FILOGENIA DO GENE *RDRP* EM VÍRUS DA MELEIRA DO MAMOEIRO: DIVERSIDADE E DESAFIOS NA PADRONIZAÇÃO

Ava de Faria Giubertti[1]; Viviana Ramírez Ríos[2]; Emanuel Felipe Medeiros Abreu[2]; Patricia Machado Bueno Fernandes[1*]

(1) Laboratório de Biotecnologia Aplicada ao Agronegócio da Universidade Federal do Espírito Santo (UFES), Vitória-ES. pmbfernandes@gmail.com; (2) Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa), Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Brasília- DF.

Biotecnologia.

O Brasil é um dos maiores produtores de *Carica papaya* L. entretanto a doença Meleira causa grandes perdas nas plantações, sendo provocada por dois vírus: o papaya meleira virus (PMeV) e o papaya meleira virus 2 (PMeV2). Esses vírus pertencem a duas famílias diferentes: PMeV pertence à família *Fusagraviridae* e PMeV2 à família *Tombusviridae*. Diversos estudos têm sido realizados com esses vírus, buscando ampliar o conhecimento sobre eles. O gene *RdRp*, que codifica para a enzima RNA Polimerase Dependente de RNA, devido a sua natureza de domínios conservados entre as cepas, é um alvo importante para o desenvolvimento de metodologias de detecção e prevenção de doenças de plantas, incluindo a meleira. A meleira já foi identificada em diversos países, como México, Brasil, Equador, Costa Rica, Colômbia e Austrália. O objetivo deste estudo foi analisar a variedade de isolamentos sequenciados e sua relação filogenética, com base no gene *RdRp*. As sequências foram obtidas na base de dados NCBI (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/labs/virus/vssi/#/). Ao utilizar papaya meleira virus como chave de busca na plataforma, observou-se que a padronização das sequências não era universal, visto que sequências de PMeV2 apareceram ao filtrar para PMeV. Após pesquisa bibliográfica, também foi observado que os vírus possuem nomenclaturas que variam entre países, portanto as sequências foram submetidas a alinhamento local e formação da árvore filogenética para confirmação da natureza viral. Além de PMeV, foram pesquisados Papaya virus Q, Papaya sticky fruit-associated virus e Babaco meleira associated virus para recuperação de todas as sequências. O alinhamento local para as sequência KT186130 com o PMeV2 resultou em 66,6% de identidade, indicando que KT186130 tem maior similaridade com o PMeV2. O mesmo foi feito para ON226841, MN654371 e ON226840 comparados ao PMeV, obteve-se respectivamente 66.6%, 64% e 65,2% de identidade. Para cada vírus foi feita uma árvore filogenética na qual observou-se uma tendência de agrupamento das sequências por país, para o PMeV2 houve exceção ao Brasil e ao México. Este estudo destaca a importância do gene *RdRp* como uma ferramenta essencial para a compreensão da diversidade genética dos vírus que causam a meleira do mamoeiro. Através da análise filogenética, foi possível identificar proximidade e distância filogenética dos isolados, além de evidenciar a necessidade de uma padronização mais rigorosa nas bases de dados públicas. A pesquisa contribui para o avanço no desenvolvimento de estratégias eficazes de detecção e controle dessa doença.

Palavras chave: Meleira. *RdRp*. Diversidade. Filogenética. PMeV. PMeV2.