

Atendendo solicitação do(a) autor(a), o texto completo desta tese/dissertação será disponibilizado somente a partir de 27/10/2024

At the author's request, the full text of this thesis/dissertation will not be available online until Oct. 27, 2024

FELIPE BARRETO DA SILVA

***Cowpea mild mottle virus* EM SOJA: INTERAÇÃO VÍRUS X VETOR,
INCIDÊNCIA E VETOR ASSOCIADO, VARIABILIDADE DO VÍRUS E IMPACTOS
NA QUALIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES**

Botucatu

2022

FELIPE BARRETO DA SILVA

***Cowpea mild mottle virus* EM SOJA: INTERAÇÃO VÍRUS X VETOR,
INCIDÊNCIA E VETOR ASSOCIADO, VARIABILIDADE DO VÍRUS E IMPACTOS
NA QUALIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES**

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

Orientador: Profa. Dra. Renate Krause Sakate

Coorientador: Dra. Cristiane Müller

Botucatu

2022

S586c

Silva, Felipe Barreto da

Cowpea mild mottle virus em soja: interação vírus x vetor, incidência e vetor associado, variabilidade do vírus e impactos na qualidade fisiológica de sementes / Felipe Barreto da Silva. -- Botucatu, 2022

78 p. : tabs., fotos, mapas

Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista (Unesp), Faculdade de Ciências Agrônômicas, Botucatu

Orientadora: Renate Krause Sakate

Coorientadora: Cristiane Müller

1. Virologia vegetal. 2. Bemisia tabaci. 3. Carlavirus. 4. Glycine max. I.
Título.

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 DA TESE: Cowpea mild mottle virus EM SOJA: INTERAÇÃO VÍRUS X VETOR, INCIDÊNCIA E VETOR ASSOCIADO, VARIABILIDADE DO VÍRUS E IMPACTOS NA QUALIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES

AUTOR: FELIPE BARRETO DA SILVA

ORIENTADORA: RENATE KRAUSE SAKATE

COORIENTADORA: CRISTIANE MÜLLER

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 Agrônomicas de Botucatu UNESP

p/ 

Pesquisador Dr. BRUNO ROSSITTO DE MARCHI (Participação Virtual)
/ Eurofins Agroservices Services

p/ 

Prof.ª Dr.ª REGIANE CRISTINA DE OLIVEIRA (Participação Virtual)
Proteção Vegetal / Faculdade de Ciências Agrônomicas - UNESP

p/ 

Pesquisador Dr. LUÍS FERNANDO MARANHO WATANABE (Participação Virtual)
/ Biotrop Soluções em Tecnologia Biológica

p/ 

Dr.ª ANGÉLICA MARIA NOGUEIRA PORTILHO (Participação Virtual)
Pós-Doutoranda - Proteção Vegetal / Faculdade de Ciências Agrônomicas de Botucatu

Botucatu, 27 de outubro de 2022

A meus amados pais,

Adhemar e Lidia.

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus pelo dom da vida, e por nunca me abandonar nos momentos mais desafiadores e difíceis, tanto no âmbito acadêmico quanto no pessoal.

Agradeço com muito amor e gratidão a minha orientadora Profa. Dra. Renate Krause Sakate, que há cinco anos me acolheu em seu laboratório e nunca me deixou desistir desse sonho. À ela, meus mais sinceros obrigado, pela orientação, ensinamentos, conselhos, paciência, pedais e que além de ser exemplo de professor é uma grande amiga.

À Corteva Agriscience pelo apoio técnico e à dra. Cristiane Muller pela coorientação. Agradeço o Programa de Pós-Graduação em Agronomia (Proteção de Plantas) e ao Departamento de Proteção Vegetal da FCA, e todos os professores em especial ao Prof. Dr. Carlos Gilberto Raetano, Prof. Dr. Marcelo Agenor Pavan (*in memorian*) e a Profa. Dra. Regiane Cristina de Oliveira por todos os ensinamentos, apoio e amizade, e ao Prof. Dr. Edson Luiz Lopes Baldin (*in memorian*) pelos conselhos.

Aos funcionários do Departamento de Proteção Vegetal da FCA, o querido Nivaldo Diez e a Dra. Vanessa de Carvalho e ao Dr. Marcelo Soman por sempre me socorrerem nas mais diversas questões.

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP), pelo apoio financeiro, concedido por meio de bolsa de doutorado (Processo nº 2019/24642-8).

Também gostaria de agradecer os membros do Laboratório de Virologia Vegetal e Interação Vírus-Vetor-Planta (LAVIV) da Unesp e do prédio da Fito, obrigado aos que me apoiaram e pelos anos de convivência. Um agradecimento especial aos Doutores Luis Watanabe, Bruno De Marchi e Marcos Ribeiro Junior pelo companheirismo e aos estagiários que me acompanharam nessa caminhada, Rodrigo Raposo, Sarah Forlani e Geovanne Luchini.

E gostaria de agradecer com muito amor os meus amados pais Adhemar e Lidia, por sempre acreditarem e confiarem em mim e me apoiarem em tudo incondicionalmente.

À minha família e meus amigos que estiveram juntos e distantes durante todos esses anos, e agradeço imensamente a minha companheira e amiga Natalia Bevilaqua por sempre estar ao meu lado. Eu jamais conseguiria esse feito sem vocês.

“Conheça todas as teorias, domine todas as técnicas, mas ao tocar uma alma humana, seja apenas outra alma humana”.

JUNG, C. G. Contribution to analytical psychology. London: Kegan Paul, 1928.
p. 361.

RESUMO

Doenças causadas por vírus podem impactar negativamente a cultura da soja (*Glycine max* L. Merrill). Entre elas podemos citar a necrose da haste causada pelo cowpea mild mottle virus (CPMMV), cujo vetor é a mosca-branca *Bemisia tabaci* (Gennadius) (Hemiptera: Aleyrodidae) atualmente caracterizada como um complexo de espécie crípticas, das quais as mais invasivas são Middle East Asia Minor 1 (MEAM1, também conhecida por biótipo B) e Mediterranean (MED, conhecida por biótipo Q). Com o objetivo de verificar a distribuição destas espécies crípticas em áreas produtoras de soja no Estado de São Paulo, bem como a incidência do CPMMV nestas regiões, foram realizadas coletas de plantas de soja e mosca-branca por três anos consecutivos e avaliada a presença do vírus e caracterizada a espécie críptica de *B. tabaci* associada a plantas de soja. Isolados representativos de CPMMV tiveram o seu genoma completo sequenciado por sequenciamento de nova geração (HTS). Além disto foram estudados aspectos da transmissão do CPMMV por *B. tabaci* MED e MEAM1 e o efeito do CPMMV nos aspectos agrônômicos e qualidade fisiológica das sementes de soja. Os resultados indicaram que MEAM1 ainda é a espécie predominante em áreas de soja, entretanto algumas áreas, como em Buritama, tiveram predominância de MED na primeira safra de soja avaliada (2019/2020) com redução nas safras posteriores (2020/2021 e 2021/2022). Em Santa Cruz do Rio Pardo e Óleo houve um aumento de incidência de MED ao longo das safras de soja avaliadas. Os ensaios de transmissão com um único espécimen de mosca-branca revelaram que MED é um melhor vetor de CPMMV comparado com MEAM1, sendo capaz de transmitir o vírus com apenas dois minutos de período de acesso à inoculação. A análise filogenética das sequências do genoma completo de isolados de CPMMV coletados nos Estados da Bahia e de São Paulo, mostraram que eles pertencem ao grupo BR2, que compreendem os isolados de CPMMV mais representativos do Brasil. O CPMMV afetou drasticamente a qualidade fisiológica das sementes de soja produzidas a partir de plantas infectadas, reduzindo a germinação das sementes. Os resultados deste trabalho reforçam os impactos negativos do CPMMV em soja e a importância do monitoramento de espécies crípticas de *B. tabaci* como forma de subsidiar as táticas de manejo desta praga e vetor de vírus.

Palavras-chave: carlavirus; levantamento; transmissão; *Bemisia tabaci*.

ABSTACT

Diseases caused by viruses are important constraints to soybean (*Glycine max* L. Merrill) production. Among them, stem necrosis caused by cowpea mild mottle virus (CPMMV), transmitted by the whitefly *Bemisia tabaci* (Gennadius) (Hemiptera: Aleyrodidae). Two *B. tabaci* cryptic species were already detected in soybean-growing areas in São Paulo state, the Middle East Asia Minor 1 (MEAM1, formerly known as biotype B) and the Mediterranean (MED, biotype Q). Here we evaluate the distribution of CPMMV and *B. tabaci* cryptic species in the main soybean growing areas from São Paulo state for three years. CPMMV isolates were also sequenced by High Throughput Sequencing (HTS) and properties of CPMMV transmission by MED and MEAM1, and the effect of CPMMV on the physiologic seed quality in soybean were evaluated. Results indicated that MEAM is still the predominant whitefly species in soybean, but MED was also found in different locations where soybean is produced in the state. Some areas, like Buritãma, evolved to a predominance of MED over the three years but others where MED was previously detected, showed a reduction of the insect during the same period. In Santa Cruz do Rio Pardo and Óleo, MED incidence increased during the evaluated years. Transmission assays with one single insect revealed that MED is a better vector compared to MEAM1, transmitting the virus within two minutes of the inoculation access period. Phylogenetic analysis of the complete genome sequence of CPMMV isolates collected in Sao Paulo and Bahia State showed that they belong to BR2 clade that includes Brazilian CPMMV isolates collected from soybean. Studies of the effects of CPMMV on the agronomic aspects of soybean and its effects on the seed physiology quality showed that there are negative effects of the virus in the plants and in the seeds. Our results suggest that the continuous survey of *B. tabaci* cryptic species and CPMMV should be frequent to better whitefly and CPMMV management in soybean.

Keywords: carlavirus; survey; transmission; *Bemisia tabaci*.

SUMÁRIO

INTRODUÇÃO GERAL.....	17
CAPÍTULO 1 - COWPEA MILD MOTTLE VIRUS AND <i>Bemisia tabaci</i> ON SOYBEAN IN SÃO PAULO STATE (BRAZIL) AND TRANSMISSION PROPERTIES OF MEDITERRANEAN AND MIDDLE EAST ASIA-MINOR CRYPTIC SPECIES.....	22
1.1 INTRODUCTION.....	23
1.2 MATERIAL E METHODS.....	26
1.3 RESULTS.....	29
1.4 DISCUSSION.....	40
REFERENCES.....	44
CAPÍTULO 2 – EFFECTS OF COWPEA MILD MOTTLE VIRUS ON SOYBEAN SEED QUALITY AND YIELD COMPONENTS.....	64
2.1 INTRODUCTION.....	64
2.2 MATERIAL AND METHODS.....	66
2.3 RESULTS AND DISCUSSION.....	68
2.4 CONCLUSIONS.....	71
LITERATURE CITED.....	72
CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	74
REFERÊNCIAS	75

INTRODUÇÃO GERAL

A soja [*Glycine max* (L.) Merr.] está entre os cinco produtos agrícolas mais importantes do mundo, sendo principal fonte de óleo vegetal e proteína para alimentação de animais na pecuária e para o consumo humano (SAVARY et al., 2019). Além da sua utilização como fonte de alimento, a soja é altamente empregada como material base na produção de biodiesel, produtos industriais e farmacêuticos (HILL et al., 2006).

Atualmente, o Brasil é líder mundial no ranking de países produtores do grão de soja, com uma produção de 126,000 milhões de toneladas na safra de 2021/2022. Nessa mesma safra, o país exportou 89,000 milhões de toneladas que corresponde a 35,64% da exportação mundial de soja, se destacando também como o atual maior exportador mundial dessa commodity (USDA, 2022). Dos 127,824 milhões de hectares de área plantada com a cultura da soja no mundo, o Brasil destina 38,502 milhões de hectares para a sua produção. O estado do Mato Grosso ocupa o primeiro lugar do país na produção de soja, concentrando cerca de 28% da produção nacional, seguido dos estados do Paraná (19%), Rio Grande do Sul (14%), Goiás (10%) e Mato Grosso do Sul (7%). Estados como a Bahia, Maranhão, Minas Gerais, Pará, Piauí, Santa Catarina, São Paulo e Tocantins, vêm crescendo anualmente suas áreas de produção. No estado de São Paulo, por exemplo, estima-se que na safra 2021/2022, houve um aumento de 3,4% na área de plantio, chegando a 1,2 milhões de hectares (IEA, 2022). Embora a sojicultura esteja em ascensão, nacionalmente e internacionalmente (USDA, 2022), assim como a produção de diversas culturas agrícolas de importância econômica, a produção de soja vem sendo negativamente impactada por pragas e doenças (BANDARA et al., 2020). As doenças causadas na cultura da soja são um dos principais desafios enfrentados pelos produtores, pois além de diminuir a produção e a qualidade dos grãos, elas contribuem com o aumento nos custos de produção causando perdas mundiais de bilhões de dólares (BRADLEY et al., 2021).

Entre as doenças que afetam a cultura da soja, as doenças causadas por vírus são muito desafiadoras. Diferentemente de outros patógenos como bactérias e fungos que podem ser manejados com produtos químicos, o controle do vírus é complexo, necessitando de múltiplas estratégias que se baseiam na prevenção da infecção.

Outro fator que dificulta o manejo destas doenças é a necessidade de uma rápida identificação e diagnose do agente viral, que necessita de técnicas específicas e sensíveis que geralmente não são de fácil acesso.

Sintomas causados por vírus em plantas podem variar de leves mosqueados, mosaicos, cloroses até mesmo podendo ocasionar a morte da planta. Em soja, há doenças de etiologia viral que podem ser assintomáticas ou com seus sintomas frequentemente confundidos com aqueles causados por injúrias de herbicidas (BARRETO DA SILVA et al., 2020; MUELLER et al., 2016). Embora a cultura da soja seja suscetível à diversos vírus, no Brasil, poucas são conhecidas por causar perdas econômicas significantes.

No mundo, cerca de 46 diferentes vírus foram descritos infectando naturalmente a cultura da soja (HILL; WHITHAM, 2014). No Brasil, há relatos de pelo menos 15 espécies de vírus (ALMEIDA, 2008; DE MARCHI et al., 2018; KITAJIMA, 2020), pertencente a diferentes gêneros, tais como *Alfamovirus*, *Begomovirus*, *Carlavirus*, *Comovirus*, *Ilarvirus*, *Potyvirus* e *Orthotospovirus* (KITAJIMA, 2020). O carlavirus cowpea mild mottle virus (CPMMV), que foi objeto de estudo desta tese, possui como vetor a mosca-branca *Bemisia tabaci* (Gennadius) (Hemiptera: Aleyrodidae), recentemente reconhecida pelo Ministério da Agricultura e do Meio Ambiente (MAPA) como uma das principais pragas para a cultura da soja no Brasil (Instrução Normativa nº16, de 4 de junho de 2019), e também está entre as 100 espécies mais invasivas do mundo na listadas pelo IUCN/SSC “Invasive Species Specialist Group” (<http://www.issg.org>) e pelo “Global Invasive Database” (<http://www.issg.org/database/welcome/>).

O CPMMV foi relatado pela primeira vez no Brasil em 1983 infectando feijoeiro (COSTA; GASPAR; VEGA, 1983), e foi considerado um vírus de baixa importância até seu relato em soja, que foi feito somente duas décadas depois, quando se tornou um sério problema na sojicultura nacional ocasionando os sintomas de necrose da haste em soja (ALMEIDA et al., 2003). No início dos anos 2000, o CPMMV se tornou um fator limitante na produção de soja no estado de Goiás (ALMEIDA et al., 2003), e nos anos seguintes o vírus foi identificado nos estados da Bahia, Mato Grosso, Maranhão e Paraná (ALMEIDA, 2008; ALMEIDA et al., 2003, 2005). O único estado produtor de soja no qual o CPMMV ainda não foi relatado até o momento é o Rio Grande do Sul (ZANARDO; CARVALHO, 2017).

O CPMMV pertence ao gênero *Carlavirus*, um dos 5 gêneros da subfamília *Quinvirinae*, família *Betaflexiviridae* (ordem *Tymovirales*) (WALKER et al., 2022). Assim como as espécies membro deste gênero, o CPMMV possui um RNA senso positivo de fita simples, com um genoma de 8.200 nucleotídeos e composto por seis open reading frames (ORFs) (MENZEL; WINTER; VETTEN, 2010; ZANARDO et al., 2014). A ORF 1 codifica a replicase com quatro motivos conservados: metiltransferase, C23 Peptidase, RNA helicase e RNA dependente da RNA polimerase (RdRp) (ZANARDO et al., 2014). As ORFs 2, 3 e 4 codificam três proteínas (TGB 1-3p), que são essenciais para o movimento viral. A ORF 5 codifica a capa proteica (CP) e por fim, a ORF 6 codifica uma proteína rica em cisteína (CRP) com atividade de ligação ao ácido nucleico (NABP) (MENZEL; WINTER; VETTEN, 2010).

Os carlavírus, em sua grande maioria, são transmitidos por afídeos (KING et al., 2011), sendo o CPMMV e o melon yellowing-associated virus (MYaV) uma exceção à regra pois são transmitidos por *Bemisia tabaci* (MARUBAYASHI; YUKI; WUTKE, 2010; MUNIYAPPA; REDDY, 1983; NAGATA et al., 2005; NAIDU et al., 1998), um inseto altamente polífago e muito bem-sucedido na transmissão de vírus de plantas (GILBERTSON et al., 2015), e amplamente distribuído em praticamente todas as regiões do Brasil (MORAES et al., 2018).

Atualmente a *B. tabaci* é considerada um complexo de espécies crípticas composto de pelo menos 44 espécies morfologicamente indistinguíveis, porém distintas (DE BARRO et al., 2011; KANAKALA; GHANIM, 2019). Essas espécies divergem em diversos aspectos como: habilidade em transmitir vírus, plantas hospedeiras, endossimbiontes, suscetibilidade a inseticidas, tolerância a estresses ambientais, taxa de desenvolvimento e incompatibilidade reprodutiva entre grupos genéticos (HOROWITZ; ISHAAYA, 2014; PAN et al., 2012; PERRING, 2001; WATANABE et al., 2019; XU; DE BARRO; LIU, 2010). As espécies crípticas são identificadas com base em variações no gene mitocondrial da cytochrome oxidase I (mtCOI) (BOYKIN; DE BARRO, 2014; DE BARRO et al., 2011; KANAKALA; GHANIM, 2019). As espécies crípticas Middle East Asia Minor 1 (MEAM1) e Mediterranean (MED) são as espécies invasivas presentes em várias regiões do mundo sob diversas condições climáticas. No Brasil, estão presentes quatro espécies crípticas: duas espécies conhecidas como indígenas ou nativas das Américas denominadas de New World 1 e New World 2 (NW1 e NW2), (BARBOSA et al., 2014; MARUBAYASHI et al., 2014) e as espécies MEAM1 e MED (MORAES et al., 2018).

Até o início dos anos 1990, só havia sido relatado no Brasil a presença das espécies nativas do grupo NW. As populações destes insetos causaram surtos esporádicos de doenças como o mosaico dourado do feijoeiro nos anos 60. Além disso, infecção por vírus eram observadas em plantas daninhas sendo, o inseto considerado uma praga secundária (COSTA, 1965; INOUE-NAGATA; LIMA; GILBERTSON, 2016). Posteriormente, verificou-se que o grupo NW no Brasil era constituído de duas espécies crípticas denominadas de NW1 e NW2 (MARUBAYASHI et al., 2013). Por conseguinte, a partir da década de 1990, com a introdução de MEAM1 no Brasil através do comércio de plantas ornamentais no estado de São Paulo, o cenário nacional de *B. tabaci* mudou drasticamente (LOURENÇÃO; NAGAI, 1994). Assim como em outras regiões do mundo, MEAM1 se dispersou rapidamente se tornando uma praga chave em diversas culturas, além de ser considerada um excelente vetor de vírus de plantas. Com a introdução de MEAM1, ao menos 18 novas espécies de begomovirus em tomateiro foram relatadas (RIBEIRO et al., 1998), assim como emergência de crinivirus em tomateiro, pimentão e batata (FREITAS et al., 2012; MACEDO et al., 2019); CPMMV em feijoeiro e soja (ALMEIDA, 2008; ALMEIDA et al., 1995), e surtos de BGMV em feijoeiro se tornaram frequentes (INOUE-NAGATA et al., 2016a).

Atualmente, MEAM1 é a espécie de *B. tabaci* predominante no Brasil (MORAES et al., 2018). Duas décadas depois da introdução de MEAM1, no ano de 2013, MED foi relatada pela primeira vez em território nacional na região sul (BARBOSA et al., 2015). Provavelmente estes insetos migraram de países vizinhos como Argentina e Uruguai, que já haviam relatado a presença de MED em seus territórios (GRILLE et al., 2011). Um levantamento de mosca-branca realizado após a introdução de MED no Brasil, em 2015 e 2016, relatou uma segunda invasão de MED nos estados de São Paulo e Paraná, associada a plantas ornamentais (MORAES et al., 2017). Um levantamento feito em 2018 nos estados do Paraná e São Paulo, relatou surtos de MED em cultivos de pimentão, tomate, pepino e beringela cultivadas tanto em casa de vegetação, quanto em campo aberto (BELLO et al., 2020). E o estudo mais recente realizado por Bello et al., (2021), relatou pela primeira vez MED em soja em campo, também nos estados do Paraná e São Paulo.

De forma geral, *B. tabaci* pode causar danos diretos e indiretos às plantas. Em soja, o dano direto mais comum é através da ingestão de fotoassimilados do floema. A ingestão de seiva por *B. tabaci* resulta na excreção de honeydew, uma substância

açucarada, sobre folhas e vagens que pode servir de substrato para o crescimento de fungos do gênero *Capnodium* que cobre a superfície foliar prejudicando a fotossíntese e, conseqüentemente, o desenvolvimento da planta e a qualidade dos grãos (KANAKALA; GHANIM, 2015; SUEKANE et al., 2013). Contudo, o principal dano causado por *B. tabaci* é através da transmissão de vírus pertencentes aos gêneros *Begomovirus*, *Carlavirus*, *Crinivirus*, *Ipomovirus*, *Torradovirus* e *Polerovirus* (GHOSH et al., 2019; NAVAS-CASTILLO; FIALLO-OLIVÉ; SÁNCHEZ-CAMPOS, 2011; POLSTON; DE BARRO; BOYKIN, 2014). No Brasil, já foram relatados vírus pertencentes aos gêneros *Begomovirus*, *Carlavirus*, *Crinivirus* e *Polerovirus* (BARBOSA et al., 2008; COSTA; GASPAR; VEGA, 1983; COSTA et al., 2020; INOUE-NAGATA et al., 2016b; INOUE-NAGATA; LIMA; GILBERTSON, 2016).

Como observado com a invasão de MEAM1 no início dos anos 1990 no Brasil, a introdução de uma praga exótica em um território traz grandes preocupações para o setor agrícola, principalmente quando se trata de um vetor de vírus (INOUE-NAGATA; LIMA; GILBERTSON, 2016). A recente constatação de MED em campo aberto em soja no país levanta questões sobre o futuro do manejo de mosca-branca no Brasil, dada a menor suscetibilidade deste inseto aos inseticidas comumente utilizados na agricultura visando o manejo deste inseto.

Sendo assim, esta tese foi dividida em dois capítulos: Capítulo 1, "COWPEA MILD MOTTLE VIRUS AND *Bemisia tabaci* ON SOYBEAN IN SÃO PAULO STATE (BRAZIL) AND TRANSMISSION PROPERTIES OF MEDITERRANEAN AND MIDDLE-EAST ASIA MINOR 1 CRYPTIC SPECIES", redigido em inglês nas normas da revista PLANT PATHOLOGY, fator de impacto 2.772 e Capítulo 2, "EFFECTS OF COWPEA MILD MOTTLE VIRUS ON SOYBEAN SEED QUALITY AND YIELD COMPONENTS", redigido em inglês nas normas da revista PLANT HEALTH PROGRESS, fator de impacto 0.939.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

B. tabaci MEAM1 ainda é a espécie críptica prevalente nos campos de produção de soja do Estado de São Paulo. A espécie críptica *B. tabaci* MED tem se disseminado em soja nos Estado de São Paulo, porém os dados obtidos até o momento não permitem concluir se essa espécie está adaptada a condições de campo aberto, uma vez que áreas que apresentaram alta incidência de MED na primeira safra avaliada (2019/2020) apresentaram uma redução drástica ao longo dos anos avaliados.

B. tabaci MED é um excelente vetor de CPMMV, sendo capaz de transmiti-lo com poucos minutos de contato com as plantas de soja.

Sementes de soja proveniente de plantas infectadas com CPMMV apresentam qualidade fisiológica inferior comparadas às sementes sadias.

REFERÊNCIAS

- ALMEIDA, A. M. R. et al. **O vírus da queima do broto da soja no Brasil: etiologia, epidemiologia e controle.** [s.l: s.n.].
- ALMEIDA, A. M. R. et al. Necrose da haste da soja. **Serie Documentos**, v. 221, p. 1–48, 2003.
- ALMEIDA, A. M. R. et al. Detection and partial characterization of a carlavirus causing stem necrosis of soybean in Brazil. **Fitopatologia Brasileira**, v. 30, n. 2, p. 191–194, 2005.
- ALMEIDA, A. M. R. Viroses da soja no Brasil: sintomas, etiologia e controle. **Serie Documentos**, v. 306, p. 1–62, 2008.
- APARECIDA DE MORAES, L. et al. New invasion of *Bemisia tabaci* Mediterranean species in Brazil associated to ornamental plants. **Phytoparasitica**, v. 1, 2017.
- BANDARA, A. Y. et al. Dissecting the economic impact of soybean diseases in the United States over two decades. **PLOS ONE**, v. 15, n. 4, p. e0231141, 2 abr. 2020.
- BARBOSA, J. C. et al. First Report of *Tomato chlorosis virus* Infecting Tomato Crops in Brazil. **Plant Disease**, v. 92, n. 12, p. 1709–1709, dez. 2008.
- BARBOSA, L. DA F. et al. Indigenous American species of the *Bemisia tabaci* complex are still widespread in the Americas. **Pest Management Science**, v. 70, n. 10, p. 1440–1445, out. 2014.
- BARBOSA, L. 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.
- BARRETO DA SILVA, F. et al. Effects of cowpea mild mottle virus on soybean cultivars in Brazil. **PeerJ**, v. 8, p. e9828, ago. 2020.
- 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**, v. 110, n. 4, p. 487–496, 28 ago. 2020.
- BELLO, V. H. et al. Detection of *Bemisia tabaci* Mediterranean cryptic species on soybean in São Paulo and Paraná States (Brazil) and interaction of cowpea mild mottle virus with whiteflies. **Plant Pathology**, v. 70, n. 6, p. 1508–1520, 1 ago. 2021.
- BOYKIN, L. M.; DE BARRO, P. J. A practical guide to identifying members of the *Bemisia tabaci* species complex: and other morphologically identical species. **Frontiers in Ecology and Evolution**, v. 2, n. August, p. 1–5, 2014.
- BRADLEY, C. A. et al. Soybean Yield Loss Estimates Due to Diseases in the United States and Ontario, Canada, from 2015 to 2019. **Plant Health Progress**, v. 22, n. 4, p. 483–495, 1 jan. 2021.
- COSTA, A. S. Three whitefly-transmitted virus diseases of beans in São Paulo, Brazil. **FAO Plant Protection Bulletin**, v. 13, p. 2–12, 1965.

COSTA, A. S.; GASPAR, J. O.; VEGA, J. Mosaico angular do feijão jalo causado por um carlavírus transmitido pela mosca branca *Bemisia tabaci*. **Fitopatologia Brasileira**, v. 8, p. 325–327, 1983.

COSTA, T. M. et al. The recombinant isolate of cucurbit aphid-borne yellows virus from Brazil is a polerovirus transmitted by whiteflies. **Plant Pathology**, v. 69, n. 6, p. 1042–1050, 23 ago. 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 MARCHI, B. R. et al. Characterization and complete genome sequence of groundnut ringspot orthotospovirus in soybean in Brazil. **Journal of Plant Pathology**, p. 42161, 2018.

FREITAS, D. M. S. et al. First Report of *Tomato chlorosis virus* in Potato in Brazil. **Plant Disease**, v. 96, n. 4, p. 593–593, abr. 2012.

GHOSH, S. et al. Transmission of a New Polerovirus Infecting Pepper by the Whitefly *Bemisia tabaci*. **Journal of Virology**, v. 93, n. 15, ago. 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.

GRILLE, G. et al. First report of the Q biotype of *Bemisia tabaci* in Argentina and Uruguay. **Phytoparasitica**, v. 39, n. 3, p. 235–238, 18 jul. 2011.

HILL, J. et al. Environmental, economic, and energetic costs and benefits of biodiesel and ethanol biofuels. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 103, n. 30, p. 11206–11210, 25 jul. 2006.

HILL, J. H.; WHITHAM, S. A. Control of Virus Diseases in Soybeans. Em: [s.l.: s.n.]. p. 355–390.

HOROWITZ, A. R.; ISHAAYA, I. Dynamics of biotypes B and Q of the whitefly *Bemisia tabaci* and its impact on insecticide resistance. **Pest Management Science**, v. 70, n. 10, p. 1568–1572, 2014.

INOUE-NAGATA, A. K. et al. Vírus Transmitidos por Mosca-Branca no Brasil: Vetores, Principais doenças e Manejo. **RAPP**, v. 24, p. 7–29, 2016a.

INOUE-NAGATA, A. K. 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, 2016b.

INOUE-NAGATA, A. K.; 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, mar. 2016.

KANAKALA, S.; GHANIM, M. Advances in the Genomics of the Whitefly *Bemisia tabaci*: An Insect Pest and a Virus Vector. Em: [s.l.] Springer International Publishing, 2015. p. 19–40.

- KANAKALA, S.; GHANIM, M. Global genetic diversity and geographical distribution of *Bemisia tabaci* and its bacterial endosymbionts. **PLOS ONE**, v. 14, n. 3, p. e0213946, 19 mar. 2019.
- KING, A. et al. Virus taxonomy: ninth report of the International Committee on Taxonomy of Viruses. **Elsevier-Academic Press**, 2011.
- KITAJIMA, E. W. An annotated list of plant viruses and viroids described in Brazil (1926-2018). **Biota Neotropica**, v. 20, n. 2, 2020.
- LOURENÇÃO, A.; NAGAI, H. Outbreaks of *Bemisia tabaci* in the São Paulo State, Brazil. **Bragantia**, v. 53, n. 1, p. 53–59, 1994.
- MACEDO, M. A. et al. Temporal and spatial progress of the diseases caused by the crinivirus tomato chlorosis virus and the begomovirus tomato severe rugose virus in tomatoes in Brazil. **Plant Pathology**, v. 68, n. 1, p. 72–84, jan. 2019.
- 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.
- MARUBAYASHI, J. M. et al. Diversity and localization of bacterial endosymbionts from whitefly species collected in Brazil. **PLoS ONE**, v. 9, n. 9, 2014.
- MARUBAYASHI, J. M.; YUKI, V. A.; WUTKE, E. B. Transmissão do *Cowpea mild mottle virus* pela mosca branca *Bemisia tabaci* biótipo B para plantas de feijão e soja. **Summa Phytopathologica**, v. 36, n. 2, p. 158–160, jun. 2010.
- MENZEL, W.; WINTER, S.; VETTEN, H. J. Complete nucleotide sequence of the type isolate of Cowpea mild mottle virus from Ghana. **Archives of Virology**, v. 155, n. 12, p. 2069–2073, 2010.
- 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, p. 14589, 1 dez. 2018.
- MUELLER, D. et al. **A Farmer's Guide to Soybean Diseases**. [s.l.] The American Phytopathological Society, 2016.
- MUNIYAPPA, V.; REDDY, D. V. R. Transmission of Cowpea Mild Mottle Virus by *Bemisia tabaci* in a Nonpersistent Manner. **Plant Disease**, v. 67, n. 4, p. 391–393, 1983.
- NAGATA, T. et al. A novel melon flexivirus transmitted by whitefly. **Archives of Virology**, v. 150, n. 2, p. 379–387, 2005.
- NAIDU, R. A. et al. Evidence that whitefly-transmitted cowpea mild mottle virus belongs to the genus Carlavirus. **Archives of Virology**, v. 143, n. 4, p. 769–780, 1998.
- NAVAS-CASTILLO, J.; FIALLO-OLIVÉ, E.; SÁNCHEZ-CAMPOS, S. Emerging Virus Diseases Transmitted by Whiteflies. **Annual Review of Phytopathology**, v. 49, n. 1, p. 219–248, 2011.

- PAN, H. et al. Factors Affecting Population Dynamics of Maternally Transmitted Endosymbionts in *Bemisia tabaci*. **PLoS ONE**, v. 7, n. 2, p. e30760, 23 fev. 2012.
- PERRING, T. M. The *Bemisia tabaci* species complex. v. 20, p. 725–737, 2001.
- POLSTON, J. E.; DE BARRO, P.; BOYKIN, L. M. Transmission specificities of plant viruses with the newly identified species of the *Bemisia tabaci* species complex. **Pest Management Science**, v. 70, n. 10, p. 1547–1552, 2014.
- RIBEIRO, S. G. et al. Widespread occurrence of tomato geminiviruses in Brazil, associated with the new biotype of the whitefly vector. **Plant Disease**, v. 82, n. 7, p. 830, 1998.
- SAVARY, S. et al. The global burden of pathogens and pests on major food crops. **Nature Ecology and Evolution**, v. 3, n. 3, p. 430–439, 1 mar. 2019.
- 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, jun. 2013.
- USDA. **World Agricultural Production**.
- WALKER, P. J. et al. Recent changes to virus taxonomy ratified by the International Committee on Taxonomy of Viruses (2022). **Archives of Virology**, 23 ago. 2022.
- WATANABE, L. F. M. et al. Performance and competitive displacement of *Bemisia tabaci* MEAM1 and MED cryptic species on different host plants. **Crop Protection**, v. 124, n. February, p. 1–6, 2019.
- XU, J.; DE BARRO, P. J.; LIU, S. S. Reproductive incompatibility among genetic groups of *Bemisia tabaci* supports the proposition that the whitefly is a cryptic species complex. **Bulletin of Entomological Research**, v. 100, p. 359–366, 2010.
- ZANARDO, L. G. et al. Molecular and biological characterization of *Cowpea mild mottle virus* isolates infecting soybean in Brazil and evidence of recombination. **Plant Pathology**, v. 63, n. 2, p. 456–465, 1 abr. 2014.
- ZANARDO, L. G.; CARVALHO, C. M. *Cowpea mild mottle virus* (*Carlavirus*, *Betaflexiviridae*): a review. **Tropical Plant Pathology**, v. 42, n. 6, p. 417–430, 20 dez. 2017.