



**UNIVERSIDADE FEDERAL DE ALAGOAS  
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS  
GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA**



**INCIDÊNCIA DO MOSAICO DOURADO EM GENÓTIPOS  
DE FAVA (*Phaseolus lunatus*)**

**EDILAINE ALVES DE MELO**

**RIO LARGO- ALAGOAS  
2010**



**UNIVERSIDADE FEDERAL DE ALAGOAS  
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS  
GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA**



**INCIDÊNCIA DO MOSAICO DOURADO EM GENÓTIPOS DE  
FAVA (*Phaseolus lunatus*)**

Trabalho de Conclusão de Curso  
apresentado ao Centro de Ciências Agrárias  
como parte dos requisitos para obtenção do  
título de Agrônomo.

**RIO LARGO- ALAGOAS  
2010**

Aos familiares e amigos

Aos meus pais, irmãos, avós, tios e amigos, pelo amor, confiança, compreensão e total apoio nessa caminhada, fundamental a minha formação, possibilitando a realização desse trabalho e contribuindo nos ensinamentos da vida.

**OFEREÇO**

À minha família

Aos meus pais, Edimucio Melo e Maria Aparecida Alves de Melo, aos meus irmãos, Erivaldo e Elizangila pela total obstinação, carinho, amor e esforço para que eu me tornasse a pessoa que sou hoje.

**DEDICO**

## AGRADECIMENTOS

Á Deus, por me dar força nessa caminhada e está sempre presente na minha vida.

Aos meus pais, meus irmãos, pelo companheirismo, compreensão, apoio e força durante toda essa caminhada em minha formação.

Ao Centro de Ciências Agrárias nas pessoas dos seus professores pela contribuição em seus ensinamentos, carinho e dedicação com seus alunos.

Ao Laboratório de Fitopatologia, esse que me acolheu como bolsista e também como um dos seus contribuintes para a elaboração de suas atividades, e pela grande contribuição em meus conhecimentos práticos e teóricos.

Ao professor Gaus Silvestre de Andrade Lima pela oportunidade, orientação, amizade e conhecimento transmitido nesse tempo em que eu participei das atividades realizadas no Laboratório de Fitopatologia, contribuindo de forma fundamental para a minha formação profissional.

Á professora Iraíldes Pereira Assunção do Laboratório de Fitopatologia Molecular, pelo apoio e respeito.

Á pesquisadora Marissônia Noronha de Araújo pela oportunidade, confiança e amizade.

Às professoras Maria de Fátima e Edna Peixoto pela amizade e ensinamentos na área de pesquisa.

Aos meus amigos e familiares Luciana Gusmão, Cintia Caroline, Édypo, Mariote, Igor, Érica, Laís, Liliane Dias, Geórgia Peixinho, Marcondes, Joyce Lima, Jaqueline, Sandra, Wellington, Frederico, Edjane Melo, Alcione Melo e Marciel Silva, pelo apoio, respeito, dedicação e amizade em todo esse tempo de convívio, que foram de fundamental importância para a realização desse trabalho.

## SUMÁRIO

<b>LISTA DE TABELAS.....</b>	<b>VI</b>
<b>LISTA DE FIGURAS.....</b>	<b>VII</b>
<b>RESUMO.....</b>	<b>VIII</b>
<b>1.0 INTRODUÇÃO.....</b>	<b>09</b>
<b>2.0 REVISÃO DE LITERATURA.....</b>	<b>11</b>
2.1 Aspectos gerais da cultura da fava.....	11
2.2 Família <i>Geminiviridae</i> .....	12
2.3 <i>Bean Golden Mosaic Virus</i> .....	13
2.4 Transmissão natural dos geminivírus.....	16
2.5 Variabilidade genética em geminivírus.....	17
2.6 Manejo do Mosaico Dourado.....	19
<b>3.0 MATERIAL E MÉTODOS.....</b>	<b>21</b>
3.1 Local de execução.....	21
3.2 Caracterização da área experimental.....	21
3.3 Obtenção do material genético.....	21
3.4 Condução do experimento.....	23
3.5 Avaliação da incidência do mosaico dourado em genótipos de fava.....	24
<b>4.0 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....</b>	<b>25</b>
<b>5.0 CONCLUSÃO.....</b>	<b>28</b>
<b>6.0 REFERÊNCIAS.....</b>	<b>29</b>
<b>7.0 ANEXO.....</b>	<b>34</b>

**LISTA DE TABELAS**

- Tabela 1.** Procedência dos genótipos de feijão-fava (*Phaseolus lunatus*) utilizados na condução experimento sob condições de campo, Rio Largo-AL.....**22**
- Tabela 2.** Porcentagem de plantas com sintomas do mosaico dourado e produção de plantas doentes e sadias de acessos de feijão-fava, em Rio Largo, AL.....**26**
- Tabela 3.** Resumo da análise de variância, em blocos ao acaso de características avaliadas em acessos de feijão fava (*Phaseolus lunatus*). Rio Largo-AL. - UFAL, 2010.....**34**
- Tabela 4 -** Resumo mensal e anual de temperatura, umidade relativa do ar e precipitação, estação agro meteorológica, Rio Largo - AL, CECA/UFAL Ano de 2009.....**34**

**LISTA DE FIGURAS**

- Figura 1.** Representação esquemática do genoma de um *Begomovirus*. Os círculos representam um genoma viral, dividido em dois componentes, DNA A e DNA B com aproximadamente 2600 nucleotídeos cada. As setas representam a posição dos genes virais e o sentido em que ocorre a transcrição. A região comum (RC) também está indicada.....**14**
- Figura 2.** Plantas de fava no campo, já com sintoma do mosaico dourado.....**23**
- Figura 3.** Presença de Begomovirus nas amostras.....**27**

## RESUMO

**MELO, E. A.** Incidência do mosaico dourado em genótipos de fava (*Phaseolus lunatus*), Rio Largo. Ufal. Ceca 2010. (Trabalho de Conclusão de Curso).

O mosaico dourado é uma doença de grande importância econômica na cultura da fava. A doença, também conhecida como “papa-ovo”, é causada por membros do gênero *Begomovirus*, principalmente o *Bean golden mosaic virus*, caracterizando-se por um intenso mosaico amarelo e redução do porte da planta. A utilização de variedades resistentes tem sido a principal estratégia para controle de viroses de plantas, sobretudo quando se trata de culturas de pequena importância econômica, uma vez que se trata de uma medida eficiente, econômica, de fácil utilização e que não agride o ambiente. Entretanto ainda não foram conduzidas pesquisas sistematizadas para avaliação do germoplasma de fava com relação à resistência ao mosaico da fava e, portanto, essa estratégia não vem sendo aplicada no caso do mosaico dourado da fava. Considerando a relevância social da cultura, a importância econômica da doença e a ausência de estudos sobre o comportamento de genótipos de fava ao mosaico dourado a presente proposta pretende avaliar a reação de genótipos de fava às infecções ocasionadas por *Begomovirus*, com o intuito de selecionar materiais resistentes que possam ser utilizados por pequenos agricultores da região Nordeste.

## 1. INTRODUÇÃO

A fava (*Phaseolus lunatus* L.), também conhecida como feijão-lima ou feijão fava, é uma das quatro espécies do gênero *Phaseolus* exploradas comercialmente (Santos et al., 2002). A espécie foi domesticada na América do Sul ou Central, ou em ambas, e é subtropical (Zimmermann; Teixeira, 1996). É uma das principais leguminosas cultivadas na região tropical e apresenta potencial para fornecer proteína vegetal à população, diminuindo a dependência quase exclusiva dos feijões do grupo carioca (Vieira, 1992).

No nordeste do Brasil, a fava constitui uma cultura relevante no contexto da agricultura familiar, sendo cultivada geralmente durante a estação chuvosa em consórcio com o milho. No ano de 2007, foram produzidas, no Nordeste, 14.925 toneladas de grãos secos de fava, numa área plantada de 33.851 ha, tendo os estados da Paraíba e Ceará como os maiores produtores. Em Alagoas, a área cultivada com fava é de 580 ha, com uma produção de 277 toneladas, sendo os municípios de União dos Palmares e Santana do Mundaú os que apresentam as maiores produções (IBGE, 2007).

Embora sua utilização seja relativamente menor, a fava parece ter uma capacidade de adaptação mais ampla que o feijão-comum (*P. vulgaris*). Acredita-se que as principais razões para o cultivo relativamente limitado da fava sejam a tradição do consumo de feijão-comum, o paladar da fava e o seu tempo de cocção mais longo, além da falta de variedades adaptadas às condições da região (Santos et al., 2002). As produtividades da cultura em campo têm sido 4 a 5 vezes menores que aquelas verificadas em condições experimentais, podendo isso ser atribuído ao fato de parte da produção ser oriunda de pequenos produtores, geralmente em consórcio com milho e sem adoção de tecnologias adequadas (Vieira, 1992).

Apesar da importância econômico-social da fava para a região Nordeste, poucos trabalhos têm sido conduzidos com foco nessa cultura e provavelmente esse fato contribui para a baixa tecnologia empregada na produção. Contudo, a situação deve melhorar devido à crescente valorização da cultura. Um dos maiores obstáculos para o incremento da produtividade da fava é a incidência do mosaico dourado, conhecido popularmente como “papa-ovo”. Trata-se de uma doença ocasionada por *Begomovirus*, (Faria et al., 2000) e as plantas infectadas apresentam um intenso mosaico amarelo, distorção foliar e redução do porte da planta, que resulta numa drástica redução da produtividade.

O gênero *Begomovirus* está incluído na família Geminiviridae, juntamente com outros três gêneros (*Topocuvirus*, *Mastrevirus* e *Curtovirus*) e tem como espécie-tipo o *Bean golden mosaic virus* (BGMV). É considerado o gênero mais numeroso, o que apresenta maior gama de hospedeiras e o mais amplamente distribuído no mundo, dentre os geminivírus.

O vetor do BGMV e de outros *Begomovirus* são insetos sugadores conhecidos popularmente como moscas-brancas (*Bemisia* spp.) (Hemiptera: Aleyrodidae). Atualmente, é encontrado geralmente nos trópicos e subtropicais e em todos os continentes (França et al. 2000), e sua distribuição está estreitamente relacionada a fatores como expansão da monocultura de muitas espécies cultivadas, condições dos sistemas agrícolas modernos, aumento da utilização de agrotóxicos; e, principalmente, à ampla gama de hospedeiras.

Mesmo com a alta prevalência do mosaico da fava os estudos sobre essa doença são escassos no Brasil, sendo até o momento o *Bean golden mosaic virus* o único *Begomovirus* relatado sobre a cultura. Contudo, é provável que outras espécies ocorram em fava e também sobre plantas invasoras associadas à cultura, as quais podem funcionar como hospedeiras alternativas.

Existem poucos estudos de begomovírus infectando fava na região do Nordeste e no Brasil em um contexto geral. Recentemente, Lopes et al. (2004) relataram pela primeira vez a ocorrência de *Begomovirus* no estado de Alagoas, contudo, a espécie do vírus que estava causando a sintomatologia foi posteriormente descrita por Silva (2006) que obteve sequências correspondentes às extremidades 5' dos genes *Rep* e *Cp* e a região comum do DNA-A de alguns begomovírus de fava. A comparação com sequências disponíveis no banco de dados do NCBI revelou maiores identidades (91 a 94%) com um isolado de *Bean golden mosaic virus* (BGMV) do feijoeiro, proveniente do estado de Goiás e caracterizado por Faria e Maxwell (1999). Tal isolado é apontado por esses autores como o representante tipo da espécie no Brasil.

A utilização de variedades resistentes tem sido a principal estratégia para controle de viroses de plantas, sobretudo quando se trata de culturas de pequena importância econômica, uma vez que se trata de uma medida eficiente, econômica, de fácil utilização e que não agride o ambiente. Dessa forma o presente trabalho teve como objetivo avaliar a incidência do mosaico dourado em genótipos de fava cultivados em Rio Largo, AL, na safra 2009.

## 2. REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1 Aspectos gerais da cultura da fava

A fava (*Phaseolus lunatus* L.), também conhecida como feijão-lima ou feijão-fava, é uma das quatro espécies do gênero *Phaseolus* exploradas comercialmente. A espécie foi domesticada na América do Sul ou Central, ou em ambas, e é subtropical (Zimmermann ; Teixeira, 1996). É uma das principais leguminosas cultivadas na região tropical e apresenta potencial para fornecer proteína vegetal à população, diminuindo a dependência quase exclusiva dos feijões do grupo carioca (Vieira, C., 1992). Embora sua utilização seja relativamente menor, a fava parece ter uma capacidade de adaptação mais ampla que o feijão-comum (*P. vulgaris*). Acredita-se que as principais razões para o cultivo relativamente limitado da fava sejam a tradição do consumo de feijão-comum, o paladar da fava e o seu tempo de cocção mais longo, além da falta de variedades adaptadas às condições da região (Lymman, 1983).

A fava é uma leguminosa pertencente à família Fabaceae. Esta é uma das maiores famílias botânicas, de ampla distribuição geográfica e de importância econômica por apresentar espécies produtoras de alimentos como a soja (*Glycine max*), ervilha (*Pisum sativum*), alfafa (*Medicago sativa*) e feijão (*P. vulgaris*) (McClellan et al., 2005). A família Fabaceae é subdividida em três subfamílias, sendo *Phaseolus* um membro da subfamília Papilionoideae. Esta é a maior subfamília, constituindo de 476 gêneros (Levis et al., 2003).

A cultura do feijão-fava tem merecido pouca atenção por parte dos órgãos de pesquisa e extensão, o que tem resultado em limitado conhecimento sobre as características agrônomicas da cultura. O estudo morfológico das variedades é importante por facilitar o registro de caracteres de identificação, facilitando o acesso a esse material em busca de plantas com boa resposta em termos de produtividade e adaptação a diferentes condições ambientais (Santos et al., 2002).

De acordo com Castineiras (1991), são reconhecidos três grupos de fava baseados na forma e peso de 100 sementes, os quais são chamados como “papas” (sementes pequenas, com 35 a 55 g para 100 sementes), “sieva” (sementes médias e planas, com 50 a 70 g para 100 sementes) e “big lima” (sementes grandes, com 70 a 110 g para 100 sementes). No Brasil, estudos para distinguir variedades de fava através dos dados morfológicos avaliam caracteres como hábito de crescimento; comprimento e largura das vagens; comprimento, largura e espessura das sementes; peso de 100

sementes; coloração do hipocótilo, da flor e da semente (branca, amarela, vermelha, violeta, preta e rajada) (Yagui et al., 2003; Santos et al., 2002).

A baixa produtividade de fava pode ser atribuída ao fato de parte da produção ser oriunda de pequenos produtores, em consórcio, sem adoção de tecnologia que vise seu aumento (Santos et al., 2002), além da ocorrência de doenças que tem dificultado o cultivo e a qualidade dos grãos. Entre as doenças mais importantes estão as viroses, principalmente aquelas ocasionadas por *Geminivirus*. As plantas infectadas apresentam um intenso mosaico amarelo e têm a produtividade drasticamente reduzida. Lopes et al., (2004) detectou a presença do vírus no município de Maceió, Rio Largo e São Miguel dos Campos, sendo a doença popularmente conhecida como “papa ovo”.

## 2.2 Família Geminiviridae

Vírus incluídos na família *Geminiviridae* são caracterizados pela morfologia icosaédrica da partícula e genoma composto de um ou dois componentes genômicos de DNA fita simples. A família é dividida em quatro gêneros de acordo com o inseto vetor, gama de hospedeiro, organização do genoma e relacionamento filogenético (Stanley et al., 2005).

Os membros do gênero *Mastrevirus*, têm o genoma monopartido, são transmitidos por cigarrinhas (Homoptera Cicadellidae) e infectam principalmente monocotiledônea. Os do gênero *Curtovirus* possuem genoma monopartidos e são transmitidos por cigarrinha (Homoptera Cicadellidae) sendo seus hospedeiros as dicotiledôneas, dificilmente são transmitidos mecanicamente e possuem ampla gama natural de hospedeiros. O gênero *Topocuvirus* inclui somente o Tomato pseudo curly top vírus (TPCTV) que possui genoma monopartido e é transmitido por cigarrinhas (Homoptera Auchenorrhyncha) à espécies dicotiledôneas (Van Regenmortel et al., 1999). Os membros do gênero *Begomovirus* possuem genomas bipartido sendo transmitidos por moscas-brancas (Homoptera Aleyrodidae) para plantas dicotiledôneas. Os geminivirus são considerados um grupo emergente de fitovirus, devido ao grande aumento da incidência e severidade de doenças por eles causadas nas ultimas décadas (Brown; Bird, 1992). São largamente distribuídos, principalmente em regiões dos trópicos e subtropicos, ocorrendo em espécies importantes para a alimentação humana como a mandioca, feijão e milho (Timmermans et al., 1994).

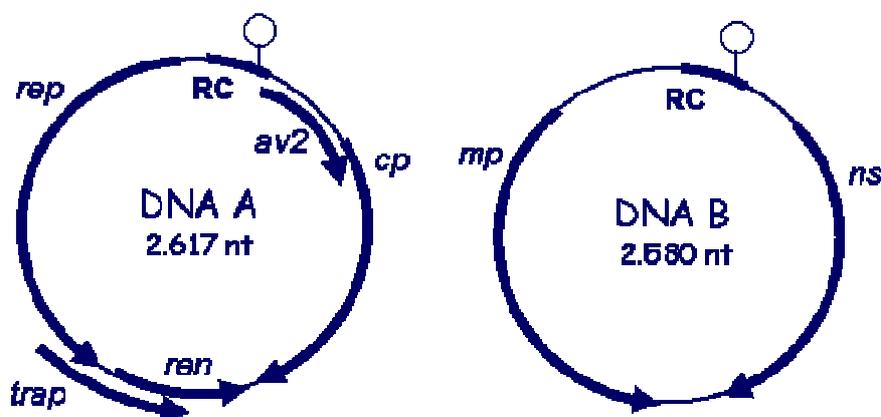
Os três primeiros gêneros são compostos por vírus com genoma formado por um único componente, ao passo que os vírus pertencentes ao gênero *Begomovirus* possuem genoma bisegmentado, na maioria das vezes. Dentro de cada gênero vários parâmetros podem ser utilizados para separação em espécies, sendo a sequência da extremidade amino do gene que codifica para a capa protéica (Cp) um dos principais critérios (Mayo; Pringle, 1997; Faria et al., 2000).

Os geminivírus constituem um grupo de vírus de plantas de grande importância econômica em todos os continentes em diversas culturas. No Brasil, as doenças causadas pelos vírus que vieram a constituir a família *Geminiviridae* foram reconhecidas na década de 1960, por Costa (1965) e Flores; Siberschimdt(1962). Problemas com a restrição parcial ao floema, ausência de transmissão mecânica para os primeiros geminivírus estudados e baixa estabilidade das partículas virais, contribuíram para uma grande demora até o reconhecimento oficial deste grupo de vírus pelo International Committee on Taxonomy Virus (ICTV) (Cortesia de Faria, J.C.; Zerbini, F.M.,2000).

Dentre os geminivírus o gênero *begomovirus* é aquele que conta com o maior número de espécies, apresenta maior gama de hospedeiro e é o mais disseminado (Freitas-Ástua et al., 2002).

### **2.3 *Bean Golden Mosaic Virus (BGMV)***

Os begomovirus possuem o genoma bipartido ou monopartido constituído por moléculas de DNA fita simples com aproximadamente 2,6 kb cada, chamadas de DNA-A e DNA-B, no caso dos begomovirus bipartidos (Figura 1). O componente A é responsável pela replicação e encapsidamento do genoma viral, enquanto o componente B contém os genes requeridos para o movimento célula a célula e a longa distância, gama de hospedeiros e desenvolvimento de sintomas (Timmermans et al., 1994). Ambos os componentes são necessários para causar infecção sistêmica nas plantas.



Figural. Representação esquemática do genoma de um *Begomovirus*. Os círculos representam um genoma viral, dividido em dois componentes, DNA A e DNA B com aproximadamente 2600 nucleotídeos cada. As setas representam a posição dos genes virais e o sentido em que ocorre a transcrição. A região comum (RC) também está indicada.

Patossistemas incluindo begomovírus monossegmentados estão restritos ao “Velho Mundo” (Europa, Ásia e África). Nas Américas, todos os begomovírus relatados até o presente são compostos de dois componentes genômicos e não estão associados à DNAs satélites. Dois componentes cognatos não possuem identidade significativa entre suas sequências, exceto em uma região denominada região comum (RC), onde está localizada a origem de replicação (Hanley-Bowdoin et al., 1999). A RC, entretanto, é altamente conservada para cada espécie viral, normalmente acima de 90% de identidade, (Lazarowitz, 1992). Uma exceção é o *Cabbage leaf Curl virus* (CLCV), que apresenta apenas 80% de identidade entre as sequências das RCs do DNA-A e DNA-B (Hill et al., 1998).

O sítio de replicação de geminivírus está confinado ao núcleo de células infectadas e é totalmente dependente da maquinaria do hospedeiro, o que faz com que eles sejam modelos ideais para o estudo da replicação e expressão gênica em plantas. Esse fato possibilitou um grande acúmulo de informações sobre a biologia molecular destes vírus. As partículas virais acumulam-se exclusivamente no núcleo, na forma de agregados irregulares ou arranjos cristalinos hexagonais (Kim et al., 1978).

O mosaico dourado do feijoeiro foi inicialmente descrito pelo Dr. Álvaro Santos Costa como uma doença que, inicialmente, não teria importância econômica, ocorrendo no Estado de São Paulo (Costa 1965). Seu agente transmissor, a mosca branca (*Bemisia tabaci* Gennadius), foi, também, identificado. Subseqüentemente, um vírus de partículas geminadas foi identificado, associado às plantas, mostrando sintomas de mosaico. Esse vírus foi, então, denominado vírus do mosaico dourado do feijoeiro - VMDF (em inglês: *Bean golden mosaic virus* - BGMV), um geminivirus.

Provoca perdas econômicas que podem variar de 30% a 100%, dependendo da cultivar, estágio da planta, população do vetor, presença de hospedeiros alternativos e condições ambientais (Faria et al., 1996).

O principal sintoma celular é a mudança da morfologia dos cloroplastos, especialmente no sistema lamelar, mas podem ocorrer sintomas também nos tecidos do floema e células adjacentes ao parênquima. Ocorre aumento de tamanho do nucléolo que se condensa em regiões granulares fibrilares, e mais tarde toma a forma de anéis, de tamanho e número variados por núcleo. Finalmente, quando partículas virais aparecem no núcleo, a capacidade de translocação de solutos na planta é dificultada, afetando a produtividade do feijoeiro (Faria et al., 1996).

A sintomatologia não é parâmetro suficiente para identificar e diferenciar os geminivirus, porque os sintomas dependem da época de infecção da planta, do hospedeiro (cultivar), de fatores ambientais, como altas temperaturas e pouca chuva, que favorecem o aparecimento do vetor e da ocorrência de infecção viral múltipla. As técnicas moleculares têm permitido o desenvolvimento de métodos de detecção universal para toda uma família ou ordem, ou específicos para uma determinada espécie, de forma eficiente, rápida, acurada e de forma otimizada para vírus. A reação em cadeia da polimerase (PCR) é uma técnica específica e extremamente sensível e tem sido utilizada para a detecção e o estudo da variabilidade genética de geminivirus, tanto a partir de tecidos de plantas como de DNA extraído de insetos vetores (Mehta et al., 1994).

Vários são os prejuízos que o mosaico dourado acarreta à planta do feijoeiro. A redução em produtividade é o mais importante deles. Isso se deve à redução do número de vagens por planta, número de sementes por vagem e o peso das sementes (Almeida et al., 1979), havendo uma influência bastante notada quanto ao tempo de infecção. Quando as infecções ocorrem mais no início de desenvolvimento da planta, há maiores

prejuízos no peso de sementes de plantas infectadas mais tardiamente (Costa; Cupertino, 1976).

Há também um alongamento do período vegetativo nas plantas doentes, o qual atinge 17 dias, e também pode acontecer uma redução no tamanho da planta (Costa; Cupertino, 1976).

Quanto à qualidade da semente, verifica-se que, além da redução do tamanho, há uma redução no valor comercial, dado as descolorações e deformações apresentadas pelas mesmas (Costa; Cupertino, 1976).

O mosaico dourado foi assim denominado antes da caracterização molecular do vírus, realizada por Gilbertson et al. (1993). Contudo, após esta caracterização, ficou evidente que vírus distintos causavam o mosaico dourado do feijoeiro no Brasil, na América Central e Caribe (Faria et al., 1994). A denominação atual para a espécie viral encontrada no Brasil é *Bean golden mosaic virus* (BGMV), enquanto a espécie encontrada na América Central e Caribe manteve o nome *Bean golden yellow mosaic virus* (BGYMV).

#### **2.4 Transmissão natural dos geminivírus**

Os geminivírus não são transmitidos via sementes ou por contato manual. Portanto, a única forma de dispersão desses vírus na natureza, ocorre via vetor (Dhar & Sinhg, 1995). Os vetores de geminivírus são insetos sugadores classificados na ordem Hemiptera, subordem Homóptera, incluindo as moscas-brancas (*Aleyrodidae*) e as cigarrinhas (*Cicadellidae* e *Auchenorrhynca*) (Lazarowitz et al., 1992; Villas Bôas et al., 1997). No caso dos begomovírus, a transmissão é realizada por mosca-branca (*Bemisia tabaci*), que se trata de uma espécie cosmopolita, cujo centro de origem supõe-se ser o Oriente ou o Paquistão, tendo sido introduzida na Europa, África e Américas, pelo homem através de material vegetal (Brow; Bird, 1992; Melo, 1992). Sua distribuição está estreitamente relacionada à expansão da monocultura da maioria das espécies cultivadas, às condições dos sistemas agrícolas moderno, ao aumento da utilização de agrotóxicos e, principalmente, à grande facilidade em se adaptar aos diversos hospedeiros (Brown et al., 1993).

A mosca-branca tem se difundido ao redor do mundo causando perdas significativas a culturas em regiões tropicais e subtropicais devido à sua natureza polífaga, os efeitos tóxicos da sua saliva, a habilidade de desenvolver populações grandes e a resistência a uma grande gama de inseticidas (Polston; Anderson, 1997).

A população de mosca-branca é dependente de variáveis climáticas, sendo baixa com o plantio durante as águas; já na seca, o nível populacional desse inseto aumenta, devido às altas temperaturas (Faria, 1988).

A elevação da temperatura acelera a velocidade de desenvolvimento do inseto, aumentando a população e o número de gerações no período de condução da cultura (Vicente et al., 1988; Paiva; Goulart, 1995).

A mosca-branca é um inseto pequeno, medindo aproximadamente 2 mm de comprimento, de metamorfose incompleta (ovo, ninfa e adulto); possui dois pares de asas membranosas, recobertas por uma substância pulverulenta de cor branca. Quando em repouso, as asas são mantidas um pouco separadas, com os lados paralelos deixando o abdome visível. Tanto os adultos como as ninfas possuem parênto bucal do tipo picador sugador. Na fase adulta é um inseto ativo e ágil, voa rapidamente quando molestado e pode se dispersar pelo vento tanto a curta como a longa distância, em altura elevada. O acasalamento começa de 12 a 48 horas após a emergência, ocorrendo várias vezes durante a sua vida (Haji et al., 2000). A fêmea coloca de 100 a 300 ovos durante sua vida, sendo que a taxa de oviposição depende da temperatura e da planta hospedeira (Brown; Bird, 1992). Em condições favoráveis, a mosca-branca pode apresentar de 11 a 15 gerações por ano, podendo, cada fêmea colocar de 100 a 300 ovos durante o seu ciclo de vida (Brown; Bird, 1992).

A modalidade de transmissão de begomovírus por moscas-brancas, é do tipo circulativa não propagativa (Bronw, 1997; Ghanim et al., 1998; Morin et al., 1999). Nesta o vírus circula na hemolinfa, mas não replica no vetor, envolvendo a passagem de partículas virais do intestino para a hemolinfa do inseto, da hemolinfa para as glândulas salivares e destas para outras plantas. Apenas para o caso TYLCV existem evidências da replicação viral no inseto (Ghanim et al., 1998).

## **2.5 Variabilidade genética em geminivírus**

Os geminivírus são considerados um grupo emergente de vírus de plantas, devido ao grande aumento na incidência e importância econômica das doenças por eles causadas nos últimos 20 anos (Polston; Anderson, 1997). Esse aumento é, em parte, decorrente da grande variabilidade genética encontrada entre as espécies e estirpes de geminivírus, resultado da alta taxa de recombinação entre esses vírus, o que lhes confere uma extraordinária capacidade de adaptação aos novos hospedeiros (Faria; Zerbini, 2000). Os geminivírus apresentam uma taxa de evolução, o que não seria de se esperar

já que vírus com genoma composto de RNA são incapazes de corrigir a incorporação incorreta de nucleotídeos, resultando em uma alta de mutações fixas na população. Uma vez que a replicação do genoma viral é realizada pela maquinaria celular do hospedeiro, é improvável que simples mutações pontuais causadas por erros da DNA polimerase sejam responsáveis pela diversidade genética em geminivírus (Fernandes, 2001). Embora a fixação de mutações ocorra com menor frequência para os geminivírus, a alta taxa de recombinação compensa esse fato, resultando na grande variabilidade genética verificada para esse grupo de fitovírus (Faria; Zerbini, 2000).

A existência de dois componentes genômicos na maioria dos *Begomovirus* promove um mecanismo alternativo pelo qual a troca de material genético pode ocorrer sem necessidade de recombinação intermolecular, ocorrendo apenas troca de componentes entre dois vírus distintos. Este mecanismo de variabilidade genética em *begomovirus* é conhecido como pseudorecombinação (Gilbertson et al., 1993b).

A ocorrência natural de pseudorecombinantes no campo foi verificada no México, em plantas de tomate infectadas pelo Tomato leaf crumple vírus (TLCrV) (Paplomattas et al., 1994).

Mutação, recombinação e pseudo-recombinação são as principais fontes de variabilidade genética de vírus em plantas (Garcia-Arenal et al., 2003; Seal et al., 2006).

Pseudorecombinantes formados a partir da mistura de componentes genômicos de dois isolados distintos de BGMV mostraram-se infecciosos. Quando inoculada, a mistura formada a partir do DNA-A do isolado da Guatemala (BGMV-PR/GA) e DNA-B do isolado da República Dominicana (BGMV-PR/DR) foi capaz de desenvolver os sintomas apresentados pelo tipo selvagem, enquanto o pseudorecombinante entre DNA-A de BGMV-PR/DR e BGMV-PR/GA induziu o desenvolvimento de sintomas atenuados e tardios. Estes resultados demonstram que geminivírus com regiões comuns suficientemente similares podem formar pseudorecombinantes infecciosos, mas ressaltam que frequentemente os pseudorecombinantes recíprocos apresentam diferenças na eficiência de replicação e infecção sistêmica (Faria et al., 1994).

A viabilidade de pseudorecombinante indica que fatores envolvidos na replicação e movimentação são intercambiáveis entre espécies altamente relacionadas, ou entre estirpes de uma mesma espécie. Neste caso, tanto a sequência da região comum quanto a do gene *rep* são altamente conservadas, e os sítios de ligação de Rep à região comum são idênticos (Schaffer et al., 1995).

Em plantas infectadas, as partículas virais acumulam-se quase que exclusivamente no núcleo, em agregados irregulares ou em arranjos hexagonais cristalinos (Davies; Stanley, 1989). Além disso, em geminivírus que infectam dicotiledôneas, a infecção normalmente resulta em alterações ultraestruturais no núcleo, incluindo reposicionamento da cromatina, hipertrofia do nucléolo, segregação do nucléolo em regiões granulares e fibrilares, e formação de anéis fibrilares (Kim et al., 1978). Estas alterações podem ser reflexo da alteração do sistema de transcrição normal do hospedeiro para o sistema de transcrição viral.

## **2.6 Manejo do BGMV**

Dentre as medidas de controle, cita-se o uso de variedades com tolerância ao BGMV; escolha de períodos e regiões com menor probabilidade de ocorrência da mosca-branca; eliminação de plantas daninhas em áreas próximas à lavoura e o controle químico via tratamento de sementes e/ou pulverizações com inseticidas sistêmicos (Yokoyama, 1995).

Nenhuma medida de controle, quando utilizada isoladamente, demonstra efeito positivo no controle dessa doença. (Faria & Zimmermann, 1988; Faria, 1994; Faria et al., 1996).

A obtenção de imunidade ao vírus através do melhoramento para resistência varietal seria a medida de controle mais adequada e a única realisticamente eficiente. Fontes de imunidade ou elevados graus de resistência têm sido buscadas nos bancos de germoplasma de feijão (Aragão; Faria, 2004).

Devido à importância da mosca-branca como transmissora do vírus-do-mosaico dourado do feijoeiro (VMDF), o seu manejo deve ser realizado de acordo com a época de plantio. Em áreas com histórico de alta incidência do mosaico-dourado e no plantio do feijão da “seca” (janeiro a abril), desde que a mosca-branca esteja presente na área amostrada, seu controle deve ser feito do plantio até o estágio de florescimento, com tratamento de sementes e complementado com pulverizações semanais. Normalmente, 4-5 pulverizações são suficientes. O período que vai da germinação até o florescimento é a fase em que a planta é mais suscetível ao VMDF e, conseqüentemente, quando são observadas as maiores perdas na produção. Após o florescimento do feijoeiro, não há necessidade de se fazer o controle da mosca-branca, pois os danos causados pelo VMDF são pouco significativos, não justificando o controle do vetor ([http://www.cnpaf.embrapa.br/publicacao/circular tecnica/circ\\_46.pdf](http://www.cnpaf.embrapa.br/publicacao/circular tecnica/circ_46.pdf)).

Além da redução no rendimento, algumas plantas daninhas hospedam agentes causais de doenças. Segundo Menezes (1999), um exemplo de doença, influenciada pelas plantas daninhas é o mosaico dourado: a doença é transmitida pela mosca branca, portanto, a severidade da doença está relacionada com a população de plantas hospedeiras do inseto e do vírus. Entre as plantas hospedeiras do inseto, incluem-se as seguintes espécies: leiteiro (*Euphorbia heterophylla*), guanxuma (*Sida* spp.), corda de viola (*Ipomoea* spp.) e trapoeraba (*Commelina benghalensis*). Para as hospedeiras do vírus, inclui-se várias espécies de *Phaseolus* e de *Macropitilium*;

### 3. MATERIAL E MÉTODOS

**3.1 Local de Execução:** Este trabalho foi conduzido no laboratório de Fitopatologia e na área do Centro de Ciências Agrárias, da Universidade Federal de Alagoas (CECA/UFAL), município de Rio Largo-AL, no período de março de 2009 a dezembro de 2009.

#### 3.2 Caracterização da Área Experimental

O solo da área experimental foi classificado como Latossolo Amarelo coeso distrófico, texturas franca arenosa, de relevo plano e boa drenagem (Embrapa, 1999). Anteriormente a área foi cultivada com feijão comum (*Phaseolus vulgaris L.*). Foi retirada uma amostra de solo da área experimental, cuja análise química, processada no Laboratório de Análise de Produtos Agropecuários - LAPA CECA/UFAL), revelou os resultados apresentados a seguir: pH (água 1:2,5) 6,28=Ca + Mg= 5 cmol<sub>c</sub> kg<sup>-1</sup>;Al= 0,15 cmol<sub>c</sub> kg<sup>-1</sup>; (H+Al)= 2; P= 16,1 mg kg<sup>-1</sup>;K= 85 mg kg<sup>-1</sup>;Na= 16 mg kg<sup>-1</sup>.

Os dados de temperatura média, umidade relativa do ar e precipitação pluvial foram tomados numa estação meteorológica do CECA, localizada a cerca de 30 metros da área experimental e são apresentados na Tabela 4 do Anexo.

#### 3.3 Obtenção do Material Genético

Foram avaliados 70 acessos de feijão-fava oriundos dos bancos ativos de germoplasma da Universidade Federal Rural de Pernambuco e da Universidade Federal do Piauí, assim como sementes obtidas em feiras livres ou diretamente de plantações localizadas em diversos municípios dos estados de Sergipe, Alagoas, Pernambuco e Paraíba (Tabela 1).

**Tabela 1.** Procedência dos genótipos de feijão-fava (*Phaseolus lunatus*) utilizados na condução experimento sob condições de campo, Rio Largo-AL.

<b>Acessos</b>	<b>Procedência</b>	<b>Genótipo</b>	<b>Procedência</b>
F-1	Aquidabã, SE	F-37	UFRPE
F-2	Cedro de São João, SE	F-38	UFRPE
F-3	Aquidabã, SE	F-39	UFRPE
F-4	Aquidabã, SE	F-40	UFRPE
F-5	Cedro de São João, SE	F-41	UFRPE
F-6	Santana do Mundaú, AL	F-42	UFRPE
F-7	Santana do Mundaú, AL	F-43	UFRPE
F-8	Santana do Mundaú, AL	F-44	UFRPE
F-9	Arapiraca, AL	F-45	UFRPE
F-10	Arapiraca, AL	F-46	UFRPE
F-11	Arapiraca, AL	F-47	UFRPE
F-12	União dos Palmares, AL	F-48	UFRPE
F-13	União dos Palmares, AL	F-49	UFRPE
F-14	União dos Palmares, AL	F-50	UFRPE
F-15	São João, PE	F-51	UFRPE
F-16	São João, PE	F-52	UFRPE
F-17	São João, PE	F-53	UFRPE
F-18	São João, PE	F-54	UFRPE
F-19	São João, PE	F-55	UFRPE
F-20	São João, PE	F-56	UFRPE
F-21	Areia, PB	F-57	UFRPE
F-22	Areia, PB	F-58	UFRPE
F-23	Areia, PB	F-59	UFRPE
F-24	Areia, PB	F-60	UFRPE
F-25	Areia, PB	F-61	UFRPE
F-26	Areia, PB	F-62	UFRPE
F-27	Areia, PB	F-63	UFPI <sup>2</sup>
F-28	Areia, PB	F-64	UFPI
F-29	Areia, PB	F-65	UFPI
F-30	UFRPE <sup>1</sup>	F-66	UFPI
F-31	UFRPE	F-67	UFPI
F-32	UFRPE	F-68	UFPI
F-33	UFRPE	F-69	UFPI
F-34	UFRPE	F-70	UFPI
F-35	UFRPE		
F-36	UFRPE		

**Tabela 1.** <sup>1</sup>Banco de Germoplasma da Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, PE. <sup>2</sup>Banco de Germoplasma da Universidade Federal do Piauí, Teresina, PI.

### 3.4 Condução do Experimento

O preparo do solo constou de uma aração e uma gradagem. No plantio aplicou-se  $300 \text{ kg.ha}^{-1}$  da fórmula  $05 - 17 - 30 + 25 \text{ kg}$  de FTE-BR 12 como fonte de micro.

O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados com 70 tratamentos (genótipos) e duas repetições. O plantio foi realizado seguindo as práticas convencionais da cultura, com covas distribuídas no espaçamento de 1 m entre linhas e 0,5 m entre plantas. Cada linha foi preparada com um comprimento de 20 metros, sendo mantidas duas linhas/genótipo (Figura 2). Em cada cova foram semeadas duas sementes de fava, sendo que três semanas após a germinação, se realizou o desbaste, deixando-se uma planta por cova. Foram feitas capinas mecânicas periódicas para controlar as plantas invasoras. Os genótipos que apresentaram crescimento indeterminado foram conduzidos em estacas de sabiá de 1,5 m para tutorar o crescimento das plantas.



Figura 2. Plantas de fava no campo, já com sintoma do mosaico dourado.

### **3.5 Avaliação da incidência do mosaico dourado em genótipos de fava**

A incidência do mosaico dourado na área experimental foi monitorada periodicamente, por meio da contagem do número de plantas com sintomas da doença. Isso foi possível em virtude da peculiaridade dos sintomas e pelo fato de o BGMV ser o único geminivirus relatado no feijoeiro no Brasil. As avaliações dos sintomas foram realizadas aos 30, 60, 90, 120, 160 e 180 dias após a germinação, sendo considerados resistentes os acessos para os quais os valores de incidência foram inferiores a 50%.

As plantas assintomáticas foram avaliadas por meio da técnica de PCR, para comprovação da ausência do vírus em seus tecidos. As extrações de DNA e as condições de PCR foram as mesmas descritas por Silva (2006).

#### 4.0 RESULTADOS E DISCUSSÃO

O mosaico dourado começou a ser observado na área experimental após 28 dias do plantio, mas inicialmente ficou limitado a poucas plantas até cerca de 90 dias após o plantio, quando cerca de 25 % das plantas mostravam sintomas. A virose foi constatada em todos os genótipos, com incidência variando de 2,5 a 95%, dependendo do genótipo considerado (Tabela 2).

Utilizando-se o teste de agrupamento de Scot-knott foi possível observar a formação de dois grupos distintos para incidência do mosaico dourado. A maioria dos acessos (51) foi reunida no grupo com altos valores de incidência, ou seja, entre 47,5 a 95,0 %. O segundo grupo com (19 acessos), aparentemente mais resistentes, apresentou incidência média variando entre 2,5 a 42,5 %. A análise de variância indicou diferença significativa à ( $P < 5\%$ ) de probabilidade, para a incidência da virose entre os dois grupos.

De acordo com Gálvez; Morales, (1989) e Faria; Maxwell (1999), fontes de imunidade ou elevados graus de resistência a *Begomovirus* têm sido buscadas nos bancos de germoplasma de *Phaseolus* spp., contudo, até o momento encontrou-se apenas níveis baixos e moderados de resistência ou tolerância ao mosaico dourado.

Apesar de animadores esses resultados são preliminares e a baixa incidência da doença em alguns genótipos não implica necessariamente na resistência do material, uma vez que o fator escape não pode ser descartado, por enquanto. Para isso faz-se necessário, repetir o experimento em campo, dessa vez apenas com os genótipos que apresentaram as menores incidências, bem como avaliar a resistência sob inoculações controladas.

É importante também enfatizar que mesmo nos genótipos com alta incidência a resistência pode estar presente em algumas plantas, pois a fava é uma espécie autógama, mas apresenta alguma taxa de alogamia e que os agricultores e/ou feirantes costumam misturar as sementes de plantas geneticamente distintas. Portanto, num mesmo genótipo pode existir considerável diversidade genética.

**Tabela 2** - Porcentagem de plantas com sintomas do mosaico dourado e produção de plantas doentes e sadias de acessos de feijão-fava, em Rio Largo, AL.

Acessos	Médias		Acessos	Médias		Produção de plantas sadias (g)
	Incidência (%)	Produção de plantas doentes (g)		Incidência (%)	Produção de plantas doentes (g)	
F-01	60,0a	55,4a	F-36	47,5a	18,7b	47,3b
F-02	60,0a	10,0b	F-37	55,0a	6,7a	24,6c
F-03	55,0a	10,4b	F-38	62,5a	21,3b	105,4a
F-04	57,5a	13,5b	F-39	72,5a	20,4b	54,8b
F-05	57,5a	10,1b	F-40	67,5a	21,5b	37,6c
F-06	62,5a	46,8a	F-41	65,0a	29,4b	58,1b
F-07	57,5a	10,8b	F-42	70,0a	12,4b	23,9c
F-08	42,5b	12,7b	F-43	55,0a	51,4a	64,6b
F-09	52,5a	5,4b	F-44	52,5a	8,3b	14,1c
F-10	70,0a	31,6a	F-45	75,0a	53,8a	83,1a
F-11	75,0a	9,3b	F-46	87,5a	7,5b	30,7c
F-12	75,0a	7,6b	F-47	87,5a	4,6b	37,0c
F-13	70,0a	5,7b	F-48	82,5a	4,6b	13,8c
F-14	60,0a	44,3a	F-49	75,0a	62,0a	82,1b
F-15	67,5a	19,4b	F-50	82,5a	5,3b	19,5c
F-16	60,0a	17,0b	F-51	95,0a	72,4a	95,9a
F-17	70,0a	8,3b	F-52	90,0a	8,8b	45,7b
F-18	75,0a	8,5b	F-53	92,5a	17,7b	60,9b
F-19	80,0a	24,4b	F-54	85,0a	23,5b	24,3c
F-20	80,0a	4,5b	F-55	62,5a	7,0b	7,1c
F-21	77,5a	10,9b	F-56	72,5a	8,7b	29,3c
F-22	72,5a	10,7b	F-57	72,5a	9,2b	15,5c
F-23	65,0a	5,8b	F-58	57,5a	8,2b	24,3c
F-24	57,5a	6,3b	F-59	85,0a	15,4b	89,1a
F-25	57,5a	5,4b	F-60	85,0a	10,1b	60,8b
F-26	60,0a	66,8a	F-61	50,0a	3,6b	11,5c
F-27	25,0b	14,8b	F-62	27,5b	2,2b	10,0c
F-28	32,5b	32,6a	F-63	37,5b	10,5b	21,2c
F-29	22,5b	5,5b	F-64	37,5b	17,2b	6,9c
F-30	30,0b	11,3b	F-65	2,5b	5,9b	1,6c
F-31	37,5b	48,0a	F-66	7,5b	36,5a	54,6b
F-32	25,0b	15,2b	F-67	12,5b	6,8b	4,3c
F-33	30,0b	64,3a	F-68	17,5b	9,8b	13,6c
F-34	20,0b	40,6a	F-69	5,0b	15,5b	11,2c
F-35	17,5b	55,6a	F-70	20,0b	28,3b	44,7b

<sup>1</sup>Médias seguidas pela mesma letra, em cada coluna, pertencem a uma mesma classe, de acordo com o teste de Scott-Knott ( $P < 0,05$ ).

Em todo o caso os resultados apresentados são muito importantes, uma vez que nenhum estudo dessa natureza havia sido conduzido para a cultura da fava com um número tão expressivo de genótipos. Porém, no caso do feijoeiro (espécie muito relacionada com a fava) a busca por fontes de resistência a *Begomovirus* tem sido infrutífera (Faria; Zimmermam, 1988; Faria; Yokoiana, 2008).

Caso seja confirmada a resistência em alguns genótipos de fava essa característica poderá ser transferida também para o feijoeiro, uma vez que cruzamentos entre essas duas espécies podem resultar em plantas viáveis, desde que se utilize a técnica de resgate e embriões.

A comparação das médias de produção de plantas doentes e sadias revelou uma redução de mais de 35% na produção, estando em consonância com aquelas verificadas em nível de campo para a cultura do feijoeiro (Garrido-Ramirez et al., 2000; Aragão; Faria, 2000). Esses dados constituem o primeiro relato de perdas ocasionadas por *Begomovirus* na cultura da fava no Brasil e evidenciam a importância econômica do mosaico dourado, justificando ainda mais à busca pela resistência genética.

Amostras analisadas confirmaram a presença de Begomovirus nas plantas (Figura 3).

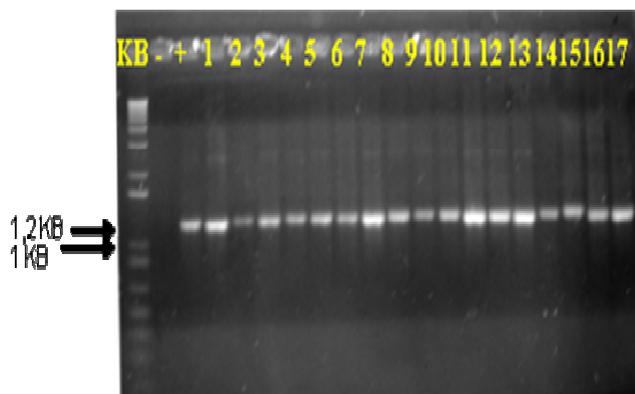


Figura 3. Presença de Begomovirus nas amostras

## **5.0 CONCLUSÃO**

Os acessos que apresentaram as menores incidências do mosaico dourado podem constituir importantes fontes de resistência ao BGMV, não só para a cultura da fava, como também para o feijoeiro.

Esses acessos foram selecionados para as próximas avaliações a serem realizadas em campo e em casa-de-vegetação, para confirmar sua resistência.

## 6.0 REFERÊNCIAS

ALMEIDA, L. D.; PEREIRA, J. C. V. N. A. S.; RONZELLI JÚNIOR, P.; COSTA, A. S. In: CONGRESSO PAULISTA DE FITOPATOLOGIA, Avaliação de perdas causadas pelo mosaico dourado do feijoeiro em condições de campo. Campinas, **Anais...** p. 30. 1979.

ARAGÃO, F.J.L.; FARIA, J.C. Obtenção de feijoeiro resistente ao vírus do mosaico dourado. Embrapa Recursos genéticos e Biotecnologia e Embrapa Arroz e Feijão (Trabalho). Brasília, 13 p, 2004. (Disponível em: [www.cnpaf.embrapa.br](http://www.cnpaf.embrapa.br), acesso 06 Julho de 2010).

BROWN, J. K.; BIRD, J. Whitefly-transmitted Geminiviruses and associated disorders in the Americas and the Caribbean Basin. **Plant Disease**, v.76, n.3, p.220-225, 1992.

BROWN, J. K.; IDRIS, A. M.; FLETCHER, D. C. *Sinaloa tomato leaf curl virus*, a newly described geminivirus of tomato and pepper in west coastal Mexico. **Plant Disease**, v. 77, p. 1262, 1993.

BROWN, J. K. **The biology and molecular epidemiology of the Geminiviridae subgroup III**. G. STACEY and N. T. KEEN, Eds. Plant Microbe Interactions. New York. ITP. v.2, p. 125-195, 1997.

CASTINEIRAS, L. Variabilidad de la semilla de *Phaseolus lunatus* L. en Cuba. **Revista del Jardín Botánico Nacional**. v.12, p.109-114, 1991.

COSTA, A. S. Three whitefly-transmitted virus diseases of beans in São Paulo, Brazil. **Plant Protection Bulletin**. v.13, p.121-130, 1965.

COSTA, C. L.; CUPERTINO, F. P. Avaliação das perdas na produção do feijoeiro causados pelo vírus do mosaico dourado. **Fitopatologia Brasileira**, v.1, p.19-25, 1976.

DAVIES, J. W.; STANLEY, J. Geminivirus genes and vectors. **Trends Genet.** v. 5, p. 77-81, 1989.

DHAR, A. K.; SINGH, R. P. Geminivirus. In: SINGH, U. S.; SINGH, R. P.; KHOMOTO, K. (Eds). Pathogenesis and host specificity in plant diseases. Virus & Viroids. St. Paul: **APS Press**, p.289-309, 1995.

FARIA, J. C.; BEZERRA, I. C.; ZERBINI, F. M.; RIBEIRO, S. G.; LIMA, M. F. Situação atual das geminiviroses no Brasil. **Fitopatologia Brasileira**. v. 25, p.125-137, 2000.

FARIA, J. C. E ZERBINI, F. M. Família *Geminiviridae*: Taxonomia, replicação e movimento. In: (Luz, W. C; Fernandes, J. M; Prestes, A. M; e Picinini, E. C.) **Revisão Anual de Patologia de Plantas**. Passo Fundo: RAPP, 2000. v. 8, p. 27-57. 2000.

FARIA, J. C.; MAXWELL, D. P. Variability in geminivirus isolates associated with *Phaseolus* spp. in Brazil. **Phytopathology**. v. 89, p. 262-268, 1999.

FARIA, J. C.; OLIVEIRA, M. N.; YOKOYAMA, M. Resposta comparativa de genótipos de feijoeiro à inoculação com o vírus-do-mosaico-dourado no estágio de plântula. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 19, n. 4, p. 566-572, 1994.

FARIA, J. C.; ANJOS, J. R. N.; COSTA, A. F.; SPERÂNDIO, C. A.; COSTA, C. L. Doenças causadas por vírus e seu controle. In: ARAÚJO, R.S.; RAVA, C.A.; ZIMMERMANN, M.J.O. (Org.). **Cultura do feijoeiro comum no Brasil**. Piracicaba, SP, v. 1, p. 731-769, 1996.

FARIA, J. C. Doenças causadas por vírus. In: ZIMMERMANN, M. J. O.; ROCHA, M.; YAMADA, T. (Ed.). **Cultura do feijoeiro: fatores que afetam a produtividade**. Piracicaba: Associação Brasileira para Pesquisa da Potassa e do Fosfato. p. 547-572, 1988.

FARIA, J. C.; ZIMMERMANN, M. J. O. Controle do mosaico dourado do feijoeiro pela resistência varietal e inseticidas. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 13, p. 32-35, 1988.

FARIA, J. C.; GILBERTSON, R. L., HANSON, S. F., MORALES, F. J.; AHLQUIST, P. G.; LONIELLO, A. O., MAXWELL, D. P. *Bean golden mosaic virus* Type II isolates from Dominican Republic and the Guatemala: Nucleotides sequences, infectious pseudorecombinants, and phylogenetic relationships. **Phytopathology**. v.84, p. 321-329, 1994.

FERNANDES, J. J. **Caracterização e diversidade genética de geminivírus associados ao tomateiro na região do Triângulo Mineiro**. Viçosa, 2001. Tese (Doutorado em Fitopatologia). 163f. Universidade Federal de Viçosa, 2001.

FRANÇA, F.H.; VILLAS BÔAS, G.L. BRANCO, M.C; MEDEIROS, M.A. Manejo integrado de pragas. In: **Tomate para processamento industrial**, Brasília: Embrapa Comunicação para Transferência de Tecnologia, Embrapa Hortaliças, p.168, 2000.

FREITAS-ASTÚA, J.; PURCIFULL, D. E.; POLSTON, J. E.; HIEBERT, E. Traditional and transgenic strategies for controlling tomato-infecting begomoviruses. **Fitopatologia Brasileira**, v.27, p.437-449, 2002.

FLORES; SIBERSCHMIDT, K. Observations on a mosaic disease of *Leonurus sibiricus* occurring spontaneously in São Paulo. **Phytopathology**, v 43, p. 221-33, 1962.

GÁLVEZ, G. E.; MORALES, F. J. Witefly-transmitted viruses. In : SCHWARTZ, H.F.; PASTOR-CORRALES, M. A. (Ed.) **Bean production problems in the tropics**. 2 ed. Cali, CIAT, p.379-406, 1989.

GARCIA-ARENAL, F.; FRAILE, A.; MALPICA, J.M. Variation and evolution of plant virus populations. **International Microbiology**, v.6, p.225-232, 2003.

GARRIDO-RAMIREZ, E. R.; SUDARSHANA, M. R., GILBERTSON, R. L. *Bean golden yellow mosaic virus* from Chiapas, México: Characterization pseudorecombination with

other bean-infecting geminiviruses and germoplasm screening. **Phytopathology**. v. 90, p. 1224-1232, 2000.

GILBERTSON, R. L.; HOU, Y. M.; GRIECO, P. D.; NOUEIRY, A. Análise molecular do movimento de vírus nas plantas. **Revisão Anual de Patologia de Plantas**, v.1, 1993b.

GHANIM, M.; MORIN, S.; ZEIDAN, M., CZOSNEK, H. Evidence for transovarial transmission of *Tomato yellow leaf curl virus*. **Virology**. v. 240, p.295-303, 1998.

HAJI, F. N. P.; MATTOS, M. A. A.; ALENCAR, J. A.; BARBOSA, F. R.; MOREIRA, A. N. Aspectos biológicos, danos e estratégias de controle da mosca branca. Petrolina: EMBRAPA-CPATSA. p 32, 2000. (EMBRAPA-CPATSA. Circular Técnica, 55).

HANLEY-BROWDOIN, L.; SETTLAGE, S. B.; OROZCO, B. M.; NAGAR, S.; ROBERTSON, D. Geminivirus: Models for plant DNA replication, transcription, and cell cycle regulation. *Critical Reviews in Plant Sciences*, v.18, p.71-106. 1999.

HILL, J. E.; STRANDBERG, J. O.; HIEBERT, E; LAZAROWITZ, S. G. Asymmetric infectivity of pseudorecombinants of cabbage leaf curl virus and squash leaf curl virus: Implications for bipartite geminivirus evolution and movement. **Virology**, v.250, p.283-292, 1998.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. SIDRA 06: sistema IBGE de recuperação automática. Rio de Janeiro: Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística, 2007. Disponível em: <<http://www.sidra.ibge.gov.br>>. Acesso em: 27 jan. 2009.

KIM, K S.; SHOCK T.L.; GOODMAN, R. M. Infection of *Phaseolus vulgaris* by *Bean golden mosaic virus*: ultrastructural aspects. **Virology**, v. 89, p. 22-33, 1978.

LAZAROWITZ, S. G. geminiviruses: Genome structure and gene function. **Critical reviews in Plant sciences**, v.11, p.327-349, 1992.

LEWIS, G. P.; SCHRIRE, B. D.; MACKINDER, B.A.; LOCK, J.M. **Legumes of the world**, Royal Botanic Gardens, Kew, United Kingdom, 2003.

LOPES, A. C. P. A.; BARROS, M. C. S.; SILVA, S. J. C.; ASSUNÇÃO, I. P. LIMA, G. S. A.; DENISE SILVA, D. M. W. RAMALHO NETO, C. E. Ocorrência de *Begomovirus* em fava no Estado de Alagoas. Anais: VII Reunião Nacional da SBBp E 2<sup>nd</sup> International Symposium in Biochemistry of Macromolecules and Biotechnology – SBBp, Recife: Sociedade Brasileira de Bioquímica e Biologia Molecular/ Secretaria Regional de Pernambuco, UFPE, período 17 a 19/11/2004, p. 62.

LYMMAN, J.M. Adaptation studies on lima bean accessions in Colombia. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 108, n.3, p. 369-373, 1983.

MAYO, M. A., PRINGLE, C. R. Virus taxonomy: **Journal of General Virology**, v.79, p.649-657, 1997.

McCLEAN, P.; KAMU, J.; GEPTS, P. Genomics and genetic diversity in common bean. In: *Legume Crop Genomics*, AOCS Press, Champaign, Illinois. Cap. 4, p. 61-82, 2005.

MEHTA, P.; WYMAN, J.A.; NAKHLA, M.K.; MAXWELL, D.P. Transmission of *Tomato Yellow Leaf Curl virus* by *Bemisia tabaci* (Homoptera: Aleyrodidae). **Journal of Economic Entomology**, v. 87, p.1291-1297,1994.

MELO, P. C. T. Mosca branca ameaça produção de hortaliças. Campinas, SP, Brazil: As grow do Brasil Sementes Ltda. **Technical Bulletin**, 1992.

MORIN, S.; GHANIM, M; ZEIDAN, M; CZOSNEK, H; VERBEEK, M.; VAN DEN HEUVELT, F. J. M. A Groel homologue from endosymbiotic bacteria of the whitefly *Bemisia tabaci* is implicated in the circulative transmission of *Tomato yellow leaf curl virus*. **Virology**, v. 256, p. 75-84, 1999.

PAIVA, F. A.; GOULART, A. C. P. Flutuação populacional da mosca-branca e incidência do mosaico dourado do feijoeiro em Dourados, MS. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 20, n. 2, p. 199-202, 1995.

PAPLOMATAS, E. J.; PATEL, V. P.; HOU, Y. M.; NOUEIRY, A. O; GILBERTSON, R. L. Molecular characterization of a new sap-transmissible bipartite genome geminivirus infecting tomatoes in Mexico. **Phytopathology**, v.84, p.1215-1224, 1994.

POLSTON, J. E.; ANDERSON, P. K. The emergence of whitefly-transmitted Geminiviruses in tomato in the western hemisphere. *Plant Disease*, v.81, p.1358-1369, 1997. RODRIGUES, F. de Á.; BORGES, A. C. F.; SANTOS, M. R. dos; FERNANDES, J. J.; FREITAS JÚNIOR, A. de. Flutuação populacional da mosca-branca e a incidência de mosaico dourado em feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 32, n. 10, p. 1023-1027, 1997.

RODRIGUES, F. de Á.; BORGES, A. C. F.; SANTOS, M. R. dos; FERNANDES, J. J.; FREITAS JÚNIOR, A. de. Flutuação populacional da mosca-branca e a incidência de mosaico dourado em feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 32, p. 1023-1027, 1997.

SEAL, S.E., JEGER, M. J.; VAN DEN BOSCH, F. Begomovirus evolution and disease management. *Advances in Virus Research*, v.67, p. 297-316. 2006.

SANTOS, D. CORLETT, F. M. F; MENDES, J. E. M. F.; WANDERLEY JÚNIOR, J.S.A. Produtividade e morfologia de vagens e sementes de variedades de fava no Estado da Paraíba. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, p. 1407-1412, 2002.

SILVA, S. J. C. Detecção, caracterização molecular e diversidade genética de *begomovirus* que infectam fava (*phaseolus lunatus* L.). Universidade Federal de Alagoas, 87p. 2006.

SHAFFER, R. L.; MILLER, C. G.; PETTY, I. T. 1995. **Virus and host specific adaptations in the BL1 genes of bipartite geminiviruses**. *Virology* v. 214, p. 49-77.

STANLEY, J., BISARO, D. M., BRIDDON, R.W., BROWN, J. K., FAUQUET, C. M., HARRISSON, B. D., RYBICK, E. P.; STENGER, D. C. Family *Geminiviridae*. In: FAUQUET, C.M., MAYO, M.A., MANILOFF, J., DESSELBERGER, U. & BALL, L.A. (Ed.). *Virus Taxonomy. Eighth Report of the International Committee on Taxonomy of Viruses*. San Diego: Elsevier Academic Press. p. 301-326. 2005.

TIMMERMANS, M. C. P.; DAS, O. P.; MESSING, J. Geminiviruses and their uses as extrachromosomal replicons. **Annual Review of Plant Physiology and Plant Molecular Biology**, v. 45, p. 79-112, 1994.

VICENTE, M.; KANTHACK, R. D.; NORONHA, A. B.; STRADIOTO, M. F. S. Incidência do mosaico dourado em feijoeiros cultivados em duas épocas de plantio na região de Presidente Prudente. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 13, n. 4, p. 373-376, 1988.

VIEIRA, C. Leguminosas de grãos: importância econômica na agricultura e na alimentação humana. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 16, n. 174, p. 5-11, 1992.

VILLAS-BÔAS, G. L.; FRANÇA, F.H.; ÁVILA, A.C.; BEZERRA, I.C. Manejo Integrado da Mosca Branca, *Bemisia argentifolii*. Brasília. EMBRAPA-CNPq. Circular Técnica, n.9, 1997.

ZIMMERMANN, M. J.O.; TEIXEIRA, M. G. Origem e evolução. In: ARAÚJO, R. S.; RAVA, C. A.; STONE, L. F.; ZIMMERMANN, M. J.O. (Coord.). **Cultura do feijoeiro comum no Brasil**. Piracicaba: Potafos, p. 57-70, 1996.

YAGUIU, A.; MACHADO-NETO, N.B.; CARDOSO, V.J.M. Grouping of Brazilian accesses of lima beans (*Phaseolus lunatus* L.) according to SDS-PAGE patterns and morphological characters. **Acta Scientiarum Agronomy**. Maringá, v. 25, n. 1, p. 7-12, 2003.

## 7.0 ANEXO

**Tabela 3 - Resumo da análise de variância, em blocos ao acaso de características avaliadas em acessos de feijão fava (*Phaseolus lunatus*). Rio Largo-AL. - UFAL, 2010.**

Fontes de Variação	GL	Quadrados Médios			
		PD%	PS%	PPD	PPS
Acessos	69	1107,08*	1121,57*	654,30**	1468,83**
QM Resíduos		656,42	700,56	197,83	289,33
CV%		45,18	59,19	70,40	54,69

\*, \*\*: Significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste F de Snedecor; PD: % de plantas doentes;

PS: % de plantas sadias; PPD: produção de plantas doentes em g; PPS: produção de plantas sadias em g.

**Tabela 4 - Resumo mensal e anual de temperatura, umidade relativa do ar e precipitação, estação agro meteorológica, Rio Largo - AL, CECA/UFAL Ano de 2009.**

	Jan.	fev.	Mar	Abr.	Mai	Jun.	Jul.	Ago.	Set	Out.	Nov.	Dez	<sup>2</sup> Média
<sup>1</sup> Temp. 0c	26,3	25,7	26,2	26,1	24,4	23,5	22,9	22,6	23,7	23,3	23,5	26,0	24,52
<sup>1</sup> Umidade %	78,2	83,3	83,6	85,4	92,5	91,7	90,7	90,9	86,1	80,0	79,6	81,8	85,32
<sup>1</sup> Precip. mm	44,7	219,2	161	224	453	268	168	245	53,8	5,3	68,6	41,7	148,8

<sup>1</sup>Dados médios mensais de temperatura, umidade e precipitação.

<sup>2</sup>Médias anual de temperatura, umidade e precipitação.