

RESSALVA

Atendendo solicitação do(a) autor(a), o texto completo desta tese/dissertação será disponibilizado somente a partir de 16/06/2022.

LUÍS FERNANDO MARANHO WATANABE

**DINÂMICA COMPETITIVA DE MOSCAS BRANCAS EM DIFERENTES
HOSPEDEIROS E OCORRÊNCIA DO CASSAVA COMMON MOSAIC VIRUS EM
MANDIOCA**

BOTUCATU

2020

LUÍS FERNANDO MARANHO WATANABE

**DINÂMICA COMPETITIVA DE MOSCAS BRANCAS EM DIFERENTES
HOSPEDEIROS E OCORRÊNCIA DO CASSAVA COMMON MOSAIC VIRUS EM
MANDIOCA**

Tese apresentada à Faculdade de Ciências Agronômicas da Unesp Campus de Botucatu, para obtenção do título de Doutor em Agronomia Proteção de Plantas.

Orientadora: Prof^a. Dr^a. Renate Krause Sakate

BOTUCATU

2020

W324d	<p>Watanabe, Luís Fernando Maranhão</p> <p>Dinâmica competitiva de moscas brancas em diferentes hospedeiros e ocorrência do cassava common mosaic virus em mandioca / Luís Fernando Maranhão Watanabe. -- Botucatu, 2020</p> <p>89 p.</p> <p>Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista (Unesp), Faculdade de Ciências Agrônômicas, Botucatu</p> <p>Orientadora: Renate Krause-Sakate</p> <p>1. Mosca-branca. 2. Performance, competitividade, transmissão de vírus. 3. Mandioca: Levantamento e variabilidade de vírus. 4. Fitopatologia. 5. Proteção de Plantas. I. Título.</p>
-------	--

Sistema de geração automática de fichas catalográficas da Unesp. Biblioteca da Faculdade de Ciências Agrônômicas, Botucatu. Dados fornecidos pelo autor(a).

Essa ficha não pode ser modificada.

**CERTIFICADO DE
APROVAÇÃO**

Título: DINÂMICA COMPETITIVA DE MOSCAS BRANCAS EM DIFERENTES HOSPEDEIROS E OCORRÊNCIA DO CASSAVA COMMON MOSAIC VÍRUS EM MANDIOCA.

AUTOR: LUÍS FERNANDO MARANHO WATANABE

ORIENTADORA: RENATE KRAUSE SAKATE

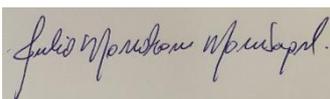
Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de Doutor em AGRONOMIA (PROTEÇÃO DE PLANTAS), pela Comissão Examinadora:



Prof.^a Dr.^a RENATE KRAUSE SAKATE (Participação Virtual)
Proteção Vegetal / Faculdade de Ciências Agrônômicas de Botucatu - UNESP



Prof.^a Dr.^a REGIANE CRISTINA OLIVEIRA DE FREITAS BUENO (Participação Virtual) Proteção Vegetal / Faculdade de Ciências Agrônômicas de Botucatu - UNESP



Dr. JULIO MASSAHARU MARUBAYASHI (Participação Virtual)



Prof. Dr. BRUNO ROSSITTO DE MARCHI (Participação Virtual) Research & Education Center / University of Florida Gulf Coast



Pesquisadora Dr.^a CRISTIANE MÜLLER (Participação Virtual) Entomologia / Corteva Agriscience

Botucatu, 16 de dezembro de 2020.

Aos meus queridos e amados pais,

Isabel e João,

Dedico

AGRADECIMENTOS

A Deus.

Aos meus pais, Isabel Maranhão Watanabe e João Mikió Watanabe, e à minha irmã Ana Paula Maranhão Watanabe, pelo amor e carinho incondicionais, apoio, incentivo, conselhos e por sempre estarem ao meu lado em todos os momentos.

À Professora Doutora Renate Krause Sakate, pela orientação, confiança, amizade, ensinamentos, apoio e incentivo que me forneceu durante todo o período da minha formação acadêmica.

Aos meus amigos de laboratório e de departamento Felipe Barreto da Silva, Vinicius Henrique Bello, Eduardo Silva Gorayeb, Marcos Roberto Ribeiro Junior, Daniele Nascimento, Juliana Uzan, Angélica Maria Nogueira, Julio Massaharu Marubayashi, Eduardo Vicentin, Leonardo Hipólito Dovigo, Flávio Nunes da Silva, Guilherme Augusto Gotardi e Daniel de Lima Alvarez por todos os momentos de ajuda, conversas, desabafos, momentos de descontração, pela amizade, que não serão esquecidos jamais.

À Júlia Carolina de Barros, minha namorada, pelo amor, amizade e companheirismo, por me apoiar e confiar sempre em mim, e me dar forças em todos os momentos.

To Dr. Francisco Ochoa-Corona for the support, confidence, friendship, patience, and teachings during my Ph.D. sandwich at Oklahoma State University (OSU), Stillwater.

To the researcher Andrés and to my friends from OSU Liz, Andrea, Patrick and Felipe for the friendship, support, lunches, and all moments spent together.

À família brasileira que tive durante o doutorado sanduíche em Stillwater, em especial ao Sr. Rolf e Sra. Bia, por me incluírem nesse grupo, e aos meus amigos Leonardo, João Arthur, Evandro, João Luís e Olívia pelos momentos de descontração, conversas, amizade e por me acolherem tão bem.

To my housemates Jun and Saad for the opportunity to share experiences in living together and for the conversations.

Aos Pesquisadores e Professores que me ajudaram muito durante todo meu ciclo acadêmico e que serão sempre lembrados com carinho: Bruno Rossitto de Marchi, Regiane C. F. Bueno, Cristiane Müller, Carlos Gilberto Raetano, Jorge Alberto Marques Rezende, Edson Luiz Lopes Baldin, Antônio Carlos Maringoni, Marcelo Agenor Pavan, Valdir Atsushi Yuki

A todos os funcionários da UNESP Botucatu e da Oklahoma State University.

À CAPES, pelo financiamento da minha bolsa de doutorado no Brasil e de doutorado sanduíche PDSE nos EUA.

RESUMO

As moscas-brancas causam danos diretos através da sucção de seiva do floema e danos indiretos, relacionados à secreção de “*honeydew*” e à transmissão de vírus. Entre as espécies presentes no Brasil, o complexo *Bemisia tabaci*, o qual inclui as espécies crípticas MEAM1, MED e do grupo NW, bem como a espécie *Trialeurodes vaporariorum* são as mais importantes. Atualmente, MEAM1 e MED possuem maior destaque no cenário brasileiro por serem altamente polífagas, possuírem alta capacidade adaptativa e de dispersão. Por isso, compreender o desempenho e a habilidade competitiva dessas duas espécies nas principais plantas cultivadas no Brasil é de fundamental valor. As moscas-brancas também são vetores de diversos vírus, incluindo o crinivirus tomato chlorosis virus (ToCV). As espécies MED, MEAM1, NW e *T. vaporariorum* são vetores desse vírus. Por *T. vaporariorum* ser mais comum em locais de temperaturas mais amenas e ser menos encontrada, poucos estudos acabam sendo realizados com essa mosca-branca envolvendo o ToCV, não havendo informação de como o vírus age sobre o inseto quanto ao desempenho. O potexvirus cassava common mosaic virus (CsCMV) é o principal vírus em mandioca reportado no Brasil. Até hoje, porém, não há informação sobre a incidência no Estado de São Paulo, sobre a variabilidade dos diferentes isolados presentes, nem sobre uma comparação dos genomas presentes no banco de dados. Sendo assim, esta tese traz, no Capítulo 1 dados sobre a performance e competitividade entre MEAM1 e MED em soja, algodão, feijão, tomate e pimentão, onde MEAM1 é mais adaptada ao tomateiro, MED é mais adaptada ao pimentão e ao feijoeiro e, no caso de soja e algodão, ambas aparentam se adaptar de forma semelhante; no Capítulo 2, dados sobre a performance de MEAM1 e *T. vaporariorum* em tomateiros sadios e infectados por ToCV, bem como a eficiência de transmissão de cada vetor para esse vírus, onde o vírus influencia negativamente ambas as espécies, porém mais gravemente MEAM1. E que MEAM1 é melhor vetor de ToCV; no Capítulo 3, um levantamento sobre a incidência do CsCMV no campo, assim como a variabilidade do genoma completo de um isolado brasileiro entre os isolados presentes no GenBank e; no Capítulo 4, descrição dos trabalhos realizados durante o intercâmbio na Oklahoma State University, Stillwater, nos Estados Unidos.

Palavras-chave: *Bemisia tabaci*. *Trialeurodes vaporariorum*. Soja. Algodão. Feijão. Tomate. Pimentão. RdRp. CP. Genoma completo

ABSTRACT

Whiteflies cause direct damage by sucking phloem sap and indirect damage, related to the secretion of “honeydew” and virus transmission. Among the species present in Brazil, the most important are the *Bemisia tabaci* complex, which includes the cryptic species MEAM1, MED and NW group as well as the species *Trialeurodes vaporariorum*. Currently MEAM1 and MED are more prominent in the Brazilian scenario because they are polyphagous and have an adaptive and dispersion capacity. Therefore, understanding the performance and competitive ability of these two species in the main crops grown in Brazil is of essential. Whiteflies are also vectors of several viruses, including the crinivirus tomato chlorosis virus (ToCV). The species MED, MEAM1, NW and *T. vaporariorum* are vectors of this virus. For being more common in places with milder temperatures and being less found, few studies have been performed with this relationship *T. vaporariorum* and ToCV, having a lack of information about the performance. The potexvirus cassava common mosaic virus (CsCMV) is the main cassava virus reported in Brazil. To date, however, there is no information on its incidence in São Paulo State, and the variability of the different isolates present. Therefore, this thesis brings, in Chapter 1, data of the performance and competitiveness between MEAM1 and MED in soybean, cotton, bean, tomato and pepper, where MEAM1 is more adapted to tomato, MED is more adapted to pepper and bean and, both seem to adapt similarly for soybean and cotton; in Chapter 2, data on the performance of MEAM1 and *T. vaporariorum* on healthy and ToCV-infected tomatoes, as well as the transmission efficiency of each vector for this virus, where MEAM1 is more negatively affected by ToCV than *T. vaporariorum*, but it is more efficient as a vector; in Chapter 3, high incidence of CsCMV in the field, as well as the variability of the complete genome of a Brazilian isolate among the isolates present on GenBank; and in Chapter 4, the description of the works performed during the PhD Sandwich at Oklahoma State University, Stillwater, USA.

Keywords: *Bemisia tabaci*. *Trialeurodes vaporariorum*. Soybean. Cotton. Common bean. Tomato. Sweet pepper. RdRp. CP. Complete genome

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

CAPÍTULO 1

Figure 1 – Number of adults emerged for MEAM1 and MED per day on each host plant.....35

Figure 2 – Competitive displacement between MEAM1 and MED on each host plant.....36

CAPÍTULO 2

Figure 1 – Number of adults emerged of *Trialeurodes vaporariorum* and *Bemisia tabaci* MEAM1 on ToCV-infected and healthy tomato over fourteen days.....53

Figure 2 – (a) Development time. (b) Survival rate of *Trialeurodes vaporariorum* and *Bemisia tabaci* MEAM1 on healthy and ToCV-infected tomato. In each panel, means followed by different uppercase letters are significantly different for *T. vaporariorum* vs. MEAM1 on healthy tomato plants ($p < 0.05$); means followed by different lowercase letters are significantly different for *T. vaporariorum* vs. MEAM1 on ToCV-infected tomato plants ($p < 0.05$); asterisk indicates a significant difference for *T. vaporariorum* or MEAM1 on healthy vs. ToCV-infected tomatoes plants; and n.s. indicates no significance for *T. vaporariorum* or MEAM1 on healthy vs. ToCV-infected tomatoes plants ($p < 0.05$).....54

Figure 3 – Efficiency of transmission of ToCV by *Trialeurodes vaporariorum* and *Bemisia tabaci* MEAM1. The results show the percentage of infected plants (infected plants/total number of plants tested) 30 days after the inoculation. Means followed by different letters indicate significant difference between treatments ($p < 0.01$).....55

CAPÍTULO 3

Figure 1 – Map of the regions where cassava plants were collected for investigating the incidence of the CsCMV.....71

Figure 2 – Symptoms of mosaic from cassava plants naturally infected by the CsCMV in the field in São Paulo State.....	73
Figure 3A – Phylogenetic tree based on the complete genome of different CsCMV isolates available in GenBank using Bayesian analysis (Mr. Bayes V.3.2.2, 10 million generations). Potato virus X (PVX) was added as outgroup.....	75
Figure 3B – Phylogenetic tree based on RdRp gene of different CsCMV isolates available in GenBank using Bayesian analysis (Mr. Bayes V.3.2.2, 10 million generations). Potato virus X (PVX) was added as outgroup.....	76
Figure 3C – Phylogenetic tree based on CP gene of different CsCMV isolates available in GenBank using Bayesian analysis (Mr. Bayes V.3.2.2, 10 million generations). Potato virus X (PVX) was added as outgroup.....	77
Figure 4 – Genome pairwise identity based on complete sequence of different CsCMV isolates available in GenBank using SDT v1.2.....	78

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO 1

Table 1 – Performance evaluation of MEAM1 vs MED on each host plants.....	34
Table 2 – Performance evaluation of host plants for MEAM1.....	34
Table 3 – Performance evaluation of host plants for MED.....	34

CAPÍTULO 2

Table 1 – Mean number of eggs of whiteflies species on healthy and ToCV-infected tomatoes.....	52
Table 2 – Mean egg hatch rate of two whitefly species on healthy and ToCV-infected tomatoes.....	52
Table 3 – Mean number of adults emerged of two whiteflies species on healthy and ToCV-infected tomatoes.....	53

CAPÍTULO 3

Table 1 – Survey of cassava plants in São Paulo State for CsCMV detection.....	72
--	----

LISTA DE ABREVIATURA E SIGLAS

CP	Coat protein
CsCMV	Cassava common mosaic virus
ICTV	International Committee on Taxonomy of Viruses
MEAM1	Middle East-Asia Minor 1
MED	Mediterranean
mtCOI	mitochondrial cytochrome oxidase I
NW	New World
RdRp	RNA dependent RNA polymerase
ToCV	Tomato chlorosis virus

SUMÁRIO

INTRODUÇÃO GERAL	21
CAPÍTULO 1 – Performance and competitive displacement of <i>Bemisia tabaci</i> MEAM1 and MED cryptic species on different host plants	27
1.1 INTRODUCTION	29
1.2 MATERIALS & METHODS.....	30
1.2.1 Whitefly colonies, identification and host plants	30
1.2.2 Whitefly performance on different host plants	31
1.2.3 Competitive displacement between MEAM1 and MED	31
1.2.4 Data analysis.....	32
1.3 RESULTS.....	32
1.3.1 Performance of MEAM1 and MED on different host plants	32
1.3.1.1 Number of eggs laid	32
1.3.1.2 Hatchability.....	32
1.3.1.3 Number of adults emerged.....	33
1.3.1.4 Survival rate	33
1.3.1.5 Development time	33
1.3.1.6 Emergence of adults per day.....	35
1.3.2 Competitive displacement between MEAM1 and MED	35
1.4 DISCUSSION	36
1.5 REFERENCES.....	40
CAPÍTULO 2 – Performance of <i>Bemisia tabaci</i> MEAM1 and <i>Trialeurodes vaporariorum</i> on <i>Tomato chlorosis virus</i> (ToCV) infected plants	46
2.1 INTRODUCTION	48
2.2 MATERIALS AND METHODS.....	49
2.2.1 Whitefly colonies and identification.....	49
2.2.2 Obtaining the ToCV isolate.....	50
2.2.3 Whitefly performance on ToCV-infected and healthy tomatoes.....	50
2.2.4 Tomato chlorosis virus transmission assays	51
2.2.5 Data analysis.....	51
2.3 RESULTS.....	51
2.3.1 Whitefly performance on ToCV-infected and healthy tomatoes.....	51
2.3.2 ToCV transmission assays.....	54
2.4 DISCUSSION	55
2.5 REFERENCES.....	58

CAPÍTULO 3 – Cassava common mosaic virus in cassava plants: assessment and distribution, and obtainment of a new Brazilian isolate in São Paulo State	66
3.1 INTRODUCTION	67
3.2 MATERIAL AND METHODS.....	69
3.2.1 Field collection and virus detection	69
3.2.2 Bayesian phylogenetic analysis of the complete genome, RdRp and cp genes of CsCMV.....	70
3.3. RESULTS	71
3.3.1 Assessments of the incidence of CsCMV in cassava plants in São Paulo state	71
3.3.3 Bayesian phylogenetic analysis of the complete genome, RdRp and CP genes of CsCMV	74
3.4 DISCUSSION.....	78
3.5 REFERENCE.....	80
CAPÍTULO 4 – Atividades Realizadas Durante o Intercâmbio na Oklahoma State University (OSU), Estados Unidos	83
CONSIDERAÇÕES FINAIS	84
REFERÊNCIAS	85

INTRODUÇÃO GERAL

O cultivo sucessivo de diversas culturas e condições de clima tropical no Brasil são favoráveis ao desenvolvimento de pragas e doenças, onde problemas fitossanitários foram se tornando cada vez mais frequentes, dos quais as moscas-brancas são de grande relevância. Dentre as moscas-brancas, o complexo *Bemisia tabaci* (Gennadius) (Hemiptera: Aleyrodidae) e a espécie *Trialeurodes vaporariorum* (Westwood) são as que possuem maior destaque. No complexo *B. tabaci* há espécies crípticas que apresentam alta polifagia, baixa suscetibilidade a inseticidas e eficiente dispersão no campo (GILBERTSON et al., 2015; KANAKALA; GHANIM; KANAKALA, S. AND GHANIM, 2019). A espécie *T. vaporariorum*, conhecida como a mosca-branca de casa de vegetação é comum em climas mais amenos e regiões de altitude (MANZANO; VAN LENTEREN, 2009).

Ambas podem ocasionar danos diretos, através da sucção de seiva do floema e indiretos através da secreção de “*honeydew*”, uma substância açucarada que pode servir de substrato para crescimento de fungo do gênero *Capnodium* sobre as folhas e frutos, prejudicando a fotossíntese e, conseqüentemente, o desenvolvimento da planta (SUEKANE et al., 2013), e pela transmissão de vírus. Entretanto, os principais prejuízos causados pelas moscas-brancas consistem na transmissão de vírus. O complexo *B. tabaci* é capaz de transmitir vírus dos gêneros *Begomovirus*, *Crinivirus*, *Carlavirus*, *Ipomovirus*, *Torradovirus* e *Polerovirus*. (COSTA et al., 2020; GHOSH et al., 2019; GILBERTSON et al., 2015; NAVAS-CASTILLO; FIALLO-OLIVÉ; SÁNCHEZ-CAMPOS, 2011), enquanto *T. vaporariorum* é vetor de vírus dos gêneros *Crinivirus* e *Torradovirus* (NAVAS-CASTILLO; FIALLO-OLIVÉ; SÁNCHEZ-CAMPOS, 2011). No Brasil, já foram relatados vírus pertencentes aos gêneros *Begomovirus*, *Crinivirus*, *Carlavirus* e *Polerovirus* (BARBOSA et al., 2008; COSTA; GASPAR; VEGA, 1983; COSTA et al., 2020; INOUE-NAGATA et al., 2016; INOUE-NAGATA; LIMA; GILBERTSON, 2016), onde as principais plantas afetadas pertencem às famílias das Solanáceas e Fabáceas.

Insetos do complexo *B. tabaci* foram, inicialmente, classificados em biótipos considerando-se características como adaptação a diferentes hospedeiros, produção de toxinas como o prateamento das folhas de aboboreira, e a transmissão de vírus (BROWN; FROHLICH; ROSELL, 1995). Mais recentemente *B. tabaci* foi considerada um complexo de espécies crípticas morfológicamente indistinguíveis (DE BARRO et

al., 2011), porém diferenciados pela análise molecular da porção do gene mitocondrial denominado *mitochondrial cytochrome oxidase subunit I* (mtCOI). As principais espécies crípticas presentes no Brasil são Middle East-Asia Minor 1 (MEAM1 ou biótipo B), Mediterranean (MED ou biótipo Q) e New World (NW ou biótipo A). A origem geográfica de MEAM1 é provavelmente a região do oriente médio, enquanto MED a região do mediterrâneo e NW as américas (novo mundo) (DE BARRO et al., 2011). Atualmente, o complexo conta com ao menos 44 espécies crípticas (KANAKALA; GHANIM; KANAKALA, S. AND GHANIM, 2019).

No Brasil, *B. tabaci* foi primeiramente reportada no estado da Bahia na década de 1920 (BONDAR, 1928). Até os anos de 1970, com a expansão da cultura da soja e consequentes surtos populacionais de mosca-branca (COSTA, 1975), este inseto era considerado praga secundária, causando poucos prejuízos e danos. Acredita-se que, até início da década de 1990, os espécimes de *B. tabaci* presentes eram os nativos das Américas, denominados de biótipo A (BROWN; FROHLICH; ROSELL, 1995) e reclassificados, através da análise do gene mtCOI, como New World 1 (NW1) e New World 2 (NW2) utilizando-se o critério de 3,5% de divergência na sequência do mtCOI (MARUBAYASHI et al., 2013). Todavia, alguns trabalhos sugerem um critério com variação de 4% (LEE et al., 2013) e de 2,48 a 4,77% (VYSKOČILOVÁ et al., 2018) de divergência na sequência do mtCOI para diferenciação de espécies, de modo que, no caso de NW1 e NW2 ambas formariam um único grupo, denominado New World (NW).

Em meados da década de 1990, o cenário de mosca-branca no Brasil foi radicalmente alterado com a introdução da *B. tabaci* MEAM1, então conhecido por biótipo B, através do comércio de plantas ornamentais no estado de São Paulo (LOURENÇÃO; NAGAI, 1994). Desde então, essa espécie se dispersou rapidamente pelo território nacional sendo importante fator na disseminação e emergência de vírus. Vírus transmitidos por mosca-branca haviam sido relatados no Brasil desde 1960 em plantas daninhas (COSTA, 1955; COSTA; BENNETT, 1950; FLORES; SILBERSCHMIDT; KRAMER, 1960), em feijoeiro como o bean golden mosaic virus (BGMV) e o cowpea mild mottle virus (CPMMV) (COSTA, 1975; COSTA; GASPAR; VEGA, 1983) e o tomato golden mosaic virus em tomateiro (TGMV) (COSTA; OLIVEIRA; SILVA, 1975; MATYIS et al., 1975). Porém a introdução de MEAM1 permitiu a emergência de ao menos 18 novas espécies de begomovirus em tomateiro (ALBUQUERQUE et al., 2012; BARBOSA et al., 2011; CASTILLO-URQUIZA et al.,

2008; FERNANDES et al., 2006; INOUE-NAGATA et al., 2016; INOUE-NAGATA; LIMA; GILBERTSON, 2016; MACEDO et al., 2018; QUADROS et al., 2019; RIBEIRO et al., 2003; ROCHA et al., 2013), do crinivirus tomato chlorosis virus (ToCV) em tomateiro, pimentão e batateira (BARBOSA et al., 2008; BARBOSA; TEIXEIRA; REZENDE, 2010; FREITAS et al., 2012), além da transmissão do CPMMV para a soja (ALMEIDA et al., 2003) e BGMV em feijoeiro (INOUE-NAGATA et al., 2016).

Duas décadas mais tarde, a espécie críptica MED, também conhecida por biótipo Q, foi relatada pela primeira vez no Rio Grande do Sul, próxima à fronteira com o Uruguai (BARBOSA et al., 2015) e posteriormente, uma segunda introdução de MED foi reportada no estado de São Paulo, provavelmente associada ao comércio de plantas ornamentais (MORAES et al., 2017). A partir de então, MED se disseminou rapidamente ao longo da região sul e sudeste do país, tornando-se preocupante em várias áreas produtoras de hortaliças e plantas ornamentais (DE MORAES et al., 2018). No estado de São Paulo e no Paraná, algumas áreas comerciais de hortaliças, apresentaram altas infestações desta espécie, comprometendo a produção em estufas (BELLO et al., 2020). Além disso, também houve o primeiro relato de ToCV infectando pepino associado à MED (BELLO et al., 2019).

Atualmente, MEAM1 ainda é considerada a espécie predominante de mosca-branca presente no país (DE MORAES et al., 2018), porém, MED vem se destacando e se disseminando de forma acelerada, especialmente em hortaliças. Diante disso, tornou-se importante compreender o comportamento, com estudos de desempenho e habilidade competitiva de MED e MEAM1 em culturas de importância agrícola no país, como o feijoeiro, soja, algodão e hortaliças como pimentão e tomateiro.

Por outro lado, a espécie *T. vaporariorum* é encontrada no Brasil em regiões de elevadas altitudes e/ou em regiões de temperaturas mais amenas, como é o caso da região Sul e parte da região Sudeste do país (DE MORAES et al., 2018). Apesar de sua presença estar associada frequentemente a casas de vegetação, surtos populacionais de *T. vaporariorum* já ocorreram em campos no Brasil (LOURENÇÃO et al., 2008).

Pelo fato de ambos, o complexo *B. tabaci* e *T. vaporariorum* transmitirem o ToCV, esse vírus vem ganhando um destaque importante desde seu relato. O ToCV possui partículas alongadas e flexuosas, de 800 – 850 nm de comprimento, constituídas por duas moléculas de RNA de fita simples, senso positivo (LIU; WISLER;

DUFFUS, 2000). Seu primeiro relato ocorreu nos Estados Unidos (WISLER et al., 1998).

Nas últimas duas décadas, o ToCV se disseminou pela América do Norte, América do Sul, Europa, África, Oriente Médio e Ásia (ACCOTTO et al., 2001; ARRUBARRENA et al., 2014; FIALLO-OLIVÉ et al., 2011; HIROTA et al., 2010; SEGEV et al., 2004; WISLER et al., 1998). Atualmente, o ToCV é encontrado em 23 países (INOUE-NAGATA et al., 2016; NAVAS-CASTILLO; FIALLO-OLIVÉ; SÁNCHEZ-CAMPOS, 2011). No Brasil, o primeiro relato do ToCV ocorreu em tomateiro, no Estado de São Paulo (BARBOSA et al., 2008). Além do tomateiro, o ToCV também foi relatado infectando pimentão (NAVAS-CASTILLO et al., 2011), batateira (FORTES; NAVAS-CASTILLO, 2012; FREITAS et al., 2012), berinjela (*Solanum melongena*), jiló (*Solanum aethiopicum*) (FONSECA et al., 2016) e pepino (*Cucumis sativus*) (BELLO et al., 2020). Os sintomas causados pelo vírus são característicos de uma clorose internerval nas folhas do baixeiro da planta, podendo ocorrer bronzeamento, enrolamento das folhas voltadas para cima e engrossamento do limbo foliar (INOUE-NAGATA et al., 2016). Além disso, o ToCV pode causar danos expressivos na produção de tomateiro, chegando a 100% (LOZANO; MORIONES; NAVAS-CASTILLO, 2006; VELASCO et al., 2008). Em pimentão, o ToCV já foi associado a perdas na produção de até 75% de acordo com o genótipo (FORTES; MORIONES; NAVAS-CASTILLO, 2012). No Brasil, os danos decorrentes do ToCV são redução na produção de até 52% de acordo com o genótipo de tomateiro (MANSILLA-CÓRDOVA et al., 2018).

Como ambos *T. vaporariorum* e *B. tabaci* são vetores do crinivírus ToCV, alguns estudos sobre eficiência de transmissão já foram reportados, onde *B. tabaci* MEAM1 é um vetor mais eficiente do ToCV que *T. vaporariorum* (WINTERMANTEL; WISLER, 2006). Pelo fato de *T. vaporariorum* ser menos frequentemente encontrada que MEAM1, e até confundida com este inseto, esta tese teve como um dos objetivos estudar a interação entre esse inseto e o ToCV.

O terceiro tópico abordado nesta tese foi o vírus cassava common mosaic virus (CsCMV) em mandioca. A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz), atrás do trigo, milho e arroz, é a quarta fonte de calorias mais importante no mundo, garantindo alimento para mais de 800 milhões de pessoas (LEGG et al., 2014, 2015). Na América do Sul, o Brasil se destaca como maior produtor da mandioca, chegando a 20 milhões de toneladas em 2018 (CONAB, 2018). De forma geral, a cultura da mandioca é cultivada

em áreas desfavoráveis à agricultura, sem manutenção adequada do solo e por pequenos produtores que não possuem grande recurso para investimento.

Referentes a problemas fitossanitários da mandioca, os vírus que se destacam especialmente na África, onde o cassava mosaic virus (CMV) e o cassava brown streak virus (CBSV) são os mais importantes da cultura (LEGG et al., 2014, 2015). No Brasil, até o momento foram relatados o cassava common mosaic virus (CsCMV) (COSTA, 1940; KITAJIMA et al., 1965; SILVA; KITAJIMA; OLIVEIRA, 1963), cassava vein mosaic virus (CsVMV) (COSTA, 1940; DE KOCHKO et al., 1998), cassava frogskin-associated virus (CsFSaV) (CALVERT et al., 2008), cassava symptomless virus (CsSLV) (KITAJIMA; COSTA, 1979) e cassava American latent virus (CsALV) (WALTER et al., 1989).

O CsCMV, pertencente ao gênero *Potexvirus*, é constituído de um RNA de fita simples (ssRNA) com uma partícula semi flexuosa com medidas de 15 nm x 495 nm (KITAJIMA et al., 1965). É o vírus mais relevante na cultura da mandioca no Brasil. Os danos causados pelo CsCMV podem chegar em torno de 30% na produtividade da parte aérea, da raiz e do amido (VENTURINI et al., 2016). Além de apresentar perdas consideráveis, o vírus está presente em boa parte das plantas no Estado do Paraná, de acordo com um levantamento que revelou que a incidência do vírus chegou a 90% no campo (SILVA et al., 2011). Essa alta incidência pode estar relacionada com o método de propagação utilizado para a cultura da mandioca e a transmissão mecânica do vírus, uma vez que até hoje nenhum vetor foi relatado para o CsCMV (LEGG et al., 2015). O modo de propagação da mandioca é vegetativo, realizado através do uso de manivas. Caso as manivas estejam infectadas com o vírus, esse tipo de propagação pode favorecer sua disseminação, uma vez que leva ao campo material contaminado.

Embora presente no Brasil há muitos anos, a variabilidade do CsCMV nunca foi estudada. De acordo com o Comitê Internacional de Taxonomia de Vírus (ICTV), a variabilidade dos potexvirus pode ser avaliada através dos genes RNA-dependente RNA-polimerase (RdRp) e capa proteica (CP), onde para serem consideradas espécies diferentes, a porcentagem de identidade deve ser inferior a 72% na comparação entre nucleotídeos ou 80% na comparação entre aminoácidos (https://talk.ictvonline.org/ictv-reports/ictv_online_report/positive-sense-rna-viruses/w/alphaflexiviridae/1330/genus-potexvirus). Na Argentina, ZANINI et al., 2018 concluíram que, com uma porcentagem de identidade dos nucleotídeos de parte do

gene RdRp entre 77,1 e 80,3%, os isolados podem ser classificados como estirpes distintas. No Brasil, até hoje não há dados relacionados à variabilidade do CsCMV e a presença de diferentes estirpes.

Quanto ao genoma completo, um isolado brasileiro sequenciado há mais de 20 anos por CALVERT et al., 1996 é o único do país. Após esse longo período, nenhum novo sequenciamento do CsCMV foi realizado no Brasil. Além desse genoma brasileiro, genomas da Argentina, Colômbia e outros da China já foram depositados no GenBank, porém não foram comparados entre si.

Além desses estudos, durante o doutorado sanduíche na Oklahoma State University, Stillwater, OK, EUA, foram realizadas análises moleculares, sequenciamento de nova geração (Next Generation Sequencing – NGS), e a construção de uma base de dados para vírus em videira na plataforma Mi-Fi, por E-probe Diagnostic Nucleic-acid Analysis (EDNA) (STOBBE et al., 2013).

Sendo assim, a partir dos assuntos abordados, a tese foi dividida em quatro capítulos: Capítulo 1, “Performance and competitive displacement of *Bemisia tabaci* MEAM1 and MED cryptic species on diferente host plants”, redigido em inglês e publicado nas normas da revista CROP PROTECTION; Capítulo 2, “Performance of *Bemisia tabaci* MEAM1 and *Trialeurodes vaporariorum* on *Tomato chlorosis virus* (ToCV) infected plants”, redigido em inglês e publicado em 2018 nas normas da revista JOURNAL OF APPLIED ENTOMOLOGY, o Capítulo 3, “título”, redigido em inglês, conforme as normas da revista PLANT PATHOLOGY; e o Capítulo 4 “Atividades desenvolvidas no período de intercâmbio na Oklahoma State University (Stillwater)”.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

- As espécies invasivas MEAM1 e MED do complexo *B. tabaci* são adaptadas de acordo com os hospedeiros, onde MEAM1 é mais adaptada ao tomateiro e MED é mais adaptada ao pimentão e feijoeiro;
- Para as culturas da soja e do algodoeiro, MEAM1 e MED são adaptadas de forma semelhante, uma vez que não houve predominância de nenhuma das espécies;
- O ToCV influencia na performance das espécies *B. tabaci* MEAM1 e *T. vaporariorum*, porém mais drasticamente a performance de MEAM1;
- MEAM1 é um vetor mais eficiente de ToCV do que *T. vaporariorum*;
- *Trialeurodes vaporariorum* pode ser um vetor importante de ToCV em ambientes com alta incidência desse vírus, especialmente em climas mais amenos;
- O CsCMV está bem distribuído na cultura da mandioca no Estado de São Paulo, visto que a presença do vírus foi encontrada em 10 das 11 áreas estudadas.
- O isolado BR2019 de CsCMV obtido neste estudo apresentou maior relacionamento filogenético com um proveniente da China.

REFERÊNCIAS

- ACCOTTO, G. P. et al. First report of Tomato chlorosis virus in Italy. **Plant Disease**, v. 85, n. 11, p. 1208, 2001.
- ALBUQUERQUE, L. C. et al. Further characterization of tomato-infecting begomoviruses in Brazil. **Archives of Virology**, v. 157, n. 4, p. 747–752, 2012.
- ALMEIDA, A. M. R. et al. Necrose da haste da soja. **Serie Documentos**, v. 221, p. 1–48, 2003.
- ARRUABARRENA, A. et al. First report of Tomato chlorosis virus infecting tomato crops in Uruguay. **Plant disease**, v. 98, n. 10, p. 1445, 2014.
- BARBOSA, J. C. et al. First report of Tomato chlorosis virus infecting tomato crops in Brazil. **Plant Disease**, v. 92, n. 12, p. 1709, 2008.
- BARBOSA, J. C. et al. Characterization and experimental host range of a Brazilian tomato isolate of Tomato severe rugose virus. **Journal of Phytopathology**, v. 159, n. 9, p. 644–646, 2011.
- BARBOSA, J. C.; TEIXEIRA, L. D. D.; REZENDE, J. A. M. First Report on the Susceptibility of Sweet Pepper Crops to Tomato chlorosis virus in Brazil. **Plant Disease**, v. 94, n. 3, p. 374, 3 fev. 2010.
- BARBOSA, L. DA F. et al. First report of Bemisia tabaci Mediterranean (Q biotype) species in Brazil. **Pest Management Science**, v. 71, n. 4, p. 501–504, 2015.
- BELLO, V. H. et al. First Report of Tomato Chlorosis Virus Infecting Cucumber in Brazil. **Plant Disease**, v. 104, n. 2, p. 603, 23 set. 2019.
- BELLO, V. H. et al. Outbreaks of Bemisia tabaci Mediterranean species in vegetable crops in São Paulo and Paraná States, Brazil. **Bulletin of Entomological Research**, 2020a.
- BELLO, V. H. et al. First Report of Tomato Chlorosis Virus Infecting Cucumber in Brazil. **Plant Disease**, v. 104, n. 2, p. 603, fev. 2020b.
- BERTHEAU, Y. et al. DNA amplification by polymerase chain reaction (PCR) To cite this version : HAL Id : hal-02698181. p. 39–59, 2020.
- BONDAR, G. **Aleyrodideos do Brasil**. Bahia: Boletim do Laboratório de Patologia Vegetal do Estado da Bahia, 1928.
- BROWN, J. K.; FROHLICH, D. R.; ROSELL, R. C. The sweetpotato or silverleaf whiteflies: biotypes of Bemisia tabaci or a species complex? **Annual review of entomology**, v. 40, n. 1, p. 511–534, 1995.
- CALVERT, L. A. et al. Characterization of cassava common mosaic virus and a defective RNA species. **Journal of General Virology**, v. 77, n. 3, p. 525–530, 1996.
- CALVERT, L. A. et al. Identification of three strains of a virus associated with cassava plants affected by frogskin disease. **Journal of phytopathology**, v. 156, n. 11-12, p. 647–653, 2008.
- CALVERT, L. A.; CUERVO IBÁÑEZ, M.; LOZANO, I. Cassava viral diseases of

- South America. In: [s.l.] International Center for Tropical Agriculture, 2012.
- CARVAJAL-YEPES, M. et al. Unraveling complex viral infections in cassava (*Manihot esculenta* Crantz) from Colombia. **Virus Research**, v. 186, p. 76–86, 2014.
- CASTILLO-URQUIZA, G. P. et al. Six novel begomoviruses infecting tomato and associated weeds in Southeastern Brazil. **Archives of Virology**, v. 153, n. 10, p. 1985–1989, 2008.
- CONAB. Parâmetros de análise de mercado da raiz de mandioca e derivados - médias mensais. **Análise Mensal**, n. 61, p. 6, 2018.
- COSTA, A. S. Observações sobre o mosaico comum eo mosaico das nervaduras da mandioca (*Manihot utilissima* Pohl.). **Journal de Agronomia (Piracicaba)**, v. 3, n. 3, p. 239–251, 1940.
- COSTA, A. S. Studies on Abutilon mosaic in Brazil. **Phytopathologische Zeitschrift**, v. 24, p. 97–112, 1955.
- COSTA, A. S. Increase in the populational density of *Bemisia tabaci*, a threat of widespread virus infection of legume crops in Brazil. In: BIRD, J.; MARAMOROSCH, K. (Eds.). **Tropical diseases of legumes**. New York: Academic, 1975.
- COSTA, A. S.; BENNETT, C. W. White-fly-transmitted mosaic of *Euphorbia prunifolia*. **Phytopathology**, v. 40, n. 3, p. 266–283, 1950.
- COSTA, A. S.; GASPAR, J. O.; VEGA, J. Mosaico angular do feijoeiro Jalo causado por um carlavírus transmitido pela mosca branca *Bemisia tabaci*. **Fitopatologia brasileira**, v. 8, n. 2, p. 325–337, 1983.
- COSTA, A. S.; OLIVEIRA, A. R.; SILVA, D. M. Transmissão mecânica do mosaico dourado do tomateiro. **Fitopatologia**, 1975.
- COSTA, T. M. et al. The recombinant isolate of cucurbit aphid-borne yellows virus from Brazil is a polerovirus transmitted by whiteflies. **Plant Pathology**, 2020.
- DE BARRO, P. J. et al. *Bemisia tabaci*: A Statement of Species Status. **Annual Review of Entomology**, v. 56, n. 1, p. 1–19, 2011.
- DE KOCHKO, A. et al. Cassava vein mosaic virus (CsVMV), type species for a new genus of plant double stranded DNA viruses? **Archives of virology**, v. 143, n. 5, p. 945–962, 1998.
- DE MORAES, L. A. et al. Distribution and phylogenetics of whiteflies and their endosymbiont relationships after the Mediterranean species invasion in Brazil. **Scientific Reports**, v. 8, n. 1, 2018.
- FAOSTAT, F. A. O. **Crop statistics**, 2018.
- FERNANDES, J. J. et al. Biological and molecular properties of Tomato rugose mosaic virus (ToRMV), a new tomato-infecting begomovirus from Brazil. **Plant Pathology**, v. 55, n. 4, p. 513–522, 2006.
- FIALLO-OLIVÉ, E. et al. First report of Tomato chlorosis virus infecting tomato in Sudan. **Plant Disease**, v. 95, n. 12, p. 1592, 2011.
- FLORES, E.; SILBERSCHMIDT, K.; KRAMER, M. Observações de “clorose

infeciosa” das malváceas em tomateiros do campo. **O Biológico**, v. 26, p. 65–69, 1960.

FONSECA, M. E. N. et al. First Report of Tomato chlorosis virus Infecting Eggplant and Scarlet Eggplant in Brazil. **Plant Disease**, v. 100, n. 4, p. 867, 2016.

FORTES, I. M.; MORIONES, E.; NAVAS-CASTILLO, J. Tomato chlorosis virus in pepper: Prevalence in commercial crops in southeastern Spain and symptomatology under experimental conditions. **Plant Pathology**, v. 61, n. 5, p. 994–1001, 2012.

FORTES, I. M.; NAVAS-CASTILLO, J. Potato, an experimental and natural host of the crinivirus Tomato chlorosis virus. **European Journal of Plant Pathology**, v. 134, n. 1, p. 81–86, 2012.

FREITAS, D. M. S. et al. First report of Tomato chlorosis virus in potato in Brazil. **Plant disease**, v. 96, n. 4, p. 593, 2012.

GHOSH, S. et al. Transmission of a New Polerovirus Infecting Pepper by the Whitefly *Bemisia tabaci*. **Journal of Virology**, v. 93, n. 15, p. 1–14, maio 2019.

GILBERTSON, R. L. et al. Role of the Insect Supervectors *Bemisia tabaci* and *Frankliniella occidentalis* in the Emergence and Global Spread of Plant Viruses. **Annual Review of Virology**, v. 2, n. 1, p. 67–93, 2015.

HIROTA, T. et al. Yellowing disease of tomato caused by Tomato chlorosis virus newly recognized in Japan. **Journal of general plant pathology**, v. 76, n. 2, p. 168–171, 2010.

INOUE-NAGATA et al. Vírus transmitidos por moscas-brancas no brasil: vetores, principais doenças e manejo. **Revisão anual de patologia de plantas**, v. 24, p. 7–29, 2016.

INOUE-NAGATA; LIMA, M. F.; GILBERTSON, R. L. A review of geminivirus diseases in vegetables and other crops in Brazil: current status and approaches for management. **Horticultura Brasileira**, v. 34, n. 1, p. 8–18, 2016.

KANAKALA, S.; GHANIM, M.; KANAKALA, S. AND GHANIM, M. Global genetic diversity and geographical distribution of *Bemisia tabaci* and its bacterial endosymbionts. **PLoS ONE**, v. 14, n. 3, 2019.

KEARSE, M. et al. Geneious Basic: an integrated and extendable desktop software platform for the organization and analysis of sequence data. **Bioinformatics**, v. 28, n. 12, p. 1647–1649, 2012.

KITAJIMA, E. W. et al. Morfologia do vírus do mosaico comum da mandioca. **Bragantia**, v. 24, n. UNICO, p. 247–260, 1965.

KITAJIMA, E. W.; COSTA, A. S. Rhabdovirus-like particles in tissues of five different plant species. **Fitopatologia Brasileira**, v. 4, n. 55, p. 1979, 1979.

LEE, W. et al. Taxonomic Status of the *Bemisia tabaci* Complex (Hemiptera: Aleyrodidae) and Reassessment of the Number of Its Constituent Species. **PLoS ONE**, v. 8, n. 5, 2013.

LEGG, J. et al. A global alliance declaring war on cassava viruses in Africa. **Food Security**, v. 6, n. 2, p. 231–248, 2014.

LEGG, J. P. et al. Cassava virus diseases: biology, epidemiology, and management. In: **Advances in virus research**. [s.l.] Elsevier, 2015. v. 91p. 85–142.

LIU, H. Y.; WISLER, G. C.; DUFFUS, J. E. Particle lengths of whitefly-transmitted criniviruses. **Plant Disease**, v. 84, n. 7, p. 803–805, 2000.

LOURENÇÃO, A. L. et al. Outbreaks of *Trialeurodes vaporariorum* (West.) (Hemiptera: Aleyrodidae) under field conditions in the State of São Paulo, Brazil. **Neotropical entomology**, v. 37, n. 1, p. 89–91, 2008.

LOURENÇÃO, A. L.; NAGAI, H. Surtos populacionais de *Bemisia tabaci* no Estado de São Paulo. **Bragantia**, v. 53, n. 1, p. 53–59, 1994.

LOZANO, G.; MORIONES, E.; NAVAS-CASTILLO, J. Complete nucleotide sequence of the RNA2 of the crinivirus tomato chlorosis virus. **Archives of virology**, v. 151, n. 3, p. 581–587, 2006.

MACEDO, M. A. et al. Characterization of tomato leaf curl purple vein virus, a new monopartite New World begomovirus infecting tomato in Northeast Brazil. **Archives of Virology**, v. 163, n. 3, p. 737–743, 2018.

MANSILLA-CÓRDOVA, P. J. et al. Screening tomato genotypes for resistance and tolerance to Tomato chlorosis virus. **Plant Pathology**, v. 67, n. 5, p. 1231–1237, 2018.

MANZANO, M. R.; VAN LENTEREN, J. C. Life history parameters of *Trialeurodes vaporariorum* (Westwood) (Hemiptera: Aleyrodidae) at different environmental conditions on two bean cultivars. **Neotropical entomology**, v. 38, n. 4, p. 452–458, 2009.

MARUBAYASHI, J. M. et al. At least two indigenous species of the *Bemisia tabaci* complex are present in Brazil. **Journal of Applied Entomology**, v. 137, n. 1–2, p. 113–121, 2013.

MATYIS, J. C. et al. Purificação e morfologia do vírus do mosaico dourado do tomateiro. **Summa Phytopathologica**, v. 1, p. 267–275, 1975.

MORAES, L. A. DE et al. New invasion of *Bemisia tabaci* Mediterranean species in Brazil associated to ornamental plants. v. 1, 2017.

NAVAS-CASTILLO, J.; FIALLO-OLIVÉ, E.; SÁNCHEZ-CAMPOS, S. Emerging virus diseases transmitted by whiteflies. **Annual review of phytopathology**, v. 49, p. 219–48, 2011.

NYLANDER, J. MrModeltest v. 2.2 b. **Department of Systematic Zoology, Uppsala University, Sweden**, 2004.

QUADROS, A. F. F. et al. Two new begomoviruses infecting tomato and *Hibiscus* sp. in the Amazon region of Brazil. **Archives of Virology**, v. 164, n. 7, p. 1897–1901, 2019.

RIBEIRO, S. G. et al. Distribution and genetic diversity of tomato-infecting begomoviruses in Brazil. **Archives of Virology**, v. 148, n. 2, p. 281–295, 2003.

ROCHA, C. S. et al. Brazilian Begomovirus Populations Are Highly Recombinant, Rapidly Evolving, and Segregated Based on Geographical Location. **Journal of Virology**, v. 87, n. 10, p. 5784–5799, 2013.

- RONQUIST, F.; HUELSENBECK, J. P. MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. **Bioinformatics**, v. 19, n. 12, p. 1572–1574, 2003.
- SEGEV, L. et al. First report of Tomato chlorosis virus in Israel. **Plant Disease**, v. 88, n. 10, p. 1160, 2004.
- SILVA, D. M.; KITAJIMA, E. W.; OLIVEIRA, A. R. Obtencao do virus do mosaico comun da mandioca purificado. **Ciencia e cultura**, v. 15, p. 304, 1963.
- SILVA, J. M. et al. Immunocapture-RT-PCR detection of Cassava common mosaic virus in cassava obtained from meristem-tip culture in Paraná state. **Tropical Plant Pathology**, v. 36, n. 5, p. 271–275, 2011.
- STOBBE, A. H. et al. E-probe Diagnostic Nucleic acid Analysis (EDNA): A theoretical approach for handling of next generation sequencing data for diagnostics. **Journal of Microbiological Methods**, v. 94, n. 3, p. 356–366, 2013.
- SUEKANE, R. et al. Danos da mosca-branca Bemisia tabaci (Genn.) e distribuição vertical das ninfas em cultivares de soja em casa de vegetação. **Arquivos do Instituto Biológico**, v. 80, n. 2, p. 151–158, 2013.
- VAN DER VLUGT, R. A. A.; BERENDSEN, M. Development of a general potexvirus detection method. **European Journal of Plant Pathology**, v. 108, n. 4, p. 367–371, 2002.
- VELASCO, L. et al. Incidences and progression of tomato chlorosis virus disease and tomato yellow leaf curl virus disease in tomato under different greenhouse covers in southeast Spain. **Annals of applied biology**, v. 153, n. 3, p. 335–344, 2008.
- VENTURINI, M. T. et al. Crop losses in Brazilian cassava varieties induced by the Cassava common mosaic virus. **Scientia Agricola**, v. 73, n. 6, p. 520–524, 2016.
- VYSKOČILOVÁ, S. et al. An integrative approach to discovering cryptic species within the Bemisia tabaci whitefly species complex. **Scientific Reports**, v. 8, n. 1, p. 1–13, 2018.
- WALTER, B. et al. Some properties of a previously undescribed virus from cassava: Cassava American latent virus. **Annals of applied biology**, v. 115, n. 2, p. 279–289, 1989.
- WINTERMANTEL, W. M.; WISLER, G. C. Vector Specificity, Host Range, and Genetic Diversity of Tomato chlorosis virus. **Plant Disease**, v. 90, n. 6, p. 814–819, 2006.
- WISLER, G. C. et al. Tomato Chlorosis Virus : A New Whitefly-Transmitted , Phloem-Limited , Bipartite Closterovirus of Tomato. 1998.
- YU, N. TONG et al. Complete genome sequence of a distinct isolate of cassava common mosaic virus (CsCMV) infecting cassava in Hainan, China. **European Journal of Plant Pathology**, v. 158, n. 2, p. 583–587, 2020.
- ZANINI, A. A. et al. Distinct strains of the re-emergent Cassava common mosaic virus (genus: Potexvirus) infecting cassava in Argentina. **Plant Pathology**, v. 67, n. 8, p. 1814–1820, 2018.