63	73	70
17	AJ968465-BSUDV																			82	82	71	63	62	71	67	73	70
18	AJ968470-BSUGV																				100	67	59	57	67	64	73	70
19	AJ968471-BSUGV																					67	59	57	67	64	73	70
20	NC008018-BSAcYNV																						62	63	100	74	73	70
21	HQ593109-BSULV																							85	62	62	73	70
22	AJ968558-BSUMV																								63	62	73	70
23	DQ092436-BSAcYNV																									74	73	70
24	FJ439816-SCBV																										73	70
25	MG-GRN7																											90
26	MG-WIL1																											

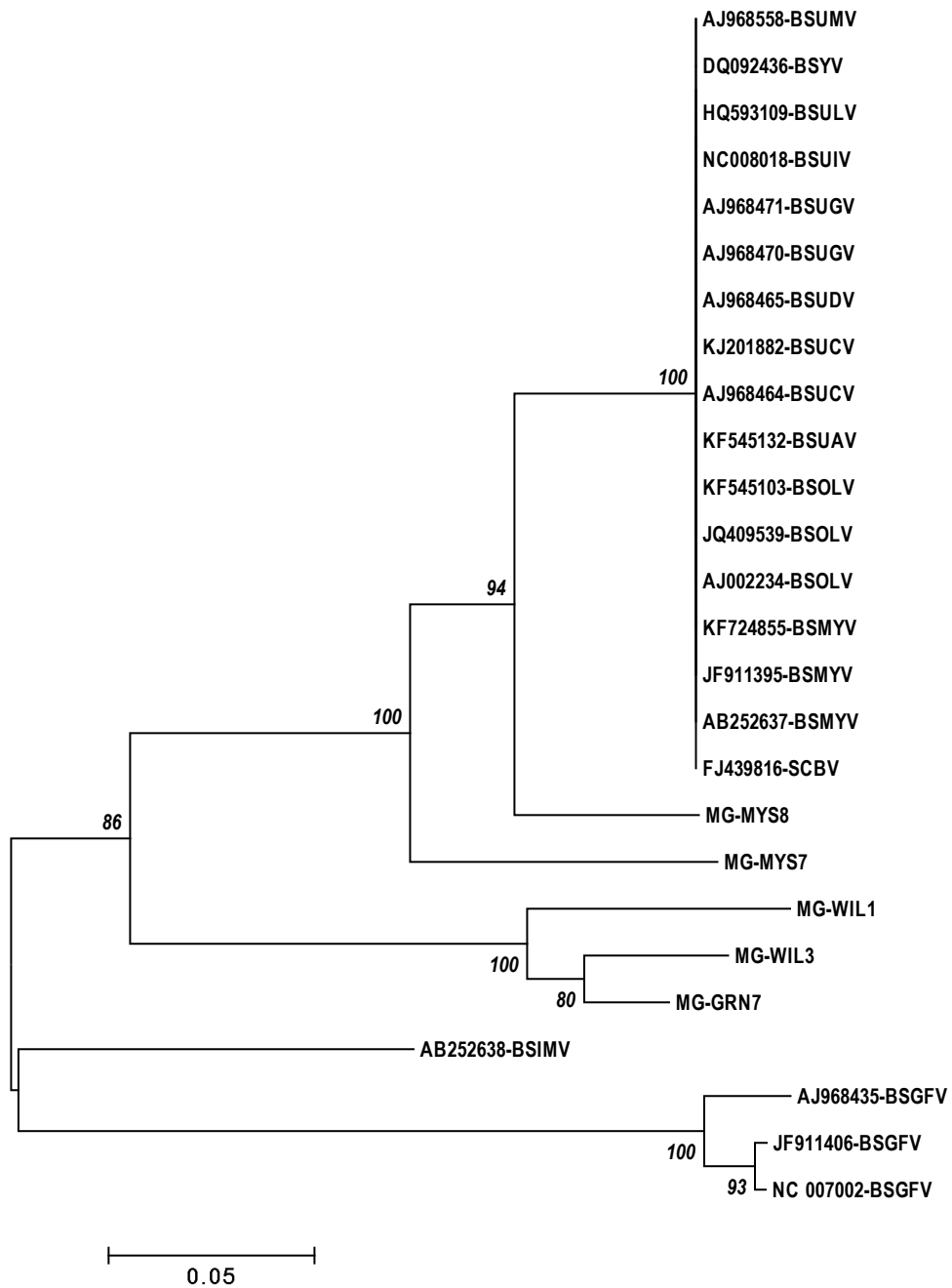
Fonte: Do autor (2025).

Figura 3- Cladograma construído com base na sequência de nucleotídeos da região codificadora RT/RNaseH dos isolados de *Badnavirus* estudados juntamente com os do *GenBank*. Os valores foram obtidos pelo programa Mega 6 (Tamura et al; 2021) e algoritmo neighbor-joining com 2.000 repetições.



Fonte: Do autor (2024).

Figura 4- Cladograma construído com base na sequência de aminoácidos da região codificadora RT/RNaseH dos isolados de *Badnavirus* estudados juntamente com os do *GenBank*. Os valores foram obtidos pelo programa Mega 6.0 (Tamura et al; 2021) e algoritmo neighbor-joining com 2.000 repetições.



Fonte: Do autor (2024).

## 6. CONCLUSÕES

- Os isolados MG-Wil3 e MG-GRN7 foram classificados como pertencentes à espécie BSUDV, enquanto os isolados MG-MYS7 e MG-MYS8 foram classificados como sendo da espécie BSMYV e o MG-WIL1 foi classificado como BSUCV.
- Os isolados brasileiros MG-Wil3 e MG-GRN7 e MG-WIL1 e apresentaram identidades superiores a 80% entre si, indicando que o sistema de classificação do ICTV deveria ser revisto.
- As substituições observadas nos isolado em relação aos isolados do *GenBank* foram todas do tipo sinônima, porém quando comparados entre eles foram do tipo não sinônimas, com exceção dos isolados BSMYV.

## REFERÊNCIAS

AGUILETA, G.; REFREGIER, G.; YOCKTENG, R.; FOURNIER, E.; GIRAUD, T. **Rapidly evolving genes in pathogens: methods for detecting positive selection and examples among fungi, bacteria, viruses, and protists.** *Infection, Genetics and Evolution*, v. 9, p. 656-670, 2009.

AGUILETA, G.; LENGELLE, J.; MARTHEY, S.; CHIAPELLO, H.; RODOLPHE, F.; GENDRAULT, A.; YOCKTENG, R.; VERCKEN, E.; DEVIER, B.; FONTAINE, M.C. **Finding candidate genes under positive selection in non-model species: examples of genes involved in host specialization in pathogens.** *Molecular Ecology*, v. 19, p. 292-306, 2010.

ALMEIDA, Luciane. **Como as mutações genéticas são classificadas?** NewsLab, [S. l.], p. 1-1, 14 set. 2022. Disponível em: <https://newslab.com.br/como-as-mutacoes-geneticas-sao-classificadas/>. Acesso em: 5 dez. 2024.

ALVES, Élio José; LIMA, Marcelo Bezerra; SEREJO, Janay Almeida dos Santos; TRINDADE, Aldo Vilair. **Mudas Micropropagadas: Cultura da Banana.** Embrapa, [S. l.], p. 1-1, 8 dez. 2021. Disponível em: <https://www.embrapa.br/agencia-de-informacao-tecnologica/cultivos/banana/producao/propagacao/micropropagadas>. Acesso em: 14 nov. 2024.

BORGES, Ana Lúcia; SILVA, Adriane Luciana da; BATISTA, Diógenes da Cruz; MOREIRA, Flávia Rabelo Barbosa; FLORI, José Egídio; OLIVEIRA, Jo'se Eudes de Moraes; ARAÚJO, José Lincoln Pinheiro; PINTO, José Maria; CASTRO, José Mauro da Cunha e; MOURA, Magna Soelma Beserra de; AZOUBEL, Patricia Moreira; CUNHA, Tony Jarbas Ferreira; SILVA, Sebastião de Oliveira e; CORDEIRO, Zilton José Maciel. **Sistema de Produção da Bananeira Irrigada.** Embrapa Semiárido, [S. l.], p. 47, 30 jul. 2009. Disponível em: <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/662460/1/SistemadeProducaodaBananeiraIrrigada.pdf>. Acesso em: 6 dez. 2024.

BOUHIDA, M.; LOCKHART, B. E. **Increase in importance of cucumber mosaic virus infection in greenhouse-grown in Morocco. Phytopathology.** In: SILVA NETO, S. P. da; SILVA, M. S. *Cultura de tecidos no controle de viroses da bananeira no Brasil.* Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, p. 29, 2009.

BRIOSO P. S. T.; PEREIRA J. C. R.; GASPAROTO. **Ocorrência de badnavirus em frutos de bananeira no estado do Amazonas, Brasil.** *Rev. Bras. Frutic.*, 33: 1353-1355, 2011.

CARRA, A. B.; BAPTISTA, R. DE C.; JÚNIOR, M. R. M. **Propriedades funcionais e fisiológicas da casca e polpa da banana madura e verde.** 2021. Disponível em: <https://prp.unicamp.br/inscricao-congresso/resumos/2021P18650A36231O388.pdf>. Acesso em: 5 dez. 2024.

CHANG, S.; PURYEAR, J.; CAIRNEY, J. **A simple and efficient method for isolating RNA from pine trees.** *Plant molecular biology reporter*, 11: 113-116. 1993.

COMUNICAÇÃO CNA, Assessoria. **Dia da Banana: Fruta é cultivada em todos os estados.** CNA, [S. l.], p. 1-1, 22 set. 2021. Disponível em: <https://revistacampoenegocios.com.br/principais-variedades-tradicionais-e-hibridas-de-bananas/#:~:text=No%20Brasil%2C%20as%20principais%20cultivares,aparada%20e%20Pra%20S%C3%A3o%20Tom%C3%A9>. Acesso em: 18 nov. 2024.

CORDEIRO, Z. J. M.; KIMATI, H. **Doenças da bananeira (Musa sp.).** In: KIMATI, H.; AMORIM, L.; BERGAMIM FILHO, A.; CAMARGO, L. E. A.; REZENDE, J. A. M. (Eds). *Manual de fitopatologia.* São Paulo: Ceres, p. 112-136, 1997.

CORDEIRO, Z. J. M.; MATOS, A. P.; MEISSNER FILHO, P. E. **Doenças e Métodos de Controle.** In: *Cultivo da bananeira.* (Eds.: Borges, A. L. & Silva Souza, L.). Embrapa Mandioca e Fruticultura, 279 p, 2004.

CORDEIRO, Zilton José Maciel; DE MATOS, Aristoteles Pires; FILHO, Paulo Ernesto Meissner. **Sigatokas: Pragas da Banana. Embrapa,** [S. l.], p. 1-1, 8 dez. 2021. Disponível em: <https://www.embrapa.br/agencia-de-informacao-tecnologica/cultivos/banana/producao/pragas/doencas/fungicas/principais-doencas/sigatokas/#:~:text=Estima%2Dse%20que%20as%20perdas,de%20aplica%C3%A7%C3%B5es%20anuais%20de%20fungicidas>. Acesso em: 14 nov. 2024.

COUTINHO, Givago. **Principais variedades tradicionais e híbridas de bananas.** *Campo e Negócios,* [S. l.], p. 1-1, 11 jun. 2023. Disponível em: <https://revistacampoenegocios.com.br/principais-variedades-tradicionais-e-hibridas-de-bananas/#:~:text=No%20Brasil%2C%20as%20principais%20cultivares,aparada%20e%20Pra%20S%C3%A3o%20Tom%C3%A9>. Acesso em: 18 nov. 2024.

DAHAL, G.; ORTIZ, R.; TENKOUANO, A.; HUGHES, J. A.; THOTTAPPILLY, G.; VUYLSTEKE, D.; LOCKHART, B. E. L. **Relationship between natural occurrence of banana streak badnavirus and symptom expression, relative concentration of viral antigen, and yield characteristics of some micropropagated Musa spp.** *Plant Pathology*, v. 49, p. 68-79, 2000.

DAMY, Carolina. **Banana: qual tipo escolher?.** *Nutrição e Vida Saudável,* [S. l.], p. 1-1, 16 fev. 2016. Disponível em: <https://carolindamy.wordpress.com/2017/02/16/diferenca-entre-bananas/>. Acesso em: 6 dez. 2024.

DANIELLS, J. B.; GEERING, A. D. W.; BRYDE, N. J.; THOMAS, J. E. **The effect of Banana streak virus on the growth and yield of dessert bananas in tropical Australia.** *Annals of Applied Biology*, v. 139, p. 51-60, 2001.

DINIZ, G. C. **Vírus do Papiloma Humano (HPV): Aspectos Moleculares, Reação Imunológica do hospedeiro e bases do desenvolvimento da vacina.** *Revista Interdisciplinar de Estudos Experimentais*, n. 3, p. 114–120, 2009.

EDWARDSON, J. R.; CHRISTIE, R. G. **Evolutionary History of Cucumber Mosaic Virus Deduced by Phylogenetic Analyses.** In: ROOSSINCK, M. J. *Journal of Virology*, v. 3382-3387, abr. 2002.

EMBRAPA. Centro Nacional de Pesquisa de Mandioca e Fruticultura Tropical. **A cultura da banana.** Brasília: EMBRAPA-SPI, 1998. 94 p.

EMBRAPA. **Manual de identificação de doenças, nematoides e pragas na cultura da bananeira.** Cartilha Manual de Identificação, ed. 2, p. 23-42, 2017. Disponível em: [http://www.adab.ba.gov.br/arquivos/File/ASCOM2018/Publicacao2018/Cartilha\\_Manual\\_Ide ntif\\_Doencas\\_Nematoides\\_Pragas\\_Zilton\\_AINFO3.pdf](http://www.adab.ba.gov.br/arquivos/File/ASCOM2018/Publicacao2018/Cartilha_Manual_Ide ntif_Doencas_Nematoides_Pragas_Zilton_AINFO3.pdf). Acesso em: 14 nov. 2024.

FAUQUET, C. M.; MAYO, M. A.; MANIHOFF, J.; DESSELBERGER, U.; BALI, L. A. **Virus Taxonomy: Eighth Report of the International Committee on Taxonomy of Viruses.** Academic Press, 2005.

FIGUEIREDO, D. V.; BRIOSO, P. S. T.; MARINHO, V. L. A. Detecção do Banana streak virus (BSV) em bananeiras micropropagadas. *Summa Phytopathologica*, v. 33, n. 3, p. 229-232, 2007.

FIGUEIREDO, D.; FILHO, P. M.; NETO, S. S.; BRIOSO, P.S.T. **Detecção e análise da variabilidade de seqüências do Banana streak virus (BSV) em Bananeiras no Brasil.** *Summa phytopathol.*, 32: 118-123, 2006.

GARCIA, A.; MEDEIROS COSTA, J. **Principais doenças fúngicas da bananeira em Rondônia: sintomatologia e controle.** Dezembro 2000. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/42669/1/CT53-Doencasbananeira.pdf>. Acesso em: 14 nov. 2024.

GAYRAL, P.; ISKRA-CARVANA, M-L. **Phylogeny of Banana streak vírus reveals recent and repetitive endogenization in the genome of Its banana host (Musa sp).** *J. Mol. Evol.*, 69: 65-80. 2009.

GEERING, A. D. W.; HULL, R. Family Caulimoviridae. In: King AMQ, Adams MJ, Carstens EB, Lefkowitz, EJ (Eds.). **Virus Taxonomy. 9th Report of the International Committee on Taxonomy of Viruses**. London UK. Elsevier Academic Press, 429-443. 2012

IBGE – INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Produção de Banana no Brasil**. IBGE, 2023. <https://www.ibge.gov.br/explica/producao-agropecuaria/banana/br>. Acesso em: 20 dez. 2024.

JAMES, A.P.; GEIJSKES, R.J.; DALE., J.L.; HARDING, R.M. **Molecular characterization of six badnavirus species associated with leaf streak disease of banana in East Africa**. *Annals of Applied Biology*, 158: 346-353. 2011.

KUBIRIBA, J.; LEGG, J.P.; TUSHEMEREIRWE, W. E. ADIPALA. **Disease spread patterns of *Banana streak virus* in farmers' fields in Uganda**. *Annals of Applied Biology*, v.139, p. 31-36. 2001.

KUNII, M.; KANDA, M.; NAGANO, H.; UYEDA, I.; KISHIMA, Y.; SANO, Y. **Reconstruction of putative DNA virus from endogenous Rice tungro bacilliform virus-like sequence in the Rice genome: implications for integration and evolution**. *BMC Genomics*, 5: 80.2004.

LEANDRO, Augusto. **Biocontrole com *Trichoderma asperellum*: a murcha de *Fusarium da bananeira***. Embrapa: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 2022. Folder. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/doc/1142635/1/FolderBioinsumos-Augusto-Leandro-2022-AINFO.pdf>. Acesso em: 14 nov. 2024.

LEON, T. M. **Elaboração e aceitabilidade de receitas com biomassa da banana verde**. Trabalho de conclusão de curso - Universidade do Extremo Sul Catarinense, 2010. <http://repositorio.unesc.net/>. Acesso em: 20 dez. 2024.

LOCKHART, B. E. L. **Purification and serology of a bacilliform virus associated with *Banana streak disease***. *Phytopathology*, Saint Paul, v. 76, p. 995-999, 1986.

LOCKHART, B. E. L.; JONES, D. R. **Banana streak**. In: PIETERSEN, G.; THOMAS, J. E. (Eds.). **Overview of *Musa virus diseases***. *Plant Virology in Sub-Saharan Africa*, p. 263-274, 2000.

LODHI, M. A.; YE, G. N.; WEEDEN, N. F. & REISCH, B. I. (1994). A simple and efficient method for DNA extraction from grapevine cultivars and *Vitis* species. **Plant Molecular Biology Reporter**, 12(1), 6-13



Manual de identificação de doenças, nematoides e pragas na cultura da bananeira. **Cartilha Manual de Identificação**, Embrapa Mandioca e Fruticultura, ed. 2, p. 23-27, 2017. Disponível em:

[http://www.adab.ba.gov.br/arquivos/File/ASCOM2018/Publicacao2018/Cartilha\\_Manual\\_Identif\\_Doencas\\_Nematoides\\_Pragas\\_Zilton\\_AINFO3.pdf](http://www.adab.ba.gov.br/arquivos/File/ASCOM2018/Publicacao2018/Cartilha_Manual_Identif_Doencas_Nematoides_Pragas_Zilton_AINFO3.pdf). Acesso em: 14 nov. 2024.

MAPA. **Prevenção, Controle e Erradicação do Moko da Bananeira. Sanidade Vegetal**, Ministério da Agricultura e Pecuária, p. 1-1, 4 ago. 2022. Disponível em: <https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/sanidade-animal-e-vegetal/sanidade-vegetal/Moko%20da%20Bananeira>. Acesso em: 14 nov. 2024.

MEISSNER FILHO, P. E. **Indexação de plantas para viroses**. In: JUNGHANS, T. G. & SILVA SOUZA, A. (Eds). Aspectos Práticos da Micropropagação de Plantas. Embrapa Mandioca e Fruticultura: Cruz das Almas-BA, 385 p, 2009.

MEISSNER FILHO, P. E.; BRIOSO, P. S. T. **Banana Fitossanidade**. Embrapa Mandioca e Fruticultura, p. 78, 2011.

MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO. **Instrução Normativa nº 46**, de 27 de dezembro de 2010. [S. l.], 28 dez. 2010. Disponível em: <https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/sanidade-animal-e-vegetal/sanidade-vegetal/arquivos-prevencao/INM00000046.pdf/view>. Acesso em: 11 nov. 2024.

NEI, M.; GOJOBORI, T. **Simple methods for estimating the numbers of synonymous and nonsynonymous nucleotide substitutions**. Molecular Biology and Evolution, Oxford, v. 3, n. 5, p. 418-426. 1986.

NIELSEN, R. **Molecular signatures of natural selection**. Annual Review of Genetics, v. 39, p. 197-218, 2005.

PALUKAITIS, P.; ROOSSINCK, M. J.; DIETZGEN, R. G.; FRANCKI, R. I. B. **Cucumber mosaic virus**. Advances in Virus Research, v. 41, p. 281-348, 1992.

PEREIRA, L. V.; CORDEIRO, Z. J. M.; FIGUEIRA, A. R.; HINZ, R. M.; MATOS, A. P. **Doenças da bananeira**. Informe Agropecuário, v. 20, n. 196, p. 37-47, 1999.

PLOETZ *et al.* **Compendium of tropical fruit diseases**. APS Press.1994.

PLOETZ, R. C. **Fusarium wilt of banana is caused by several pathogens referred to as Fusarium oxysporum f. sp. cubense**. Phytopathology, v. 96, n. 6, p. 653-656, 2006.

PRODUÇÃO DE MUDAS DE BANANA NA AGRICULTURA FAMILIAR. 1. ed. Instituto de Desenvolvimento Agropecuário e Florestal Sustentável do Estado do Amazonas, 2020. Disponível em: [https://www.idam.am.gov.br/wp-content/uploads/2021/01/Banana-1\\_compressed.pdf](https://www.idam.am.gov.br/wp-content/uploads/2021/01/Banana-1_compressed.pdf). Acesso em: 11 nov. 2024.

QUEIROGA, Vicente de Paula; GOMES, Josivanda Palmeira; QUEIROZ, Alexandre José de Melo; LIMA, Denise Castro de; MENDES, Nougla Veloso Barbosa; NETO, Acácio Figuerêdo; GIRÃO, Ênion Giuliano; MELO, Bruno Adelino de; ALBUQUERQUE, Esther Maria Barros de. **SISTEMA PRODUTIVO DA BANANEIRA (*Musa acuminata*). Embrapa Mandioca e Fruticultura**, [S. l.], p. 11-11, 30 jan. 2023. Disponível em: [https://www.bdpa.cnptia.embrapa.br/consulta//busca?b=ad&id=1162821&biblioteca=vazio&busca=\(autoria:%22QUEIROZ,%20A.%20J.%20DE%20M.%22\)&qFacets=\(autoria:%22QUEIROZ,%20A.%20J.%20DE%20M.%22\)&sort=&paginacao=t&paginaAtual=1](https://www.bdpa.cnptia.embrapa.br/consulta//busca?b=ad&id=1162821&biblioteca=vazio&busca=(autoria:%22QUEIROZ,%20A.%20J.%20DE%20M.%22)&qFacets=(autoria:%22QUEIROZ,%20A.%20J.%20DE%20M.%22)&sort=&paginacao=t&paginaAtual=1). Acesso em: 21 nov. 2024.

RAMIREZ, P.; RIVERA, C. **Enfermidades mirales in banana y plátano. In: Reunion De La Asociacion Para La Cooperacion En Investigacion De Banano En Caribe Y En America Tropical**, 10., 1991, Tabasco. Memorias... San José: CORBANA, 1994. p. 223-230.

SANTOS, G.; SILVÉRIO, L. **Banana, fruta mais consumida no mundo é a protagonista no dia de hoje**. 23 set. 2023. Disponível em: <https://www.agricultura.sp.gov.br/pt/web/apta-regional/b/banana-fruta-mais-consumida-no-mundo-e-a-protagonista-no-dia-de-hoje>. Acesso em: 14 out. 2024.

SEI – SUPERINTENDÊNCIA DE ESTUDOS ECONÔMICOS E SOCIAIS DA BAHIA. **Bahia é segundo no ranking de produção de banana no país**. SEI, 2023. [https://sei.ba.gov.br/index.php?option=com\\_content&view=article&id=3976:bahia-e-segundo-no-ranking-de-producao-de-banana-no-pais&catid=10&Itemid=555&lang=pt](https://sei.ba.gov.br/index.php?option=com_content&view=article&id=3976:bahia-e-segundo-no-ranking-de-producao-de-banana-no-pais&catid=10&Itemid=555&lang=pt). Acesso em 20 dez. 2024.

SENAR. **A Cultura da Banana: Trabalhador na Fruticultura Semiperene**. Coleção SENAR, Brasília, 2011. Disponível em: <https://www.cnabrazil.org.br/assets/arquivos/148-BANANA.pdf>. Acesso em: 4 nov. 2024.

SILVA-NETO, S. P.; SILVA, M. S. **Cultura de tecidos no controle de viroses na bananeira no Brasil**. Documentos 274. Embrapa Cerrados, 2009.

TAMURA, K.; STECHER, G.; KUMAR, S. **MEGA11: Molecular evolutionary genetics analysis** version 11. *Molecular Biology and Evolution*, v. 38, n. 7, p. 3022-3027, 2021.

TAKASHI Takodoro; SHIGENORI Kanaya. **Ribonuclease H: molecular diversities, substrate binding domains, and catalytic mechanism of the prokaryotic enzymes**. *FEBS Journal*, v. 276, n. 6, p. 1482–1493, 18 fev. 2009.

YANG, I. C. *et al.* **Sequence diversity of South Pacific isolates of taro bacilliform virus and the development of a PCR-based diagnostic test**. *Archives of Virology*, v. 148, n. 10, p. 1957-1968. 2003.

YOT-DAUTHY, D.; BOVÉ, J.M. **MOSAÏQUE DU BANANIER. Purification et identification de diverses souches du virus**. *Fruits, Montpellier*. v.21, p.449-465, 1966.