



**UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL
DE PERNAMBUCO**

*PRÓ-REITORIA DE PESQUISA E
PÓS-GRADUAÇÃO*



**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO
EM FITOPATOLOGIA**

Dissertação de Mestrado

**Análise de transcriptomas do gênero *Allium* visando a
montagem de genomas da família *Amalgaviridae***

JOSÉ AILTON CRUZ MACEDO DOS SANTOS

JOSÉ AILTON CRUZ MACEDO DOS SANTOS

**ANÁLISE DE TRANSCRIPTOMAS
DO GÊNERO *ALLIUM* VISANDO A MONTAGEM DE
GENOMAS DA FAMÍLIA *AMALGAVIRIDAE***

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Fitopatologia da Universidade Federal Rural de Pernambuco, como parte dos requisitos para obtenção do título de Mestre em Fitopatologia

ORIENTAÇÃO:

Orientadora: Profa. Dra. Rosana Blawid, Dr. rer. hort.

**RECIFE-PE
MAIO – 2021**

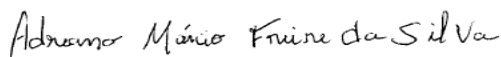
**ANÁLISE DE TRANSCRIPTOMAS DO GÊNERO *ALLIUM* VISANDO A
MONTAGEM DE GENOMAS DA FAMÍLIA AMALGAVIRIDAE**

JOSÉ AILTON CRUZ MACEDO DOS SANTOS

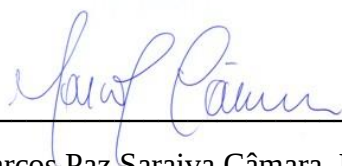
Dissertação defendida e aprovada pela Banca Examinadora em: 28/05/2021.

ORIENTADORA: PROFA. DRA. ROSANA BLAWID

EXAMINADORES:



Dr. Adriano Márcio Freire Silva



Prof. Marcos Paz Saraiva Câmara, Ph.D.



Profa. Dra. Rosana Blawid

**RECIFE-PE
MAIO – 2021**

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
Universidade Federal Rural de Pernambuco
Sistema Integrado de Bibliotecas
Gerada automaticamente, mediante os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

- J83a Santos, José Ailton Cruz Macedo
Análise de transcriptomas do gênero *Allium* visando a montagem de genomas da família Amalgaviridae / José Ailton Cruz Macedo Santos. - 2021.
127 f. : il.
- Orientadora: Rosana Blawid.
Inclui referências e anexo(s).
- Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal Rural de Pernambuco, Programa de Pós-Graduação em Fitopatologia, Recife, 2021.
1. Amalgavírus. 2. *Allium* sp.. 3. Conjuntos de dados transcriptômicos de *Allium*. 4. Partitivírus. I. Blawid, Rosana, orient. II. Título

CDD 632

**A Deus, a meus pais,
por seu amor, carinho e cuidado
Dedico**

AGRADECIMENTOS

A longa caminhada rumo à obtenção de um título não é nada fácil. Verdadeiras batalhas são travadas em busca do conhecimento e sem a ajuda destas pessoas este sonho não teria se tornado real.

Agradeço primeiramente a Deus que permitiu que tudo isso acontecesse ao longo de minha vida, e não somente nestes anos durante o mestrado, mas em todos os momentos, é o maior mestre que alguém pode conhecer. Por ter me dado saúde e força para superar as dificuldades.

Aos meus pais, José Hilton e Maria Francisler, que nos momentos de minha ausência, dedicados ao estudo, sempre fizeram entender que o futuro é feito a partir da constante dedicação no presente. Seus cuidados e dedicação deram esperança para seguir. A presença de vocês significou segurança e certeza de que não estou sozinho nessa caminhada.

Aos meus irmãos, José Erivelton e Maria Ângela, pessoas com quem amo partilhar a vida. Com vocês tenho me sentido mais vivo.

À Universidade Federal Rural de Pernambuco - UFRPE pela grande oportunidade de realização do curso de Pós-Graduação em Fitopatologia, seu corpo docente, direção e administração e ao CNPq pela bolsa concedida.

À Dra. Rosana Blawid, grande professora e orientadora, agradeço por sua confiança, incansável e dedicação, pela paciência na orientação, conhecimento e incentivo, apoio incondicional prestado, a forma interessada, extraordinária que tornaram possível a conclusão desta dissertação. Não posso esquecer a sua grande contribuição para o meu crescimento, eternamente grato por todo o apoio.

Aos membros do Laboratório de Fitovirologia, Tatiane Santos, Alejandro Risco, Grenville Antonio e Gessyka Rodrigues agradeço a todos pela colaboração na realização dos experimentos e principalmente por todos os momentos de alegria e descontração. Darcy Martins que com seu cafezinho fizeram com que os dias fossem mais alegres.

Ao Dr. Adriano Silva e Dr. Júlio Mesquita pelo apoio durante o desenvolvimento da pesquisa.

À minha namorada Mariana David que sempre esteve comigo e que deu forças para eu vencer essa etapa da vida, que jamais me negou apoio, carinho e incentivo, obrigado por aguentar tantas crises de estresse, sem você do meu lado esse trabalho não teria sido possível.

Sumário

CAPÍTULO 1: REVISÃO DE LITERATURA.....	2
1.1. A CULTURA DA CEBOLA (<i>Allium Cepa</i> L.)	2
1.2. AS PRINCIPAIS VIROSES QUE INFECTAM A CULTURA DA CEBOLA NO MUNDO.....	5
1.3. FAMÍLIA <i>Amalgaviridae</i>.....	10
1.4 AS PRINCIPAIS VIROSES QUE OCORREM NO GÊNERO <i>Allium</i> NO BRASIL.....	12
1.4.1 GÊNERO <i>Potyvirus</i>	12
1.4.1.1 CARACTERIZAÇÃO GENÔMICA.....	13
1.4.1.2 TRANSMISSÃO.....	17
1.4.1.3 SINTOMAS.....	17
1.4.2 GÊNERO <i>Carlavirus</i>	18
1.4.2.1 CARACTERIZAÇÃO GENÔMICA.....	22
1.4.2.2 TRANSMISSÃO.....	24
1.4.2.3 SINTOMAS.....	25
1.4.2.4 FERRAMENTAS E TÉCNICAS DE BIOLOGIA MOLECULAR NA IDENTIFICAÇÃO DE VÍRUS.....	25
1.4.3 GÊNERO <i>Orthospovirus</i>	26
1.4.3.1 CARACTERÍSTICAS DO GÊNERO <i>Orthospovirus</i>	31
1.4.3.2 TRANSMISSÃO.....	34
1.4.3.3 SINTOMAS.....	36
1.5 ANÁLISE TRANSCRIPTÔMICA VISANDO A MONTAGEM DE GENOMAS VIRAIS.....	37
1.5.1 PLATAFORMAS DE SEQUENCIAMENTO DE ALTO DESEMPENHO.....	37
1.5.2 FERRAMENTAS DE BIOINFORMÁTICA UTILIZADAS NAS MONTAGENS DE GENOMAS VIRAIS.....	40
1.5.3 O USO DE RESULTADOS DE TRANSCRIPTOMAS PARA MONTAGEM DE GENOMAS VIRAIS DE PLANTAS.....	42
1.6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	44
CAPÍTULO II: TRANSCRIPTOMIC ANALYSES REVEAL HIGHLY CONSERVED PLANT AMALGAVIRUS GENOMES IN DIFFERENT SPECIES OF <i>Allium</i>.....	79
SUMMARY.....	80
INTRODUCTION.....	82
MATERIALS AND METHODS.....	84
SAMPLE COLLECTION AND TRANSCRIPTOMIC DATASETS.....	84
HTS BIOINFORMATIC PIPELINE.....	84
PHYLOGENETIC AND SEQUENCE ANALYSES.....	85

RESULTS.....	86
GENOME ASSEMBLIES AND SEQUENCE IDENTITIES OF AMALGAVIRUSES.....	86
GENOME ASSEMBLY AND SEQUENCE IDENTITIES OF ONION PARTITIVIRUSES.....	89
PHYLOGENETIC ANALYSES.....	90
DISCUSSION.....	93
REFERENCES.....	96
SUPPLEMENTARY INFORMATION.....	100
CAPÍTULO III: CONCLUSÕES GERAIS.....	116
ANEXO.....	118

RESUMO

No Brasil a cebola (*Allium cepa* L.) é a terceira olerácea mais produzida. Os maiores estados produtores de cebola no território brasileiro são: Santa Catarina, Bahia, Minas Gerais, Rio Grande do Sul, São Paulo, Goiás, Paraná, Pernambuco, Rio Grande do Norte e Espírito Santo. O cultivo ocorre durante os meses de janeiro a março e as principais doenças de origem viral que acometem as lavouras são causadas por espécies dos gêneros *Orthotospovirus* e *Potyvirus*. Recentemente outras espécies de vírus foram descritas infectando a cebola, o *Allium cepa amalgavirus* 1 (AcAV-1) e *Allium cepa amalgavirus* 2 (AcAV-2) pertencentes ao gênero *Amalgavirus*. Até o momento, apenas dois genomas de amalgavírus foram montados a partir de material proveniente da cebola, e poucas pesquisas visam o estudo da diversidade viral. Além disso, recentemente, o amalgavírus southern tomato virus, que infecta o tomateiro, apresentou interação de forma mutualístico com o hospedeiro. As plantas infectadas de tomate eram mais altas e produziram mais frutos. As análises transcriptômicas mostraram que a infecção por STV afetou a expressão de genes de plantas envolvidos na biossíntese de etileno, e que a seleção de características superiores poderia estar envolvida com a infecção pelo amalgavírus. Diante disso, este trabalho teve como objetivo estudar a diversidade de amalgavírus em diferentes espécies de *Allium* coletadas ao redor do mundo através de dados transcriptômicos de 19 arquivos de SRA (*Sequence Read Archive*) disponíveis no GenBank, e de dados de RNA-seq gerados a partir de material foliar de cebola coletado na cidade de Petrolândia, Pernambuco, Brasil. O material foliar foi processado, submetido ao processo de liofilização e o RNA total foi extraído e enviado para sequenciamento Illumina pela Macrogen (Seul, Coréia do Sul). As sequências de arquivos SRA e os *contigs* montados a partir de dados de transcriptomas (*Transcriptome Shotgun Assembly*, TSA) do NCBI (*National Center for Biotechnology Information*) derivadas de amostras de plantas do gênero *Allium* foram utilizadas na montagem das sequências genômicas de amalgavírus e de um novo genoma de um partitivírus. Para tanto, primeiramente a qualidade dos sequenciamentos foi verificada pelo programa FastQC v.0.11.8 e a trimagem dos *reads* de baixa qualidade e de adaptadores foram realizados com o software Trimmomatic v. 0.39. O programa SPAdes v.3.15 foi utilizado para a montagem dos genomas, seguidamente de uma procura com a ferramenta tBLASTx utilizando um banco de dados de sequências de genomas virais completos (*Ref-Seq*) implementado manualmente no software Geneious v 11.0 (R11). O mapeamento e a montagem *de novo* dos genomas virais foram realizados com os parâmetros *Map to Reference (Medium-Low Sensitivity/Fast; Iteration 5 times)* implementadas no software Geneious R11. Os alinhamentos de sequências virais foram obtidos com o programa

MAFFT v.7 e os melhores modelos de substituição foram avaliados com o software ProtTest 3.4.2, com base nos critérios AIC e BIC. A árvore filogenética foi construída usando PhyML (Guindon et al., 2010). A árvore inicial foi obtida pelo BioNJ e otimizada pelo comprimento do galho e pela topologia da árvore. O tipo de melhoramento da árvore foi de acordo com o melhor do intercâmbio vizinho mais próximo e poda e reenxertia da subárvore. Os valores de suporte de ramais (%) foram estimados pelo teste da razão de verossimilhança aproximada (aLRT) com critérios do tipo SH. E a visualização da árvore foi realizada com o iTOL v4. A análise de alinhamentos múltiplos com sequências de aminoácidos foi realizada com o SDT v.1.2 para o cálculo das porcentagens de identidades entre as sequências virais. Das 19 amostras de SRA, um total de nove sequências genômicas de AcAV-1 (GEOY; GFAK; GFAJ; GHMJ; GBJZ; GBGJ; GBRN; GBRQ; GBRO) e nove de AcAV-2 (MZ063690; GFAJ; GEOY; GHMM; GHMJ; GHMP; GBRN; GETF; GBRQ) foram montados. Todas as sequências montadas de AcAV-1 mostraram o mesmo tamanho de ORFs encontrado para a sequência de AcAV-1 disponível no NCBI (NC_036580), sendo que o comprimento total das sequências genômicas montadas de AcAV-1 variou de 3365 a 3453 pb nas diferentes espécies de *Allium*. Análises por SDT utilizando sequências de aminoácidos codificadas pela ORF1 (*Open reading Frame 1* codifica a capa proteica, CP) de AcAV-1 revelaram identidades de 100% entre as sequências de CP de outros genomas de AcAV-1, com exceção de uma sequência isolada de *Allium escalonicum* proveniente da China (GFAJ, identidade de 83,9%). As análises de SDT utilizando sequências de aminoácidos da ORF2, que codifica para a RNA polimerase dependente de RNA (RdRp), revelaram identidades de 89,1 a 100% entre as sequências de AcAV-1. As sequências montadas a partir de dados de SRA e a sequência genômica brasileira de AcAV-2 (MZ063690) também mostraram tamanhos de ORFs de mesmo comprimento que a sequência publicada no NCBI (NC_036581). Interessantemente, ao contrário do observado no genoma de AcAV-1, a ORF2 de todas as sequências montadas de AcAV-2 começa após a sequência reguladora UUUCGU, envolvida no mecanismo ribossomal de mudança de quadro +1. Em geral, as análises de identidades a nível de aminoácidos revelaram que tanto as CP (83,9 a 100%, considerando todas as CPs) quanto as RdRps (89,1 a 100%, considerando todas as RdRps) são relativamente altamente conservadas entre as sequências de AcAV-1 e AcAV-2 das diversas espécies de *Allium* provenientes de diferentes países. Além disso, as sequências de aminoácidos codificadas pelas ORF1+ORF2 dos AcAV-1 e AcAV-2 são altamente conservadas, com exceção da sequência do isolado de AcAV-1 de *A. ascalonicum* (GFAJ). A sequência reguladora conservada (UUUCGU) foi encontrada em todas as sequências montadas de AcAV-1 e AcAV-2. Além das sequências

montadas de amalgavírus, um novo genoma de um partitivírus foi encontrado pela primeira vez em amostras de *A. cepa* de campos de produção no Brasil. Foi sugerido o nome deltapartitivirus alliumaceae (DpA, MZ063691, MZ063692, MZ090841) para o novo cryptovírus de acordo com as novas normas de taxonomia do ICTV (2021). Três segmentos virais (dsRNA-1, dsRNA-2 e dsRNA-3) foram montados constituídos de 1708 pares de base (pb, RdRp), 1465 pb (CP-1) e 1400 bp (CP-2), respectivamente. Análises com SDT utilizando a região codante para a RdRp revelaram identidades de 71,6-76,6% à nível de aminoácido com sequências de partitivírus não classificados, seguidos por identidades de 36,6 a 39,0% com sequências de deltapartitivírus. De acordo com o principal critério de demarcação de espécies de partitivírus, em que a sequência de aminoácidos da RdRp deve mostrar identidade maior que 24%, o partitivírus DpA foi classificado como um novo deltapartitivírus. Além disso, vários motivos estruturais de RdRp (A-D) foram encontrados nas sequências de aminoácidos de amalgavírus e partitivírus, entre outros motivos específicos para as espécies pertencentes às duas famílias (*Partitiviridae* e *Amalgaviridae*). As análises filogenéticas de sequências de aminoácidos de RdRps de amalgavírus e partitivírus revelaram nove clados (*clusters*) principais.

Estudos adicionais devem esclarecer se as infecções mistas de partitivírus e amalgavírus desempenham um papel na expressão da doença em cebolas. Este trabalho contribui para o entendimento da diversidade de amalgavírus em cebolas e descreve a primeira sequência genômica de partitivírus infectando *Allium cepa*.

Palavras-chave: Amalgavírus; *Allium* sp.; Conjuntos de dados transcriptômicos de *Allium*; Partitivírus

ABSTRACT

In Brazil, onion (*Allium cepa* L.) is the third most produced vegetable. The largest onion producing states in the Brazilian territory are: Santa Catarina, Bahia, Minas Gerais, Rio Grande do Sul, São Paulo, Goiás, Paraná, Pernambuco, Rio Grande do Norte and Espírito Santo. Cultivation occurs from January to March and the main viral diseases that affect this crop are caused by species of the genera *Orthotospovirus* and *Potyvirus*. Recently, other virus species have been reported to infect onions, the *Allium cepa amalgavirus* 1 (AcAV-1) and *Allium cepa amalgavirus* 2 (AcAV-2) species that belong to the genus *Amalgavirus*. So far, only two amalgavirus genomes have been assembled from material from onion tissue, and few studies aim to study amalgavirus diversity. In addition, recently, the amalgavirus southern tomato virus that infects tomatoes showed a mutualistic relationship with its host. The infected tomato plants were taller and produced more fruits. Transcriptomic analyses showed that STV infection affected the expression of plant genes involved in ethylene biosynthesis, and that the selection of superior characteristics could be involved with amalgavirus infection. Therefore, the main goal of this study was to evaluate amalgaviruses diversity from different species of *Allium* collected around the world through transcriptomic data from 19 SRA files (Sequence Read Archive) available on GenBank, and a RNA-seq data generated from onion leaf material collected in the city of Petrolândia, Pernambuco, Brazil. The leaf material was processed, subjected to the lyophilization process and the total RNA was extracted and sent for Illumina sequencing by Macrogen (Seoul, South Korea). Sequences of SRA files and contigs assembled from the available transcriptomic data (Transcriptome Shotgun Assembly, TSA) of NCBI (National Center for Biotechnology Information), which were derived from plant samples of the genus *Allium* were used to assembly amalgavirus genomic sequences and a new genome of a partitivirus. To this extent, first, the sequencing quality was evaluated by the software FastQC v.0.11.8 and trimming of low-quality reads and adapters were performed with Trimmomatic v0.39. The program SPAdes v.3.15 was used to assemble genomic sequences, followed by a search with the tBLASTx tool using a database of complete viral genome sequences (Ref-Seq) implemented manually in the Geneious v 11.0 (R11) software. The mapping and re-assembly of viral genomes were performed using the Map to Reference parameters (Medium-Low Sensitivity/Fast; Iteration 5 times) implemented in Geneious. The viral sequence alignments were obtained with the MAFFT v.7 program and the best substitution models were evaluated with the ProtTest 3.4.2 software, based on the AIC and BIC criteria. The starting tree was obtained by BioNJ and optimized by branch length and tree topology. The type of tree improvement was according to the best of nearest

neighbor interchange and subtree pruning and regrafting. Branch support values (%) were estimated by the approximate likelihood ratio test (aLRT) with SH-like criteria. The tree was visualized using iTOL v4. Multiple amino acid sequence alignments analyses were performed with SDT v.1.2 that calculates the percentages of identities between viral sequences. Of the 19 SRA samples, a total of nine genomic sequence of AcAV-1 (GEOY; GFAK; GFAJ; GHMJ; GBJZ; GBGJ; GBRN; GBRQ; GBRO) and nine of AcAV-2 (GFAJ; GEOY; GHMM; GHMJ; GHMP; GBRN; GETF; GBRQ) were assembled. All assembled sequences of AcAV-1 showed the same ORF size as found for the AcAV-1 sequence available in the NCBI (NC_036580). The total length of the assembled genomic sequences of AcAV-1 varied from 3365 to 3453 bp in different species of allium. SDT amino acid sequence analyses using the ORF1 region (encodes the protein coat, CP) of AcAV-1 revealed identities of 100% between ORF1 sequences from other AcAV-1 genomes, except for a sequence isolated from *Allium escalonicum* of China (GFAJ, 83.9% identity). SDT analyses using ORF2 amino acid sequences, which encode for the RNA-dependent RNA polymerase (RdRp), revealed identities of 89.1 to 100% between the AcAV-1 sequences. The sequences assembled from SRA data and the Brazilian genomic sequence of AcAV-2 (MZ063690) also showed ORF sizes of the same length as the sequence published in the NCBI (NC_036581). Interestingly, contrary to what is observed for the AcAV-1 genome, the ORF2 of all assembled sequences of AcAV-2 begins after the UUUCGU regulatory sequence, which is involved in the mechanism of ribosomal frameshifting +1. Taken together, the analyses of amino acid sequence identities revealed that both the CP (83.9 to 100%, considering all CPs) and the RdRps (89.1 to 100%, considering all RdRps) are relatively highly conserved among the sequences of AcAV-1 and AcAV-2 of the different species of allium from different countries. In addition, also the ORF1+ORF2 amino acid sequences of AcAV-1 and AcAV-2 were highly conserved, except for the *A. ascalonicum* AcAV-1 isolate (GFAJ). The conserved regulatory sequence (UUUCGU) was found in all assembled sequences of AcAV-1 and AcAV-2. In addition to the assembled amalgavirus sequences, a new genomic sequence of a partitivirus was found for the first time in samples of *A. cepa* from production fields in Brazil. The name deltapartitivirus alliumaceae (DpA, MZ063691, MZ063692, MZ090841) was suggested for the new cryptovirus according to the new ICTV taxonomic rules (2021). Three viral segments (dsRNA-1, dsRNA-2 and dsRNA-3) were assembled consisting of 1708 base pairs (bp, RdRp), 1465 bp (CP-1) and 1400 bp (CP-2), respectively. SDT analyses using the coding region of RdRp sequences revealed identities of 71.6-76.6% at the amino acid level with unclassified partitivirus sequences, followed by identities of 36.6 to 39.0% with

deltapartitivirus sequences. According to the main demarcation criteria of partitivirus species, in which the RdRp coding sequence must show an identity at the amino acid level greater than 24%, the DpA partitivirus was classified as a new deltapartitivirus. In addition, several structural RdRp motifs (A-D) were found in the RdRp amino acid sequences of amalgavirus and partitivirus, among other specific motifs of the two families sequence members (*Partitiviridae* and *Amalgaviridae*). Phylogenetic analyses of RdRps amino acid sequences from amalgaviruses and partitiviruses revealed nine major clusters.

Additional studies should clarify whether mixed infections of partitivirus and amalgavirus play a role in disease of onions. This work contributes to the understanding of the diversity of amalgaviruses in onions and describes the first genome of a partitivirus infecting *Allium cepa*.

Keywords: *Amalgaviruses*; *Allium* sp.; *Allium* transcriptomic data sets; *Partitiviruses*

CAPÍTULO I

Introdução Geral

CAPÍTULO 1: REVISÃO DE LITERATURA

1.1. A CULTURA DA CEBOLA (*Allium cepa* L.)

A cebola (*Allium cepa* L.) é uma planta herbácea que pode atingir cerca de 60 cm de altura e possui caule inserido dentro da primeira camada do solo onde encontra-se o bulbo e emergem-se as raízes (COSTA *et al.*, 2010; KASSAB, 1994; KURTZ *et al.*, 2013). As cebolas pertencem à família botânica *Amaryllidaceae* (subfamília *Allioideae*), que totalizam mais de 800 espécies dentro de trinta gêneros já catalogados, e possuem características polimórficas exibindo diferenças quantos ao tamanho, formato, cor, e reação ao fotoperíodo (RODRIGUES *et al.*, 2006; SABIU *et al.*, 2019). O cultivo da cebola ocorre há mais de 5 mil anos. Pesquisas revelam gravuras em túmulos egípcios, nas quais são retratados trabalhadores se alimentando de cebola (FRITSCH; FRIESEN, 2002). O centro de origem refere-se provavelmente às regiões montanhosas do Turcomenistão, Uzbequistão, Tadjiquistão e Norte do Irã, Afeganistão e Paquistão (FRITSCH; FRIESEN, 2002).

No Brasil, a cebola é considerada a terceira cultura em termos econômicos entre as hortaliças, ficando atrás apenas do tomate e da batata (IBGE, 2017; KIST *et al.*, 2019). O Brasil é um produtor tradicional de cebola. Na safra de 2020 posicionou-se em 16º lugar na produção mundial, com produção estimada em 1,5 milhão de toneladas, representando 2% da cebolicultura do planeta. O Brasil, China e Índia, juntos, viabilizam 49% da produção mundial (SALVADOR, 2021). De acordo com o Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE, 2017), a produção comercial de cebola está distribuída em quinze unidades da federação. A cebolicultura constitui-se em uma atividade socioeconômica de significativa relevância gerando emprego e renda, fixando o agricultor e sua família ao meio rural, e, portanto, a prática da cebolicultura tem uma grande importância social e econômica (KURTZ *et al.*, 2013). Atualmente a cebolicultura é a principal fonte de emprego para cerca de 345 mil pessoas que residem no meio rural (IBGE, 2017). Os sete maiores Estados produtores são Santa Catarina, Bahia, Minas Gerais, São Paulo, Goiás, Rio Grande do Sul e Paraná, que respondem juntos por cerca de 94% da produção total nacional (SALVADOR, 2021). Atualmente, no Brasil cerca de 50 mil famílias se dedicam à atividade da cebolicultura e, estima-se uma área total de produção de 58.000 ha no qual 85% da produção abastece o mercado interno, e o restante é destinado à exportação.

A cebola foi introduzida no Nordeste brasileiro no final da década de 40, e até os dias atuais é predominantemente produzida no Vale do São Francisco. O cultivo é realizado durante o ano todo, com concentração de plantio nos meses de janeiro a março,

principalmente nas regiões do Médio São Francisco (MENDES *et al.*, 2007). As grandes regiões produtoras de cebola no território brasileiro são: (i) Nordeste: Bahia, Pernambuco e Rio Grande do Norte. (ii) Sudeste: Espírito Santo, Minas, São Paulo. (iii) Sul: Paraná, Santa Catarina e Rio Grande Do Sul e (iv) no Centro-Oeste: Distrito Federal, Goiás (IBGE, 2017).

O fotoperíodo influencia consideravelmente o crescimento, desenvolvimento, bulbificação e florescimento da cebola. Para que ocorra a bulbificação é necessário que plantas sejam expostas a 10 horas/luz ou superior. Os fotoperíodos inferiores e pouca radiação acabam influenciando no ciclo da cultura e no tamanho dos bulbos, podendo não ocorrer a bulbificação. As temperaturas extremas também têm papel crucial na fisiologia da cebola. É recomendado temperaturas entre 25 e 35 °C para um ótimo desenvolvimento de bulbos, florescimento, desenvolvimento de raiz e controle de doenças (AUSTIN, 1972; MENDES *et al.*, 2007; VIEIRA; FRANCISCO, 2009). As melhores cultivares são aquelas adquiridas na própria região de cultivo (PEREIRA; OLIVEIRA; PINHEIRO, 2014; SANTOS; OLIVEIRA, 2013).

No Nordeste brasileiro existe uma predominância de períodos com altas temperaturas e chuvas intensas que levam a necessidade de produzir variedades de cebola adaptadas às condições de cultivo desta região (CHAGAS; RESENDE; PEREIRA, 2004). As regiões que predominam baixas temperaturas e elevada umidade relativa do ar estão mais sujeitas a ocorrência de doenças como o míldio (*Peronospora destructor*) e a queima-de-pontas (*Botrytis squamosa*), enquanto os plantios das regiões Sudeste e Centro-Oeste, que ocorrem em temperaturas mais altas, estão sujeitos com maior frequência à doença da mancha-púrpura (*Alternaria porri*) (PEREIRA; OLIVEIRA; PINHEIRO, 2014). As variedades de cebola do Brasil foram desenvolvidas através da introdução de cebolas provenientes da Europa (CUI *et al.*, 2001; LEITE *et al.*, 2009; SANTOS *et al.*, 2010). As populações derivadas da variedade portuguesa deram origem a Baia Periforme, e as oriundas de genótipos egípcios constituíram a variedade Pêra, e o resultante do cruzamento entre essas duas variedades deram origem a variedade crioula (LEITE *et al.*, 2009; SANTOS; OLIVEIRA; LEITE, 2013). As cultivares do tipo crioulas têm como característica bulbos de cor amarela escura, pungência alta e excelente conservação pós-colheita. Essa cultivar é bem adaptada à região Sul do Brasil (MELO, 2007; RODRIGUES *et al.*, 2006). Na região Nordeste as cultivares de bulbo roxo são mais bem aceitas, já no restante do país predomina as com coloração amarela e internos de cor branca e sabor pungente. Todas as cultivares disponíveis no Brasil e registradas no RNC (Registro Nacional de Cultivares), (**Anexo I**) visam atender as exigências do consumidor brasileiro que prefere bulbos de tamanho médio (50-90 mm de diâmetro), e de

formato globular (SANTOS *et al.*, 2010; SANTOS; OLIVEIRA; LEITE, 2013). A maioria das cultivares disponíveis são para semeio de final de verão a meados de outono e colheita de agosto a novembro, época considerada ideal para o cultivo de hortaliças em condições de campo no Brasil (CAMARGO, 2017). As cultivares Alfa Tropical e BRS Alfa São Francisco são mais recomendadas para o plantio no verão, e ainda possuem resistência a antracnose e mancha púrpura (COSTA *et al.*, 2010; COSTA *et al.*, 2008; COSTA *et al.*, 2005; PEREIRA; OLIVEIRA; PINHEIRO, 2014; SANTOS; OLIVEIRA; LEITE, 2013). As cultivares Baia Periforme, Baia Periforme Precoce, Baia Periforme Super Precoce, Primavera e Piraouro são adaptadas ao processo de produção por bulbilhos (CHAGAS *et al.*, 2004; DUARTE *et al.*, 2003; SANTOS *et al.*, 2010). Na região Nordeste, para o primeiro semestre é recomendado as seguintes variedades: Vale Ouro IPA-11, Composto IPA-6, Texas Grano-502 PRR e os híbridos Granex-429, Granex-33 e Mercedes de coloração amarela, bem como a cultivar franciscana IPA-10 com bulbo de coloração roxa. Essas cultivares possuem ciclo variando de 110 a 130 dias da semeadura à colheita (BETTONI *et al.*, 2013; COSTA *et al.*, 2008; DUARTE *et al.*, 2003; HENRIQUES *et al.*, 2014; YURI; RESENDE; COSTA, 2018). As cultivares Alfa Tropical, Alfa São Francisco e Franciscana IPA-10 são recomendadas para o plantio a partir de julho. A produtividade obtida com as cultivares plantadas na região varia de 15 a 60 t/ha dependendo da localidade, da época de plantio e dos tratos culturais realizados (COSTA; RESENDE; DIAS, 2000; RESENDE; COSTA, 2014; RODRIGUES *et al.*, 2006; VILAS BOAS *et al.*, 2011; YURI; RESENDE; COSTA, 2018).

Diferentes partes da cebola podem estar sujeitas a uma série de doenças, que podem comprometer o desenvolvimento da planta (MENDES *et al.*, 2007). As doenças de maior ocorrência nas plantações de cebola no Brasil independentemente da região cultivada são: a queima acinzentada ou sapeco (*Botrytis squamosa*), o míldio (*Peronospora destructor*) e a mancha púrpura (*Alternaria porri*), que são fungos da parte aérea, a raiz rosada (*Phoma terrestris*) e a podridão branca (*Sclerotium cepivorum*) são causados por fungos de solo, os nematoides *Ditylenchus dipsaci* que atacam a região da coroa ainda na lavoura; as bacterioses (*Burkholderia* spp. e *Pectobacterium carotovorum* subsp. *carotovorum*), o falso carvão mofo (*Aspergillus niger*) e as doenças virais causados por iris yellow spot virus (IYSV) do gênero *Orthotospovirus* e as causadas por onion yellow dwarf virus do gênero *Potyvirus* (FILHO, *et al.*, 2006; KITAJIMA, 2020; MENDES *et al.*, 2007).

1.2. AS PRINCIPAIS VIROSES QUE INFECTAM A CULTURA DA CEBOLA NO MUNDO

As principais espécies descritas no ICTV (*International Committee on Taxonomy of Viruses*, 2020), que já foram identificadas infectando a cultura da cebola foram: *Iris yellow spot virus* (BAG *et al.*, 2015; BAG; DRUFFEL; PAPPU, 2010), *Onion yellow dwarf virus* (OYDV) (SHAHRAEEN; LESEMAN; GHOTBI, 2008), *Leek yellow stripe virus* (LYSV) (SANTOSA; ERTUNÇ, 2020), *Garlic common latent virus* (GCLV), *Garlic virus C* (Gar-C), *Garlic virus D* (Gar-D) (SHAHRAEEN; LESEMAN; GHOTBI, 2008), *Shallot virus X* (HAMED *et al.*, 2012; RUIZ *et al.*, 2008), *Shallot latent virus* (SLV) (WANG *et al.*, 2019), *Garlic mite-borne filamentous virus* (GarMbFV) (GEERING; MCTAGGART, 2019), *Artichoke yellow ringspot virus* (AYRSV) (MALIOGKA *et al.*, 2006), *Sint-Jan onion latent virus* (SjoLV) (DIJK, 1993) e *Shallot yellow stripe virus* (SYSV) (CHEN *et al.*, 2005) (Tabela 2).

Em geral, os vírus podem causar perdas de rendimento de 50% a 100% durante o processo de cultivo (CONCI *et al.*, 2003; LOT *et al.*, 1998), e na cultura de espécies do gênero *Allium* observa-se em média perdas de até 88% da produção (CONCI *et al.*, 2003; FILHO *et al.*, 2006; MELO FILHO, *et al.*, 2004). A espécie OYDV é frequentemente encontrada infectando plantações de cebola no mundo e foi por muitos anos associada a doenças etiológicas de origem desconhecida, sendo conhecida apenas como uma doença que causa mosaico devido a presença de manchas amareladas e necróticas nos tecidos foliares (BARG *et al.*, 1994; DIJK, 1993). O genoma (ssRNA senso positivo) completo do OYDV (número de acesso do *GenBank* AB219833, AJ510223 ou AB219834) tem cerca de 10538 nt e um comprimento entre 750 e 775 nanômetros (nm) com um diâmetro de 14 a 16 nm. O genoma viral codifica uma poliproteína de 3403 aminoácidos. As partículas são filamentos flexíveis que podem ser facilmente detectados em extratos de *Allium* infectados (BOS; HUTTINGA; MAAT, 1978; CHEN *et al.*, 2003; TAKAKI; SANO; YAMASHITA, 2006). O gene P3 é considerado o mais longo quando comparado com similares em potyvírus (CHEN *et al.*, 2003). O OYDV é considerado a espécie mais importante entre as espécies que infectam o gênero *Allium* em termos de danos econômicos (DIJK, 1993). Já foi registrado mais de 50 espécies de afídeos transmitindo o OYDV, entre os principais vetores o *Aphis craccivora* (Koch), *A. gossypii* (Glover), e o *Myzus persicae* (Sulzer), que é relatado como o vetor mais eficiente em termos de transmissão (EL-WAHAB, 2009; PAWAN; POONAM; RAKESH, 2011). O OYDV é descrito no mundo todo, mais sua gama de hospedeiro é bem restrita à família *Amaryllidaceae* (CHODORSKA *et al.*, 2014; CROWE; PAPPU, 2005;

DOVAS *et al.*, 2001; MAJUMDER *et al.*, 2014). O OYDV pode infectar as plantas em qualquer estágio do seu desenvolvimento. Os principais sintomas nas plantas jovens são o aparecimento de estrias amarelas nas bases das primeiras folhas verdadeiras (MAJUMDER; JOHARI, 2014; VONČINA *et al.*, 2016). Após esse sintoma inicial, todas as folhas em desenvolvimento apresentam sintomas que variam de estrias amarelas ao amarelecimento completo das folhas podendo ficar enrugadas e achatadas até cair, e o tamanho do bulbo é reduzido (FIDAN; BALOGLU, 2009; MAJUMDER *et al.*, 2017; PÉREZ-MORENO *et al.*, 2006; TESTEN *et al.*, 2014; VONČINA *et al.*, 2016).

Outra espécie encontrada frequentemente em campos de cebola ao redor do mundo é o *Iris yellow spot virus*, que pertence ao gênero *Orthospovirus*. Este gênero possui vírus que infectam mais de 90 famílias de plantas e 1090 espécies em todo o mundo, incluindo as leguminosas, as culturas ornamentais e mesmo plantas daninhas (PARRELLA *et al.*, 2003). Os vírus pertencentes a este gênero estão entre os principais agentes causadores de problemas fitossanitários em campos principalmente de culturas de batata, alface, cebola, alho, feijão, pimentas e pimentões, soja, ervilha, cucurbitáceas, tomate, amora e muitas ornamentais (PAPPU; JONES; JAIN, 2009). Os sintomas causam manchas necróticas e murcha e eventualmente ocasiona a morte das plantas (CÓRDOBA-SELLÉS *et al.*, 2007, NISCHWITZ; GITAITIS; *et al.*, 2007; WEILNER; BEDLAN, 2013). Os orthospovírus são prevalentes em climas quentes em regiões com uma alta população de tripes. O aumento da prevalência dos vírus pertencentes a esse gênero se deve em grande parte ao sucesso da sobrevivência dos tripes nos campos, que são os principais vetores (RILEY *et al.*, 2011).

O vírus IYSV infecta preferencialmente plantas do gênero *Allium* sp. (CÓRDOBA-SELLÉS *et al.*, 2007; GAMAGE; HASSANI-MEHRABAN; PETERS, 2010; GAWANDE *et al.*, 2014; WEILNER; BEDLAN, 2013). O sucesso de dispersão dessa espécie é relacionado à presença do tripe *Thrips tabaci*, o qual é constantemente encontrado em plantios de cebola e suas proximidades. O modo de transmissão do IYSV é do tipo propagativo-circulativo (DIAZ-MONTANO *et al.*, 2011; NAGATA *et al.*, 1999; PAPPU; HELLIER; DUGAN, 2006). Além disso, o plantio de forma propagativa vegetativa e o comércio de plantas infestadas pelo vetor têm contribuído significativamente para a disseminação do vírus no mundo (FUJI *et al.*, 2015; KRAUTHAUSEN *et al.*, 2012; NISCHWITZ; PAPPU *et al.*, 2007).

Tabela 2 - Descrição das principais espécies de vírus reportadas na literatura infectando a cebola, incluindo a classificação taxonômica, a localização e referências.

CLASSIFICAÇÃO TAXONÔMICA	LOCALIZAÇÃO	REFERÊNCIAS
<i>Riboviria</i> ; <i>Orthornavirae</i> ; <i>Pisuviricota</i> ; <i>Pisoniviricetes</i> ; <i>Picornavirales</i> ; <i>Secoviridae</i> ; <i>Comovirinae</i> ; <i>Nepovirus</i>	Creta, Grécia, Itália, Peru, Sicília.	BONNET; MALIOGKA <i>et al.</i> , 2006; CABI; EPPO, 2014; PAYLAN; ERGUN; ERKAN, 2013; RODRIGUES <i>et al.</i> , 2007.
<i>Riboviria</i> ; <i>Orthornavirae</i> ; <i>Kitrinoviricota</i> ; <i>Alsuviricetes</i> ; <i>Tymovirales</i> ; <i>Betaflexiviridae</i> ; <i>Quinvirinae</i> ; <i>Carlavirus</i>	Croácia, EUA, Grécia, Irã, Itália, México, Nigéria, Polônia, Sudão.	CHODORSKA <i>et al.</i> , 2014; DOVAS, GODENA <i>et al.</i> , 2001; HAMED <i>et al.</i> , 2013;
<i>Riboviria</i> ; <i>Orthornavirae</i> ; <i>Kitrinoviricota</i> ; <i>Alsuviricetes</i> ; <i>Tymovirales</i> ; <i>Alphaflexiviridae</i> ; <i>Allexivirus</i>	Austrália, Bahia e Rio Grande do Sul, Brasil, China, Coreia, Estado de Santa Catarina, Estados Unidos, Goiás, Japão, Minas Gerais, Vale do Itajaí, Polônia.	BEREDA <i>et al.</i> , 2016; BEREDA <i>et al.</i> , 2017; CHEN <i>et al.</i> , 2020; FAYAD-ANDRÉ <i>et al.</i> , 2011; GEERING; MCTAGGART, 2019; MITUTI <i>et al.</i> , 2015; NURULITA <i>et al.</i> , 2020; OLIVEIRA <i>et al.</i> , 2014; WIJAYASEKARA; FERGUSON; ALI, 2019.
<i>Riboviria</i> ; <i>Orthornavirae</i> ; <i>Kitrinoviricota</i> ; <i>Alsuviricetes</i> ; <i>Tymovirales</i> ; <i>Alphaflexiviridae</i> ; <i>Allexivirus</i>	Estados Unidos, Polônia, Sicília, Finlândia.	BAMPI; REINSEL; HAMMOND, 2018; CHODORSKA <i>et al.</i> , 2012; DOVAS, CRISOSTOMOS I. <i>et al.</i> , 2001; SHAHRAEEN; LESEMANN; GHOTBI, 2008.
<i>Riboviria</i> ; <i>Orthornavirae</i> ; <i>Kitrinoviricota</i> ; <i>Alsuviricetes</i> ; <i>Tymovirales</i> ; <i>Alphaflexiviridae</i> ; <i>Allexivirus</i>	Estados Unidos, Itália, Sicília, Peru.	FIDAN <i>et al.</i> , 2013; MEGERMAN <i>et al.</i> , 2008; TAGLIENTI <i>et al.</i> , 2018

<i>Riboviria</i>; <i>Orthornavirae</i>; <i>Negarnaviricota</i>; <i>Polyploviricota</i>; <i>Ellioviricetes</i>; <i>Bunyavirales</i>; <i>Tospoviridae</i>; <i>Orthotospovirus</i>	África do Sul, Alemanha, Arizona, Austrália, Austrália Ocidental, Áustria, Bósnia e Herzegovina, Brasil, Califórnia, Canadá, Chile, Colorado, Costa Rica, Egito, Equador, Eslovênia, Espanha, Estados Unidos, França, Geórgia, Grécia, Guatemala, Gujarat, Havaí, Honshu, Hungria, Idaho, Índia, Indonésia, Inglaterra, Irã, Israel, Itália, Japão, Java, Karnataka, Kyushu, Madhya Pradesh, Maharashtra, Maurício, México, Michigan, Nevada, Nova Gales do Sul, Nova York, Nova Zelândia, Novo México, Ontário, Oregon, Países Baixos, Paquistão, Pennsylvania, Pernambuco, Peru, Quênia, Reino Unido, Reunião, São Paulo, Sri Lanka, Tajiquistão, Tamil Nadu, Texas, Tunísia, Uganda, Uruguai, Utah, Uttar Pradesh, Victoria, Washington, Zimbábue, Argélia.	BAG <i>et al.</i>, 2015; GAMAGE <i>et al.</i>, 2014; HOEPTING; FUCHS, 2012; IFTIKHAR <i>et al.</i>, 2013; KARAVINA <i>et al.</i>, 2016; KUMAR; DHAWAN, 2013; LOBIN <i>et al.</i>, 2012; MANGLLI <i>et al.</i>, 2012; PLENK; GRAUSGRUBER-GRÖGER, 2011; TABASSUM <i>et al.</i>, 2016; TRKULJA <i>et al.</i>, 2013; WEILNER; BEDLAN, 2013.
<i>Riboviria</i>; <i>Orthornavirae</i>; <i>Pisuviricota</i>; <i>Stelpaviricetes</i>; <i>Patatavirales</i>; <i>Potyviridae</i>; <i>Potyvirus</i>	Alemanha, Argentina, Austrália, Bangladesh, Bélgica, Brasil, Chile, China, Colômbia, Croácia, Czechia, Dinamarca, Equador, Eslovênia, Estados Unidos, Finlândia, França, Grécia, Henan, Honshu, Hubei, Iêmen, Índia, Indonésia, Irã, Itália, Japão, Java, Jiangsu, Karnataka, México, Nova Zelândia, Ohio, Oregon, Países Baixos, Peru, República Federal da Iugoslávia, Rio Grande do Sul, Sérvia, Shandong, Sicília, Suécia, Tailândia, Tchecoslováquia, Uruguai, Venezuela., Victoria, Vietnã, Washington, Yunnan, Zhejiang, Tunísia	BAMPI; REINSEL; HAMMOND, 2018; GAWANDE <i>et al.</i>, 2014a; KUMAR; DHAWAN, 2013; OLEAS; ARAHANA, 2016; SANTOSA; ERTUNÇ, 2020; SHAHRAEEN; LESEMANN, D. E.; TESTEN <i>et al.</i>, 2014; VONČINA <i>et al.</i>, 2016; VUČUROVIĆ, I. <i>et al.</i>, 2016.

<i>Riboviria</i> ; <i>Orthornavirae</i> ; <i>Pisuviricota</i> ; <i>Stelpaviricetes</i> ; <i>Patatavirales</i> ; <i>Potyviridae</i> ; <i>Potyvirus</i> .	África do Sul, Alemanha, Argentina, Austrália, Áustria, Brasil, Califórnia, Canadá, Checoslováquia, Chile, China, Columbia Britânica, Connecticut, Croácia, Cuba, Czechia, Délhi, Dinamarca, Equador, Escócia, Eslovênia, Espanha, Estados Unidos, Estônia, Finlândia, França, Grécia, Haryana, Henan, Hubei, Hungria, Índia, Indonésia, Inglaterra, Iowa, Irã, Iraque, Israel, Itália, Japão, Jiangsu, Lituânia, Louisiana, Marrocos, México, Minnesota, Moldávia, Montana, Nigéria, Nova Escócia, Nova Gales do Sul, Nova York, Nova Zelândia, Ontário, Oregon, Peru, Polônia, Reino Unido, Romênia, Santa Catarina, São Paulo, Sérvia, Sérvia e Montenegro, Shandong, Sicília, Suíça, Sul da Austrália, Tailândia, Taiwan, Tasmânia, Tunísia, Ucrânia, Uruguai, Victoria, Vietnã, Washington, West Virginia, Yunnan, Zhejiang, Egito, Rio Grande do Sul.	ARAÚJO <i>et al.</i> , 2018; BARANWAL <i>et al.</i> , 2011; CHODORSKA <i>et al.</i> , 2014; FERNÁNDEZ-TABANERA <i>et al.</i> , 2018; MAJUMDER <i>et al.</i> , 2017; OLEAS; ARAHANA, 2016; PÉREZ-MORENO <i>et al.</i> , 2007; SHAHRAEEN <i>et al.</i> , 2015.
<i>Riboviria</i> ; <i>Orthornavirae</i> ; <i>Kitrinoviricota</i> ; <i>Alsuviricetes</i> ; <i>Tymovirales</i> ; <i>Betaflexiviridae</i> ; <i>Quinvirinae</i> ; <i>Carlavirus</i>	Argentina, Brasil, Canadá, Coréia do Sul, Croácia, Dinamarca, Estados Unidos, França, Grécia, Henan, Hubei, Itália, Jiangsu, México, Ontário, Paraná, Polônia, Reino Unido, São Paulo, Sicília, Yunnan, China.	BAMPI; REINSEL; HAMMOND, 2018; CHODORSKA <i>et al.</i> , 2014; DOVAS; VOVLAS, 2003; DOVAS, GODENA <i>et al.</i> , 2020; MITUTI <i>et al.</i> , 2011; PÉREZ-MORENO <i>et al.</i> , 2006; TORRICO; CAFRUNE; CONCI 2010.
<i>Riboviria</i> ; <i>Orthornavirae</i> ; <i>Kitrinoviricota</i> ; <i>Alsuviricetes</i> ; <i>Tymovirales</i> ; <i>Alphaflexiviridae</i> ; <i>Allexivirus</i>	Ecuador, India, Italy, Poland, United States, Sudan.	BAMPI; REINSEL; HAMMOND, 2018; GRANDA; LANDÁZURI; ARKHIPOV, 2017; HAMED <i>et al.</i> , 2012; MAJUMDER <i>et al.</i> , 2008; PADUCH-CICHAL <i>et al.</i> , 2017; TAGLIENTI <i>et al.</i> , 2015

<i>Riboviria</i> ; <i>Orthornavirae</i> ; <i>Pisuviricota</i> ; <i>Stelpaviricetes</i> ; <i>Patatavirales</i> ; <i>Potyviridae</i> ; <i>Potyvirus</i>	China, Dongcheng, Indonésia, Irã, Japão, Tailândia, Taiwan, Vietnã, França.	CHEN <i>et al.</i> , 2005; CHEN <i>et al.</i> , 2002; FAEZEHOSSADAT; FARZANEH, 2016; HA <i>et al.</i> , 2008; LI <i>et al.</i> , 2016; MARAIS <i>et al.</i> , 2019; TSUNEYOSHI <i>et al.</i> , 2016.
<i>Riboviria</i> ; <i>Orthornavirae</i> ; <i>Kitrinovicota</i> ; <i>Alsuviricetes</i> ; <i>Tymovirales</i> ; <i>Betaflexiviridae</i> ; <i>Quinvirinae</i> ; <i>Carlavirus</i>	Alemanha, China, Holanda.	DIJK, 1993a, 1993b; TSUNEYOSHI <i>et al.</i> , 1998

*Descrição taxonômica de acordo com *International Committee on Taxonomy of Viruses* (ICTV, 2020). As principais espécies de vírus infectando o gênero *allium*, descritas em diferentes países.

1.3. FAMÍLIA *Amalgaviridae*

Em 2013 o ICTV reconheceu uma nova família de vírus (*Amalgaviridae*), que foi denominada *amalg* (que significa mistura), devido às espécies virais possuírem características tanto de espécies pertencentes ao gênero *Partitivirus* quanto aos *Totivirus*, indicando uma provável relação genética com essas duas famílias (LIU; CHEN, 2009; MARTIN; ZHOU; TZANETAKIS, 2011; SABANADZOVIC *et al.*, 2009). Portanto, Nibert *et al.* (2014) propôs a nova família, por indicar as semelhanças encontradas entre espécies pertencentes à família *Totiviridae* e *Partitiviridae* (SABANADZOVIC *et al.*, 2009). Como resultado os amalgavírus foram classificados pertencendo a uma nova família de vírus pelo ICTV (ADAMS *et al.*, 2014). No entanto, análises filogenéticas realizadas com o gene que codifica a RNA-dependente de RNA polimerase (RdRp) demonstraram que as RdRps de amalgavírus estão mais intimamente relacionadas as RdRps de vírus das espécies da família *Partitiviridae*. Além disso, em 2015, Krupovic *et al.* demonstraram que a capa proteica dos amalgavírus é homólogo a proteínas do nucleocapsídeo de vírus pertencentes aos gêneros *Phlebovirus* e *Tenuivirus* (KRUPOVIC; DOLJA; KOONIN, 2015; MARTIN; ZHOU; TZANETAKIS, 2011; SABANADZOVIC *et al.*, 2009).

A família *Amalgaviridae* é composta por dois gêneros: o gênero *Amalgavirus*, constituído de nove espécies (*Allium cepa amalgavirus 1*, *Allium cepa amalgavirus 2*, *Blueberry latent virus*, *Rhododendron virus A*, *Southern tomato virus*, *Spinach amalgavirus 1*, *Vicia cryptic virus M*, *Zoostera marina amalgavirus 1*, *Zoostera marina amalgavirus 2*)

encontrados em plantas, e o gênero *Zyobavirus* que infecta fungos e é constituído por apenas uma espécie, o *Zygosaccharomyces bailii virus* Z (ADAMS *et al.*, 2014). Os genomas são monopartidos de fita dupla de RNA (dsRNA), com cerca de 3,5 kilo pares de bases (kpb) de comprimento (SABANADZOVIC *et al.*, 2010; SABANADZOVIC *et al.*, 2009). Duas fases/quadros de leitura aberta (ORFs, *Open Reading Frame*) encontram-se parcialmente sobrepostas, onde a primeira ORF codifica a proteína de revestimento (CP) e a segunda ORF a RdRp, e são expressas por um mecanismo de deslocamento de quadro ribossômico (PRF) programado +1 (DEPIERREUX; VONG; NIBERT, 2016; SABANADZOVIC *et al.*, 2009).

A espécie tipo da família *Amalgaviridae* é o *Southern tomato virus* (STV), descrito em 2009 na América do Norte e Central em plantações de tomate com suspeita de associação a uma nova desordem nas plantas (SABANADZOVIC *et al.*, 2009). A espécie tipo possui um genoma de dsRNA monopartido de 3,437 bp (SABANADZOVIC *et al.*, 2009). O STV foi testado em experimentos de transmissão mecânica e enxertia, mas sem sucesso (SABANADZOVIC *et al.*, 2010). Experimentos realizados com sementes coletadas de tomateiros infectados com o STV mostraram elevadas taxas de transmissão vertical (70 – 90%) (SABANADZOVIC *et al.*, 2009). No entanto, é desconhecido se a transmissão é por pólen ou óvulos ou ambos (SABANADZOVIC *et al.*, 2010; MARTIN; ZHOU; TZANETAKIS, 2011). As informações sobre as espécies de amalgavírus ainda são bem limitadas, mas acredita-se que se replicam no citoplasma e que não possuem a capacidade de movimentação sistêmica ou de célula-a-célula (LIU; CHEN, 2009; SABANADZOVIC *et al.*, 2010). Interessantemente, os amalgavírus têm mostrado efeitos benéficos em seu hospedeiro. Recentemente, Fukuhara *et al.* (2019) mostraram que o STV interage com plantas de tomate de modo mutualístico. As plantas de tomate infectadas foram mais altas e produziram mais frutos. Os autores mostraram a partir de análises transcriptômicas que a infecção por STV afetou a expressão de genes de plantas envolvidos na biossíntese do etileno, e que a seleção de características superiores (tais como genes envolvidos na qualidade de frutos) poderia estar envolvida como consequência da infecção por este vírus.

Nos últimos anos, a presença de amalgavírus de plantas foram relatados em campos na França (CANDRESSE; MARAIS; FAURE, 2013), Espanha (VERBEEK *et al.*, 2015), China (PADMANABHAN *et al.*, 2015), Bangladesh (PADMANABHAN *et al.*, 2015) e na Itália (IACONO *et al.*, 2015). Em todos os casos, houve também relatos de coinfeção com outros vírus, o que dificulta o estudo de sua sintomatologia (SABANADZOVIC *et al.*, 2010). É de grande importância estudos que investiguem as propriedades biológicas e moleculares dos

amalgavírus com o intuito de entender os mecanismos de patogenicidade e interação com os hospedeiros (IACONO *et al.*, 2015).

1.4 AS PRINCIPAIS VIROSES QUE OCORREM NO GÊNERO *Allium* NO BRASIL

1.4.1 GÊNERO *Potyvirus*

O gênero *Potyvirus* pertence à família *Potyviridae*, que é composto por 12 gêneros, *Arepavirus*, *Bevemovirus*, *Brambyvirus*, *Bymovirus*, *Celavirus*, *Ipomovirus*, *Macluravirus*, *Poacevirus*, *Potyvirus*, *Roymovirus*, *Rymovirus* e *Tritimovirus* (WYLIE *et al.*, 2017). Portanto, em 2019, foi sugerida a inserção de mais dois gêneros na família *Potyviridae*: *Arepavirus* e *Celavirus* totalizando doze gêneros (ROSE *et al.*, 2019; YANG *et al.*, 2019).

A família *Potyviridae* engloba vírus de plantas que possuem características tais como, genoma monopartido ou bipartido (gênero *Bymovirus*), ácido nucléico do tipo RNA de fita simples senso positivo, que se montam em um vírion de formato filamentososo/flexuoso (ADAMS *et al.*, 2005). De acordo com as características morfológicas podem apresentar diâmetro de 11 a 20 nm, e comprimento de 650 a 950 nm. Atualmente o gênero *Potyvirus* é constituído de 188 espécies aceitas pelo ICTV (2021) (**Anexo II**).

No Brasil, espécies do gênero *Potyvirus* já foram relatadas ocasionando doenças em plantas do gênero *Allium*. Podem ser citados ocasionando doenças a espécie *Onion yellow dwarf virus* e o *Leek yellow stripe virus* (FAJARDO *et al.*, 2001; FAYDE-ANDRÉ; DUSI; RESENDE, 2011; ARAÚJO; HIGASHIKAWA; LIMA, 2018).

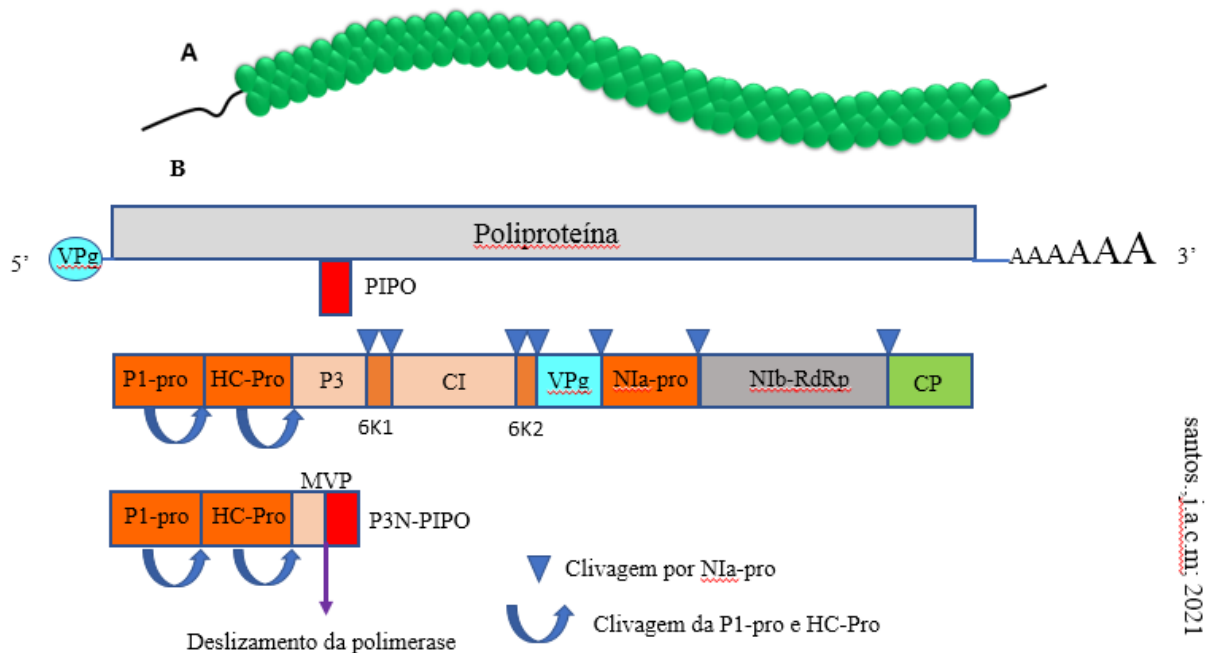
O RNA genômico é traduzido em uma ORF que codifica uma poliproteína, que após clivagem auto-proteolítica forma dez proteínas virais (NIGAM *et al.*, 2019; REVERS; GARCIA, 2015). As proteínas virais são: P1, HC-Pro, P3, 6K1, CI, 6K2, NIa-Pro, VPg, NIb e CP. Além da ORF que codifica a poliproteína existe uma ORF PIPO inserida na região gênica que codifica para a proteína P3. Na região da P3 existe uma região polimérica (GAAAAAA) que durante a expressão gênica induz o mecanismo de deslizamento da polimerase (*frameshift* -1) para codificar a 11ª proteína, a chamada P3N-PIPO (CHAI *et al.*, 2020; KING *et al.*, 2012; REVERS; GARCIA, 2015). As proteínas virais dos potyvírus são em sua maioria multifuncional. As proteínas P1 e HC-Pro possuem propriedades autocatalíticas. A proteína NIa-Pro é uma protease e responsável pela clivagem da poliproteína. A HC-Pro possui outras funções além da função de protease, tais como, a de facilitar o movimento a longa distância, o envolvimento na replicação viral, a supressão do silenciamento gênico e a transmissão viral

através da interação com proteínas do aparelho bucal em afídeos (pulgões) (VALLI *et al.*, 2018).

1.4.1.1 CARACTERIZAÇÃO GENÔMICA

O gênero *potyvirus* apresenta uma organização genômica e estratégia de expressão bem uniforme entre todas as espécies. O RNA genômico interage com a proteína ligada ao genoma, a VPg (*viral protein genome-linked*), que está covalentemente ligada a uma região 5'UTR. Já na UTR 3'se encontra a cauda de poli-A (RODAMILANS *et al.*, 2015). O estudo de primeiros clones infecciosos em 1989 permitiu a descoberta da função das principais proteínas do gênero (RIECHMANN *et al.*, 1989). A ORF de maior tamanho dá origem a uma poliproteína de peso molecular de 340 a 370 kDa (VIJAYAPALANI *et al.*, 2012; UNTIVEROS *et al.*, 2016). Por consequência desse tipo de expressão gênica, as proteínas derivadas da poliproteína são conhecidas por serem expressas em níveis equivalentes, independente da pressão seletiva da expressão da proteína viral. Por consequência, proteínas produzidas em excesso se acumulam na célula do hospedeiro (ZHENG *et al.*, 2011; MLOTSHWA *et al.*, 2002). Portanto, a célula do hospedeiro sofre grandes danos, que podem refletir em sintomas normalmente severos (SHEN *et al.*, 2010). A ORF PIPO (*Pretty Interesting Potyviridae ORF*) é expressa pelo deslizamento da polimerase fazendo que este transcrito gere um peptídeo conhecido por ser envolvido na supressão do silenciamento gênico (CHUNG *et al.*, 2008).

A **Figura 1** mostra a organização genômica típica de um potyvírus. A poliproteína é processada por três proteases: a NIa-Pro, P1-Pro e HC-Pro. Além disso, duas proteínas de peso molecular pequeno (6K1 e 6K2), duas proteínas de inclusão nuclear (NIa-Pro/VPg e NIb) e as proteínas P3, CP e CI são produzidas (**Tabela 4**) (URCUQUI-INCHIMA *et al.*, 2001; ADAMS *et al.*, 2005).

Figura 1. Organização genômica típica de um potyvírus.

A imagem representa a organização do genoma de um potyvírus. A extremidade 5' representada por um círculo é a VPg, e na outra extremidade 3' a cauda de poli-A. As proteínas derivadas da poliproteína estão representadas por "caixas" com o respectivo nome de cada uma (P1-pro, HC-Pro, P3, 6K1, CI, 6K2, VPg, NIa-pro, NIb-RdRp, CP). A seta e o triângulo indicam os locais de clivagem.

A fita viral de senso positivo serve como molde para a replicação viral produzindo uma fita de RNA de orientação negativa. Esta servirá como molde para a síntese da fita de RNA viral positiva (replicação). As regiões não traduzidas 5' e 3' possuem sequências promotoras que são fundamentais para a replicação (HALDEMAN-CAHILL, 2001; TEYCHENEY, AZIZ *et al.*, 2000).

Tabela 4. A tabela abaixo descreve as funções das diferentes proteínas codificadas pelos potyvírus, seu peso molecular em kDa, e referências correspondentes.

Proteínas	kDa	Função	Referência
P1	32-64	Sintomatologia, supressão do silenciamento gênico	NAGYOVÁ <i>et al.</i> , 2012; REVERS, <i>et al.</i> , 2015; SHAKIR <i>et al.</i> , 2019; VERCHOT <i>et al.</i> , 1995
HC-Pro	56-58	Transmissão por afídeo, movimento sistêmico, sinergismo com outros vírus, supressão do silenciamento gênico	GOVIER <i>et al.</i> , 1977; JADA e LEHTO, 2011; DESBIEZ <i>et al.</i> , 2010; CHANDRIKA RAY, <i>et al.</i> , 2016; KIM <i>et al.</i> , 2020; THORNBURY <i>et al.</i> , 1985

P3	37	Patogenicidade, Reconhecimento do hospedeiro, Replicação viral	LUAN <i>et al.</i> , 2016; CUI <i>et al.</i> , 2017; KANG <i>et al.</i> , 2018; CUI <i>et al.</i> , 2018; KLEIN <i>et al.</i> , 1994
6K1	6	Replicação viral, infecção viral	CUI e HANG 2016; CUI, <i>et al.</i> , 2018; NIGAM <i>et al.</i> , 2019.
CI	70	Corpos de inclusão, ATPase/RNA helicase, replicação de RNA, movimento célula-célula, fator de virulência	FERNANDEZ <i>et al.</i> , 1997; SOREL <i>et al.</i> , 2014 GIBBS <i>et al.</i> , 2020; LAÍN <i>et al.</i> , 1991.
6K2	6	Ligação ao complexo viral de replicação do genoma	WEI, <i>et al.</i> , 2010; FIGUEIRA <i>et al.</i> , 2019; RESTREPO <i>et al.</i> , 1990; ZHANG <i>et al.</i> , 2019.
VPg	21-24	Iniciador de replicação do genoma; Interação com fatores de tradução e Supressão do silenciamento gênico	JIANG; LALIBERTÉ, 2011; WANG; KRISHNASWAMY, 2012; SCHAAD <i>et al.</i> , 1997; WYLIE <i>et al.</i> , 2017; WALTER <i>et al.</i> , 2019.
Nla-Pro	49	Interação proteína-proteína, clivagem da poliproteína em cis e trans, Atividade DNase	ADAMS <i>et al.</i> , 2005; ANINDYA; SAVITHRI, 2004; GONG <i>et al.</i> , 2020; JIANG <i>et al.</i> , 2011
Nlb	58	Corpos de inclusão de RNA polimerase dependente de RNA Replicação do genoma	HAJIMORAD <i>et al.</i> , 1996 HONG <i>et al.</i> , 1996; REVERS, <i>et al.</i> , 2015; SHEN <i>et al.</i> , 2020
CP	28-40	Transmissão por vetor Movimento viral Amplificação do genoma Encapsidação e montagem do vírus	SHUKLA; WARD, 1989; BHAT <i>et al.</i> , 2013; DOMBROVSKY <i>et al.</i> , 2005; MAHAJAN <i>et al.</i> , 1996; ATREYA <i>et al.</i> , 1991; CHANDRAN <i>et al.</i> , 2016; GALLO <i>et al.</i> , 2018
PIPO/PISPO		Movimento viral Patogenicidade e expressão de sintomas	KING <i>et al.</i> , 2012; CHUNG <i>et al.</i> , 2008; CHENG <i>et al.</i> , 2017

A proteína CI juntamente a Nla e Nlb são as formadoras do núcleo de replicação, sendo que a proteína CI tem atividade de helicase, ATPase e de ligação do RNA (GIBBS *et al.*, 2020; SHEN *et al.*, 2020; ADAMS *et al.*, 2005). Já a Nlb atua como uma RNA polimerase dependente de RNA (HAJIMORAD *et al.*, 1996; HONG *et al.*, 1996; REVERS *et*

al., 2015; SHEN *et al.*, 2020). A RdRp interage com a NIa (GOH; HAHN, 2021; SABHARWAL; SAVITHRI, 2020; FELLERS *et al.*, 1998). A proteína VPg está localizada na extremidade C-terminal da proteína NIa. Somente após a montagem do complexo é que a VPg é clivada no início da replicação viral. Portanto, a VPg atua como iniciador da replicação por possuir uma tirosina específica que fornece uma hidroxila livre ao nucleotídeo (TAVERT-ROUDET *et al.*, 2017; SABHARWAL; SRINIVAS; SAVITHRI, 2018; MURPHY, KLEIN *et al.*, 1996).

A proteína 6K2 induz o início da formação do complexo de replicação no retículo endoplasmático, onde há a formação de vesículas envolvidas na replicação viral. Estas vesículas deslocam-se no citoplasma da célula associadas aos microfilamentos de actina. Cada vesícula terá apenas uma cópia do genoma (MÄKINEN, 2020; COTTON *et al.*, 2009), devido a presença de um domínio hidrofóbico, (GENG *et al.*, 2017; WEI, *et al.*, 2010; FIGUEIRA *et al.*, 2019). Os heterocomplexos COPI e COPII (*coat protein complex I e II*) estão envolvidos no transporte entre o retículo endoplasmático e o Complexo de Golgi (WEI; WANG, 2008).

As proteínas P1, P3 e HC-Pro também estão envolvidas no processo de replicação viral. A P1 está envolvida na infecção viral e acúmulo de partículas virais (RAJAMAKI *et al.*, 2005), além de atuar como um fator de amplificação do genoma viral (HAJIMORAD *et al.*, 2018). Em algumas espécies de potyvírus a P3 atua por meio de um domínio hidrofóbico em sua região C-terminal e interage com proteínas da membrana do retículo endoplasmático (CHAI *et al.*, 2020; LUAN *et al.*, 2016; CUI *et al.*, 2017). A proteína CI foi encontrada associada tanto a P3 como a P1 (NIGAM *et al.*, 2019; UNTIVEROS *et al.*, 2016; VIJAYAPALANI *et al.*, 2012; KLEIN *et al.*, 1994). Várias das interações descritas acima foram demonstradas utilizando um sistema denominado duplo-híbrido de leveduras (MERITS *et al.*, 1999).

A proteína HC-Pro também é essencial no papel da replicação viral. Essa proteína é somente processada em *cis*, apresentando um motivo ribonucleico (RNP) e se liga preferencialmente ao RNA. Este motivo RNP está envolvido no transporte de RNA, no desenvolvimento celular e expressão gênica (DE, 2019). Além disso, a HC-Pro juntamente com a CP podem aumentar o limite de exclusão do plasmodesma e facilitar o movimento viral (WANG, 2021; PARK *et al.*, 2017). A VPg é outra proteína que está envolvida no movimento do vírus a longas distâncias (JIANG; LALIBERTÉ, 2011). As proteínas CP e HC-Pro também estão envolvidas na transmissão pelo inseto vetor, onde a HC-Pro se liga a CP e também a proteínas do estilete do inseto, ou pode se ligar somente às proteínas do estilete do inseto. Esta interação é conhecida como interação do tipo ponte (*Bridge interaction*), no qual

há a formação de uma ponte de interação entre proteínas do aparelho bucal no afídeo e a proteína viral HC-Pro (CHENG; WANG, 2017; NIGAM *et al.*, 2019; SHEN *et al.*, 2010;). A HC-Pro também pode atuar como supressora do silenciamento gênico (ZHENG *et al.*, 2011).

1.4.1.2 TRANSMISSÃO

A transmissão dos potyvírus acontece durante a alimentação do inseto vetor, que ao entrar em contato com a planta infectada e iniciar a alimentação ou picada de prova via estilete, adquire o vírus tornando-se virulífero. Portanto, este inseto que adquiriu o vírus já consegue em pouco tempo infectar outras plantas. Além disso, os potyvírus podem ser transmitidos via propagação vegetativa ou através de inoculação mecânica (GALLET *et al.*, 2018; KITAJIMA *et al.*, 2004; LEONETTI *et al.*, 2018).

O principal inseto vetor é o afídeo (pulgão), que transmite o vírus de forma não-persistente (PIERO *et al.*, 2006). Nesse modo de transmissão o inseto adquire o vírus em segundos, minutos ou horas, e poderá infectar plantas sadias rapidamente. No entanto, perde a capacidade de infectar outras plantas também rapidamente, sendo apenas capaz de infectar entre duas e três plantas. Portanto, o tempo de retenção é conhecido por ser curto (HOGENHOUT *et al.*, 2008; LIU *et al.*, 2015).

A interação entre proteínas da cutícula do pulgão no aparelho bucal e a HC-Pro é facilitada por um motivo conservado presente na região N-terminal (KITC) da proteína. A interação entre a HC-Pro e CP é dada pelo motivo conservado localizado na região C-terminal (PTK), que interage com o motivo DAG localizada na região N-terminal da CP, facilitando assim o processo de transmissão (BLANC *et al.*, 1998; VALLI *et al.* 2018; PIRONE *et al.*, 1996). Portanto, a ponte molecular formada entre proteínas virais e proteínas do inseto vetor acontece quando existe uma interação entre o motivo KITC e proteínas da cutícula do estilete do inseto, seguido da interação entre os motivos PTK e DAG da HC-Pro e CP, respectivamente (DIETZGEN *et al.*, 2016; RUIZ-FERRER *et al.*, 2005).

1.4.1.3 SINTOMAS

Os potyvírus podem causar sintomas severos nas folhas do seu hospedeiro, como bolhosidade e redução da área foliar, lesões cloróticas e/ou necróticas, clareamento de nervuras e mosqueados a mosaicos (RIASCOS CHICA *et al.*, 2018; SHUKLA *et al.*, 1994). No citoplasma da célula infectada percebe-se a formação de corpos de inclusões (CI) do tipo cata-ventos (EDWARDSON *et al.*, 1984; WYLIE *et al.*, 2017). Outras inclusões podem ser encontradas, e são formadas pelas *inclusões nucleares a e b* (NIa e NIb, respectivamente),

denominadas como inclusões nucleares cristalinas (NI) (RODRÍGUEZ-CEREZO *et al.*, 1997). Acredita-se que a NI é formada pelo acúmulo das proteínas NIa e NIb, que são produzidas de forma excessiva durante a replicação viral (KNUHTSEN *et al.*, 1974; URCUQUI-INCHIMA *et al.*, 2001). Dentre as principais espécies virais que infectam o gênero *Allium* (*Allium* sp.), o OYDV é o principal potyvírus responsável pela redução na produtividade e dos parâmetros como massa e diâmetro de bulbos, bem como a qualidade de produtos finais. É comum o relato de plantas com sintomas típicos de nanismo, ou seja, de crescimento reduzido (BAGI *et al.*, 2012). Já o LYSV é relatado ocasionado faixas amarelas em todo o limbo foliar (YOSHIDA *et al.*, 2012). Esse vírus por si só não causa grandes prejuízos a cultura da cebola, por exemplo, mas ao se associar a outros vírus, como o OYDV, ocorre um efeito de sinergismo com a redução acentuada da massa e diâmetro dos bulbos, e até mesmo danos drásticos na parte foliar (LUNELLO *et al.* 2002; TAKAICHI *et al.*, 2001).

1.4.2 GÊNERO *Carlavirus*

Atualmente o gênero *Carlavirus* é constituído de 53 espécies aceitas pelo ICTV (2021) (Tabela 5 e 6), e pertence a família *Betaflexiviridae*, que é subdivida em duas subfamílias (*Quinvirinae* e *Trivirinae*). Atualmente a subfamília *Quinvirinae* é subdividida em três gêneros (*Carlavirus*, *Foveavirus* e *Robigovirus*) e a subfamília *Trivirinae* em dez gêneros (*Capillovirus*, *Chordovirus*, *Citrivirus*, *Divavirus*, *Prunevirus*, *Ravavirus*, *Tepovirus*, *Trichovirus*, *Vitivirus*, e *Wamavirus*).

Tabela 5 - Espécies aceitas pelo ICTV para o gênero *Carlavirus* (2021).

Espécies atualmente aprovadas pelo ICTV (março, 2021)	Número de acesso[1] (Acrônimos)[2]
<i>Aconitum latent virus</i>	NC_002795 (ACLV)
<i>American hop latent virus</i>	NC_017859 (AHLV)
<i>Atractylodes mottle virus</i>	NC_038966 (AtrMoV)[3]
<i>Blueberry scorch virus</i>	NC_003499 (BBScV)[4]
<i>Butterbur mosaic virus</i>	NC_013527 (ButMV)
<i>Cactus virus 2</i>	CV-2
<i>Caper latent virus</i>	NC_043080 (CapLV)
<i>Carnation latent virus</i>	NC_038865 (CLV)

<i>Chrysanthemum virus B</i>	NC_009087 (CV-B)
<i>Cole latent virus</i>	NC_038322 (CoLV)
<i>Coleus vein necrosis virus</i>	NC_009764 (CVNV)
<i>Cowpea mild mottle virus</i>	NC_014730 (CPMMV)
<i>Cucumber vein-clearing virus</i>	NC_043081 (CVYV)
<i>Daphne virus S</i>	NC_008020 (DVS)
<i>Gaillardia latent virus</i>	NC_023892 (GALLV0)
<i>Garlic common latent virus</i>	NC_016440 (GarCLV)
<i>Helenium virus S</i>	NC_038323 (HVS)
<i>Helleborus mosaic virus</i>	NC_043082 (HeMV)
<i>Helleborus net necrosis virus</i>	NC_012038 (HNNV)
<i>Hippeastrum latent virus</i>	NC_011540 (HILV00)
<i>Hop latent virus</i>	NC_017859 (HLV)
<i>Hop mosaic virus</i>	NC_010538 (HMOV)
<i>Hydrangea chlorotic mottle virus</i>	NC_012869 (HCMoV)
<i>Kalanchoe latent virus</i>	NC_013006 (KLV)
<i>Ligustrum necrotic ringspot virus</i>	NC_010305 (LNRSV)
<i>Ligustrum virus A</i>	NC_031089 (LVA)
<i>Lily symptomless virus</i>	NC_005138 (LSV)
<i>Melon yellowing-associated virus</i>	NC_038324 (MYaV)
<i>Mirabilis jalapa mottle virus</i>	NC_016080 (MJMV)
<i>Narcissus common latent virus</i>	NC_008266 (NCLV)
<i>Nerine latent virus</i>	NC_008552 (NeLV)
<i>Passiflora latent virus</i>	NC_008292 (PLV)
<i>Pea streak virus</i>	NC_027527 (PeSV)
<i>Phlox virus B</i>	NC_009991 (PhlVB)
<i>Phlox virus M</i>	NC_043083 (PhlVM)
<i>Phlox virus S</i>	NC_009383 (PhlVS)
<i>Poplar mosaic virus</i>	NC_005343 (PopMV)

<i>Potato latent virus</i>	NC_020896 (PotLV)
<i>Potato virus H</i>	NC_018175 (PVH)
<i>Potato virus M</i>	NC_001361 (PVM)
<i>Potato virus P</i>	NC_009759 (PVP)
<i>Potato virus S</i>	NC_007289 (PVS)
<i>Red clover vein mosaic virus</i>	NC_012210 (RCVMV)
<i>Sambucus virus C</i>	NC_029087 (SVC)
<i>Sambucus virus D</i>	NC_029088 (SVD)
<i>Sambucus virus E</i>	NC_029089 (SVE)
<i>Shallot latent virus</i>	NC_003557 (SLV)
<i>Sint-Jan onion latent virus</i>	NC_043084 (SJOLV)
<i>Strawberry pseudo mild yellow edge virus</i>	(SJOLV-NL)
<i>Sweet potato C6 virus</i>	NC_018448 (SPC6V)
<i>Sweet potato chlorotic fleck virus</i>	NC_006550 (SPCFV)
<i>Verbena latent virus</i>	NC_043085 (VeLV)
<i>Yam latent virus</i>	NC_026248 (YLV)

Fonte: ICTV na internet - https://talk.ictvonline.org/ictv-reports/ictv_9th_report/positive-sense-rna-viruses-2011/w/posrna_viruses/241/betaflexiviridae (acesso em março de 2021). Domínio *Riboviria*, Ordem *Tymovirales*, Família *Betaflexiviridae*, Subfamília *Quinvirinae* e gênero *Carlavirus*.

Tabela 6 - Lista de outros vírus relacionados a membros do gênero *Carlavirus*, mas não foram aprovados como espécie pelo ICTV (2020).

Espécies descritas pelo ICTV (março, 2021)	Número de acesso[1] (Acrônimos)[2]
<i>Arracacha latent virus</i>	MF136436 (ALV)
<i>Artichoke latent virus M</i>	KC622053 (ArLVM)
<i>Artichoke latent virus S</i>	KC622053 (ArLVS)
<i>Carrot virus S</i>	CarVS
<i>Sedum latent virus</i>	FJ560901 (SeLV)

Fonte: ICTV na internet - https://talk.ictvonline.org/ictv-reports/ictv_9th_report/positive-sense-rna-viruses-2011/w/posrna_viruses/241/betaflexiviridae (acesso em março de 2021).

A espécie tipo do gênero *Carlavirus* é o *Carnation latent virus* (CLV). A partícula viral possui simetria helicoidal e flexuosa. O RNA viral é encapsulado em uma partícula com comprimento de aproximadamente 610-700 nm e diâmetro de 12-15 nm (BRUNT; PHILLIPS, 1981; BRUNT; KENTEN, 1973; IWAKI, 1982). Os carlavírus são constituídos por uma molécula de RNA de fita simples de senso positivo (ssRNA+) de aproximadamente 7,4 a 7,7 kpb, e expressam RNAs subgenômicos (sgRNAs) de 2,1-3,3 Kpb e 1,3-1,6 Kpb, que são traduzidos em proteínas envolvidas em movimento, *Triple Gene Block*, TGBs, (TGB1, TGB2 e TGB3) e a capa proteica, respectivamente (HULL, 2002; ICTV, 2021; “ViralZone”, 2021; JELKMANN, 1994; RYU; LEE, 2008). A organização genômica dos carlavírus é caracterizada por possuir tipicamente seis ORFs e regiões não traduzidas (UTRs) nas extremidades 5’ e 3’. A extremidade 3’ contém uma cauda poli-(A). De acordo com os critérios de demarcação de espécie do gênero *Carlavirus*, espécies distintas devem apresentar menos de 72% de identidade em nucleotídeos (ou 80% a nível de aminoácidos) entre os respectivos CP ou RNA polimerases. Vírus de diferentes gêneros possuem normalmente menos de 45% de identidade a nível de nucleotídeos nestes genes. Além desses critérios, a transmissão pelo vetor ainda é considerada importante, pois há espécies de carlavírus transmitidas por afídeos e outras por mosca-branca (“ViralZone”, 2021; KING *et al.* 2011). Os vírions transmitidos por afídeos se acumulam no citoplasma e formam agregados semelhantes ao tipo placa ou pacotes associados a membranas (*bundle-like* ou *plate-like aggregates*) (ADAMS; KING; CARSTENS, 2013).

Os carlavírus são facilmente transmitidos por meio de inoculação mecânica, devido a replicação viral ocorrer em células do parênquima do hospedeiro. A infecção viral da maioria dos carlavírus se inicia no citoplasma com a desencapsidação do ssRNA genômico viral. Primeiramente, a RdRp catalisa a reação de polimerização de ácidos nucleicos com o auxílio dos promotores internos e o RNA complementar é transcrito. Este possui promotores subgenômicos que são reconhecidos pela RdRp e dois transcritos subgenômicos são expressos, um que codifica para a proteína do capsídeo e outro para as proteínas envolvidas no movimento. O movimento viral é auxiliado pelas proteínas de movimento, que são capazes de aumentar o tamanho limite de exclusão do plasmodesmo, tornando esse processo mais rápido e permitindo, em alguns casos, que os vírions alcancem os vasos do floema, e movimento a longa distância para os diferentes tecidos da planta (VERCHOT-LUBICZ *et al.*, 2010; MARTELLI *et al.*, 2007).

Os carlavírus podem induzir sintomas leves ou fortes, e em alguns casos são observadas infecções assintomáticas (MARTELLI *et al.*, 2007; NIE *et al.*, 2008). Já em outras espécies

podem causar efeitos citopáticos na célula do hospedeiro (ALMEIDA *et al.*, 2005; RYU; LEE, 2008). Essa variação pode ser ocasionada por fatores ambientais, pelo tipo de variedade da planta hospedeira, e/ou a estirpe ou a espécie viral presente no hospedeiro (ADAMS; KING; CARSTENS, 2013; MARTELLI *et al.*, 2007; NIE *et al.*, 2008). Existem relatos de carlavírus infectando diferentes culturas em diversas regiões no mundo (“Infopraga”, 2021), especialmente as culturas que são propagadas vegetativamente (ADAMS; KING; CARSTENS, 2013).

A transmissão na grande maioria das espécies de carlavírus é feita por pulgões de maneira não-persistente. No entanto, até o presente momento existem relatos de duas espécies (*Cowpea mild mottle virus* e *Melon yellowing-associated virus*, CPMMV e MYaV), que são transmitidas por mosca-branca (*Bemisia tabaci*) (LIMA *et al.*, 2009; MARUBAYASHI; YUKI; WUTKE, 2010). Como os sintomas ocasionados pelos carlavírus são considerados muitas vezes leves ou mesmo latentes, o gênero *Carlavirus* vem sendo pouco estudado. No entanto, nas últimas décadas muitas doenças foram associadas à presença da infecção por carlavírus, especialmente em plantas co-infectadas com outros vírus (BELLARDI *et al.*, 1995; WALKEY *et al.*, 1987).

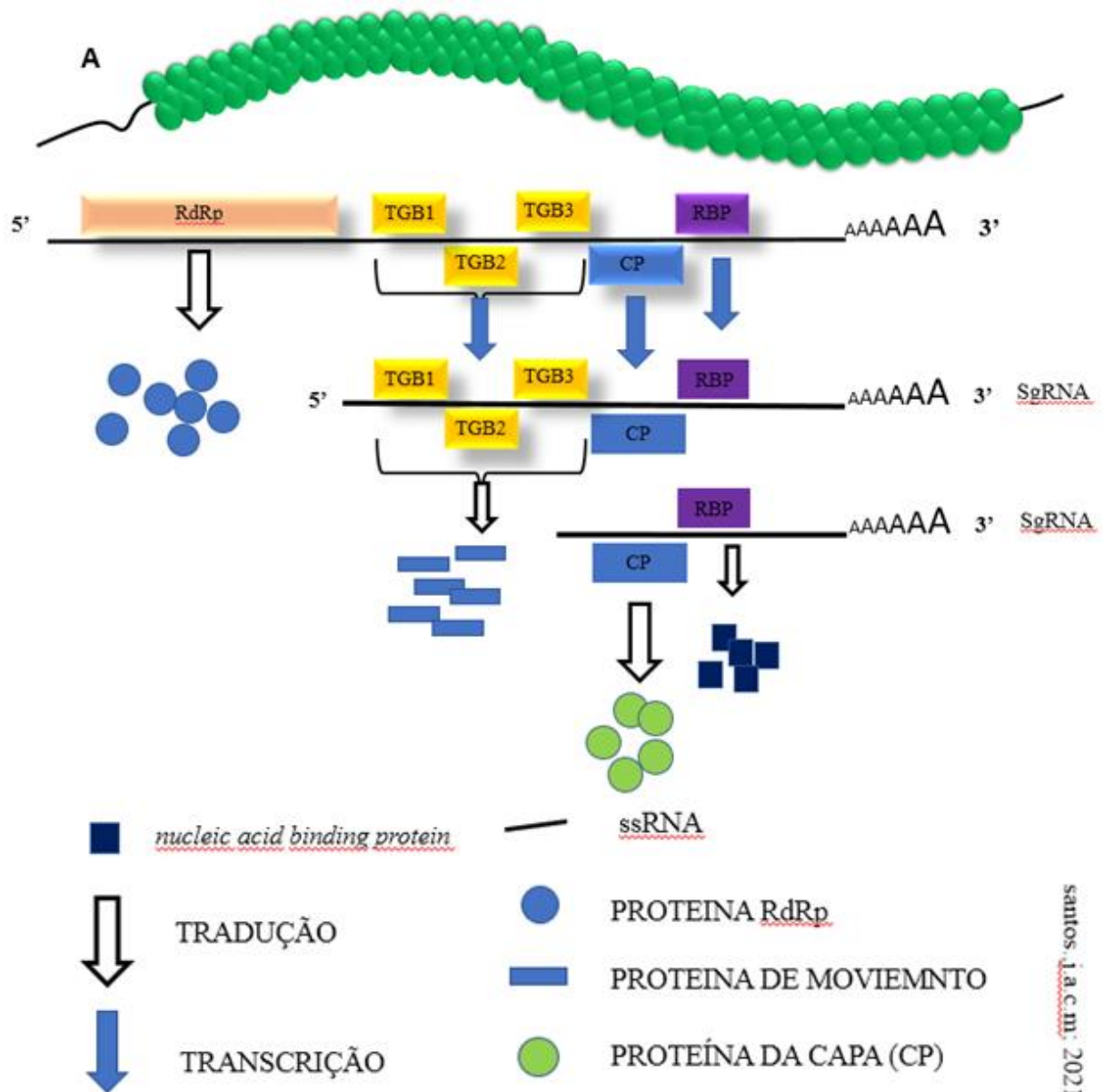
No Brasil, os carlavírus GarCLV e SLV/GLV foram encontrados em espécies de *A. ascalonicum* e *A. sativum* em amostras coletadas na região da Bahia, Minas Gerais, São Paulo e Paraná (DUSI *et al.*, 1994; FAJARDO *et al.*, 1997; FAYAD-ANDRÉ *et al.*, 2011; MITUTI *et al.*, 2015). O GLV foi por muito tempo considerado uma espécie a mais dentro do gênero *Carlavirus*, o mesmo era considerado uma estirpe do SLV, mas de acordo com o ICTV, atualmente o GLV é considerado a mesma espécie do SLV (DIJK, 1993; KING, ANDREW *et al.*, 2012; TSUNEYOSHI *et al.*, 1998). Além disso, um complexo de allexivírus (garlic virus A, garlic virus B, garlic virus B, garlic virus C, garlic virus D, garlic virus X e garlic mite-borne filamentous virus) são frequentemente encontrados infectando a cultura do alho (*A. sativum*) (FAYAD-ANDRÉ *et al.*, 2011; OLIVEIRA *et al.*, 2014). Esses allexivírus são transmitidos por ácaros eriófitos (KANG *et al.*, 2007), mas a principal causa da ampla disseminação mundial é a falta de rigor na inspeção fitossanitária. O transporte de bulbos contaminados ou outras partes de plantas usadas para a propagação vegetativa favorecem a disseminação viral.

1.4.2.1 CARACTERIZAÇÃO GENÔMICA

Como mencionado anteriormente, o RNA viral dos carlavírus (monopartido, RNA de fita simples, senso positivo) é encapsidado em uma partícula com comprimento de

aproximadamente 610-700 nm e diâmetro de 12-15 nm (BRUNT; KENTEN, 1973; IWAKI, 1982). O RNA genômico contém uma cauda poli-(A) na extremidade 3'. A organização genômica dos carlavírus é caracterizada por possuir seis ORFs (ORF1-ORF6) e UTRs nas regiões 5' e 3'. A ORF1 é traduzida a partir do RNA genômico (ADAMS *et al.*, 2013; KING, ADAMS *et al.*, 2012). A ORF1 codifica a proteína RdRp responsável pela replicação viral. As ORFs 2, 3 e 4 codificam as proteínas envolvidas no movimento viral, TGBs, e correspondem a uma região conservada de genes (DENG *et al.*, 2015). A ORF5 codifica a proteína capsidial e é sobreposta com a ORF6, que codifica a proteína de ligação ao ácido nucleico (*nucleic acid binding protein*), (**Figura 2**). A ORF6 é rica em cisteína, e é também denominada de proteína de ligação ao RNA (*RNA binding protein* - RBP), a qual supostamente está envolvida na transmissão pelo afídeo vetor, e foi relatada associada à transcrição de genes do hospedeiro, a supressão de silenciamento e a replicação do RNA viral (CHEN *et al.*, 2004; KING, ADAMS *et al.*, 2012; MARTELLI *et al.*, 2007).

Figura 2 - Esquemas da morfologia, organização genômica e expressão das proteínas dos carlavírus.



(A) Partícula flexuosa alongada com 610-700 nm de comprimento e 12-15 nm de diâmetro, com a representação das subunidades da proteína da capa (CP), envolvendo a fita simples de RNA. Organização genômica indicando a posição de cada ORF e localização dos RNAs subgenômicos. O RNA do vírion é infeccioso e serve tanto como genoma quanto como RNA mensageiro viral. A RNA polimerase dependente de RNA (RdRp) é transcrita diretamente do RNA genômico. Os outros ORFs são transcritos presumivelmente como mRNAs monocistônicos subgenômicos (sgRNAs).

1.4.2.2 TRANSMISSÃO

Os carlavírus podem ser transmitidos de forma vegetativa, inoculação mecânica e/ou por pulgões, que são os principais vetores desses vírus em campos de *allium* (ADAMS *et al.*, 2005). A transmissão por pulgões ocorre em poucos segundos após o inseto adquirir o vírus

(transmissão do vírus de maneira não-persistente) (KING *et al.*, 2012; OLIVEIRA *et al.*, 2014; PEREIRA; PINHEIRO, 2017), e por muitas vezes não serem considerados pragas da cultura, o seu controle não é realizado (COSTA *et al.*, 2010; MELO, 2007).

Os principais métodos de controle de carlavírus são preventivos. Deve-se evitar que o vírus chegue à cultura, ocorrer a inspecção quarentenária frequentemente, o uso de material vegetativo deve ser livre de vírus, deve-se eliminar plantas hospedeiras do vírus em campos de produção, e controlar a chegada dos vetores dentro da cultura (AMORIM; REZENDE; FILHO, 2019; FAJARDO; RESENDE; MACIEL-ZAMBOLIM, 2001; PEREIRA; PINHEIRO, 2017).

1.4.2.3 SINTOMAS

Os sintomas típicos ocasionados pelos carlavírus em folhas de *Allium* sp. são estrias de coloração verde claro ou amarelas. Geralmente estes vírus não ocasionam morte das plantas, sendo disseminados através do homem e dos afídeos (MITUTI, 2009; BELLARDI *et al.*, 1995; DIJK, 1993b). Além disso, o diagnóstico viral através de sintomas em campo não é confiável. Isto porque muitos sintomas ocasionados por este grupo de vírus são semelhantes a deficiências nutricionais. Os sintomas mais visíveis aparecem em folhas mais novas, e podem ser ocasionados por um complexo viral (TAKAICHI *et al.*, 1998).

1.4.2.4 FERRAMENTAS E TÉCNICAS DE BIOLOGIA MOLECULAR NA IDENTIFICAÇÃO DE VÍRUS

Através das ferramentas e técnicas de biologia molecular, a identificação, taxonomia e classificação dos vírus melhoraram consideravelmente (MELO FILHO *et al.*, 2004). Para realizar a identificação de um carlavírus ou outro fitovírus podem ser utilizadas técnicas sorológicas, e/ou moleculares, como a RT-PCR (Transcriptase Reversa- Reação em Cadeia da Polimerase), além da caracterização biológica por estudos de gama de hospedeiros, e em muitos casos o sequenciamento de última geração (CORTEZ *et al.*, 2001). É comum a utilização de um conjunto de métodos na diagnose viral (PAPPU; RAUF, 2013; PAUZI; LESTARI; HIDAYAT, 2018). A detecção de vírus baseada na PCR é uma técnica bastante utilizada. Esses testes moleculares são baseados na identificação do gene do vírus e permitem identificar um vírus dentro da planta mesmo que ele esteja latente ou mesmo em pequenas quantidades (TORRICO; CAFRUNE; CONCI, 2010; ZHU *et al.*, 2010). No entanto, podem existir algumas restrições no uso da PCR para detecção e classificação de alguns vírus, tais como a falta de *primers* específicos e utilização de *primers* inespecíficos que podem gerar

resultados do tipo falso positivo ou negativo (BARANWAL *et al.*, 2011; CHODORSKA *et al.*, 2014). Entre os testes sorológicos o teste de ELISA (*Enzyme-Linked ImmunoSorbent Assay*) é o mais recomendado (ALENCAR *et al.*, 2012; FAJARDO *et al.*, 2015), devido a sua praticidade e custo relativamente baixo e obtenção de resultados confiáveis (DÓRIA *et al.*, 2011). Por último, o NGS (*Next-Generation Sequencing*) é uma tecnologia inovadora que permite a identificação com precisão não só da sequência do genoma viral, mas também permite determinar a diversidade da população viral presente na amostra (PRABHA *et al.*, 2013).

É comum a caracterização de espécies virais utilizando também experimentos de transmissão com plantas indicadoras. No entanto, no caso dos vírus que infectam aliáceas, devido a infecção dos vírus serem muito restritas às aliáceas, essa metodologia se tornou pouco viável (NARDINI, 2016; PAVAN, 1998). No entanto, existem exemplos de transmissão com carlavírus que podem ocasionar lesões locais cloróticas ou necróticas ou ainda necrose sistêmica, e serviram com sucesso para a identificação de espécies de carlavírus que infectam o gênero *Allium*. Por exemplo, a espécie *Celosia argentea* var. *plumosa* apresenta sintomas de anéis cloróticos e mosaico quando infectada com GarCLV. Plantas de *Nicotiana occidentalis* infectadas com GarCLV apresentam pontos cloróticos (MITUTI, 2009), e plantas de *Chenopodium quinoa* expressam lesões locais na presença de GarCLV, SLV, CLV (MAVRIČ; RAVNIKAR, 2005). A espécie de *Chenopodium amaranticolor* apresenta lesões locais cloróticas e sistêmico quando infectadas com GarCLV, SLV e a *Chenopodium murale* lesões locais cloróticas (DIJK, 1993; KING *et al.*, 2012; VERBEEK *et al.*, 1995).

Ao contrário de doenças causadas por fungos, bactérias e nematoides, a eliminação de vírus de uma planta infectada normalmente não é viável (KING *et al.*, 2012). Assim, no geral, as medidas de controle de vírus são essencialmente preventivas, impedindo ou dificultando a chegada dos vírus a uma dada cultura e sua disseminação. Outra metodologia atualmente fomentada por institutos de pesquisa é o uso de plantas imunes/resistentes (DUSI *et al.*, 2011).

1.4.3 GÊNERO *Orthotospovirus*

O antigo gênero viral *Tospovirus* foi renomeado para *Orthotospovirus* de acordo com os novos critérios estabelecidos pelo ICTV. A espécie-tipo é o *Tomato spotted wilt virus* (TSWV) (ABUDUREXITI *et al.*, 2019). Até o presente momento, o gênero *Orthotospovirus* é constituído por 26 espécies (**Tabela 7**), e pertence à família *Tospoviridae*. O genoma é

trissegmentado, envoltos pelas proteínas do nucleocapsídeo, e é constituído de fita simples de RNA (ssRNA) no sentido negativo. As proteínas virais são expressas utilizando uma estratégia ambisense (ICTV, 2021; PAPPU; MATHERON, 2008). O gênero *Orthotospovirus* está entre os principais agentes causadores de problemas fitossanitários em campo, principalmente nas culturas de batata, alface, cebola, alho, feijão, pimentas e pimentões, soja, ervilha, cucurbitáceas, tomate, amora e muitas ornamentais (PAPPU; JONES; JAIN, 2009). São prevalentes em climas quentes em regiões com uma alta população de tripses. O aumento da prevalência dos vírus pertencentes a esse gênero se deve em grande parte ao sucesso na sobrevivência no tripses que é o principal vetor (RILEY *et al.*, 2011).

Atualmente o gênero *Orthotospovirus* é constituído de 26 espécies conhecidas até o presente momento (**Tabela 7**) (ICTV, 2021; PAPPU; MATHERON, 2008).

Tabela 7 - Espécies aceitas pelo ICTV no Domínio *Riboviria*, Reino *Orthornavirae*, Filo *Negarnaviricota*, Subfilo *Polyploviricotina*, Classe *Ellioviricetes*, Ordem *Bunyavirales*, Família *Tospoviridae*, Gênero *Orthotospovirus*.

Espécies atualmente aprovadas pelo ICTV (fevereiro, 2021)	Número de acesso Acrônimos [1]
<i>Alstroemeria necrotic streak orthotospovirus</i>	MG696851, MG696852, MG696853 (ANSV)
<i>Alstroemeria yellow spot orthotospovirus</i>	NC_040742, NC_040741, NC_040743 (AYSV)
<i>Bean necrotic mosaic orthotospovirus</i>	NC_018072, NC_018071, NC_018070 (BNMV)
<i>Calla lily chlorotic spot orthotospovirus</i>	NC_036609, NC_036608, NC_036607 (CLCSV)
<i>Capsicum chlorosis orthotospovirus</i>	NC_008301, NC_008302, NC_008303 (CaCV)
<i>Chrysanthemum stem necrosis orthotospovirus</i>	NC_027718, NC_027719, NC_027720 (CSNV)
<i>Groundnut bud necrosis orthotospovirus</i>	NC_003614, NC_003619, NC_003620 (GYSV)
<i>Groundnut chlorotic fan spot orthotospovirus</i>	KP146140, KP146141 (GCFSV)
<i>Groundnut ringspot orthotospovirus</i>	NC_043502, NC_043503, NC_043504 (GRSV)
<i>Groundnut yellow spot orthotospovirus</i>	NC_043210 (GYSV)

<i>Hippeastrum chlorotic ringspot orthotospovirus</i>	MK651782, MK651783, MK651784 (HCRV)
<i>Impatiens necrotic spot orthotospovirus</i>	NC_003616, NC_003624, NC_003625 (INSV)
<i>Iris yellow spot orthotospovirus</i>	NC_029799, NC_029800, NC_038232 (IYSV)
<i>Melon severe mosaic orthotospovirus</i>	NC_033832, NC_033833, NC_033834 (MSMV)
<i>Melon yellow spot orthotospovirus</i>	NC_008300, NC_008306, NC_008307 (MYSV)
<i>Mulberry vein banding associated orthotospovirus</i>	NC_026617, NC_026618, NC_026619 (MVBAV)
<i>Pepper chlorotic spot orthotospovirus</i>	NC_033772, NC_033773, NC_033774 (PCSV)
<i>Polygonum ringspot orthotospovirus</i>	NC_039203, NC_039204, NC_039205 (PolRSV)
<i>Soybean vein necrosis orthotospovirus</i>	MT669380, MT669381, MT669382 (SVNV)
<i>Tomato chlorotic spot orthotospovirus</i>	NC_035482, NC_035483, NC_035484 (TCSV)
<i>Tomato spotted wilt orthotospovirus</i>	NC_002050, NC_002051, NC_002052 (TSWV)
<i>Tomato yellow ring orthotospovirus</i>	JN560178, JN560177, AY686718 (TYRV)
<i>Tomato zonate spot orthotospovirus</i>	NC_010489, NC_010490, NC_010491 (TZSV)
<i>Watermelon bud necrosis orthotospovirus</i>	NC_038288, NC_038289, NC_038290 (WBNV)
<i>Watermelon silver mottle orthotospovirus</i>	NC_003832, NC_003841, NC_003843 (WSMoV)
<i>Zucchini lethal chlorosis orthotospovirus</i>	NC_031758, NC_031759, NC_031762 (ZLCV)

Fonte: ICTV na internet - <https://talk.ictvonline.org/taxonomy/>. Acessado em 05/02/2021.

As partículas virais são esféricas ou sem forma definida (pleomórficos), e podem variar de tamanho entre 80 e 120 nm de diâmetro. As projeções das glicoproteínas podem variar entre 5 e 10 nm, e estão inseridos em um envelope de espessura de aproximadamente 5 nm

(HULL, 2009; TURINA; KORMELINK; RESENDE, 2016). O envelope é proveniente de membranas celulares do Complexo de Golgi, mas podem ser derivadas de membranas da superfície celular; já os ribonucleocapsídeos virais podem em alguns casos exibir uma simetria helicoidal e terem um diâmetro aproximado de 2 a 2,5 nm e 200 a 3000 nm de comprimento (HULL, 2009; KING *et al.*, 2012; RIBEIRO *et al.*, 2009).

A demarcação de espécie dentro do gênero *Orthotospovirus* é baseada na sorologia, gama de hospedeiro e na identidade da proteína do nucleocapsídeo, sendo que a identidade da sequência de aminoácidos da proteína do nucleocapsídeo entre dois orthotospovírus deve ser menor que 90% para serem consideradas espécies distintas (LIMA *et al.*, 2016; PAPPU; JONES; JAIN, 2009).

No Brasil há uma grande diversidade de orthotospovírus com a presença de isolados das espécies IYSV, TSWV, CSNV, GRSV, TCSV, e ZLCV, todos identificados em campos de diversas culturas em todo território nacional de 1926 a 2018 (KITAJIMA, 2020). Os orthotospovírus são relatados infectando uma grande variedade de cultivares, desde hortaliças, grãos a plantas ornamentais em todo o mundo (OLIVEIRA *et al.*, 2012; PAPPU; JONES; JAIN, 2009; ZHOU *et al.*, 2011).

Em 2017 a 2018 a presença de campos de cebola foi constatada nas regiões do Alto Vale do São Francisco em Santa Catarina, nos municípios de Aurora, Campos Novos e Ituporanga, onde os cebolicultores passaram por grandes dificuldades na produção, não somente pelo aparecimento de pragas e doenças que normalmente acometem a produção, mais principalmente pelo aparecimento da doença viral causada pela espécie *Iris yellow spot virus* (ARAÚJO; RESENDE, 2020; LIMA, 2001; PAULA RODRIGUES, 2018). Plantas infectadas apresentaram sintomas iniciais de anéis cloróticos, distorções foliares e bronzeamento, e em casos mais severos a infecção resultou em necroses caulinares. A doença ocasionou a redução da produtividade devido à morte da planta e perda do valor agregado dos produtos comerciais (KITAJIMA, 2020; PAPPU; JONES; JAIN, 2009; ROTENBERG *et al.*, 2015; SRINIVASAN *et al.*, 2017).

Apesar dos orthotospovírus serem propagados facilmente por mais de 14 espécies de tripses, a inoculação mecânica (materiais de trabalho) e natural (propagação vegetativa) ocorrem geralmente facilmente (RILEY *et al.*, 2011; SRINIVASAN *et al.*, 2012). E embora os tripses não sejam voadores de longa distância, estes podem ser carregados por longas distâncias em correntes de vento ou até mesmo em roupas (MOUND, 1996).

O processo de replicação, transcrição e tradução de proteínas virais se inicia quando a partícula viral entra na célula vegetal. Como produto, os ribonucleocapsídeos virais (RNPs)

ficam expostos no citoplasma, e com isso novas partículas são formadas (ADKINS, 2000). Os novos RNPs são formados quando pequenas quantidades de proteína L juntamente com os RNAs recém-replicados são envolvidos pela proteína N (Nucleocapsídeo) (LIMA *et al.*, 2016; WHITFIELD; ULLMAN; GERMAN, 2005). Estes RNPs são transportados para as células vizinhas com a ajuda das proteínas de movimento, (NSm - proteína não estrutural do segmento M), que formam estruturas tubulares que adentram o plasmodesma facilitando assim a translocação de RNPs virais pela rota simplástica da planta (LEWANDOWSKI; ADKINS, 2005; LI *et al.*, 2009). Portanto, o RNA viral deve estar associado às moléculas N e RdRp para que a partícula viral seja infecciosa (ADKINS, 2000). O nucleocapsídeo tem função regulatória da passagem da transcrição para a replicação, como também da replicação para a transcrição viral, além da função de supressão do silenciamento gênico. No entanto, o mecanismo pelo qual a RdRp acessa o RNA viral encapsidado ainda é desconhecido (ALMEIDA, 2016). Os RNAs virais dos orthotospovírus são transcritos pelo mecanismo de *cap-snatching* que envolve a RdRp (KNIPPENBERG; GOLDBACH; KORMELINK, 2005; ROMANOWSKI, 2013). A RdRp viral mobiliza o RNA mensageiro maduro proveniente do núcleo da célula do hospedeiro e cliva-o entre 12 e 18 nucleotídeos *downstream* à capa marcada com 5' metil-guanosina. Os RNAs mensageiros virais utilizam os nucleotídeos que foram clivados para iniciar a transcrição viral (KNIPPENBERG *et al.*, 2005; KNIPPENBERG; GOLDBACH; KORMELINK, 2004). Esses RNAs mensageiros virais não são poliadenilados, mas em suas extremidades 3'UTR existem *hairpins* que conferem estabilidade e podem estar envolvidos com o término da transcrição (KNIPPENBERG; GOLDBACH; KORMELINK, 2002, 2005). A RNA polimerase viral transcreve o segmento viral negativo, e com isso é produzida uma molécula de RNA complementar de senso positivo (KORMELINK; HAAN; PETERS *et al.*, 1992). Essa molécula serve de molde para a replicação. O segmento L possui apenas uma ORF que codifica a RdRp (CLAUDE *et al.*, 2005; HAAN *et al.*, 1991).

Os segmentos S e M são transcritos por meio da estratégia ambisense, onde as ORFs para as proteínas N e Glicoproteínas (Gn/Gc) estão no RNA viral complementar (vcRNA), enquanto as ORFs para as proteínas NSm e para a NSs estão presentes no RNA viral (vRNA) (HAAN *et al.*, 1990; KNIPPENBERG, VAN; CARLTON-SMITH; ELLIOTT, 2010; KNIPPENBERG; GOLDBACH; KORMELINK, 2005; KORMELINK; HAAN; MEURS *et al.*, 1992). Um genoma ambisense é um genoma, em que ambas as fitas de ácido nucléico codificam para proteínas. Esta estratégia de expressão é encontrada em quatro gêneros de vírus de RNA de fita negativa segmentada: *Arenavirus*, *Phlebovirus*, *Orthotospovirus* e

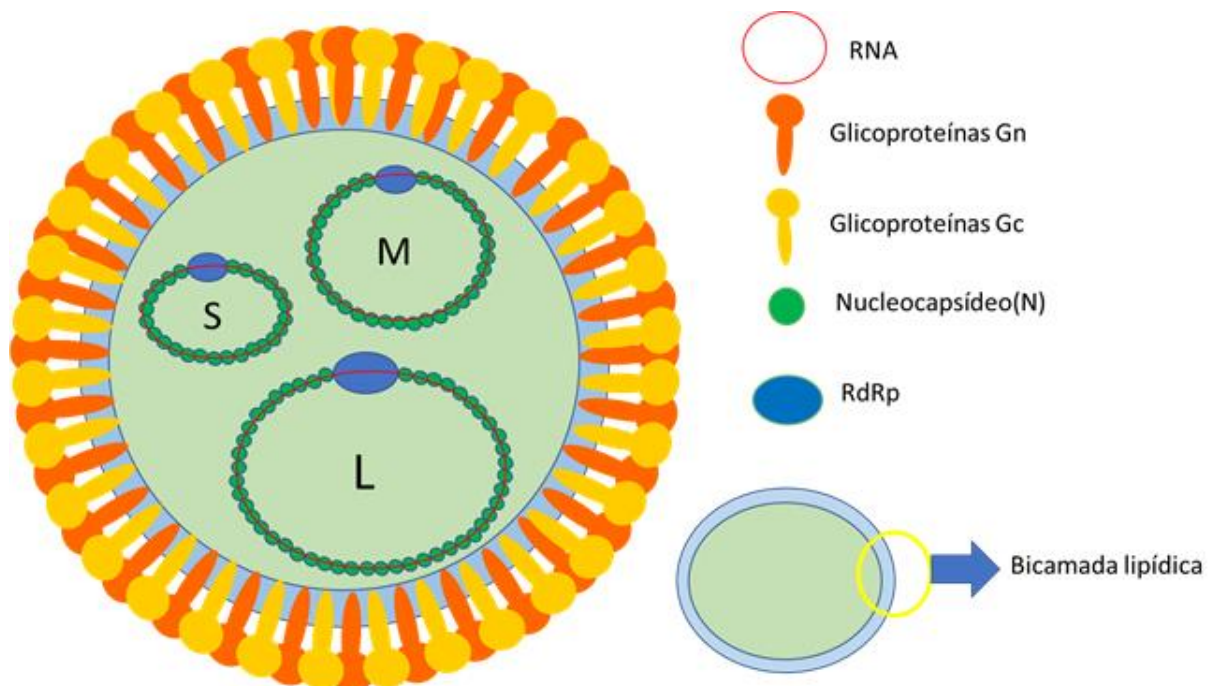
Tenuivirus. Esta estratégia depende de sinais de terminação de transcrição claros para evitar a criação de dsRNA, um padrão de molécula que é reconhecida por todas as células em plantas por desencadear uma resposta antiviral. Todos os vírus de RNA ambisense negativos de fato codificam um grampo (estrutura secundária) para facilitar o interrompimento da transcrição.

Após a tradução, o precursor das glicoproteínas é clivado proteoliticamente para produzir as duas glicoproteínas Gn e Gc (CLAUDE *et al.*, 2005).

1.4.3.1 CARACTERÍSTICAS DO GÊNERO *Orthotospovirus*

Os orthotospovírus são vírus envelopados e possuem um genoma de fita simples de RNA (ssRNA) com sentido negativo. O genoma é trisegmentado, onde cada segmento recebe a seguinte nomenclatura: o segmento de maior comprimento denomina-se (L) (largo, *Large*), que possui cerca de 9 kpb, o segmento de tamanho médio (M, *Medium*) de cerca de 4,8 kpb e o menor segmento (S, *Small*) possui cerca de 2,9 kpb (**Figura 3**) (BAG, SUDEEP *et al.*, 2015).

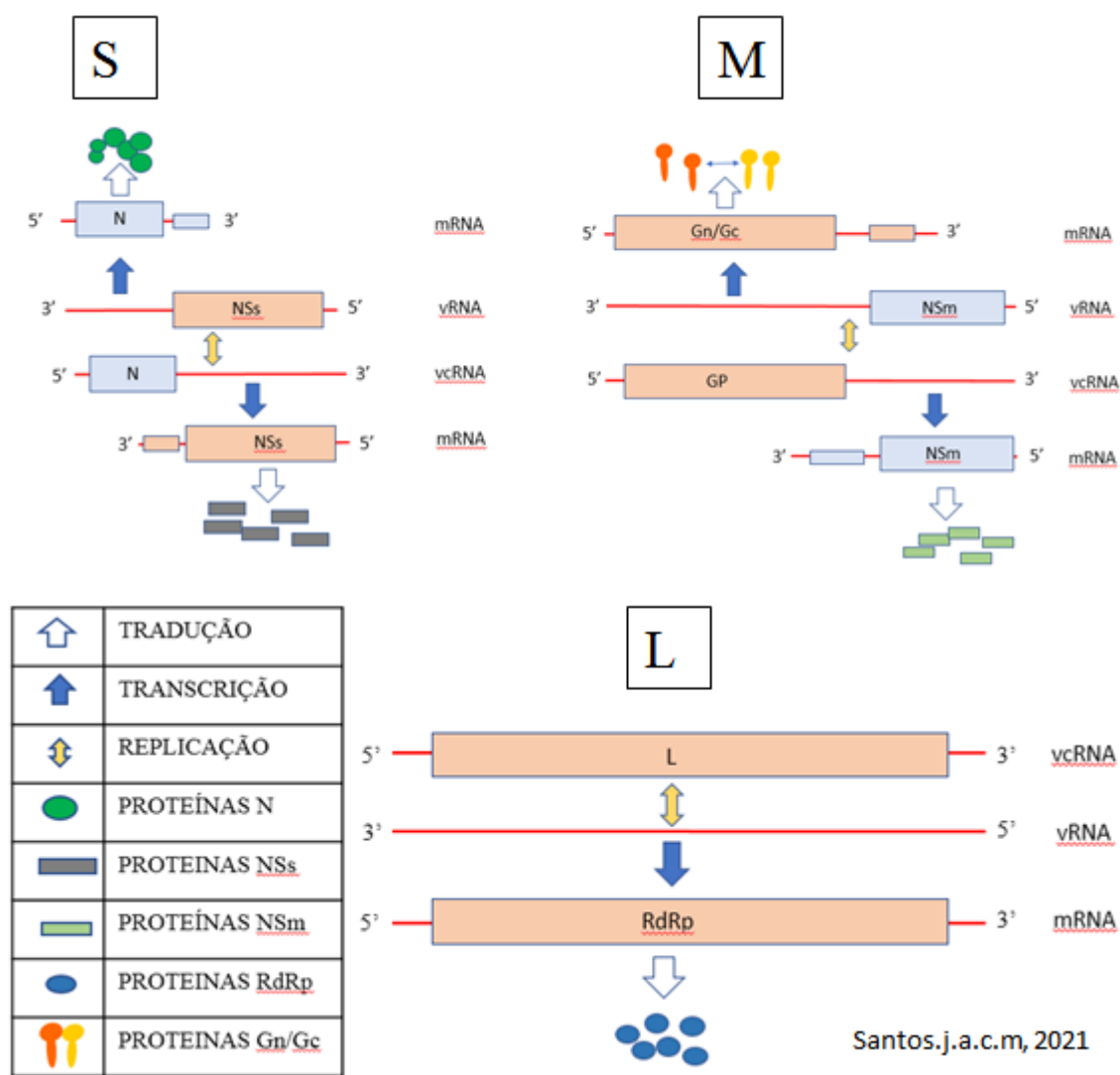
Figura 3 - Ilustração esquemática da partícula de um orthotospovírus.



Representação esquemática da estrutura da partícula dos orthotospovírus, esférica e envelopada, com diâmetro de 80 a 120 nm mostrando a RdRp em azul escuro, o nucleocapsídeo em verde, as glicoproteínas em amarelo e laranja e o RNA em vermelho. Pode-se observar as inclusões do complexo de Glicoproteínas Gn e Gc no envelope lipídico e o genoma trisegmentado envolvido pelas proteínas do nucleocapsídeo.

A figura 4 mostra o segmento L, que codifica a RNA polimerase dependente de RNA. O segmento M codifica o precursor da glicoproteína Gn/Gc no sentido viral complementar e uma proteína não estrutural (NSm) no sentido viral (BAG; SUDEEP *et al.*, 2015; BAG; SUDEEP *et al.*, 2010), e o segmento S codifica a proteína de revestimento (N) no sentido complementar e uma proteína não estrutural (NSs) no sentido viral (**Figura 4**) (BAG, SUDEEP *et al.*, 2015).

Figura 4 - Estratégia de expressão gênica de orthotospovírus e as principais etapas de replicação, transcrição e tradução viral.



Estratégia de expressão genômica. mRNA = RNA mensageiro; vcRNA = RNA sentido complementar; vRNA = RNA sentido viral; L = polimerase viral; Gc e Gn = glicoproteínas; N = proteína do nucleocapsídeo; Nsm = proteína de movimento; Nss = proteína não-estrutural. De sentido negativo o RNA L codifica a RdRp. O RNA M codifica a NSm (senso positivo) e as glicoproteínas (senso negativo). O RNA S sintetiza a proteína NSs (senso positivo) e a proteína N (senso negativo).

Em relação ao principal tospovírus que infecta o gênero *Allium*, até o presente momento existe apenas uma sequência completa do segmento L de IYSV publicada no NCBI (NC_029799). Este segmento viral L de IYSV possui 8880 nucleotídeos e um único quadro de leitura aberta de 8622 nucleotídeos (BAG *et al.*, 2010). A ORF L codifica uma RdRp de peso molecular de aproximadamente 331,14 kDa (2873 aminoácidos, aa). Uma característica genética típica dos orthotospovírus é a presença de oito nucleotídeos conservados nas extremidades 5' (AGAGCAAT) e 3' (TCTCGTTA), que formam uma estrutura conservada chamada de “panhandle” (cabo de panela) (BAG *et al.*, 2010; CLAUDE *et al.*, 2005). O segmento M (NC_038232) é constituído de 4838 nucleotídeos e possui duas ORFs em arranjo ambisense, expressas por meio de dois RNAs subgenômicos (DUIJSINGS; KORMELINK; GOLDBACH, 2001; KNIPPENBERG, *et al.*, 2005). As duas ORFs são separadas por uma região intergênica de 379 nucleotídeos. A proteína NSm é constituída de 311 aa com uma massa molecular prevista de 34,83 kDa, expressa do RNA genômico viral. A proteína NSm é a proteína de movimento, e, portanto, está envolvida no movimento célula-a-célula em plantas hospedeiras (LEASTRO *et al.*, 2017; LI *et al.*, 2009; LEASTRO *et al.*, 2015). A segunda ORF codifica as glicoproteínas (Gn/Gc), e é expressa no sentido viral complementar. Esta ORF é constituída por 3411 nucleotídeos e codifica potencialmente uma proteína de 1136 aa com peso molecular calculado em torno de 128,59 kDa (BAG *et al.*, 2009; CORTEZ *et al.*, 2002). A forma solúvel da proteína Gn é conhecida por reconhecer especificamente proteínas do epitélio do intestino médio no inseto vetor tripes (DIETZGEN; MANN; JOHNSON, 2016; SIN *et al.*, 2005; WHITFIELD; ULLMAN; GERMAN, 2005). Em um arranjo ambisense, o segmento S (NC_029800) possui 3105 nucleotídeos em comprimento e duas ORFs, também não sobrepostas (CORTÊS *et al.*, 1998). A primeira ORF no sentido viral é constituída de 1332 nucleotídeos e codifica a proteína não estrutural NSs (443 aa), de peso molecular calculado em 50,1 kDa. A proteína NSs tem função como supressora de silenciamento gênico (TAKEDA *et al.*, 2002). No sentido viral complementar, a segunda ORF é constituída de 822 nucleotídeos de comprimento, e codifica a proteína do nucleocapsídeo (273 aa, 30,5 kDa), que encapsida o RNA genômico viral (CORTÊS *et al.*, 1998). As regiões intergênicas ricas A e U dos segmentos S e M estão envolvidas na terminação da transcrição dos RNAs subgenômicos, mas o mecanismo exato deste processo não é conhecido (ADKINS, 2000; CLAUDE *et al.*, 2005).

Atualmente, os isolados de IYSV podem ser agrupados em genótipos da Holanda (NL) e do Brasil (BR) com base no polimorfismo do comprimento de fragmentos de restrição (ZEN

et al., 2005). Estudos feitos por Iftikhar *et al.* (2014) mostraram que a diversidade genética observada entre as populações de IYSV pode ser atribuída à ação combinada de recombinação genética, seleção purificadora e deriva genética. No entanto, poucas sequências de IYSV estão disponíveis no NCBI. Infelizmente, até o presente momento, no GenBank estão disponíveis apenas sequências parciais do segmento M e o gene N completo de isolados brasileiros.

1.4.3.2 TRANSMISSÃO

Os tripes são pragas de grande importância para diversas culturas e são consideradas uma das principais pragas da cebola causando danos significativos às folhas (SILVA, 2019). Existem relatos de mais de 2 mil espécies de tripes, dos quais 520 são encontrados no Brasil colonizando diversas culturas. Dentre essas, apenas 14 espécies foram descritas sendo transmissoras de tospovírus (PAPPU, JONES; JAIN, 2009; RILEY *et al.*, 2011; YU *et al.*, 2018), e apenas as espécies *Thrips tabaci* e *Frankliniella fusca* são capazes de transmitir o IYSV (SRINIVASAN *et al.*, 2012).

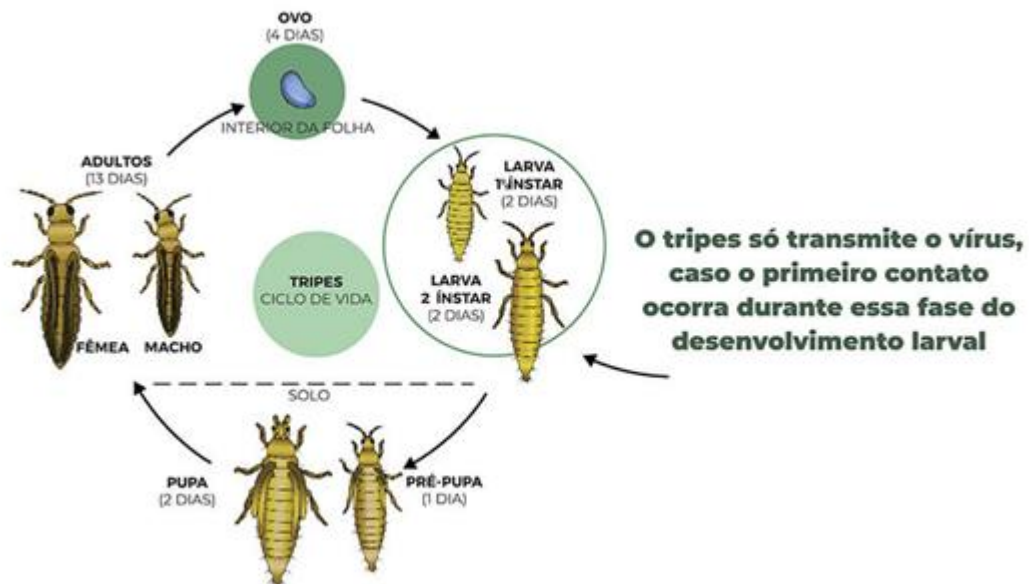
Após a oviposição da fêmea de tripes na superfície vegetal, os tripes que se originam dos ovos passarão por seis fases, (WHITFIELD; ULLMAN; GERMAN, 2005b). O IYSV é adquirido nas fases larvais 1 e 2, quando o inseto se alimenta de folhas infectadas, e permanece no vetor se replicando (GARCÍA; EMANUEL, 2019). Após o início do sítio de alimentação, os tripes adquirem os vírions de plantas infectadas. Estes se disseminam na hemolinfa e atingem a parte do intestino médio, sendo considerado o primeiro local de entrada nas células do inseto vetor, e, portanto, constitui-se a primeira barreira (microvilosidades da borda em escova) no processo de migração viral dentro do corpo do inseto. Os vírions atravessam o epitélio do intestino médio, as camadas de células musculares, até atingirem as glândulas salivares. Nas glândulas salivares atravessam a camada epitelial que reveste este órgão e chegam ao lúmen para serem excretados juntamente com a saliva no momento da alimentação (NAGATA *et al.*, 1999; RODRIGUES, 2019).

A replicação do IYSV no *Thrips tabaci* foi confirmada através da detecção das proteínas N e NSs utilizando a técnica *western blotting*, que se baseia na separação das proteínas por peso molecular através de uma corrida de eletroforese (MIGUE; MENEZES; ARAÚJO, 2012). Hoedjes *et al.* (2011) demonstraram que a quantidade de proteína viral no interior do vetor diferiu entre os diferentes estágios de desenvolvimento, constatando que a proteínas N quanto as NSs foram abundantes na fase larval, mas estavam presentes em quantidades muito menores nas pupas e jovens adultos, através da análise Western Blotting

utilizando anticorpos contra a proteína N e NSs, e posteriormente visualizadas utilizando substrato de peroxidase quimioluminescente.

A infecção por IYSV pode impactar diretamente a biologia do tripses na cebola. Estudos feitos por Leach *et al.* (2019) demonstraram que 114 tripses testados positivos para o IYSV viveram em média 3,6 dias a mais que os tripses testados negativos para o IYSV. Autores concluíram que insetos virulíferos de tripses podem contribuir no aumento da taxa de disseminação do IYSV em campos de cebola. A **figura 5** mostra o ciclo biológico do inseto transmissor de IYSV e as fases de aquisição viral.

Figura 5 - Ciclo biológico do inseto *thrips tabaci* e os seis estágios de vida, e fases de aquisição viral.



Fonte: <https://promip.agr.br/vira-cabeca-na-cultura-do-tomateiro/>.

1.4.3.3 SINTOMAS

Os sintomas causados pelo IYSV consistem em lesões em forma de diamante amarelo, verde claro, às vezes necróticas com aspecto de palha nas folhas, escapo e folhas do bulbo da cebola (BAG; PAPPU, 2009; GENT *et al.*, 2006; ORNELAS-OCAMPO *et al.*, 2017). Os sintomas foliares incluem lesões de cor castanha clara, secas, em forma de diamante nas plantas de *Allium fistulosum*, e algumas lesões apresentam o centro verde com bordas amareladas ou marrom-claras; outras lesões aparecem como anéis concêntricos ou cores alternadas como verdes e amarelos ou marrom claro (**Figura 6**) (SCHWARTZ *et al.*, 2002).

Figura 6. Sintomas foliares encontrados em campos de cebola no Brasil infectados com IYSV.



Plantas coletadas pelo Dr. Adriano Márcio Freire Silva -UFAL da região Petrolândia - PE mostrando sintomas de lesões necróticas ocasionadas por IYSV (comprovado em experimentos de dot-blot ELISA realizado por José Ailton Macedo-UFRPE).

As lesões se iniciam primeiramente em torno do ponto de alimentação do tripses, com lesões de anéis concêntricos ovais. Se a infecção viral ocorre nos estádios iniciais da cultura, o rendimento é drasticamente afetado resultando em perdas de até 60% a 100% (ARAÚJO; RESENDE, 2020; GENT *et al.*, 2006). A severidade dos sintomas depende da cultivar utilizada no plantio, do estágio em que a infecção viral ocorre e da saúde geral do hospedeiro, e das condições ambientais (GENT; MARTIN; OCAMB, 2007; GENT; SCHWARTZ; KHOSLA, 2004). Em experimento realizado em campos de cebola na África do Sul por Toit, Du e Pelter (2006) foi constatado que das 46 cultivares de cebola testadas, somente três não testaram positivas.

A incidência de plantas sintomáticas geralmente aumenta após a formação do bulbo (GENT *et al.*, 2006). O IYSV nem sempre mata seu hospedeiro, no entanto, o vírus reduz o vigor da planta. Os campos muito afetados apresentam plantas com sintomas semelhantes aos causados pela podridão basal por *Fusarium* sp., mas não se observa apodrecimento das raízes ou bulbo. Além disso, os sintomas estão associados a uma redução geral no tamanho do bulbo (GENT; SCHWARTZ; KHOSLA, 2004).

Quando se utilizam plantas indicadoras, tais como *N. glutinosa* L., *N. clevelandii* A. Gray, *Gomphrena globosa* L., *Chenopodium quinoa* Wild, *Emilia sonchifolia* (L.) DC. *Cucurbita sativus* L., os sintomas aparecem como manchas necróticas nas folhas ou pequenas

lesões cloróticas e necrose sistêmica (BAG, SUDEEP; PAPPU, 2009; KRITZMAN *et al.*, 2000). GHOTBI e colaboradores (2005) demonstraram que as plantas indicadoras *N. rustica*, *N. tabacum*, *Datura metel*, *D. stramonium*, *Petunia hybrida*, *Solanum esculentum*, *Chenopodium amaranticolor*, não apresentavam qualquer sintoma de inoculação com IYSV.

O manejo correto dos tripes é essencial no controle de IYSV. O uso de inseticidas para o controle de *T. tabaci* tem sido averiguado em estudos importantes nos últimos anos (DIAZ-MONTANO *et al.*, 2011; GENT *et al.*, 2006; LAÍS FERREIRA, 2019; SILVA, 2019). Os principais métodos de prevenção desta virose consistem essencialmente em evitar que o vírus chegue à cultura, através do uso de material vegetativo livre de vírus, e a eliminação de plantas hospedeiras alternativas (AMORIM; REZENDE; FILHO, 2019; FAJARDO; RESENDE; MACIEL-ZAMBOLIM, 2000; PEREIRA, PINHEIRO, 2017). Portanto, até o presente momento, não há medidas efetivas de controle da doença, e sim medidas preventivas e gerais de manejo da cultura (AMORIM; REZENDE; FILHO, 2019; COSTA *et al.*, 2010).

1.5 ANÁLISE TRANSCRIPTÔMICA VISANDO A MONTAGEM DE GENOMAS VIRAIS

1.5.1 PLATAFORMAS DE SEQUENCIAMENTO DE ALTO DESEMPENHO

O método Sanger foi o primeiro método de sequenciamento de DNA desenvolvido em meados dos anos 70, e estabelecido em 1977. Frederick Sanger propôs um método diferente na época e mais eficiente, chamado de método enzimático ou de Sanger. Esse método logo se tornou altamente replicável e é utilizado até os dias atuais (SANGER; NICKLEN; COULSON, 1977). O método consiste em adicionar didesoxiribonucleotídeos (ddNTP's), que são nucleotídeos modificados que não possuem o grupo OH livre no carbono 3' da pentose na reação de cadeia da polimerase (SANGER; NICKLEN; COULSON, 1977). No entanto, atualmente, novas tecnologias promovem o sequenciamento de ácidos nucleicos em plataformas capazes de gerar informações de milhões de pares de bases em uma única corrida. Estas novas tecnologias de sequenciamento foram denominadas de tecnologias de sequenciamento de última geração (*Next-Generation Sequencing*, NGS) ou sequenciamento em massa (*High-Throughput Sequencing*, HTS). Esses sistemas consistem em sequenciamento de alto desempenho e possuem uma grande vantagem quando comparadas ao sequenciamento Sanger, pois são capazes de gerar um grande número de sequências “reads”, muitas vezes até bem maiores as que geradas pela tecnologia do tipo Sanger, permitindo uma grande economia de tempo e custo por base (CARVALHO; SILVA, 2010).

Esses novos métodos de sequenciamento foram designados como de segunda, terceira ou quarta geração (DIJK, VAN *et al.*, 2014; VINCENT *et al.*, 2017). Dentre esses métodos, destacam-se o 454 Roche (pirosequenciamento) (RONAGHI *et al.*, 1996), Illumina (DU; KIBBE; LIN, 2008), Ion Torrent (ROTHBERG *et al.*, 2011), PacBio (RHOADS; AU, 2015) e Nanopore (DERRINGTON *et al.*, 2010). Na maioria das sequências presume-se que a DNA polimerase adiciona nucleotídeos complementares à fita modelo na fita de DNA (MERRIMAN; TEAM; ROTHBERG, 2012). A tecnologia 454 é baseada no princípio do "sequenciamento por síntese". Proposto por Mostafa Ronaghi primeiramente em 1996, foi a primeira plataforma de sequenciamento de nova geração a ser comercializada (RONAGHI, 2001), e foi baseada no princípio de detecção dos raios luminosos emitidos dos diferentes PPI (pirofosfatos) liberados a partir da síntese do DNA. A metodologia é capaz de determinar qual das quatro bases foi incorporada na cópia do DNA moldado. Para iniciar o sequenciamento, primeiramente o DNA é fragmentado em 300 – 800 pb, e, após a fragmentação, as partes dos DNA são ligadas a adaptadores. O sistema é dividido em três etapas: preparo da amostra, PCR em emulsão e o sequenciamento (CARVALHO; SILVA, 2010). Através de uma reação enzimática é efetuado a leitura do sequenciamento, que se inicia com a liberação de um pirofosfato oriundo da adição de um desoxinucleotídeo à cadeia (CARVALHO; SILVA, 2010). O pirofosfato é então convertido em ATP sendo este utilizado pela luciferase para oxidar a luciferina produzindo um sinal de luz, na qual é capturado por uma câmera (*charge-coupled device*) (LIU; RO; KOCH, 2005). Esta tecnologia permitiu facilmente a montagem de pequenos genomas, como o de bactérias e alguns eucariotos (CARVALHO; SILVA, 2010; NELSON *et al.*, 2014; PEREIRA, 2014). Em comparação a outras tecnologias de sequenciamento de segunda geração, a plataforma 454 é a plataforma que produz as maiores leituras, por isso foi bem utilizada, inclusive para sequenciamento de eucariotos (WICKER *et al.*, 2009). Se pensarmos que a cobertura da sequência é maior e uma determinada base é lida várias vezes, então o pirosequenciamento foi a princípio considerado mais eficaz do que o método de Sanger. No entanto, uma desvantagem desse método é a necessidade de usar mais reagentes, e de não obter coberturas tão altas como o sequenciamento obtido pela plataforma Illumina (SMITH *et al.*, 1986).

Outro sequenciamento de segunda geração é o gerado pelo método da *Ion Torrent* (ROTHBERG *et al.*, 2011), que usa tecnologia de semicondutores de íons. Os fragmentos de DNA a serem sequenciados são dispostos em um chip que contém um sensor que detecta alterações de pH. Um tipo de nucleotídeo (A, T, C ou G) é fornecido ao chip de cada vez (MALAPELLE *et al.*, 2015). Os íons de hidrogênio são liberados quando os nucleotídeos são

incorporados durante a síntese de DNA. A reação de adição de nucleotídeos às moléculas de DNA resulta naturalmente na liberação de H^+ e, portanto, em mudanças no pH e condutividade que são medidas por equipamentos específicos (MERRIMAN; TEAM; ROTHBERG, 2012). A síntese de DNA leva a alteração do pH, que é dependente da incorporação dos diferentes nucleotídeos, e este será detectado, caso contrário, nenhuma reação de incorporação ocorrerá e nenhuma alteração será detectada. Dessa forma é possível saber qual nucleotídeo foi adicionado (RUSK, 2011). O ciclo de fornecimento de A, T, C e G se repetem continuamente até que todos os segmentos sejam sintetizados (MARINE *et al.*, 2019). Devido a essa detecção direta, a tecnologia *Ion Torrent* é um método de sequenciamento muito rápido (GUPTA; VERMA, 2019; LUO *et al.*, 2012).

O método PacBio (Pacific Biosciences, CA, EUA), também conhecido como sequenciamento em tempo real (*Single-molecule Real-time Sequencing*, SRT) é de terceira geração. A tecnologia usa uma única molécula de DNA de fita simples que é replicada por uma DNA polimerase imobilizada em um microporo (RHOADS; AU, 2015). Durante a replicação, nucleotídeos marcados com fluoróforos de cores diferentes são usados (EID *et al.*, 2009). Quando os nucleotídeos são incorporados, o fluoróforo é liberado fazendo com que a luz seja emitida em um comprimento de onda específico (FERRARINI *et al.*, 2013). A luz é detectada e, uma vez que a adição de cada nucleotídeo resulta em uma fluorescência diferente, a sequência de adição de nucleotídeos pode ser precisamente determinada, e assim a sequência nucleotídica da molécula de DNA estudada (SATOUE *et al.*, 2014; ZHANG *et al.*, 2012). A tecnologia PacBio é considerada um método de alta precisão (RHOADS; AU, 2015).

O sequenciamento de quarta geração conhecido como NanoPore (Oxford Nanopore) é um dos métodos de sequenciamento mais recentes e tem muitas vantagens (DERRINGTON *et al.*, 2010). A classificação é realizada em um pequeno dispositivo portátil que contém uma porta USB que permite que os dados sejam carregados a qualquer momento (BRANTON *et al.*, 2009; OSAKI *et al.*, 2009). Não há combinação de nucleotídeos neste método, e sua praticidade permite o sequenciamento rápido em qualquer ambiente sem quaisquer recursos (HOUT *et al.*, 2010; LI *et al.*, 2003). Nesse método, fitas simples de moléculas de DNA são induzidas a passar por nanoporos presentes em uma membrana (STODDART *et al.*, 2009). Para cada base de nucleotídeo que atravessa o poro é detectada uma alteração na membrana em amperagem, que é a característica de cada base (DERRINGTON *et al.*, 2010; PURNELL; SCHMIDT, 2009). Ou seja, o DNA de fita simples (ssDNA) é submetido a uma eletroforese artificial através de um orifício. À medida que o ssDNA atravessa a membrana, este reduz a

corrente de íons que passa pelo orifício. Se cada nucleotídeo que atravessa a membrana produz uma corrente iônica residual característica, o registro atual corresponderá à sequência de DNA. Espera-se que esta tecnologia simples de sequenciamento sem reagente leia grandes fragmentos de moléculas de DNA de forma barata e com uma velocidade inerentemente rápida (BRANTON *et al.*, 2009). Devido ao seu pequeno tamanho inerente, o sistema pode ser paralelizado (OSAKI *et al.*, 2009).

1.5.2 FERRAMENTAS DE BIOINFORMÁTICA UTILIZADAS NAS MONTAGENS DE GENOMAS VIRAIS

A bioinformática foi desenvolvida pela necessidade de interpretar dados que foram gerados através das plataformas de sequenciamento (LUSCOMBE; GREENBAUM; GERSTEIN, 2001). Essas plataformas são capazes de gerar volumes astronômicos de dados (*big data*) (PETTERSSON; LUNDEBERG; AHMADIAN, 2009). A maneira mais eficiente de analisar os dados do sequenciamento é através de *algoritmos* matemáticos, que envolvem linhas de comando capazes de executar diversas tarefas, como cálculos matemáticos para automação de processo e processamento de dados (CAN, 2014). Com esses algoritmos implementados na análise de sequenciamento é possível fazer a montagem de genomas completos, homologia entre sequências, anotação dos genomas, e até mesmos suas implicações evolutivas, podendo até mesmo desenvolver modelos tridimensionais de proteínas e RNAs (SELZER; MARHÖFER; ROHWER, 2008).

Os softwares e *data bases* mais simples ou mesmo aquelas mais complexas são utilizadas pelos bioinformatas para analisar dados, existindo diversos bancos de dados relacionados de domínio público nos quais podem se obter informações (anotações de genes, proteínas e fenótipos) sobre genomas de humanos, animais, plantas e patógeno. Através desses bancos de dados, tais como o NCBI (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>), *Embl Tools* (<https://www.ebi.ac.uk/services>), ARB (<http://www.arb-home.de/>), Oxford University (<https://www.oxfordjournals.org/nar/database/c/>), UNITE (<https://unite.ut.ee/>), é possível realizar análises de dados, comparação de genomas e troca de informações (RAZA, 2015). A ferramenta mais utilizada para encontrar regiões de similaridade entre sequências é o BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*) (WHEELER *et al.*, 2002), sendo possível realizar análises de dados, comparação de genomas e troca de informações (RAZA, 2015). É, portanto, a ferramenta mais utilizada para encontrar regiões de similaridade entre sequências.

Quando uma biblioteca é sequenciada através de tecnologias de últimas gerações, dezenas de milhões de sequências são geradas (VINCENT *et al.*, 2017). Os sequenciadores

mais modernos fornecem no final de cada corrida um relatório de qualidade de sequenciamento. No entanto, é recomendado uma verificação posterior utilizando ferramentas de bioinformática para identificação de problemas gerados pelo próprio sequenciador. Um exemplo de ferramenta de controle da qualidade é o FastQC (<https://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc/>), que fornece uma interface simples de observar a qualidade de sequências. Essa ferramenta foi desenvolvida pelo grupo de bioinformática do Instituto Babraham (ANDREWS, 2010). O FastQC possibilita fazer a importação de arquivos no formato BAM, SAM ou FastQ. O software fornece uma rápida visão geral em forma de tabelas, gráficos e cores para averiguação do sequenciamento (ALBERTI *et al.*, 2014). A qualidade (PHRED Q) do sequenciamento é baseada na probabilidade de que, em uma determinada posição do *read* existir um erro na base (p) ($Q = -10 \log_{10} p$) (EWING; GREEN, 1998). Portanto, o FastQC calcula a acurácia em *base call* (por base). Por exemplo, um erro a cada 100 pb de leituras a acurácia é de 99% (0.1) correspondendo a um valor de Q igual à 10. Se houver um erro a cada 1000 pb, a acurácia seria de 99,9%, e um valor de Q de 20 (EWING; GREEN, 1998).

Em dados de sequenciamento de última geração é bem comum o aparecimento de sequências de baixa qualidade ou adaptadores que podem dificultar a montagem de genomas. Após a verificação da qualidade, e se necessário, uma trimagem de sequências de baixa qualidade e de adaptadores deverá ser realizada. Nestes casos a trimagem seria como uma forma de se “limpar” as sequências (LI *et al.*, 2003) através da retirada de restos de adaptadores ou contaminantes. Uma ferramenta flexível utilizada na trimagem de dados de *Illumina* é o Trimmomatic (<http://www.usadellab.org/cms/?page=trimmomatic>) (BOLGER *et al.* 2014; ZHAO *et al.*, 2017). Depois de realizada a trimagem e verificação da qualidade das sequências, os *contigs* poderão ser montados através de ferramentas de montagem, tais como o SPAdes (BANKEVICH *et al.*, 2012). Atualmente existem uma diversidade de tipos de montadores como o MEGAHIT, ABYSS, IVA, MEGAVELVET (GARCÍA-LÓPEZ *et al.*, 2015; LI *et al.* 2016) e VELVET (SMITH, 2016; ZERBINI, 2018) utilizados na montagem de genomas virais.

Uma vez os *contigs* montados, estes devem ser submetidos a uma pesquisa BLAST. Essa consulta permite realizar pesquisas a nível de aminoácido ou nucleotídeo utilizando um banco de dados, manualmente construídos ou já disponíveis (BUCHFINK *et al.*, 2015). A montagem do genoma é a etapa onde um grande número de sequências curtas de ácido nucleicos podem ser montados através da abordagem *De Novo* e/ou utilizando genomas de referência (COSTA; PAULAN, 2016). Para a montagem e descoberta de novas sequências

virais, alguns *pipelines* de bioinformática foram publicados por Blawid *et al.* (2017), Akinyemi *et al.* (2016), Zheng *et al.*, (2017), entre outros.

1.5.3 O USO DE RESULTADOS DE TRANSCRIPTOMAS PARA MONTAGEM DE GENOMAS VIRAIS DE PLANTAS

Os tipos de sintomas ocasionados pelos vírus na gama de hospedeiras podem contribuir na determinação do tipo de gênero viral a que se está estudando. Entretanto, nem sempre quando uma planta está infectada com um vírus apresenta sintomas, e muitas plantas que apresentam sintomas virais podem estar sendo infectadas por mais de um vírus. As novas tecnologias de sequenciamento (NGS) ajudam na possível identificação dos vírus que infectam uma determinada planta (BARBA *et al.*, 2014; MASSART *et al.*, 2014).

Muitos vírus são constituídos de genoma de DNA, onde seu material genético é transcrito em RNA, e outros vírus são constituídos de genoma de RNA. O uso de dados de transcriptoma vem sendo utilizado na determinação de sequências virais que infectam uma cultura (SUN *et al.*, 2016; MADROÑERO *et al.*, 2018). O estudo do transcriptoma tem como objetivo o estudo de transcritos de um dado organismo em que se deseja estudar. Essa metodologia de estudo através da geração de dados de RNASeq aplicada ao estudo de vírus de plantas envolve a extração de RNA total da planta, construção de uma biblioteca de cDNA, seguido de sequenciamento através das plataformas NGS (SUN *et al.*, 2016; WU *et al.*, 2016). Muitos dados de transcriptomas de plantas podem conter sequências virais completas, que no processo de amplificação do transcrito do hospedeiro, o transcrito viral é também amplificado. Dados de TSA podem ser obtidos na plataforma *Transcriptome Shotgun Assembly* (<https://trace.ncbi.nlm.nih.gov/Traces/sra/sra.cgi>), e utilizados na montagem de genomas virais (BURGER; MAREE, 2015; JO *et al.*, 2016). Portanto, estudos já foram realizados utilizando banco de dados de TSA para identificar e montar genomas virais, como os publicados por Nibert *et al.* (2016). Estes autores utilizaram dezesseis acessos de transcriptoma de doze plantas diferentes visando a montagem de quatro espécies do gênero *Amalgavirus*. Trabalho conduzido por Jo *et al.* (2016) realizou a montagem de oito genomas da espécie *Bell pepper endornavirus* (BPEV) utilizando somente transcriptomas disponíveis da pimenta. Já trabalhos realizados com transcriptomas de soja contribuíram na identificação de cinco espécies virais: o *soybean mosaic virus* (SMV), *lettuce infectious yellow virus* (LICV), *lettuce chlorosis virus* (LCV), *bean pod mottle virus* (BPMV) and *cucumber mosaic virus* (CMV) (JO *et al.*, 2017). Outros envolvendo transcriptomas de videira utilizando um *pool* de material derivados de cascas, frutas e folha caracterizaram sequências genômicas de

vinte e três vírus e viróides (SIDHARTHAN *et al.*, 2020). O estudo viral utilizando TSA não é restrito apenas para vírus de plantas, pois já existem pesquisas com TSA de fungos que visam a elucidação de genomas de micovírus. Segundo Gilbert *et al.* (2019), dados de TSA de fungos pertencentes ao subfilo *Pezizomycotina* foram utilizados em análises e montagem de 59 micovírus, onde 88% foram descritas como novas espécies e 68% foram consideradas como primeiro relato em espécie fúngicas.

Diante disso, este trabalho teve como objetivo estudar a diversidade de amalgavírus em diferentes espécies de *Allium* coletadas ao redor do mundo através de dados transcriptômicos de 19 arquivos de SRA (*Sequence Read Archive*) disponíveis no GenBank, e de dados de RNA-seq gerados a partir de material foliar de cebola coletado na cidade de Petrolândia, Pernambuco, Brasil.

1.6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABUDUREXITI, ABULIKEMU; ADKINS, SCOTT; ALIOTO, DANIELA; *et al.* Taxonomy of the order Bunyavirales: update 2019. **Archives of Virology**, New York, v. 164, n. 7, p. 1949–1965, 2019.
- ADAMS, M. J.; ANTONIW, J. F.; FAUQUET, C. M. Molecular criteria for genus and species discrimination within the family Potyviridae. **Archives of Virology**, New York, v. 150, n. 3, p. 459–479, 2005.
- ADAMS, M. J.; KING, A. M. Q.; CARSTENS, E. B. Ratification vote on taxonomic proposals to the International Committee on Taxonomy of Viruses (2013). **Archives of Virology**, New York, v. 158, n. 9, p. 2023–2030, 2013.
- ADAMS, M. J.; LEFKOWITZ, E. J.; KING, A. M. Q.; *et al.* Ratification vote on taxonomic proposals to the International Committee on Taxonomy of Viruses (2014). **Archives of Virology**, New York, v. 159, n. 10, p. 2831–2841, 2014.
- ADKINS, SCOTT. Tomato spotted wilt virus—positive steps towards negative success. **Molecular Plant Pathology**, Oxford, v. 1, n. 3, p. 151–157, 2000.
- AKINYEMI, A. I; WANG, F; ZHOU, B; *et al.* Ecogenomic survey of plant viruses infecting Tobacco by Next generation sequencing. **Virology Journal**, Singapore, p. 1–12, 2016.
- ALBERTI, G; ANDRADE, D. D; GARITA, L. C; *et al.* Anatomy and Fine Structure of Brevipalpus Mites (Tenuipalpidae) - Economically Important Plant-Virus Vectors - Part 3: Digestive System. **Zoologica**, Stockholm, v. 160, p. 67–94, 2014.
- ALENCAR, NARA EDREIRA; FIGUEIRA, ANTÔNIA DOS REIS; ALMEIDA, JOÃO EDUARDO MELO DE; *et al.* Identificação biológica e molecular de vírus detectados em espécies de cucurbitáceas provenientes do Estado do Tocantins. **Journal of Biotechnology and Biodiversity**, Tocantins, v. 3, n. 1, p. 32–37, 2012.
- ALMEIDA, ÁLVARO M. R.; PIUGA, FERNANDA F.; MARIN, SILVANA R. R.; *et al.* Detection and partial characterization of a carlavirus causing stem necrosis of soybean in Brazil. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília DF, v. 30, n. 2, p. 191–194, 2005.
- ALMEIDA, MARIANA. MARTINS. SEVERO. DE ALMEIDA. Filogeografia, epidemiologia viral e capacidade evolutiva via rearranjo genético de Tospovirus. 2016. Disponível em: <<https://repositorio.unb.br/handle/10482/22351>>. Acesso em: 5 mar. 2021.
- AMORIM, LILIAN; REZENDE, JORGE ALBERTO MARQUES; FILHO, ARMANDO BERGAMIN. **Manual de fitopatologia: princípios e conceitos**. [s.l.: s.n.], 2019. Disponível em: <<https://www.google.com/search?q=issn%1098-6596>>.
- ANINDYA, ROY; SAVITHRI, HANDANAHAL S. Potyviral NIa Proteinase, a Proteinase with Novel Deoxyribonuclease Activity*. **Journal of Biological Chemistry**, Bethesda, v. 279, n. 31, p. 32159–32169, 2004.
- ARAÚJO, EDIVÂNIO RODRIGUES DE; HIGASHIKAWA, FÁBIO SATOSHI; LIMA, MIRTES FREITAS; *et al.* First report of Onion yellow dwarf virus and Allxivirus associated with noble garlic in Itajai Valley, Santa Catarina State, Brazil. **Summa Phytopathologica**, Botucatu, v. 44, n. 2, p. 195–196, 2018.
- ARAÚJO, E. R; HIGASHIKAWA, F. S; LIMA, M. F. First report of Onion yellow dwarf virus and Allxivirus associated with noble garlic in Itajai Valley, Santa Catarina State, Brazil. **Summa Phytopathologica**, Botucatu, v. 44, p. 195–196, 2018.
- ARAÚJO, EDIVÂNIO R.; RESENDE, RENATA S. IRIS YELLOW SPOT ORTHOTOSPOVIRUS: RESSURGIMENTO DE UMA AMEAÇA À CEBOLICULTURA NACIONAL. In: **II Workshop Internacional de Defesa Sanitária Vegetal**. Brasília, Minas Gerais, Brasi: 2, [s.d.].
- ARAÚJO, ISAAC B.; PERUCH, LUIZ A. M.; STADNIK, MARCIEL J. Efeito do extrato de alga e da argila silicatada na severidade da alternariose e na produtividade da cebolinha comum (*Allium fistulosum* L.). **Tropical Plant Pathology**, Brasília, v. 37, n. 5, p. 363–367, 2012.
- AUSTIN, R. B. Bulb Formation in Onions as Affected by Photoperiod and Spectral Quality of Light. **Journal of Horticultural Science**, Ashford, v. 47, n. 4, p. 2–12, 1972.
- BAG, SUDEEP; DRUFFEL, K. L.; PAPPU, H. R. Structure and genome organization of the large RNA of iris yellow spot virus (genus Tospovirus, family Bunyaviridae). **Archives of Virology**, New York, v. 155, n. 2, p. 275–279, 2010.
- BAG, SUDEEP; PAPPU, H. R. Symptomatology of Iris yellow spot virus in Selected Indicator Hosts. **Plant**

Health Progress, Minnesota, v. 10, n. 1, p. 41, 2009.

BAG, SUDEEP.; SCHWARTZ, HOWARD F.; CRAMER, CHRISTOPHER S.; *et al.* Iris yellow spot virus (Tospovirus : Bunyaviridae): from obscurity to research priority. **Molecular Plant Pathology**, Oxford, v. 16, n. 3, p. 224–237, 2015.

BALÁZS, ERVIN; TOURNEUR, COLETTE; TEPFER, MARK; *et al.* Synthesis of (–)-strand RNA from the 3' untranslated region of plant viral genomes expressed in transgenic plants upon infection with related viruses. **Journal of General Virology**, London, v. 81, n. 4, p. 1121–1126, 2000.

BAMPI, D.; REINSEL, M.D.; HAMMOND, J. Identification of Narcissus yellow stripe virus and a closely-related potyvirus isolate in plants of *Allium carinatum*. **Acta Horticulturae**, The Hague, n. 1193, p. 39–46, 2018.

BARANWAL, V. K.; SINGH, P.; JAIN, R. K.; *et al.* First Report of Garlic virus X Infecting Garlic in India. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 95, n. 9, p. 1197–1197, 2011.

BARBA, MARINA; CZOSNEK, HENRYK; HADIDI, AHMED. Historical perspective, development and applications of next-generation sequencing in plant virology. **Viruses**, Warwick, v. 6, n. 1, p. 106–136, 2014.

BARG, E.; LESEMAN, D.-E.; VETTEN, H.J.; *et al.* IDENTIFICATION, PARTIAL CHARACTERIZATION, AND DISTRIBUTION OF VIRUSES INFECTING ALLIUM CROPS IN SOUTH AND SOUTHEAST ASIA. **Acta Horticulturae**, The Hague, n. 358, p. 251–258, 1994.

BELLARDI, M.G.; MARANI, F.; BETTI, L.; *et al.* Detection of garlic common latent virus (GCLV) in *Allium sativum* L. in Italy. **Phytopathologia Mediterranea**, Bologna, v. 34, n. 1, p. 58–61, 1995.

BEREDA, MARIA; PADUCH-CICHAL, ELŻBIETA. Alexiviruses – pathogens of garlic plants. **Progress in Plant Protection**, 2016. Disponível em: <http://www.progress.plantprotection.pl/?node_id=35&lang=pl&ma_id=1829>. Acesso em: 4 mar. 2021.

BEREDA, MARIA; PADUCH-CICHAL, ELŻBIETA; DĄBROWSKA, ELŻBIETA. Occurrence and phylogenetic analysis of alexiviruses identified on garlic from China, Spain and Poland commercially available on the polish retail market. **European Journal of Plant Pathology**, Dordrecht, v. 149, n. 1, p. 227–237, 2017.

BETTONI, MARCELLE MICHELOTTI; MÓGOR, ÁTILA FRANCISCO; DECHAMPS, CÍCERO; *et al.* Crescimento e produção de sete cultivares de cebola em sistema orgânico em plantio fora de época. **Semina: Ciencias Agrarias**, Londrina, v. 34, n. 5, p. 2139–2152, 2013.

BLANC, S.; AMMAR, E D; GARCIA-LAMPASONA, S; *et al.* Mutations in the potyvirus helper component protein: effects on interactions with virions and aphid stylets. **Journal of General Virology**, London, v. 79, n. 12, p. 3119–3122, 2008.

BLAWID, R.; SILVA, J.M.F.; NAGATA, T. Discovering and sequencing new plant viral genomes by next-generation sequencing: description of a practical pipeline. **Annals of Applied Biology**, Warwick, v. 170, n. 3, p. 301–314, 2017.

BOLGER, A. M.; LOHSE, USADEL, B. Trimmomatic: A flexible trimmer for Illumina sequence data. **Bioinformatics**, London, v. 30, n. 15, p. 2114–2120, 2014.

BOS, L.; HUIJBERTS, N.; HUTTINGA, H.; *et al.* Leek yellow stripe virus and its relationships to onion yellow dwarf virus; characterization, ecology and possible control. **Netherlands Journal of Plant Pathology**, Wageningen, v. 84, n. 5, p. 185–204, 1978.

BRANTON, DANIEL; DEAMER, DAVID W; MARZIALI, ANDRE; *et al.* The potential and challenges of nanopore sequencing. In: **Nanoscience and Technology**. [s.l.]: Co-Published with Macmillan Publishers Ltd, UK, 2009, p. 261–268. 0v. Disponível em: <https://www.worldscientific.com/doi/abs/10.1142/9789814287005_0027>. Acesso em: 2 abr. 2021.

BRUNT, A. A.; KENTEN, R. H. Cowpea mild mottle, a newly recognized virus infecting cowpeas (*Vigna unguiculata*) in Ghana. **Annals of Applied Biology**, Warwick, v. 74, n. 1, p. 67–74, 1973.

BRUNT, A. A. ; PHILLIPS, S. “Fuzzy vein”, a disease of tomato (*Lycopersicon esculentum*) in Western Nigeria induced by cowpea mild mottle virus. **Tropical Agriculture**, Amsterdam, v. 58, n. 2, p. 177–180, 1981.

BUCHFINK, B; XIE, C; HUSON, D. H. Fast and sensitive protein alignment using DIAMOND. **Nature Methods**, New York, v. 12, n. 1, p. 59–60, 2015.

BURGER, JOHAN T.; MAREE, HANS J. Metagenomic next-generation sequencing of viruses infecting

- grapevines. **Methods in Molecular Biology**, Clifton, v. 1302, p. 315–330, 2015.
- CABI; EPPO. Leek yellow stripe virus. **Distribution Maps of Plant Diseases**, Saint Paul, n. 1, p. 3, 2014.
- CAMARGO, CRISTHIANO KOPANSKI. **PRODUÇÃO DE CEBOLA A PARTIR DE BULBINHOS SEMENTE E ANÁLISE ECONÔMICA DO SISTEMA**. Tese (doutorado), Universidade Estadual do Centro-Oeste, 2017.
- CAN, TOLGA. Introduction to Bioinformatics. In: YOUSEF, Malik; ALLMER, Jens (Orgs.). **miRNomics: MicroRNA Biology and Computational Analysis**. Totowa, NJ: Humana Press, 2014, p. 51–71. (Methods in Molecular Biology). Disponível em: <https://doi.org/10.1007/978-1-62703-748-8_4>. Acesso em: 12 abr. 2021.
- CANDRESSE, T.; MARAIS, A.; FAURE, C. First Report of Southern tomato virus on Tomatoes in Southwest France. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 97, n. 8, p. 1124–1124, 2013.
- CARVALHO, MAYRA COSTA DA CRUZ GALLO DE; SILVA, DANIELLE CRISTINA GREGORIO. Sequenciamento de DNA de nova geração e suas aplicações na genômica de plantas. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 40, n. 3, p. 735–744, 2010.
- CHAGAS, SILVIO JÚLIO DE REZENDE; DE RESENDE, GERALDO MILANEZ; PEREIRA, LAIR VICTOR. Características qualitativas de cultivares de cebola no sul de Minas Gerais. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 28, n. 1, p. 102–106, 2004.
- CHAI, MENGZHU; WU, XIAOYUN; LIU, JIAHUI; *et al.* P3N-PIPO Interacts with P3 via the Shared N-Terminal Domain To Recruit Viral Replication Vesicles for Cell-to-Cell Movement. **Journal of Virology**, Washington, v. 94, n. 8, 2020.
- CHANDRIKA RAY, Ch. V.; HEMA, M. cis-proteolytic activity of a recombinant nuclear inclusion a (NIa) proteinase from Sugarcane Streak Mosaic Virus, a member of the genus Poacevirus in the family Potyviridae. **Molecular Genetics, Microbiology and Virology**, Amsterdam, v. 31, n. 2, p. 102–108, 2016.
- CHEN, J.; ADAMS, M. J.; ZHENG, H.-Y.; *et al.* Sequence analysis demonstrates that Onion yellow dwarf virus isolates from China contain a P3 region much larger than other potyviruses. **Archives of Virology**, New York, v. 148, n. 6, p. 1165–1173, 2003.
- CHEN, J. P; WEI, C B; ZHENG, H Y; *et al.* Characterisation of the welsh onion isolate of Shallot yellow stripe virus from China. **Archives of Virology**, New York, v. 150, n. 10, p. 2091–2099, 2005.
- CHEN, J; WEI, C.B.; SHI, Y.H; *et al.* Shallot yellow stripe virus complete genome, isolate ZQ2. 2005. Disponível em: <<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/AJ865076.1>>. Acesso em: 13 mar. 2021.
- CHEN, JIONG; CHEN, JIEN PING; ADAMS, M. J. Characterisation of some carla- and potyviruses from bulb crops in China. **Archives of Virology**, New York, v. 147, n. 2, p. 419–428, 2002.
- CHEN, J.-P.; ZHENG, H.-Y.; ANTONIW, J. F.; *et al.* Detection and classification of allexiviruses from garlic in China. **Archives of Virology**, New York, v. 149, n. 3, p. 435–445, 2004.
- CHODORSKA, M.; NOWAK, P.; SZYNDEL, M.S.; *et al.* FIRST REPORT OF GARLIC VIRUS A, B AND C IN GARLIC IN POLAND. **Journal of Plant Pathology**, Dordrecht, v. 4, n. 94, 2012.
- CHODORSKA, M.; PADUCH-CICHAL, E.; KALINOWSKA, E.; *et al.* First Report of Onion yellow dwarf virus, Garlic common latent virus and shallot latent virus on Garlic in Poland. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 98, n. 6, p. 858–858, 2014.
- CHUNG, BETTY Y.-W.; MILLER, W. ALLEN; ATKINS, JOHN F.; *et al.* An overlapping essential gene in the Potyviridae. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, Allahabad, v. 105, n. 15, p. 5897–5902, 2008.
- CLAUDE, M; FAUQUET, M. A.; MAYO, J.; *et al.* **Virus Taxonomy: VIIIth Report of the International Committee on Taxonomy of Viruses**. [s.l.]: Academic Press, 2005.
- CONCI, VILMA C.; CANAVELLI, Ana; LUNELLO, P.; *et al.* Yield Losses Associated with Virus-Infected Garlic Plants During Five Successive Years. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 87, n. 12, p. 1411–1415, 2003.
- CÓRDOBA-SELLÉS, C.; CEBRIÁN-MICO, C.; ALFARO-FERNÁNDEZ, A.; *et al.* First Report of Iris yellow spot virus in Commercial Leek (*Allium porrum*) in Spain. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 91, n. 10, p. 1365–1365, 2007.
- CORTÊS, I.; LIVIERATOS, I. C.; DERKS, A.; *et al.* Molecular and Serological Characterization of Iris Yellow Spot Virus, a New and Distinct Tospovirus Species. **Phytopathology®**, Saint Paul, v. 88, n. 12, p. 1276–1282, 1998.

- CORTEZ, I.; AIRES, A.; PEREIRA, A.-M.; *et al.* Genetic organisation of Iris yellow spot virus M RNA: indications for functional homology between the G (C) glycoproteins of tospoviruses and animal-infecting bunyaviruses. **Archives of Virology**, New York, v. 147, n. 12, p. 2313–2325, 2002.
- CORTEZ, I.; SAAIJER, J.; WONGJKAWE, K. S.; *et al.* Identification and characterization of a novel tospovirus species using a new RT-PCR approach. **Archives of Virology**, New York, v. 146, n. 2, p. 265–278, 2001.
- COSTA, EVALDO; PAULAN, SILVANA DE CÁSSIA. **Processo de Sequenciamento e Montagem de Genomas**. [s.l.: s.n.], 2016.
- COSTA, N. D.; QUEIROZ, M. D.; ARAÚJO, J. C.; *et al.* A cultura da Cebola. In: **Embrapa Informação Tecnológica**. [s.l.: s.n.], 2010, p. 1–12.
- COSTA, NIVALDO D; ARAÚJO, JAIRTON F; SANTOS, CARLOS ANTONIO F; *et al.* Desempenho de cultivares de cebola em cultivo orgânico e tipos de solo no Vale do São Francisco. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 26, n. 4, p. 476–480, 2008.
- COSTA, NIVALDO DUARTE; DOS SANTOS, CARLOS ANTÔNIO FERNANDES; DE QUEIRÓZ, MANOEL ABILIO; *et al.* Alfa São Francisco: variedade de cebola para cultivo de verão. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 23, n. 2, p. 1–4, 2005.
- COSTA, NIVALDO DUARTE; RESENDE, GERALDO MILANEZ; DIAS, RITA DE CÁSSIA SOUZA. Avaliação de cultivares de cebola em Petrolina-PE. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 18, n. 1, p. 57–60, 2000.
- COTTON, SOPHIE; GRANGEON, ROMAIN; THIVIERGE, KARINE; *et al.* Turnip mosaic virus RNA replication complex vesicles are mobile, align with microfilaments, and are each derived from a single viral genome. **Journal of Virology**, Washington, v. 83, n. 20, p. 10460–10471, 2009.
- CRONIN, S.; VERCHOT, J.; HALDEMAN-CAHILL, R.; *et al.* Long-distance movement factor: a transport function of the potyvirus helper component proteinase. **The Plant Cell**, Rockville, v. 7, n. 5, p. 549–559, 1995.
- CROWE, F. J.; PAPPU, H. R. Outbreak of Iris yellow spot virus in Onion Seed Crops in Central Oregon. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 89, n. 1, p. 105–105, 2005.
- CUI, HONGGUANG; WANG, AIMING. Plum Pox Virus 6K1 Protein Is Required for Viral Replication and Targets the Viral Replication Complex at the Early Stage of Infection. **Journal of Virology**, Washington, v. 90, n. 10, p. 5119–5131, 2016.
- CUI, XIAOYAN; LU, LU; WANG, YING; *et al.* The interaction of soybean reticulon homology domain protein (GmRHP) with Soybean mosaic virus encoded P3 contributes to the viral infection. **Biochemical and Biophysical Research Communications**, Orlando, v. 495, n. 3, p. 2105–2110, 2018.
- CUI, XIAOYAN; YAGHMAIEAN, HODA; WU, GUANWEI; *et al.* The C-terminal region of the Turnip mosaic virus P3 protein is essential for viral infection via targeting P3 to the viral replication complex. **Virology**, New York, v. 510, p. 147–155, 2017.
- CUI, ZHANGLIN; CARTER, THOMAS E.; BURTON, JOSEPH W.; *et al.* Phenotypic Diversity of Modern Chinese and North American Soybean Cultivars. **Crop Science**, Madison, v. 41, n. 6, p. 1954–1967, 2001.
- DE, SWARNALOK. Interactions of potyviral protein HCPro with host methionine cycle enzymes and scaffolding protein VARICOSE in potato virus A infection. 2019. Disponível em: <<https://helda.helsinki.fi/handle/10138/282221>>. Acesso em: 20 abr. 2021.
- DENG, XING-GUANG; PENG, XING-JI; ZHU, FENG; *et al.* A critical domain of Sweet potato chlorotic fleck virus nucleotide-binding protein (NaBp) for RNA silencing suppression, nuclear localization and viral pathogenesis. **Molecular Plant Pathology**, Oxford, v. 16, n. 4, p. 365–375, 2015.
- DEPIERREUX, DELPHINE; VONG, MINH; NIBERT, MAX L. Nucleotide sequence of Zygosaccharomyces bailii virus Z: Evidence for +1 programmed ribosomal frameshifting and for assignment to family Amalgaviridae. **Virus Research**, Amsterdam, v. 217, p. 115–124, 2016.
- DERRINGTON, IAN M.; BUTLER, TOM Z.; COLLINS, MARCUS D.; *et al.* Nanopore DNA sequencing with MspA. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, Allahabad, v. 107, n. 37, p. 16060–16065, 2010.
- DI PIERO, ROBSON M.; REZENDE, JORGE A. M.; YUKI, VALDIR A.; *et al.* Transmissão do Passion fruit woodiness Virus por Aphis gossypii (Glover) (Hemiptera: Aphididae) e colonização de maracujazeiro pelo vetor. **Neotropical Entomology**, Londrina, v. 35, n. 1, p. 139–140, 2006.

- DIAZ-MONTANO, JOHN; FUCHS, MARC; NAULT, BRIAN A.; *et al.* Onion Thrips (Thysanoptera: Thripidae): A Global Pest of Increasing Concern in Onion. **Journal of Economic Entomology**, Lanham, v. 104, n. 1, p. 1–13, 2011.
- DIETZGEN, RALF G.; MANN, KRIN S.; JOHNSON, KARYN N. Plant Virus–Insect Vector Interactions: Current and Potential Future Research Directions. **Viruses**, Warwick, v. 8, n. 11, p. 303, 2016.
- DIJK, P. VAN. Carlavirus isolates from cultivated Allium species represent three viruses. **Netherlands Journal of Plant Pathology**, Wageningen, v. 99, n. 5–6, p. 233–257, 1993.
- DOMBROVSKY, A.; HUET, H.; CHEJANOVSKY, N.; *et al.* Aphid transmission of a potyvirus depends on suitability of the helper component and the N terminus of the coat protein. **Archives of Virology**, New York, v. 150, n. 2, p. 287–298, 2005.
- DÓRIA, KAROLINA MARIE ALIX BENEDICTTE VAN SEBROECK; NOZAKI, DENISE NAKADA; PAVAN, MARCELO AGENOR; *et al.* Identificação e caracterização de um isolado de Hydrangea ringspot virus em hortênsia no Estado de São Paulo. **Summa Phytopathologica**, Botucatu, v. 37, n. 2, p. 125–128, 2011.
- DOVAS, C. I.; HATZILOUKAS, E.; SALOMON, R.; *et al.* Comparison of Methods for Virus Detection in Allium spp. **Journal of Phytopathology**, Berlin, v. 149, n. 11–12, p. 731–737, 2001.
- DOVAS, C.I.; VOVLAS, C. VIRUSES INFECTING ALLIUM SPP. IN SOUTHERN ITALY. **Journal of Plant Pathology**, Dordrecht, v. 85, n. 2, p. 135, 2003.
- DOVAS, CRISOSTOMOS I.; HATZILOUKAS, EFSTATHIOS; SALOMON, RAPHAEL; *et al.* Incidence of Viruses Infecting Allium Spp. in Greece. **European Journal of Plant Pathology**, Wageningen, v. 107, n. 7, p. 677–684, 2001.
- DU TOIT L.J.; PELTER, G.Q. Susceptibility of Storage Onion Cultivars to Iris Yellow Spot in the Columbia Basin of Washington, 2004. **Vegetable production & marketing news**, Chicago, v. 16, p. 3–7, 2006.
- DUARTE, ROSA LÚCIA R.; VELOSO, MARCOS EMANUEL DA C.; MELO, FRANCISCO DE B.; *et al.* Produtividade de cultivares de cebola no Semi-Árido piauiense. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 21, n. 1, p. 34–36, 2003.
- DUSI, ANDRÉ NEPOMUCENO; RESENDE, Francisco Vilela; FILHO, Edson Guiducci; *et al.* Alho livre de vírus : tecnologia para aumento de produtividade. In: **CONGRESSO BRASILEIRO DE OLERICULTURA. Horticultura Brasileira** 29. [s.l.: s.n.], 2011, v. 29, p. 5688–5696.
- EDWARDSON, J. R; CHRISTIE, R. G; KO, N. J. Potyvirus cylindrical inclusions-subdivision-IV. **Phytopathology**, Saint Paul, v. 74, n. 9, p. 1111–1114, 1984.
- EID, JOHN; FEHR, ADRIAN; GRAY, JEREMY; *et al.* Real-Time DNA Sequencing from Single Polymerase Molecules. **Science**, Atlanta, v. 323, n. 5910, p. 133–138, 2009.
- EL-WAHAB, A.S. Aphid-Transmission Efficiency of Two Main Viruses on Garlic in Egypt, Onion Yellow Dwarf Virus (OYDV-G) and Leek Yellow Stripe Virus (LYSV-G). **Academic Journal of Entomology** 2, Egypt, v. 1, p. 40–42, 2009.
- EWING, Brent; GREEN, Phil. Base-Calling of Automated Sequencer Traces Using Phred. II. Error Probabilities. **Genome Research**, Cold Spring Harbor, v. 8, n. 3, p. 186–194, 1998.
- FAEZEHOSSADAT, ABTAHI; FARZANEH, CHOOPANI. FIRST REPORT OF SHALLOT YELLOW STRIPE VIRUS (SYSV) ON GARLIC IN IRAN. v. 22, p. 27–30, 2016. (Iranian Plant Protection Congress,).
- FAJARDO, T. V. M.; RESENDE, R. O.; MACIEL-ZAMBOLIM, E. Doenças causadas por vírus em alho e cebola. **Controle de doenças de plantas hortaliças**, Campinas, v. 1, p. 102–129, 2000.
- FAJARDO, THOR V. M.; NISHIJIMA, MARTA; BUSO, JOSÉ A.; *et al.* Complexo viral do alho: identificação de Potyvirus e Carlavirus na região central do Brasil. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília DF, v. 26, n. 3, p. 619–626, 2001.
- FAJARDO, THOR V. M.; NISHIJIMA, MARTA; BUSO, JOSÉ A.; *et al.* Garlic viral complex: identification of Potyviruses and Carlavirus in Central Brazil. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília DF, v. 26, n. 3, p. 619–626, 2001.
- FAJARDO, THOR VINÍCIUS MARTINS; NICKEL, OSMAR. Técnicas de Detecção e Estudo de Vírus em Plantas. **EMBRAPA**, v. 78, p. 1–8, 2015.
- FAYAD-ANDRÉ, MICHELLE DE S.; DUSI, ANDRÉ NEPOMUCENO; RESENDE, RENATO OLIVEIRA.

Spread of viruses in garlic fields cultivated under different agricultural production systems in Brazil. **Tropical Plant Pathology**, Brasília, v. 36, n. 6, p. 341–349, 2011.

FELLERS, J; WAN, J; HONG, Y; *et al.* In vitro interactions between a potyvirus-encoded, genome-linked protein and RNA-dependent RNA polymerase. **Journal of General Virology**, London, v. 79, n. 8, p. 2043–2049, 2008.

FERENC BAGI. Effect of onion yellow dwarf virus (OYDV) on yield components of fall garlic (*Allium sativum* L.) in Serbia. **AFRICAN JOURNAL OF AGRICULTURAL RESEARCH**, Nigeria, v. 7, n. 15, 2012

FERNÁNDEZ-TABANERA, E.; FRAILE, A.; LUNELLO, P.; *et al.* First Report of Onion yellow dwarf virus in Leek (*Allium ampeloprasum* var. *porrum*) in Spain. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 102, n. 1, p. 256–256, 2018.

FERRARINI, MARCO; MORETTO, MARCO; WARD, JUDSON A.; *et al.* An evaluation of the PacBio RS platform for sequencing and de novo assembly of a chloroplast genome. **BMC Genomics**, San Diego, v. 14, n. 1, p. 670, 2013.

FIDAN, H.; BALOGLU, S. First Report of Onion yellow dwarf virus and Leek yellow stripe virus in Garlic in Turkey. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 93, n. 6, p. 672–672, 2009.

FIDAN, H.; ÇAĞLAR, B.K.; BALOĞLU, S.; *et al.* URGINEA MARITIME (L.) IS A NEW HOST OF ALLEXIVIRUS GROUP ON ONION AND GARLIC PLANTS IN TURKEY. **Acta Horticulturae**, Hague, n. 1002, p. 309–312, 2013.

FIGUEIRA, ANTONIA DOS REIS; GERALDINO-DUARTE, PRISCILLA S.; PINZÓN NUÑEZ, ANDRÉS MAURICIO; *et al.* Characterization of Soybean yellow shoot virus, a New Member of the Family Potyviridae Infecting Soybean Plants in Brazil. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 103, n. 6, p. 1172–1180, 2018.

FILHO, JOÃO AMÉRICO WORDELL; ROWE, ERNILDO; GONÇALVES, PAULO ANTÔNIO DE SOUZA; *et al.* **Manejo fitossanitário na cultura da cebola**. [s.l.: s.n.], 2006.

FILHO, Péricles De Albuquerque Melo; RESENDE, Renato Oliveira; CORDEIRO, Célia Maria Torres; *et al.* Viral reinfection affecting bulb production in garlic after seven years of cultivation under field conditions. **European Journal of Plant Pathology**, Wageningen, v. 116, n. 2, p. 95–101, 2006.

FRITSCH, R. M.; FRIESEN, N. Evolution, domestication, and taxonomy. In: RABINOWITCH, H.D.; CURRAH, LESLEY (Orgs.). **Allium crop science: recent advances**. 1. ed. New York: [s.n.], 2002, p. 5–30.

FUJI, S.; ZEN, S.; SATO, I.; *et al.* Population dynamics of iris yellow spot virus in onion fields and lisianthus greenhouses in Japan. **Plant Pathology**, Oxford, v. 64, n. 4, p. 808–816, 2015.

GALLET, ROMAIN; MICHALAKIS, YANNIS; BLANC, STÉPHANE. Vector-transmission of plant viruses and constraints imposed by virus–vector interactions. **Current Opinion in Virology**, Houston, v. 33, p. 144–150, 2018. (Virus vector interactions • Special Section: Multicomponent viral systems).

GALLO, ARAIZ; VALLI, ADRIAN; CALVO, MARÍA; *et al.* A Functional Link between RNA Replication and Virion Assembly in the Potyvirus Plum Pox Virus. **Journal of Virology**, Washington, v. 92, n. 9, 2018.

GAMAGE, S. M. K. WIDANA; HASSANI-MEHRABAN, A.; PETERS, D. Identification of Iris yellow spot virus on Leek (*Allium porrum*) in Sri Lanka. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 94, n. 8, p. 1070–1070, 2010.

GARCÍA, CHAUP; EMANUEL, CISTHIAN. **manejo integrado do trips tabaci lindeman en allium cepa l. en viru, la libertad**. PhD Thesis, FACULTED DE CIENCIAS AGROPECUARIAS ESCUELA PROFESIONAL DE AGRONOMIA, 2019.

GARCÍA-LÓPEZ, R; VÁZQUEZ-CASTELLANOS, J.F; MOYA, A. Fragmentation and Coverage Variation in Viral Metagenome Assemblies, and Their Effect in Diversity Calculations. **Front Bioeng Biotechnol**, Genova, v. 3, p. 141, 2015.

GAWANDE, S. J.; GURAV, V. S.; INGLE, A. A.; *et al.* First Report of Iris yellow spot virus Infecting *Allium tuberosum* in India. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 98, n. 8, p. 1161–1161, 2014.

GEERING, ANDREW D. W; MCTAGGART, ALISTAIR R. Questions surrounding the taxonomic validity of the species Garlic mite-borne filamentous virus (genus Allexivirus). **Archives of Virology**, New York, v. 164, n. 9, p. 2367–2370, 2019.

GENG, CHAO; YAN, ZHI-YONG; CHENG, DE-JIE; *et al.* Tobacco vein banding mosaic virus 6K2 Protein Hijacks NbPsbO1 for Virus Replication. **Scientific Reports**, Sapporo, v. 7, n. 1, p. 43455, 2017.

GENT, D. H.; MARTIN, R. R.; OCAMB, C. M. First Report of Iris yellow spot virus on Onion and Leek in

Western Oregon. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 91, n. 4, p. 468–468, 2007.

GENT, DAVID H.; DU TOIT, LINDSEY J.; FICHTNER, SCOTT F.; *et al.* Iris yellow spot virus : An Emerging Threat to Onion Bulb and Seed Production. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 90, n. 12, p. 1468–1480, 2006.

GENT, DAVID H.; DU TOIT, LINDSEY J.; FICHTNER, SCOTT F.; *et al.* Iris yellow spot virus: An Emerging Threat to Onion Bulb and Seed Production. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 90, n. 12, p. 1468–1480, 2006.

GENT, DAVID H.; SCHWARTZ, HOWARD F.; KHOSLA, RAJIV. Distribution and Incidence of Iris yellow spot virus in Colorado and Its Relation to Onion Plant Population and Yield. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 88, n. 5, p. 446–452, 2004.

GHOTBI, T.; SHAHRAEEN, N.; WINTER, S. Occurrence of Tospoviruses in Ornamental and Weed Species in Markazi and Tehran Provinces in Iran. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 89, n. 4, p. 425–429, 2005.

GIBBS, ADRIAN J.; HAJIZADEH, MOHAMMAD; OHSHIMA, KAZUSATO; *et al.* The Potyviruses: An Evolutionary Synthesis Is Emerging. **Viruses**, Warwick, v. 12, n. 2, p. 132, 2020.

GILBERT, KERRIGAN B.; HOLCOMB, EMILY E.; ALLSCHEID, ROBYN L.; *et al.* Hiding in plain sight: New virus genomes discovered via a systematic analysis of fungal public transcriptomes. **PLOS ONE**, California, v. 14, n. 7, p. e0219207, 2019.

GOH, CHUL JUN; HAHN, YOONSOO. Analysis of proteolytic processing sites in potyvirus polyproteins revealed differential amino acid preferences of NIa-Pro protease in each of seven cleavage sites. **PLOS ONE**, California, v. 16, n. 1, p. e0245853, 2021.

GONG, YI-NUO; TANG, RU-QING; ZHANG, YU; *et al.* The NIa-Protease Protein Encoded by the Pepper Mottle Virus Is a Pathogenicity Determinant and Releases DNA Methylation of *Nicotiana benthamiana*. **Frontiers in Microbiology**, Pullman, v. 11, 2020.

GRANDA, R.; LANDÁZURI, G.; ARKHIPOV, A. V. First Report of Shallot virus X in Garlic in Ecuador. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 101, n. 6, p. 1066, 2017.

GUPTA, NIDHI; VERMA, VIJAY K. Next-Generation Sequencing and Its Application: Empowering in Public Health Beyond Reality. **Microbial Technology for the Welfare of Society**, v. 17, p. 313–341, 2019.

HAAN, P.; KORMELINK, R.; DE OLIVEIRA RESENDE, R.; *et al.* Tomato spotted wilt virus L RNA encodes a putative RNA polymerase. **Journal of General Virology**, London, v. 72, n. 9, p. 2207–2216, 1991.

HAAN, P.; WAGEMAKERS, L.; PETERS, D.; *et al.* The S RNA Segment of Tomato Spotted Wilt Virus has an Ambisense Character. **Journal of General Virology**, London, v. 71, n. 5, p. 1001–1007, 1990.

HAJIMORAD, M. R.; DOMIER, L. L.; TOLIN, S. A.; *et al.* Soybean mosaic virus: a successful potyvirus with a wide distribution but restricted natural host range. **Molecular Plant Pathology**, Oxford, v. 19, n. 7, p. 1563–1579, 2018.

HAMED, K.; MENZEL, W.; MOHAMED, M. E.; *et al.* First Report of Garlic common latent virus Infecting Garlic in Sudan. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 97, n. 4, p. 562–562, 2013.

HAMED, K.; MENZEL, W.; MOHAMED, M. E.; *et al.* First Report of Shallot virus X in Onion in Sudan. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 96, n. 7, p. 1075–1075, 2012.

HENRIQUES, GABRIELLY P. DE S. A.; GRANGEIRO, LEILSON C.; PAULINO, RENAN DA C.; *et al.* Produção de cebola cultivada sob diferentes densidades de plantio. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, Campina Grande, v. 18, n. 7, p. 682–687, 2014.

HOEDJES, K.; VERHOEVEN, J.T.J.; GOLDBACH, R.; *et al.* IRIS YELLOW SPOT VIRUS IN THE NETHERLANDS: OCCURRENCE IN ONION AND CONFIRMATION OF TRANSMISSION BY THRIPS TABACI. **Acta Horticulturae**, The Hague, v. 901, n. 901, p. 199–206, 2011.

HOEPTING, C. A.; FUCHS, M. F. First Report of Iris yellow spot virus Infecting Onion in Pennsylvania. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 96, n. 8, p. 1229–1229, 2012.

HOGENHOUT, SASKIA A.; AMMAR, EL-DESOUKY; WHITFIELD, ANNA E.; *et al.* Insect Vector Interactions with Persistently Transmitted Viruses. **Annual Review of Phytopathology**, Palo Alto, v. 46, n. 1, p. 327–359, 2008.

HONG, YILING; HUNT, ARTHUR G. RNA Polymerase Activity Catalyzed by a Potyvirus-Encoded RNA-Dependent RNA Polymerase. **Virology**, v. 226, n. 1, p. 146–151, 1996.

- HOUT, MICHEL VAN DEN; HALL, ADAM R.; WU, MENG YUE; *et al.* Controlling nanopore size, shape and stability. **Nanotechnology**, v. 21, n. 11, p. 115304, 2010.
- HULL, ROGER. CHAPTER 6 - Genome Organization. In: HULL, Roger (Org.). **Matthews' Plant Virology (Fourth Edition)**. London: Academic Press, 2002, p. 171–224. Disponível em: <<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/B9780123611604500578>>. Acesso em: 15 mar. 2021.
- HULL, ROGER. **Comparative Plant Virology**. 2. ed. [s.l.]: Libgen Librarian, 2009.
- IACONO, G.; HERNANDEZ-LLOPIS, D.; ALFARO-FERNANDEZ, A.; *et al.* First report of Southern tomato virus in tomato crops in Italy. **New Disease Reports**, London, v. 32, p. 27, 2015.
- IBGE, INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. Resultado dos Dados Preliminares do Censo – 2017. 2017.
- IFTIKHAR, R.; BAG, S.; ASHFAQ, M.; *et al.* First Report of Iris yellow spot virus Infecting Onion in Pakistan. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 97, n. 11, p. 1517–1517, 2013.
- IWAKI, M. Whitefly Transmission and Some Properties of Cowpea Mild Mottle Virus on Soybean in Thailand. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 66, n. 1, p. 365, 1982.
- JELKMANN, W. Nucleotide sequences of apple stem pitting virus and of the coat protein gene of a similar virus from pear associated with vein yellows disease and their relationship with potex- and carlaviruses. **Journal of General Virology**, London, v. 75, n. 7, p. 1535–1542, 1994.
- JIANG, JUN; LALIBERTÉ, JEAN-FRANÇOIS. The genome-linked protein VPg of plant viruses—a protein with many partners. **Current Opinion in Virology**, Houston, v. 1, n. 5, p. 347–354, 2011.
- JO, YEONHWA; CHOI, HOSEONG; BAE, MIAH; *et al.* De novo Genome Assembly and Single Nucleotide Variations for Soybean Mosaic Virus Using Soybean Seed Transcriptome Data. **The Plant Pathology Journal**, Gangnamgu, v. 33, n. 5, p. 478–487, 2017.
- JO, YEONHWA; CHOI, HOSEONG; YOON, JU-YEON; *et al.* In silico identification of Bell pepper endornavirus from pepper transcriptomes and their phylogenetic and recombination analyses. **Gene**, Amsterdam, v. 575, n. 2 Pt 3, p. 712–717, 2016.
- KANG, SANG-GU; KOO, BONG-JIN; LEE, EUN-TAG; *et al.* Allexivirus Transmitted by Eriophyid Mites in Garlic Plants. **Journal of Microbiology and Biotechnology**, Oxford, v. 17, n. 11, p. 1833–1840, 2007.
- KARAVINA, C.; IBABA, J. D.; GUBBA, A.; *et al.* First Report of Iris yellow spot virus Infecting Garlic and Leek in Zimbabwe. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 100, n. 3, p. 657–657, 2016.
- KASSAB, A L. Cebola: do tumulto dos faraós às exigentes mesas modernas. **Coleção Brasileira Agrícola**, v. 2, p. 114, 1994.
- KATIS, Nikolaos I.; MALIOGKA, Varvara I.; DOVAS, Chrysostomos I. Viruses of the Genus Allium in the Mediterranean Region. In: **Advances in Virus Research**. [s.l.]: Elsevier, 2012, v. 84, p. 163–208. Disponível em: <<https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/B9780123943149000051>>. Acesso em: 12 mar. 2021.
- KIM, HANGIL; AOKI, NANA; TAKAHASHI, HARUNA; *et al.* Reduced RNA silencing suppressor activity of onion yellow dwarf virus HC-Pro with N-terminal deletion may be complemented in mixed infection with another potyvirus in garlic. **Journal of General Plant Pathology**, Okayama, v. 86, n. 4, p. 300–309, 2020.
- KING, ANDREW M.Q; ADAMS, MICHAEL J; CARSTENS, ERIC B; *et al.* **Virus Taxonomy: Classification and Nomenclature of Viruses**. Andrew M.Q. [s.l.]: Virus Taxonomy: Ninth Report of the International Committee on Taxonomy of Viruses., 2012.
- KIST, BENNO BERNARDO; DOS SANTOS, CLEITON EVANDRO; DE CARVALHO, CLEONICE; *et al.* Anuário Brasileiro de Horti e Fruti 2019. **Editora Gazeta Santa Cruz**, p. 96, 2019.
- KITAJIMA, E. W; REZENDE, J. A. M. Os virus, esses terríveis inimigos. Cultivar. **Hortaliças e Frutas**, Pelotas, v. 30, p. 18–24, 2004.
- KITAJIMA, ELLIOT W. An annotated list of plant viruses and viroids described in Brazil (1926–2018). **Biota Neotropica**, Campinas, v. 20, n. 2, 2020.
- KLEIN, PATRICIA GAMBLE; KLEIN, ROBERT R.; RODRIGUEZ-CEREZO, EMILIO; *et al.* Mutational Analysis of the Tobacco Vein Mottling Virus Genome. **Virology**, New York, v. 204, n. 2, p. 759–769, 1994.
- KNUHTSEN, HJALMAR; HIEBERT, ERNEST; PURCIFULL, D. E. Partial purification and some properties

- of tobacco etch virus induced intranuclear inclusions. **Virology**, New York, v. 61, n. 1, p. 200–209, 1974.
- KORMELINK, R.; HAAN, P.; PETERS, D.; *et al.* Viral RNA synthesis in tomato spotted wilt virus-infected *Nicotiana rustica* plants. **Journal of General Virology**, London, v. 73, n. 3, p. 687–693, 1992.
- KRAUTHAUSEN, H.-J.; LEINHOS, GABRIELE M. E.; MÜLLER, J.; *et al.* Identification and incidence of Iris yellow spot virus in *Allium* field crops in Southwest Germany. **European Journal of Plant Pathology**, Wageningen, v. 134, n. 2, p. 345–356, 2012.
- KRUPOVIC, MART; DOLJA, VALERIAN V.; KOONIN, EUGENE V. Plant viruses of the Amalgaviridae family evolved via recombination between viruses with double-stranded and negative-strand RNA genomes. **Biology Direct**, England, v. 10, n. 1, p. 12, 2015.
- KUMAR, PAWAN; DHAWAN, POONAM. Biological and serological diagnosis of Iris yellow spot virus in onion from northern India. **Annals of Agri Bio Research**, Haryana, v. 18, n. 1, p. 48–54, 2013.
- KURTZ, CLAUDINEI; SCHMITT, DANIEL ROGÉRIO; SGROTT, ÉDIO ZUNINO; *et al.* **EPAGRI. Sistema de produção para a cebola**. [s.l.: s.n.], 2013.
- LAÍN, S.; MARTÍN, M. T.; RIECHMANN, J. L.; *et al.* Novel catalytic activity associated with positive-strand RNA virus infection: nucleic acid-stimulated ATPase activity of the plum pox potyvirus helicase-like protein. **Journal of Virology**, Washington, v. 65, n. 1, p. 1–6, 1991.
- LAÍS FERREIRA. **Manejo biológico para controle de Thrips tabaci na cebola (Allium cepa) incluindo efeito em organismos não-alvo**. Manejo biológico para controle de Thrips tabaci na cebola (Allium cepa) incluindo efeito em organismos não-alvo. MESTRE EM OLERICULTURA, Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Goiano – Campus Morrinhos – Área de Concentração Olericultura, 2019.
- LEACH, ASHLEY; FUCHS, MARC; HARDING, RILEY; *et al.* Iris Yellow Spot Virus Prolongs the Adult Lifespan of Its Primary Vector, Onion Thrips (*Thrips tabaci*) (Thysanoptera: Thripidae). **Journal of Insect Science**, Oxford, v. 19, n. 3, 2019.
- LEASTRO, M. O.; PALLÁS, V.; RESENDE, R. O.; *et al.* The movement proteins (NSm) of distinct tospoviruses peripherally associate with cellular membranes and interact with homologous and heterologous NSm and nucleocapsid proteins. **Virology**, New York, v. 478, p. 39–49, 2015.
- LEASTRO, MIKHAIL O.; PALLÁS, VICENTE; RESENDE, RENATO O.; *et al.* The functional analysis of distinct tospovirus movement proteins (NSM) reveals different capabilities in tubule formation, cell-to-cell and systemic virus movement among the tospovirus species. **Virus Research**, Amsterdam, v. 227, p. 57–68, 2017.
- LEITE, D. L.; OLIVEIRA, V. R.; SANTOS, C. A. F.; *et al.* Melhoramento genético de cebola para as condições tropicais e subtropicais do Brasil. **Revista Colombiana de Ciencias Hortícolas**, Bogotá, Bogotá, v. 3, n. 1, p. 18–27, 2009.
- LEWANDOWSKI, DENNIS J.; ADKINS, SCOTT. The tubule-forming NSm protein from Tomato spotted wilt virus complements cell-to-cell and long-distance movement of Tobacco mosaic virus hybrids. **Virology**, Oxford, v. 342, n. 1, p. 26–37, 2005.
- LI, JIALI; GERSHOW, MARC; STEIN, DEREK; *et al.* DNA molecules and configurations in a solid-state nanopore microscope. **Nature Materials**, London, v. 2, n. 9, p. 611–615, 2003.
- LI, WEIMIN; LEWANDOWSKI, DENNIS J.; HILF, MARK E.; *et al.* Identification of domains of the Tomato spotted wilt virus NSm protein involved in tubule formation, movement and symptomatology. **Virology**, Oxford, v. 390, n. 1, p. 110–121, 2009.
- LI, YONGQIANG; DENG, CONGLIANG; SHANG, QIAOXIA; *et al.* The first complete genome sequence of iris severe mosaic virus. **Archives of Virology**, New York, v. 161, n. 4, p. 1069–1072, 2016.
- LIMA, M. F. Viroses em hortícolas. **Embrapa Semiárido-Artigo em periódico indexado (ALICE)**, 2001.
- LIMA, RAYANE NUNES; FAHEEM, MUHAMMAD; BARBOSA, JOÃO ALEXANDRE RIBEIRO GONÇALVES; *et al.* Homology modeling and molecular dynamics provide structural insights into tospovirus nucleoprotein. **BMC Bioinformatics**, London, v. 17, n. 18, p. 489, 2016.
- LIU, WEI-MIN; RO, SUNHEE K.; KOCH, WALTER H. Making Sense of DNA Microarray Data. In: BROWN, Ross D.; HO, P. Joy (Orgs.). **Multiple Myeloma: Methods and Protocols**. Totowa, NJ: Humana Press, 2005, p. 293–304. (Methods in Molecular Medicine™). Disponível em: <<https://doi.org/10.1385/1-59259-916-8:293>>. Acesso em: 2 abr. 2021.

- LIU, WEIXIA; CHEN, JISHUANG. A double-stranded RNA as the genome of a potential virus infecting *Vicia faba*. **Virus Genes**, Norwell, v. 39, n. 1, p. 126–131, 2009.
- LIU, WENWEN; GRAY, STEWART; HUO, YAN; *et al.* Proteomic Analysis of Interaction between a Plant Virus and Its Vector Insect Reveals New Functions of Hemipteran Cuticular Protein*. **Molecular & Cellular Proteomics**, California, v. 14, n. 8, p. 2229–2242, 2015.
- LOBIN, K.; PAPPU, H. R.; BENIMADHU, S. P. Occurrence and Distribution of Iris yellow spot virus on Onion in Mauritius. **Plant Health Progress**, Minnesota, v. 13, n. 1, p. 36, 2012.
- LOT, HERVÉ; CHOVELON, VÉRONIQUE; SOUCHE, SYLVIE; *et al.* Effects of Onion Yellow Dwarf and Leek Yellow Stripe Viruses on Symptomatology and Yield Loss of Three French Garlic Cultivars. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 82, n. 12, p. 1381–1385, 1998.
- LUAN, HEXIANG; SHINE, M. B.; CUI, XIAOYAN; *et al.* The Potyviral P3 Protein Targets Eukaryotic Elongation Factor 1A to Promote the Unfolded Protein Response and Viral Pathogenesis. **Plant Physiology**, Stuttgart, v. 172, n. 1, p. 221–234, 2016.
- LUNELLO, P.; DUCASSE, D.A.; HELGUERA, M.; *et al.* AN ARGENTINEAN ISOLATE OF LEEK YELLOW STRIPE VIRUS FROM LEEK CAN BE TRANSMITTED TO GARLIC. **Journal of Plant Pathology**, Dordrecht, v. 84, n. 1, p. 11–17, 2002.
- LUO, CHENGWEI; TSEMENTZI, DESPINA; KYRPIDES, NIKOS; *et al.* Direct Comparisons of Illumina vs. Roche 454 Sequencing Technologies on the Same Microbial Community DNA Sample. **PLOS ONE**, California, v. 7, n. 2, p. e30087, 2012.
- MADROÑERO, JOHANA; RODRIGUES, SILAS P.; ANTUNES, TATHIANA F. S.; *et al.* Transcriptome analysis provides insights into the delayed sticky disease symptoms in *Carica papaya*. **Plant Cell Reports**, Berlin, v. 37, n. 7, p. 967–980, 2018.
- MAHAJAN, S.; DOLJA, V. V.; CARRINGTON, J. C. Roles of the sequence encoding tobacco etch virus capsid protein in genome amplification: requirements for the translation process and a cis-active element. **Journal of Virology**, Washington, v. 70, n. 7, p. 4370–4379, 1996.
- MAJUMDER, S.; ARYA, M.; PANT, R. P.; *et al.* Shallot virus X in Indian shallot, a new virus report for India. **Plant Pathology**, Oxford, v. 57, n. 2, p. 396–396, 2008.
- MAJUMDER, S.; JOHARI, S. FIRST REPORT OF ONION YELLOW DWARF VIRUS AND GARLIC COMMON LATENT VIRUS INFECTION IN GARLIC FROM NEPAL. **Journal of Plant Pathology**, Dordrecht, v. 1, n. 1, 2014.
- MAJUMDER, S.; YADAV, V.; YAKASAI, M. A.; *et al.* First report of Onion yellow dwarf virus in garlic from Nigeria. **Journal of Plant Pathology**, Dordrecht, v. 99, n. 1, p. 299, 2017.
- MÄKINEN, KRISTIINA. Plant susceptibility genes as a source for potyvirus resistance. **Annals of Applied Biology**, Warwick, v. 176, n. 2, p. 122–129, 2020.
- MALAPELLE, UMBERTO; VIGLIAR, ELENA; SGARIGLIA, ROBERTA; *et al.* Ion Torrent next-generation sequencing for routine identification of clinically relevant mutations in colorectal cancer patients. **Journal of Clinical Pathology**, Dordrecht, v. 68, n. 1, p. 64–68, 2015.
- MANGLLI, A.; ZICCA, S.; TIBERINI, A.; *et al.* Iris yellow spot virus on onion crops in Calabria, Southern Italy. **Journal of Plant Pathology**, Dordrecht, v. 94, n. 4, p. 98, 2012.
- MARAIS, ARMELLE; FAURE, CHANTAL; THEIL, SÉBASTIEN; *et al.* Characterization of the virome of shallots affected by the shallot mild yellow stripe disease in France. **PLOS ONE**, California, v. 14, n. 7, p. e0219024, 2019.
- MARINE, RACHEL L.; MAGAÑA, LAURA C.; CASTRO, CHRISTINA J.; *et al.* Comparison of Illumina MiSeq and the Ion Torrent PGM and S5 platforms for whole-genome sequencing of picornaviruses and caliciviruses. **bioRxiv**, Utah, p. 705632, 2019.
- MARTELLI, GIOVANNI P.; ADAMS, MICHAEL J.; KREUZE, JAN F.; *et al.* Family Flexiviridae: A Case Study in Virion and Genome Plasticity. **Annual Review of Phytopathology**, Palo Alto, v. 45, n. 1, p. 73–100, 2007.
- MARTELLI, GIOVANNI P.; ADAMS, MICHAEL J.; KREUZE, JAN F.; *et al.* Family Flexiviridae : A Case Study in Virion and Genome Plasticity. **Annual Review of Phytopathology**, Palo Alto, v. 45, n. 1, p. 73–100, 2007.

- MARTIN, ROBERT R.; ZHOU, JING; TZANETAKIS, IOANNIS E. Blueberry latent virus: An amalgam of the Partitiviridae and Totiviridae. **Virus Research**, Amsterdam, v. 155, n. 1, p. 175–180, 2011.
- MARUBAYASHI, JULIO MASSAHARU; YUKI, VALDIR ATSUSHI; WUTKE, ELAINE BAHIA. Transmission of the Cowpea mild mottle virus by whitefly Bemisia tabaci biotype B for plants of beans and soy. **Summa Phytopathologica**, Botucatu, v. 36, n. 2, p. 158–160, 2010.
- MASSART, SEBASTIEN; OLMOS, ANTONIO; JIJAKLI, HAISSAM; *et al.* Current impact and future directions of high throughput sequencing in plant virus diagnostics. **Virus Research**, Amsterdam, v. 188, p. 90–96, 2014.
- MAVRIC, IRENA; RAVNIKAR, MAJA. A carlavirus serologically closely related to Carnation latent virus in Slovenian garlic. **Acta agriculturae Slovenica**, Slovenia, v. 85, n. 2, p. 343–349, 2005.
- MELO FILHO, PÉRICLES DE ALBUQUERQUE; NAGATA, TATSUYA; DUSI, ANDRÉ NEPOMUCENO; *et al.* Detection of three Allexivirus species infecting garlic in Brazil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 39, n. 8, p. 735–740, 2004.
- MELO FILHO, PÉRICLES DE ALBUQUERQUE; NAGATA, TATSUYA; DUSI, ANDRÉ NEPOMUCENO; *et al.* Detection of three Allexivirus species infecting garlic in Brazil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 39, n. 8, p. 735–740, 2004.
- MELO, PAULO CÉSAR TAVARES. Produção de sementes de cebola em condições tropicais e subtropicais. p. 14, 2007.
- MENDES, ALESSANDRA MONTEIRO SALVIANO; SANTOS, CARLOS ANTÔNIO FERNANDES; GAVA, CARLOS ALBERTO TUÃO; *et al.* **Cultivo da cebola no Nordeste**. EMBRAPA. [s.l.]: Versão Eletrônica, 2007.
- MERITS, A.; GUO, D.; JÄRVEKÜLG, L.; *et al.* Biochemical and genetic evidence for interactions between potato A potyvirus-encoded proteins P1 and P3 and proteins of the putative replication complex. **Virology**, Oxford, v. 263, n. 1, p. 15–22, 1999.
- MERRIMAN, BARRY; TEAM, ION TORRENT R&D; ROTHBERG, JONATHAN M. Progress in Ion Torrent semiconductor chip based sequencing. **ELECTROPHORESIS**, Weinheim, v. 33, n. 23, p. 3397–3417, 2012.
- MIGUE, MARINA PACHECO; MENEZES, LILIANA BORGES DE; ARAÚJO, EUGÊNIO GONÇALVES. WESTERN BLOTTING: A TÉCNICA E APLICAÇÕES NA PESQUISA E ROTINA DIAGNÓSTICA EM MEDICINA VETERINÁRIA. **ENCICLOPÉDIA BIOSFERA**, Jandaiaa, v. 8, n. 15, p. 1704, 2012.
- MITUTI, TATIANA; MOURA, MÔNICA FECURY; MARUBAYASHI, JULIO MASSAHARU; *et al.* Survey of viruses belonging to different genera and species in noble garlic in Brazil. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 72, n. 3, p. 278–281, 2015.
- MITUTI, TATIANA [UNESP. Levantamento das principais viroses na cultura do alho (*Allium sativum* L.) e caracterização de carlavirus em algumas regiões produtoras do Brasil. **Aleph**, Manizales, p. x, 61 f. : il. color., gráfs., tabs., 2009.
- MLOTSHWA, SIZOLWENKOSI; VERVER, JAN; SITHOLE-NIANG, IDAH; *et al.* Subcellular Location of the Helper Component-Proteinase of Cowpea Aphid-Borne Mosaic Virus. **Virus Genes**, Norwell, v. 25, n. 2, p. 207–216, 2002.
- MOUND, L. A. THE THYSANOPTERA VECTOR SPECIES OF TOSPOVIRUSES. **Acta Horticulturae**, The Hague, n. 431, p. 298–309, 1996.
- NAGATA, T; INOUE-NAGATA, A K; SMID, H M; *et al.* Tissue tropism related to vector competence of Frankliniella occidentalis for tomato spotted wilt tospovirus. **Journal of General Virology**, London, v. 80, n. 2, p. 507–515, 1999.
- NAGYOVÁ, ALŽBETA; KAMENCAYOVÁ, MÁRIA; GLASA, MIROSLAV; *et al.* The 3'-proximal part of the Plum pox virus P1 gene determinates the symptom expression in two herbaceous host plants. **Virus Genes**, Norwell, v. 44, n. 3, p. 505–512, 2012.
- NARDINI, JOÃO PAULO CALORE. **PERÍODOS DE VERNALIZAÇÃO EM BULBILHOS SEMENTE LIVRE DE VÍRUS DE CULTIVARES NOBRE DE ALHO NO CERRADO BRASILEIRO**. MESTRADO, UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JÚLIO DE MESQUITA FILHO”, 2016.
- NELSON, MICHAEL C.; MORRISON, HILARY G.; BENJAMINO, JACQUELYNN; *et al.* Analysis, Optimization and Verification of Illumina-Generated 16S rRNA Gene Amplicon Surveys. **PLOS ONE**,

California, v. 9, n. 4, p. e94249, 2014.

NIBERT, MAX L.; GHABRIAL, SAID A.; MAISS, EDGAR; *et al.* Taxonomic reorganization of family Partitiviridae and other recent progress in partitivirus research. **Virus Research**, Amsterdam, v. 188, p. 128–141, 2014.

NIBERT, MAX L.; PYLE, JESSE D.; FIRTH, ANDREW E. A +1 ribosomal frameshifting motif prevalent among plant amalgaviruses. **Virology**, Oxford, v. 498, p. 201–208, 2016.

NIE, XIANZHOU; BAI, YANJU; MOLEN, TERESA A.; *et al.* Development of universal primers for detection of potato carlavirus by RT-PCR. **Journal of Virological Methods**, Amsterdam, v. 149, n. 2, p. 209–216, 2008.

NIGAM, D; LATOURRETTE, K; SOUZA, P. F. N; *et al.* Genome-Wide Variation in Potyviruses. **Frontiers in Plant Science**, San Diego, v. 10, p. 1–28, 2019.

NIGAM, DEEPTI; LATOURRETTE, KATHERINE; SOUZA, PEDRO F. N.; *et al.* Genome-Wide Variation in Potyviruses. **Frontiers in Plant Science**, San Diego, v. 10, 2019.

NISCHWITZ, C.; GITAITIS, R. D.; MULLIS, S. W.; *et al.* First Report of Iris yellow spot virus in Spiny Sowthistle (*Sonchus asper*) in the United States. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 91, n. 11, p. 1518–1518, 2007.

NURULITA, SARI; GEERING, ANDREW D. W.; CREW, KATHLEEN S.; *et al.* First report of garlic virus E in Australia. **Australasian Plant Disease Notes**, Glen Osmond, v. 15, n. 1, p. 32, 2020.

OLEAS, A.; ARAHANA, V. First Report of Leek yellow stripe virus, Shallot latent virus, and Onion yellow dwarf virus in Garlic From Ecuador. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 100, n. 1, p. 232–232, 2016.

OLIVEIRA, ATHOS SILVA; MELO, FERNANDO LUCAS; INOUE-NAGATA, ALICE KAZUKO; *et al.* Characterization of Bean Necrotic Mosaic Virus: A Member of a Novel Evolutionary Lineage within the Genus Tospovirus. **PLoS ONE**, California, v. 7, n. 6, p. e38634, 2012.

OLIVEIRA, MILENA L.; DE MARCHI, BRUNO R.; MITUTI, TATIANA; *et al.* Identification and sequence analysis of five allexiviruses species infecting garlic crops in Brazil. **Tropical Plant Pathology**, Brasília, v. 39, n. 6, p. 483–489, 2014.

ORNELAS-OCAMPO, KATYA; OCHOA-MARTÍNEZ, DANIEL LEOBARDO; ARANDA-OCAMPO, SERGIO; *et al.* Variabilidad y síntomas causados por Iris yellow spot virus en *Nicotiana benthamiana*. **Mexican Journal of Phytopathology**, Berlin, v. 35, n. 4, 2017.

OSAKI, TOSHIHISA; SUZUKI, HIROAKI; LE PIOUFLE, BRUNO; *et al.* Multichannel Simultaneous Measurements of Single-Molecule Translocation in α -Hemolysin Nanopore Array. **Analytical Chemistry**, Washington, v. 81, n. 24, p. 9866–9870, 2009.

PADMANABHAN, CHELLAPPAN; ZHENG, YI; LI, RUGANG; *et al.* Complete Genome Sequence of Southern tomato virus Identified in China Using Next-Generation Sequencing. **Genome Announcements**, Washington, v. 3, n. 5, 2015.

PADUCH-CICHAL, E.; BEREDA, M. VIRUSES INFECTING ORNAMENTAL ALLIUM SPECIES IN POLAND. **Journal of Plant Pathology**, Dordrecht, v. 99, n. 2, p. 509–512, 2017.

PAPPU, H. R.; HELLIER, B. C.; DUGAN, F. M. Wild Allium spp. as Natural Hosts of Iris yellow spot virus. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 90, n. 3, p. 378–378, 2006.

PAPPU, H. R.; RAUF, A. First Report of Iris yellow spot virus Infecting Green Onion in Indonesia. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 97, n. 12, p. 1665–1665, 2013.

PAPPU, H.R.; JONES, R.A.C.; JAIN, R.K. Global status of tospovirus epidemics in diverse cropping systems: Successes achieved and challenges ahead. **Virus Research**, Amsterdam, v. 141, n. 2, p. 219–236, 2009.

PARK, SANG-HO; LI, FANGFANG; RENAUD, JUSTIN; *et al.* NbEXPA1, an α -expansin, is plasmodesmata-specific and a novel host factor for potyviral infection. **The Plant Journal**, Oxford, v. 92, n. 5, p. 846–861, 2017.

PARRELLA, G.; GOGNALONS, P.; GEBRE-SELASSIÈ, K.; *et al.* AN UPDATE OF THE HOST RANGE OF TOMATO SPOTTED WILT VIRUS. **Journal of Plant Pathology**, Dordrecht, v. 85, n. 4, p. 227–264, 2003.

PAULA RODRIGUES. **Antissoro produzido pela Embrapa confirma ocorrência de vírus inédito em lavouras de cebola do Sul do País**. [s.l.: s.n.], 2018. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/busca-de-noticias/-/noticia/32215620/antissoro-produzido-pela-embrapa-confirma-ocorrencia-de-virus-inedito-em>>

lavouras-de-cebola-do-sul-do-pais>. Acesso em: 20 jan. 2021.

PAUZI, Y. S.; LESTARI, S. M.; HIDAYAT, S. H. Variations of Garlic Common Latent Virus and Shallot Latent Virus Concentration on Shallot and Garlic. **IOP Conference Series: Earth and Environmental Science**, Vietnam, v. 197, n. 1, p. 8, 2018.

PAVAN, M. A. **Viroses em alho nobre: identificação, estabelecimento de métodos eficientes para obtenção de plantas livres de vírus, seleção de clones assintomáticos em campo e avaliação comparativa do desempenho em condições controladas**. MESTRADO, Faculdade de Ciências Agrônômicas-Universidade Estadual Paulista "Julio Mesquita Filho", Botucatu., 1998.

PAWAN, KUMAR; POONAM, DHAWAN; RAKESH, MEHRA. Characterization, transmission and host range of onion yellow dwarf virus. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 26, p. 176, 2011.

PAYLAN, I. C.; ERGUN, M.; ERKAN, S. First Report of Artichoke yellow ringspot virus in Globe Artichoke in Turkey. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 97, n. 10, p. 1388–1388, 2013.

PEREIRA, BRUNA TIBIRICA. **Sequenciamento do baculovírus que infecta a broca-da-cana-de-açúcar *Diatraea saccharalis***. text, Universidade de Warwick, 2014. Disponível em: <<http://www.teses.usp.br/teses/disponiveis/87/87131/tde-16052014-082057/>>. Acesso em: 29 abr. 2021.

PEREIRA, R. B.; OLIVEIRA, V. R.; PINHEIRO, J. B. Diagnose e manejo de doenças fúngicas na cultura da cebola. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 40, n. 306, p. 18–29, 2014.

PEREIRA, RICARDO BORGES; PINHEIRO, JADIR BORGES. Manejo integrado de doenças em hortaliças. **Circular técnica-Embrapa Hortaliças**, p. 2–12, 2017.

PÉREZ-MORENO, L.; CÓRDOVA-ROSALES, Z.; BARBOZA-CORONA, E.; *et al.* First Report of Leek yellow stripe virus in Garlic in the State of Guanajuato, Mexico. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 90, n. 11, p. 1458–1458, 2006.

PÉREZ-MORENO, LUIS; CÓRDOVA-ROSALES, ZORAIDA VANESA; RICO-JARAMILLO, ESTEBAN; *et al.* Identification of phytopathogenic viruses of garlic (*Allium sativum* L.), in the state of Guanajuato, Mexico. **Revista mexicana de fitopatología**, Montecillo, v. 25, n. 1, p. 11–17, 2007.

PETTERSSON, ERIK; LUNDEBERG, JOAKIM; AHMADIAN, Afshin. Generations of sequencing technologies. **Genomics**, San Diego, v. 93, n. 2, p. 105–111, 2009.

PIRONE, THOMAS P.; BLANC, STÉPHANE. Helper-Dependent Vector Transmission of Plant Viruses. **Annual Review of Phytopathology**, Palo Alto, v. 34, n. 1, p. 227–247, 1996.

PLENK, A.; GRAUSGRUBER-GRÖGER, S. First report of Iris yellow spot virus in onions (*Allium cepa*) in Austria. **New Disease Reports**, London, v. 23, p. 13, 2011.

PRABHA, K.; BARANWAL, V. K.; JAIN, R. K. Applications of Next Generation High Throughput Sequencing Technologies in Characterization, Discovery and Molecular Interaction of Plant Viruses. **Indian Journal of Virology**, Washington, v. 24, n. 2, p. 157–165, 2013.

PURNELL, ROBERT F.; SCHMIDT, JACOB J. Discrimination of Single Base Substitutions in a DNA Strand Immobilized in a Biological Nanopore. **ACS Nano**, Washington, v. 3, n. 9, p. 2533–2538, 2009.

RAZA, KHALID. Formal Concept Analysis for Knowledge Discovery from Biological Data. **International Journal of Data Mining and Bioinformatics**, Meyrin, v. 18, n. 4, p. 281, 2017.

RESENDE, GERALDO M; COSTA, NIVALDO D. Dose econômica de nitrogênio na produtividade e armazenamento de cultivares de cebola. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 32, n. 3, p. 357–362, 2014.

REVERS, F; GARCÍA, J. A. Molecular Biology of Potyviruses. **Advances in Virus Research**, Amsterdam, v. 92, p. 101–199, 2015.

REVERS, FRÉDÉRIC; GARCÍA, JUAN ANTONIO. Chapter Three - Molecular Biology of Potyviruses. In: MARAMOROSCH, Karl; METTENLEITER, Thomas C. (Orgs.). **Advances in Virus Research**. [s.l.]: Academic Press, 2015, v. 92, p. 101–199. Disponível em: <<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S006535271400013X>>. Acesso em: 20 abr. 2021.

REVERS, FRÉDÉRIC; GARCÍA, Juan Antonio. Molecular biology of potyviruses. **Advances in Virus Research**, Amsterdam, v. 92, p. 101–199, 2015.

RHOADS, ANTHONY; AU, KIN FAI. PacBio Sequencing and Its Applications. **Genomics, Proteomics & Bioinformatics**, Chichester, v. 13, n. 5, p. 278–289, 2015. (SI: Metagenomics of Marine Environments).

- RIASCOS CHICA, MELISSA; GUTIÉRREZ SÁNCHEZ, PABLO ANDRÉS; MARÍN MONTOYA, MAURICIO ALEJANDRO; *et al.* IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE POTYVIRUS INFECTANDO CULTIVOS DE PAPA EN EL ORIENTE DE ANTIOQUIA (COLOMBIA). **Acta Biológica Colombiana**, Bogotá, v. 23, n. 1, p. 39–50, 2018.
- RIBEIRO, DANIELA; BORST, JAN WILLEM; GOLDBACH, ROB; *et al.* Tomato spotted wilt virus nucleocapsid protein interacts with both viral glycoproteins Gn and Gc in planta. **Virology**, Oxford, v. 383, n. 1, p. 121–130, 2009.
- RILEY, DAVID G.; JOSEPH, SHIMAT V.; SRINIVASAN, RAJAGOPALBABU; *et al.* Thrips Vectors of Tospoviruses. **Journal of Integrated Pest Management**, Annapolis, v. 2, n. 1, p. I1–I10, 2011.
- RILEY, DAVID G.; JOSEPH, SHIMAT V.; SRINIVASAN, RAJAGOPALBABU; *et al.* Thrips Vectors of Tospoviruses. **Journal of Integrated Pest Management**, Annapolis, v. 2, n. 1, p. I1–I10, 2011.
- RODAMILANS, BERNARDO; VALLI, ADRIAN; MINGOT, ARES; *et al.* RNA Polymerase Slippage as a Mechanism for the Production of Frameshift Gene Products in Plant Viruses of the Potyviridae Family. **Journal of Virology**, Washington, v. 89, n. 13, p. 6965–6967, 2015.
- RODRIGUES, GABRIEL BELFORT; NAKADA, PÂMELA G; DA SILVA, DERLY J.H; *et al.* Desempenho de cultivares de cebola nos sistemas orgânico e convencional em Minas Gerais. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 24, n. 2, p. 206–209, 2006.
- RODRIGUES, POR DRA LEILANE KARAM. Vira-cabeça na cultura do tomateiro - Promip Manejo Integrado. Disponível em: <<https://promip.agr.br/vira-cabeça-na-cultura-do-tomateiro/>>. Acesso em: 9 mar. 2021.
- RODRÍGUEZ-CEREZO, EMILIO; FINDLAY, KIM; SHAW, JOHN G.; *et al.* The Coat and Cylindrical Inclusion Proteins of a Potyvirus Are Associated with Connections between Plant Cells. **Virology**, Oxford, v. 236, n. 2, p. 296–306, 1997.
- ROMANOWSKI, VICTOR. **Current Issues in Molecular Virology: Viral Genetics and Biotechnological Applications**. [s.l.]: BoD – Books on Demand, 2013.
- RONAGHI, MOSTAFA. Pyrosequencing Sheds Light on DNA Sequencing. **Genome Research**, Cold Spring Harbor, v. 11, n. 1, p. 3–11, 2001.
- RONAGHI, MOSTAFA; KARAMOHAMED, SAMER; PETTERSSON, BERTIL; *et al.* Real-Time DNA Sequencing Using Detection of Pyrophosphate Release. **Analytical Biochemistry**, New York, v. 242, n. 1, p. 84–89, 1996.
- ROSE, H; DOERING, I; VETTEN, H. J; *et al.* Complete genome sequence and construction of an infectious full-length cDNA clone of celery latent virus - an unusual member of a putative new genus within the Potyviridae. **Journal of General Virology**, London, v. 100, p. 308–320, 2019.
- ROTENBERG, DORITH; JACOBSON, ALANA L; SCHNEWEIS, DEREK J; *et al.* Thrips transmission of tospoviruses. **Current Opinion in Virology**, Houston, v. 15, p. 80–89, 2015.
- ROTHBERG, JONATHAN M.; HINZ, WOLFGANG; REARICK, TODD M.; *et al.* An integrated semiconductor device enabling non-optical genome sequencing. **Nature**, Paris, v. 475, n. 7356, p. 348–352, 2011.
- RUIZ, L.; CASTAÑO, A.; BORJA, M.; *et al.* Pelargonium chlorotic ring pattern virus: first report in Spain. **Plant Pathology**, Oxford, v. 57, n. 2, p. 396–396, 2008.
- RUIZ-FERRER, VIRGINIA; BOSKOVIC, JASMINKA; ALFONSO, CARLOS; *et al.* Structural Analysis of Tobacco Etch Potyvirus HC-Pro Oligomers Involved in Aphid Transmission. **Journal of Virology**, Washington, v. 79, n. 6, p. 3758–3765, 2005.
- RUSK, Nicole. Torrents of sequence. **Nature Methods**, New York, v. 8, n. 1, p. 44–44, 2011.
- RYU, K.H.; LEE, B.Y. Carlavirus. In: **Encyclopedia of Virology**. [s.l.]: Elsevier, 2008, p. 448–452. Disponível em: <<https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/B9780123744104003642>>.
- SABIU, S.; MADENDE, MOSES; AYOKUN-NUN, AJAO; *et al.* The Genus Allium (Amaryllidaceae: Alloioideae): Features, Phytoconstituents, and Mechanisms of Antidiabetic Potential of Allium cepa and Allium sativum. In: [s.l.: s.n.], 2019, p. 137–154.
- SABANADZOVIC, S.; ABOU GHANEM-SABANADZOVIC, N.; VALVERDE, R. A. A novel monopartite dsRNA virus from rhododendron. **Archives of Virology**, New York, v. 155, n. 11, p. 1859–1863, 2010.

- SABANADZOVIC, S.; ABOU GHANEM-SABANADZOVIC, N.; VALVERDE, R. A. A novel monopartite dsRNA virus from rhododendron. **Archives of Virology**, New York, v. 155, n. 11, p. 1859–1863, 2010.
- SABANADZOVIC, SEAD; VALVERDE, RODRIGO A.; BROWN, JUDITH K.; *et al.* Southern tomato virus: The link between the families Totiviridae and Partitiviridae. **Virus Research**, Amsterdam, v. 140, n. 1–2, p. 130–137, 2009.
- SABHARWAL, PALLAVI; SAVITHRI, HANDANAHAL S. Functional Characterization of Pepper Vein Banding Virus-Encoded Proteins and Their Interactions: Implications in Potyvirus Infection. **Viruses**, Warwick, v. 12, n. 9, p. 1037, 2020.
- SABHARWAL, PALLAVI; SRINIVAS, SISTLA; SAVITHRI, HANDANAHAL S. Mapping the domain of interaction of PVBV VPg with NIa-Pro: Role of N-terminal disordered region of VPg in the modulation of structure and function. **Virology**, Oxford, v. 524, p. 18–31, 2018.
- SALVADOR, CARLOS A. DERAL - Departamento de Economia Rural DERAL - Departamento de Economia Rural. In: **Departamento de Economia Rural – DERAL**. [s.l.: s.n.], 2021, p. 4–5. Disponível em: <http://www.agricultura.pr.gov.br/sites/default/arquivos_restritos/files/documento/2021-01/Olericultura_2021.pdf>.
- SANGER, F.; NICKLEN, S.; COULSON, A. R. DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, Allahabad, v. 74, n. 12, p. 5463–5467, 1977.
- SANTOS, CARLOS ANTONIO FERNANDES; OLIVEIRA, VALTER RODRIGUES; LEITE, DANIELA LOPES. Melhoramento Genético de Cebola no Brasil: Avanços e Desafios Carlos. **Embrapa Semiárido**, v. 1, p. 5–20, 2013.
- SANTOS, CARLOS ANTONIO FERNANDES; OLIVEIRA, VALTER RODRIGUES; RODRIGUES, MARCIENE AMORIM; *et al.* Caracterização molecular de cultivares de cebola com marcadores microssatélites. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 45, n. 1, p. 49–55, 2010.
- SANTOSA, ADYATMA; ERTUNÇ, FILİZ. Ankara’da soğan (*Allium cepa* L.) ve pırasayı (*Allium ampeloprasum* L.) enfekte eden Pırasa sarı çizgi virüsü’nün (Leek yellow stripe potyvirus) serolojik ve moleküler olarak tanımlanması. **Bitki Koruma Bülteni**, Ankara, v. 60, n. 1, p. 49–56, 2020.
- SATOU, KAZUHITO; SHIROMA, AKINO; TERUYA, KUNIKO; *et al.* Complete Genome Sequences of Eight *Helicobacter pylori* Strains with Different Virulence Factor Genotypes and Methylation Profiles, Isolated from Patients with Diverse Gastrointestinal Diseases on Okinawa Island, Japan, Determined Using PacBio Single-Molecule Real-Time Technology. **Genome Announcements**, Washington, v. 2, n. 2, 2014.
- SCHAAD, MARY C.; JENSEN, PATRICIA E.; CARRINGTON, JAMES C. Formation of plant RNA virus replication complexes on membranes: role of an endoplasmic reticulum-targeted viral protein. **The EMBO Journal**, Longwood, v. 16, n. 13, p. 4049–4059, 1997.
- SCHWARTZ, HOWARD; BROWN, W.; BLUNT, TAMLA; *et al.* Iris yellow spot virus on Onion in Colorado. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 86, p. 560–560, 2002.
- SELZER, P. M.; MARHÖFER, R. J.; ROHWER, A. **Applied bioinformatics: an introduction**. Berlin: Springer, 2008.
- SHAHRAEEN, N.; LESEMANN, D. E.; GHOTBI, T. Survey for viruses infecting onion, garlic and leek crops in Iran. **EPPO Bulletin**, France, v. 38, n. 1, p. 131–135, 2008.
- SHAKIR, SARA; ZAIDI, SYED SHAN-E-ALI; ATIQU-UR-REHMAN; *et al.* Non-cultivated Cotton Species (*Gossypium* spp.) Act as a Reservoir for Cotton Leaf Curl Begomoviruses and Associated Satellites. **Plants**, Sydney, v. 8, n. 5, p. 127, 2019.
- SHEN, WENTAO; SHI, YAN; DAI, ZHAOJI; *et al.* The RNA-Dependent RNA Polymerase NIb of Potyviruses Plays Multifunctional, Contrasting Roles during Viral Infection. **Viruses**, Warwick, v. 12, n. 1, p. 77, 2020.
- SHEN, WENTAO; YAN, PU; GAO, LE; *et al.* Helper component-proteinase (HC-Pro) protein of Papaya ringspot virus interacts with papaya calreticulin. **Molecular Plant Pathology**, Oxford, v. 11, n. 3, p. 335–346, 2010.
- SIDHARTHAN, V. KAVI; SEVANTHI, AMITHA MITHRA; JAISWAL, SARIKA; *et al.* Robust Virome Profiling and Whole Genome Reconstruction of Viruses and Viroids Enabled by Use of Available mRNA and sRNA-Seq Datasets in Grapevine (*Vitis vinifera* L.). **Frontiers in Microbiology**, Pullman, v. 11, 2020.
- SILVA, RENAN MIGUEL MEDEIROS. **MANEJO BIOLÓGICO DE TRIPES EM CEBOLA NO**

CERRADO DE GOIÁS. Trabalho de Curso apresentado, INSTITUTO FEDERAL DE EDUCAÇÃO CIÊNCIA E TECNOLOGIA GOIANO CAMPUS URUTAÍ, 2019.

SIN, S.-H.; MCNULTY, BRIAN C.; KENNEDY, GEORGE G.; *et al.* Viral genetic determinants for thrips transmission of Tomato spotted wilt virus. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, Allahabad, v. 102, n. 14, p. 5168–5173, 2005.

SMITH, LLOYD M.; SANDERS, JANE Z.; KAISER, ROBERT J.; *et al.* Fluorescence detection in automated DNA sequence analysis. **Nature**, Paris, v. 321, n. 6071, p. 674–679, 1986.

SMITH, M. R. Evolution: Velvet Worm Biogeography. **Current Biology**, London, v. 26, p. R882–R884, 2016.

SOREL, M.; GARCIA, J. A.; GERMAN-RETANA, S. The Potyviridae Cylindrical Inclusion Helicase: A Key Multipartner and Multifunctional Protein. **Molecular Plant-Microbe Interactions®**, Saint Paul, v. 27, n. 3, p. 215–226, 2014.

SRINIVASAN, R.; ABNEY, M. R.; CULBREATH, A. K.; *et al.* Three decades of managing Tomato spotted wilt virus in peanut in southeastern United States. **Virus Research**, Amsterdam, v. 241, p. 203–212, 2017. (Plant Virus Epidemiology).

SRINIVASAN, RAJAGOPALBABU; SUNDARAJ, SIVAMANI; PAPPU, HANU R.; *et al.* Transmission of Iris Yellow Spot Virus by *Frankliniella fusca* and *Thrips tabaci* (Thysanoptera: Thripidae). **Journal of Economic Entomology**, Lanham, v. 105, n. 1, p. 40–47, 2012.

STODDART, DAVID; HERON, ANDREW J.; MIKHAILOVA, ELLINA; *et al.* Single-nucleotide discrimination in immobilized DNA oligonucleotides with a biological nanopore. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, Allahabad, v. 106, n. 19, p. 7702–7707, 2009.

SUN, FENG; FANG, PENG; LI, JUAN; *et al.* RNA-seq-based digital gene expression analysis reveals modification of host defense responses by rice stripe virus during disease symptom development in *Arabidopsis*. **Virology Journal**, Singapore, v. 13, n. 1, p. 202, 2016.

TABASSUM, A.; REITZ, S.; ROGERS, P.; *et al.* First Report of Iris yellow spot virus Infecting Green Onion (*Allium fistulosum*) in the United States. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 100, n. 12, p. 2539–2539, 2016.

TAGLIENTI, A.; TAVIANI, P.; PAOLETTI, S.; *et al.* First report of Shallot virus X infecting shallot in Italy. **New Disease Reports**, London, v. 32, n. 28, 2015.

TAGLIENTI, A.; TIBERINI, A.; MANGILLI, A.; *et al.* Molecular identification of allxiviruses in a complex mixture of garlic viruses in Latium (central Italy). **European Journal of Plant Pathology**, Wageningen, v. 150, n. 3, p. 797–801, 2018.

TAKAICHI, MIYUKI; NAGAKUBO, TAKAYUKI; OEDA, KENJI. Mixed Virus Infections of Garlic Determined by a Multivalent Polyclonal Antiserum and Virus Effects on Disease Symptoms. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 85, n. 1, p. 71–75, 2001.

TAKAICHI, MIYUKI; YAMAMOTO, MIKA; NAGAKUBO, TAKAYUKI; *et al.* Four Garlic Viruses Identified by Reverse Transcription-Polymerase Chain Reaction and Their Regional Distribution in Northern Japan. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 82, n. 6, p. 694–698, 1998.

TAKAKI, F.; SANO, T.; YAMASHITA, K. The complete nucleotide sequence of attenuated onion yellow dwarf virus: a natural potyvirus deletion mutant lacking the N-terminal 92 amino acids of HC-Pro. **Archives of Virology**, New York, v. 151, n. 7, p. 1439–1445, 2006.

TAKEDA, ATSUSHI; SUGIYAMA, KAZUHIKO; NAGANO, HIDEAKI; *et al.* Identification of a novel RNA silencing suppressor, NSs protein of Tomato spotted wilt virus. **FEBS Letters**, Amsterdam, v. 532, n. 1, p. 75–79, 2002.

TAVERT-ROUDET, GENEVIÈVE; ANNE, AGNÈS; BARRA, AMANDINE; *et al.* The Potyvirus Particle Recruits the Plant Translation Initiation Factor eIF4E by Means of the VPg covalently Linked to the Viral RNA. **Molecular Plant-Microbe Interactions®**, Saint Paul, v. 30, n. 9, p. 754–762, 2017.

TESTEN, A. L.; MAMIRO, D. P.; MEULIA, T.; *et al.* First Report of Leek yellow stripe virus in Garlic in Ohio. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 98, n. 4, p. 574–574, 2014.

THORNBURY, DAVID W.; HELLMANN, GARY M.; RHOADS, ROBERT E.; *et al.* Purification and characterization of potyvirus helper component. **Virology**, Oxford, v. 144, n. 1, p. 260–267, 1985.

TORRICO, A. K.; CAFRUNE, E. E.; CONCI, V. C. First Report of Shallot latent virus in Garlic in Argentina.

Plant Disease, Saint Paul, v. 94, n. 7, p. 915–915, 2010.

TRKULJA, V.; SALAPURA, J. Mihić; KOVAČIĆ, D.; *et al.* First Report of Iris yellow spot virus Infecting Onion in Bosnia and Herzegovina. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 97, n. 3, p. 430–430, 2013.

TSUNEYOSHI, T.; MATSUM, T.; DENG, T. C.; *et al.* Differentiation of Allium carlaviruses isolated from different parts of the world based on the viral coat protein sequence. **Archives Virology**, Austria, v. 143, p. 1093–1107, 1998.

TSUNEYOSHI, T.; SUMI, S. Onion yellow dwarf virus gene for polyprotein (truncated RNA polymerase and coat protein), partial cds. 2016. Disponível em: <<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/D73378.1>>. Acesso em: 13 mar. 2021.

TURINA, MASSIMO; KORMELINK, RICHARD; RESENDE, RENATO O. Resistance to Tospoviruses in Vegetable Crops: Epidemiological and Molecular Aspects. **Annual Review of Phytopathology**, Palo Alto, v. 54, n. 1, p. 347–371, 2016.

UNTIVEROS, MILTON; OLSPERT, ALLAN; ARTOLA, KATRIN; *et al.* A novel sweet potato potyvirus open reading frame (ORF) is expressed via polymerase slippage and suppresses RNA silencing. **Molecular Plant Pathology**, Oxford, v. 17, n. 7, p. 1111–1123, 2016.

URCUQUI-INCHIMA, SILVIO; HAENNI, ANNE-LISE; BERNARDI, FRANÇOISE. Potyvirus proteins: a wealth of functions. **Virus Research**, Amsterdam, v. 74, n. 1–2, p. 157–175, 2001.

VALLI, ADRIÁN A.; GALLO, ARAIZ; RODAMILANS, BERNARDO; *et al.* The HCPro from the Potyviridae family: an enviable multitasking Helper Component that every virus would like to have. **Molecular Plant Pathology**, Oxford, v. 19, n. 3, p. 744–763, 2018.

VAN DIJK, ERWIN L.; AUGER, HÉLÈNE; JASZCZYSZYN, YAN; *et al.* Ten years of next-generation sequencing technology. **Trends in Genetics**, London, v. 30, n. 9, p. 418–426, 2014.

VAN DIJK, P. Carlavirus isolates from cultivated Allium species represent three viruses. **Netherlands Journal of Plant Pathology**, Wageningen, v. 99, n. 5, p. 233–257, 1993.

VAN DIJK, P. Survey and characterization of potyviruses and their strains of Allium species. **Netherlands Journal of Plant Pathology**, Wageningen, v. 99, n. 2, p. 1–48, 1993.

VAN KNIPPENBERG, INGEBORG; CARLTON-SMITH, CHARLIE; ELLIOTT, RICHARD M. The N-terminus of Bunyamwera orthobunyavirus NSs protein is essential for interferon antagonism. **The Journal of General Virology**, London, v. 91, n. Pt 8, p. 2002–2006, 2010.

VAN KNIPPENBERG, INGEBORG; GOLDBACH, ROB; KORMELINK, RICHARD. In vitro transcription of Tomato spotted wilt virus is independent of translation. **Journal of General Virology**, London, v. 85, n. 5, p. 1335–1338, 2004.

VAN KNIPPENBERG, INGEBORG; GOLDBACH, ROB; KORMELINK, RICHARD. Purified Tomato spotted wilt virus Particles Support Both Genome Replication and Transcription in Vitro. **Virology**, Oxford, v. 303, n. 2, p. 278–286, 2002.

VAN KNIPPENBERG, INGEBORG; GOLDBACH, ROB; KORMELINK, RICHARD. Tomato spotted wilt virus S-segment mRNAs have overlapping 3'-ends containing a predicted stem-loop structure and conserved sequence motif. **Virus Research**, Amsterdam, v. 110, n. 1–2, p. 125–131, 2005.

VAN KNIPPENBERG, INGEBORG; LAMINE, MONIQUE; GOLDBACH, ROB; *et al.* Tomato spotted wilt virus transcriptase in vitro displays a preference for cap donors with multiple base complementarity to the viral template. **Virology**, Oxford, v. 335, n. 1, p. 122–130, 2005.

VERBEEK, M; DULLEMANS, A. M; ESPINO, A; *et al.* FIRST REPORT OF SOUTHERN TOMATO VIRUS IN TOMATO IN THE CANARY ISLANDS, SPAIN. **Journal of Plant Pathology**, Dordrecht, v. 97, n. 2, p. 1–2, 1015.

VERBEEK, Martin; VAN DIJK, Paul; VAN WELL, Peter M. A. Efficiency of eradication of four viruses from garlic (*Allium sativum*) by meristem-tip culture. **European Journal of Plant Pathology**, Wageningen, v. 101, n. 3, p. 231–239, 1995.

VERCHOT, J.; CARRINGTON, J. C. Evidence that the potyvirus P1 proteinase functions in trans as an accessory factor for genome amplification. **Journal of Virology**, Washington, v. 69, n. 6, p. 3668–3674, 1995.

VERCHOT-LUBICZ, JEANMARIE; TORRANCE, LESLEY; SOLOVYEV, ANDREY G.; *et al.* Varied

- movement strategies employed by triple gene block-encoding viruses. **Molecular plant-microbe interactions**, Saint Paul, v. 23, n. 10, p. 1231–1247, 2010.
- VIEIRA, LUCIANO; FRANCISCO, MONITOR. **Meteorologia e Climatologia Agrícola**. Notas de aula, Universidade Estadual de Maringá ENGENHARIA AGRÍCOLA Campus do Arenito – Cidade Gaúcha, 2009.
- VIJAYAPALANI, PARAMASIVAN; MAESHIMA, MASAYOSHI; NAGASAKI-TAKEKUCHI, NAHOKO; *et al.* Interaction of the Trans-Frame Potyvirus Protein P3N-PIPO with Host Protein PCaP1 Facilitates Potyvirus Movement. **PLOS Pathogens**, Califórnia, v. 8, n. 4, p. e1002639, 2012.
- VILAS BOAS, RENATO C; PEREIRA, GERALDO M; DE SOUZA, ROVILSON J.; *et al.* Desempenho de cultivares de cebola em função do manejo da irrigação por gotejamento. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, Campina Grande, v. 15, n. 2, p. 117–124, 2011.
- VINCENT, ANTONY T.; DEROME, NICOLAS; BOYLE, BRIAN; *et al.* Next-generation sequencing (NGS) in the microbiological world: How to make the most of your money. **Journal of Microbiological Methods**, Amsterdam, v. 138, p. 60–71, 2017. (What's next in microbiology methods? Emerging methods).
- VONČINA, D.; ĆURIĆ, K.; FABEK, S.; *et al.* First Report of Onion yellow dwarf virus, Leek yellow stripe virus, and Garlic common latent virus on Garlic in Croatia. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 100, n. 3, p. 656, 2016.
- WALKEY, D. G. A.; WEBB, M. J. W.; BOLLAND, C. J.; *et al.* Production of virus-free garlic (*Allium sativum* L.) and shallot (*A. ascalonicum* L.) by meristem-tip culture. **Journal of Horticultural Science**, Ashford, v. 62, n. 2, p. 211–220, 1987.
- WALTER, JOCELYNE; BARRA, AMANDINE; DOUBLET, BÉNÉDICTE; *et al.* Hydrodynamic Behavior of the Intrinsically Disordered Potyvirus Protein VPg, of the Translation Initiation Factor eIF4E and of their Binary Complex. **International Journal of Molecular Sciences**, Basel, v. 20, n. 7, p. 1794, 2019.
- WANG, LIPING; TAN, HUANG; WU, MENGSHI; *et al.* Dynamic Virus-Dependent Subnuclear Localization of the Capsid Protein from a Geminivirus. **Frontiers in Plant Science**, San Diego, v. 8, 2017.
- WANG, Y. Z.; SU, Y.; LI, X. Y.; *et al.* First Report of Shallot Virus X and Shallot Latent Virus on Shallot (*Allium cepa* var. *aggregatum*) in China. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 103, n. 11, p. 2972–2972, 2019.
- WEI, TAIYUN; WANG, AIMING. Biogenesis of Cytoplasmic Membranous Vesicles for Plant Potyvirus Replication Occurs at Endoplasmic Reticulum Exit Sites in a COPI- and COPII-Dependent Manner. **Journal of Virology**, Washington, v. 82, n. 24, p. 12252–12264, 2008.
- WEI, TAIYUN; ZHANG, CHANGWEI; HONG, JIAN; *et al.* Formation of Complexes at Plasmodesmata for Potyvirus Intercellular Movement Is Mediated by the Viral Protein P3N-PIPO. **PLOS Pathogens**, Califórnia, v. 6, n. 6, p. e1000962, 2010.
- WEILNER, SANDRA; BEDLAN, GERHARD. Detection of Iris yellow spot virus (IYSV) in selected *Allium* species and overwintering hosts in Austrian onion-producing areas. **Journal of Cultivated Plants**, Quedlinburg, p. 60-67 Pages, 2013.
- WHEELER, DAVID L.; CHURCH, DEANNA M.; LASH, ALEX E.; *et al.* Database resources of the National Center for Biotechnology Information: 2002 update. **Nucleic Acids Research**, Oxford, v. 30, n. 1, p. 13–16, 2002.
- WHITFIELD, ANNA E.; FALK, BRYCE W.; ROTENBERG, DORITH. Insect vector-mediated transmission of plant viruses. **Virology**, Oxford, v. 479–480, p. 278–289, 2015.
- WICKER, THOMAS; TAUDIEN, STEFAN; HOUBEN, ANDREAS; *et al.* A whole-genome snapshot of 454 sequences exposes the composition of the barley genome and provides evidence for parallel evolution of genome size in wheat and barley. **The Plant Journal**, Oxford, v. 59, n. 5, p. 712–722, 2009.
- WIJAYASEKARA, DULANJANI; FERGUSON, CONNER; ALI, AKHTAR. First Report of Garlic virus C, Occurring on Garlic Plants (*Allium sativum*) with Various Mosaic-Like Symptoms, in the United States. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 103, n. 12, p. 3292, 2019.
- WU, CHAO; LI, XINYUE; GUO, SONG; *et al.* Analyses of RNA-Seq and sRNA-Seq data reveal a complex network of anti-viral defense in TCV-infected *Arabidopsis thaliana*. **Scientific Reports**, Sapporo, v. 6, n. 1, p. 36007, 2016.
- WYLIE, STEPHEN J; ADAMS, MIKE; CHALAM, CELIA; *et al.* ICTV Virus Taxonomy Profile: Potyviridae. **The Journal of General Virology**, London, v. 98, n. 3, p. 352–354, 2017.

- YANG, KE; SHEN, WENTAO; LI, YE; *et al.* Areca Palm Necrotic Ringspot Virus, Classified Within a Recently Proposed Genus Arepavirus of the Family Potyviridae, Is Associated With Necrotic Ringspot Disease in Areca Palm. **Phytopathology**®, Saint Paul, v. 109, n. 5, p. 887–894, 2018.
- YOSHIDA, NAOTO; SHIMURA, HANAKO; YAMASHITA, KAZUO; *et al.* Variability in the P1 gene helps to refine phylogenetic relationships among leek yellow stripe virus isolates from garlic. **Archives of Virology**, New York, v. 157, n. 1, p. 147–153, 2012.
- YU, CUI; YANG, CUIYUN; SONG, SHAOYI; *et al.* Development of a sensitive Luminex xMAP-based microsphere immunoassay for specific detection of Iris yellow spot virus. **Virology Journal**, Singapore, v. 15, n. 1, p. 62, 2018.
- YURI, JONY EISHI; DE RESENDE, GERALDO MILANEZ; COSTA, NIVALDO DUARTE. Produtividade De Cultivares De Cebola Em Diferentes Populações De Plantas Em Semeadura Direta. **Revista Brasileira de Agricultura Irrigada**, Fortaleza, v. 12, n. 3, p. 2716–2724, 2018.
- ZEN, S.; OKUDA, M.; EBIHARA, K.; *et al.* Genetic characterization of Iris yellow spot virus on onion (*Allium cepa*) and pathogenicity of two IYSV strains on onion and leaf onion (*A. schoenoprasum*). **Japanese Journal of Phytopathology**, Tsushima, v. 71, n. 2, p. 123–126, 2005.
- ZHANG, HAI; CHENG, GUANGYUAN; YANG, ZONGTAO; *et al.* Identification of Sugarcane Host Factors Interacting with the 6K2 Protein of the Sugarcane Mosaic Virus. **International Journal of Molecular Sciences**, Basel, v. 20, n. 16, p. 3867, 2019.
- ZHANG, XIAOJING; DAVENPORT, KAREN W.; GU, WEI; *et al.* Improving genome assemblies by sequencing PCR products with PacBio. **BioTechniques**, Natick, v. 53, n. 1, p. 61–62, 2012.
- ZHENG, HONGYING; YAN, FEI; LU, YUWEN; *et al.* Mapping the self-interacting domains of TuMV HC-Pro and the subcellular localization of the protein. **Virus Genes**, Norwell, v. 42, n. 1, p. 110–116, 2011.
- ZHENG, YI; GAO, SHAN; PADMANABHAN, CHELLAPPAN; *et al.* VirusDetect: An automated pipeline for efficient virus discovery using deep sequencing of small RNAs. **Virology**, Oxford, v. 500, p. 130–138, 2017.
- ZHOU, J.; KANTARTZI, S. K.; WEN, R.-H.; *et al.* Molecular characterization of a new tospovirus infecting soybean. **Virus Genes**, Norwell, v. 43, n. 2, p. 289–295, 2011.
- ZHU, YUN J.; LIM, STEVEN T. S.; SCHENCK, SUSAN; *et al.* RT-PCR and quantitative real-time RT-PCR detection of Sugarcane Yellow Leaf Virus (SCYLV) in symptomatic and asymptomatic plants of Hawaiian sugarcane cultivars and the correlation of SCYLV titre to yield. **European Journal of Plant Pathology**, Wageningen, v. 127, n. 2, p. 263–273, 2010.

CAPÍTULO II

Transcriptomic analyses reveal highly conserved plant amalgavirus genomes in different species of Allium

Transcriptomic analyses reveal highly conserved plant amalavirus genomes in different species of *Allium*

J. A. C. M. DOS SANTOS¹, A. M. F. SILVA², J. C. P. MESQUITA³, *R. BLAWID¹

¹ Department of Agronomy, Rural Federal University of Pernambuco, 52171-900, Recife, Brazil

² Federal University of Alagoas, Alagoas, Brazil

³ Instituto Agronômico de Pernambuco (IPA), Recife, Brazil

Summary[1]

This work aims to study amalavirus diversity in different species of allium collected around the world. Transcriptomic data of 19 SRA runs available at GenBank, as well as RNA-seq data generated from onion tissue from fields in Brazil were used to assemble nine allium cepa amalavirus 1 (AcAV-1) and nine allium cepa amalavirus 2 (AcAV-2) genomes from different species of allium worldwide. SDT analyses of RdRp amino acid sequences revealed identities above 99% within each species, except for an isolate of AcAV-1 from *Allium escalonicum* from China. In addition, a new partitivirus genome was assembled from *A. cepa* samples from Brazil that was closely related to arhar cryptic virus-1. According to the species demarcation in the *Partitiviridae* family the new virus was classified into the genus *Deltapartitivirus* with suggested name *deltapartitivirus alliumaceae* according to the new binomial rules recommended by ICTV. This is the first report of occurrence of a cryptic virus in the genus *Allium*. This work contributes to the understanding of the genetic diversity of amalaviruses and partitiviruses that infect the genus *Allium*.

*corresponding author: E-mail: rosana.blawid@ufrpe.br; phone: +51-81-3020-6213

Abbreviations: AcAV-1 = allium cepa amalgavirus 1; AcAV-2 = allium cepa amalgavirus 2; CA = California; G = gamma; GTR = General Time-Reversible; HTS = High-Throughput Sequencing; I = invariant; ICTV = International Committee on Taxonomy of Viruses; kbp = kilobases; MCMC = Markov chain Monte Carlo; ngen = number of generations; NCBI = National Center for Biotechnology Information; ORF(s) = Open Reading Frame(s); PRF = Programmed Ribosomal Frameshifting; PSRF = Potential Scale Reduction Factor; RdRp = RNA dependent RNA polymerase; RNA-seq = RNA sequencing; SDT = Sequence Demarcation Tool; SRA = Sequence Read Archive; TSA = Transcriptome Shotgun Assembly.

Keywords: Amalgaviruses; Allium transcriptomic datasets, *Allium* sp., Partitiviruses

Introduction

The genus *Allium* belongs to the *Amaryllidaceae* botanical family and is one of the largest plant genera in the world with more than 900 species (*The Plant List*, march, 2021). Several species of allium are cultivated worldwide due to their therapeutic properties, aroma and flavor and are used as a spice in many cuisines. Central and northwest of China are considered as the center of origin of different species of allium and Asia accounts for more than half of the world production with over 43 million tons (FAO, 2019). In Brazil, among the species of importance, *Allium cepa* L. is considered the third crop in economic terms, second only to tomatoes and potatoes (Nunes *et al.*, 2014).

In the last few years, several studies have used RNA-seq data to discover and assemble complete plant viral genomes (Goh *et al.*, 2018; Kim *et al.*, 2018; Lee *et al.*, 2019; Park *et al.*, 2018). Transcriptome or metatranscriptome data often contain sequence reads derived from viral genomic RNAs. In this study, we analyzed data from RNA-seq from four different species of allium available at the GenBank, as well as a sequenced sample of our work of *Allium cepa* to understand the diversity of amalgavirus genomes. In 2013, the ICTV recognized the family *Amalgaviridae*, whose name comes from amalgam, which means mixture, since amalgaviruses have characteristics of species belonging to both genera *Partitivirus* and *Totivirus*, indicating a probable genetic relationship with these two families (Liu and Chen, 2009; Martin *et al.*, 2011; Sabanadzovic *et al.*, 2009). However, phylogenetic analyses have shown that the RdRp sequences of amalgaviruses are more closely related to partitiviruses than totiviruses and the coat proteins are homologous to the nucleocapsid proteins of negative-stranded RNA viruses of the genera *Phlebovirus* and *Tenuivirus* (*Phenuiviridae*) (Krupovic *et al.*, 2015; Martin *et al.*, 2011; Sabanadzovic *et al.*, 2009).

Currently, the *Amalgaviridae* family consists of two genera: the genus *Amalgavirus*, which currently contains nine species (*Allium cepa amalgavirus* 1, *Allium cepa amalgavirus*

2, *Blueberry latent virus*, *Rhododendron virus A*, *Southern tomato virus*, *Spinach amalgavirus*
 1, *Vicia cryptic virus M*, *Zoostera marina amalgavirus 1*, *Zoostera marina amalgavirus 2*),
 found in plants, and the second genus *Zybvirus* that infects fungi and consists of only one
 species, the *Zygosaccharomyces bailii virus Z* (Adams *et al.*, 2014). Their genomes are
 monopartite consisting of double-stranded RNA of about 3.5 kilobases (kb) in length
 (Sabanadzovic *et al.*, 2010; Sabanadzovic *et al.*, 2009). Two partially overlapping open
 reading frames (ORFs) are predicted to be expressed from the genome: a 5'-proximal ORF
 (ORF1) that encodes a putative nucleoprotein that forms the replication factory matrix like
 protein and a second ORF (ORF2) encoding the RNA-dependent RNA polymerase (RdRp).
 The RdRp-containing protein is expressed as an ORF1+ORF2 fusion and is produced by a +1
 ribosomal frame displacement mechanism (PRF) (Depierreux *et al.*, 2016; Sabanadzovic *et*
al., 2009).

Interestingly, amalgaviruses have shown beneficial effects in their host. Recently,
 Fukuhara *et al.* (2020) showed that southern tomato virus (STV) interacts with tomato plants
 in a mutualistic mode. Infected tomato plants were taller and produced more fruits. Authors
 showed from transcriptomic analysis that STV infection affected the expression of plant genes
 involved in ethylene biosynthesis, and that selection of superior traits may be involved with
 virus infection.

This work aims to use transcriptomic data available at the GenBank as well as RNA-seq
 data generated for this work to assemble amalgavirus and partitivirus genomes of different
 species of allium collected worldwide. The study of plant virus genetic diversity is important
 to understand epidemiological and evolutionary processes and provides relevant information
 on virus movement and gene flow.

Materials and Methods

Sample collection and Transcriptomic datasets. Symptomatic onion leaf materials (*Allium cepa* L.) were collected from producing fields in the city of Petrolândia, Pernambuco, Brazil. Leaves were immediately dried at 4^o C and stored in silica to avoid degradation of the genetic material. Total RNA was extracted using the Quick-RNA™ Plant Miniprep Kit (Zymo Research, CA, USA) according to the manufacturer's instructions and sent for HTS sequencing by Macrogen (Seoul, South Korea). In addition, Sequence Read Archive (SRA) and contigs datasets were downloaded from the National Center for Biotechnology Information (NCBI) and employed to assemble the amalgavirus genomes (**Supplementary Table S1**). The SRAs datasets SRR3144579, SRR3144593, SRR3144570, SRR9077155, SRR1293377, SRR1051882, SRR1056448, SRR1312067, and SRR1312066 were used to assemble nine genomes of allium cepa amalgavirus 1 (AcAV-1) and SRR3144570, SRR3144579, SRR9077160, SRR9077155, SRR9077156, SRR1312067, SRR2814815, SRR2814816, SRR2814817, SRR2814818, SRR2814819, SRR2814820, SRR2814821, SRR2814822, and SRR1312066 to assemble nine genomes of allium cepa amalgavirus 2 (AcAV-2), respectively. The AcAMV-2 and the allium cepa partitivirus genomes assembled from the Macrogen HTS sequencing of collected samples of *A. cepa* from Brazil received the following accession numbers MZ063690 and MZ063691, MZ063692, MZ090841 (**Table 1**).

HTS Bioinformatic Pipeline. The bioinformatic pipeline for *de novo* assembling of viral genomes was performed according to Blawid *et al.* (2017). Briefly, the quality of the transcriptomic data and the one generated in this work were monitored by the FastQC v.011.8 (Andrews, 2010). TRIMMOMATIC v.039 (Bolger *et al.* 2014) was used for clipping leftovers of adapters and for quality trimming. Contigs were assembled with SPAdes v.3.15.2 (Bankevich *et al.*, 2012), using k-mers of 21, 33, 55, 77. When necessary, the available

platform GALAXY (www.usegalaxy.eu) was used for assembling the viral genomes. The generated contigs were analyzed with tBLASTX against a database of viral genome sequences implemented manually in the Geneious v 11.0 (R11) software. Mapping and extension steps were carried also in Geneious until the complete genomes of amalgaviruses were assembled. In addition, a strategy using the *allium cepa* amalgavirus 1 and *allium cepa* amalgavirus 2 genomes (NC_036580 and NC_036581) as reference was employed to obtain complete genomes from SRA data originated from other *allium* species. Gaps were closed using the original SRA datasets.

Phylogenetic and sequence analyses. Assembled ORF2 (amalgaviruses) and partitivirus RdRp amino acids sequences were used in multiple sequence alignments generated with MAFFT v.7 (Katoh and Standley, 2013). The statistical selection of best-fit models of nucleotide substitutions was assessed with ProtTest 3.4.2 (Darriba *et al.*, 2011). Based on the AIC and BIC criteria, the most appropriate model was LG + I + G + F. Phylogenetic trees were constructed using PhyML (Guindon *et al.*, 2010). The starting tree was obtained by BioNJ and optimized by branch length and tree topology. The type of tree improvement was according to the best of nearest neighbor interchange and subtree pruning and regrafting. Branch support values (%) were estimated by the approximate likelihood ratio test (aLRT) with SH-like criteria. Phylogenetic trees were visualized and edited with iTOL v4 (<https://itol.embl.de>, branch collapsed with bootstrap more than 72) (Letunic and Bork, 2019). The Sequence Demarcation Tool (SDTv.1.2) (Muhire *et al.*, 2014) was used for multiple nucleotide-level pairwise analyzes of different regions of the amalgavirus and partitivirus genomes with other sequences retrieved from GenBank.

Results

Genome assemblies and sequence identities of amalgaviruses

In the present work, a total of 19 SRA files were analyzed for the search of new amalgaviruses sequences. Of the 19 SRA samples, a total of nine viral genomes of AcAV-1 and nine of AcAV-2 were assembled (**Table 1**). Eight AcAV-1 sequences were derived from *Allium cepa* datasets and one from *A. ascalonicum*, while six AcAV-2 sequences were assembled from *A. cepa* and one from *A. ascalonicum*, one from *A. fistulosum*, and one from *A. angulosum* datasets (**Supplementary Table S1**).

Table 1. Lengths of nucleotides of AcAV-1 and AcAV-2 genomes.

AcAV-1							
*TSA accessions prefix	5'UTR	ORF1	ORF1+OR F2	ORF1 Regulatory (UUUCGU)	ORF2	3'UTR	Total length
NC_036580	148	1176	3174	6	2349	130	3453
GEOY	145	1176	3174	6	2349	130	3450
GFAK	122	1176	3174	6	2349	130	3427
GFAJ	126	1176	3174	6	2349	89	3390
GHMJ	138	1176	3174	6	2349	115	3428
GBJZ	126	1176	3174	6	2349	111	3412
GBGJ	148	1176	3174	6	2349	110	3433
GBRN	148	1176	3174	6	2349	91	3414

GBRQ	60	1176	3174	6	2349	130	3365
GBRO	148	1176	3174	6	2349	91	3414
AcAV-2							
*TSA accessions prefix	5'UTR	ORF1	ORF1+OR F2	ORF1 Regulatory (UUUCGU)	ORF2	3'UTR	Total length
NC_036581	148	1173	3198	6	2208	106	3453
MZ063690	131	1173	3198	6	2208	58	3388
GFAJ	131	1173	3198	6	2208	58	3388
GEOY	131	1173	3198	6	2208	79	3409
GHMM	131	1173	3198	6	2208	58	3388
GHMJ	135	1173	3198	6	2208	75	3409
GHMP	131	1173	3198	6	2208	58	3388
GBRN	128	1173	3198	6	2208	48	3375
GETF	131	1173	3198	6	2208	58	3388
GBRQ	131	1173	3198	6	2208	58	3388

163 5' UTR and 3' UTR regions were not verified with Rapid amplification of cDNA ends
164 (RACE).

165 *SRA files used to assemble the amalgavirus genomes.

166

All assembled sequences of AcAV-1 showed the same ORFs size length of the published AcAV-1 available at NCBI (NC_036580). The ORF1 of AcAV-1 genomes that putatively encodes the replication factory matrix-like protein consists of 1176 bp long while the ORF2 (encoding the RdRp) is 2349 bp and the ORF1+ORF2 consists of 3174 bp. Blast searches of ORF1 amino acid sequences revealed an identity of 100% with ORF1p of AcAV-1 (acc. YP_009447920), followed by identities of around 40% with sequences from the ORF1 of AcAV-2. SDT analyses using ORF1 amino acid sequences revealed identities of 100% between the AcAV-1 sequences, except for the AcAV-1 isolated from *A. ascalonicum* from China (acc. GFAJ01023991), where identities were of 83,9%. The total length of assembled genomic sequences of AcAV-1 varied from 3365 to 3453 bp. In general, the AcAV-1 5' UTR length was longer than the 3' UTR. The conserved regulatory sequence (UUUCGU), involved in the +1 programmed ribosomal frameshift mechanism was found in all assembled sequences of AcAV-1 and AcAV-2 isolated from *A. ascalonicum*, *A. angulosum*, *A. cepa*, and *A. fistulosum*. SDT analyses (**Supplementary Material, excel file**) using RdRp amino acid sequences revealed percentages of identities ranging from 89,1 to 100% between RdRp sequences of AcAV-1, while the AcAV-2 sequences showed identities varying from 99 to 100%. When comparing the two RdRp amino acids sequences from the two amalgavirus species, identities varied from 66,9 to 67,8%.

Like AcAV-1, all assembled AcAV-2 sequences showed ORFs of the same length as the genomic sequence available in the NCBI (NC_036581). The ORF1 consisted of 1173 bp, the ORF1+ORF2 of 3198 bp and the ORF2 of 2208 bp. Thus, the ORF1 from the Brazilian AcAV-2 genomic sequence has also 1173 bp and ORF2 is smaller than the ORF2 from AcAV-1, with 2208 bp. The ORF1 amino acid sequences of AcAV-2 are highly conserved sharing identities varying from 98,7 to 100% with sequences isolated from *A. cepa*, *A. angulosum*, *A. ascalonicum*, and *A. fistulosum* plants. Contrary to AcAv-1, the ORF2 of all

AcAV-2 sequences starts after the regulatory sequence. SDT analyses also showed that the ORF1+ORF2 amino acid sequences are highly conserved in both AcAV1-1 and AcAV-2 sequences, except for AcAV-1 isolated from *A. ascalonicum* (acc. GFAJ01023991), as mentioned before (66,5-66,9%). Comparisons between species showed identities from 35,3 to 37,6% in this region. The 5' UTR sequences also showed to be longer than the 3' UTR sequences.

The AcAV-2 genomic sequence assembled from onion samples from the state of Pernambuco has a total length of 3388 bp with ORF1 (nt position 132-1304) and ORF2 (1123-3330) partially overlapping. The regulatory ORF is located at position 963 to 968. The 5' UTR is 131 bp long, and the 3' UTR is only 58 bp long (3331-3388). The 5' UTR and 3' UTR of the AcAV-2 sequence are rich in AU (61.0% and 65.6%), as the AcAV-1 5' UTR and 3' UTR sequences.

Genome assembly and sequence identities of onion partitivirus

From the Brazilian onion samples a putative new cryptic virus genome was assembled with the suggested binominal name deltapartitivirus alliumaceae (DpA, acc. MZ063691, MZ063692, MZ090841) as currently approved by the ICTV. Three segments (dsRNA-1, dsRNA-2 and dsRNA-3) were assembled from onion samples. The dsRNA-1 consists of 1708 bp and has one ORF of 1509 bp (position 91-1599) that putatively codes for a RdRp with 502 aa (MW 59.37 kDa). Blast analyses revealed the highest amino acid sequence identity of 76,9% (cover 94%) with the unclassified RdRp sequence from arhar cryptic virus -1 (acc. NC_024011) followed by 72,9% with the RdRp sequence from rosa multiflora cryptic virus (acc. EU024675). SDT analyses using the RdRp amino acid sequence of DpA showed low identities of 25,3 to 27,0% with RdRp sequences of onion amalgaviruses (SDT analyses, **Supplementary Figure 1**). In general, multiple alignments using amino acid sequences of RdRp of amalgaviruses and the DpA generated levels of identities below 27,0%, showing the

high divergence between the genomic sequences of amalgavirus and the partitiviruses characterized so far. The highest percentage of identities (71,6-76,6%) using the RdRp amino acid sequence of DpA was observed with RdRp sequences of unclassified partitiviruses followed by identities of 36,6 to 39,0% with sequences of deltapartitiviruses. In addition, several structural motifs (A-G) (Bruenn, 1993; Jia and Gong, 2019) of RdRp were found in the amalgavirus and partivirus proteins (**Supplementary Table S2 shows motifs A-D**). The Motif C (GDD) is followed either by an asparagine (N) amino acid in amalgaviruses and betapartitiviruses or by a serine (S) in other partitiviruses (alphapartivirus, cryspovirus, deltapartivirus, and gammapartivirus, **Supplementary Table S3**). In addition to the catalytic motifs of RdRp three regions of conserved amino acid sequences (bold) were observed by multiple alignments: motif 1 (¹⁹¹**PDVAFTRTQLCQIKVKRKVR**₂₁₀), motif 2 (⁴¹³**LSRQVRERQHAR**₄₂₄), and motif 3 (⁴³⁶**PE**₄₃₇) of the RdRp DpA sequence (**Supplementary Table S2**). Motif 2 was not found in the RdRp amino acid sequence of cryptosporidium parvum virus 1 (NC_038843). Motif 3 was found in all amalgavirus and most partitiviruses except in alphapartitiviruses (variations TK, PK and PR were observed).

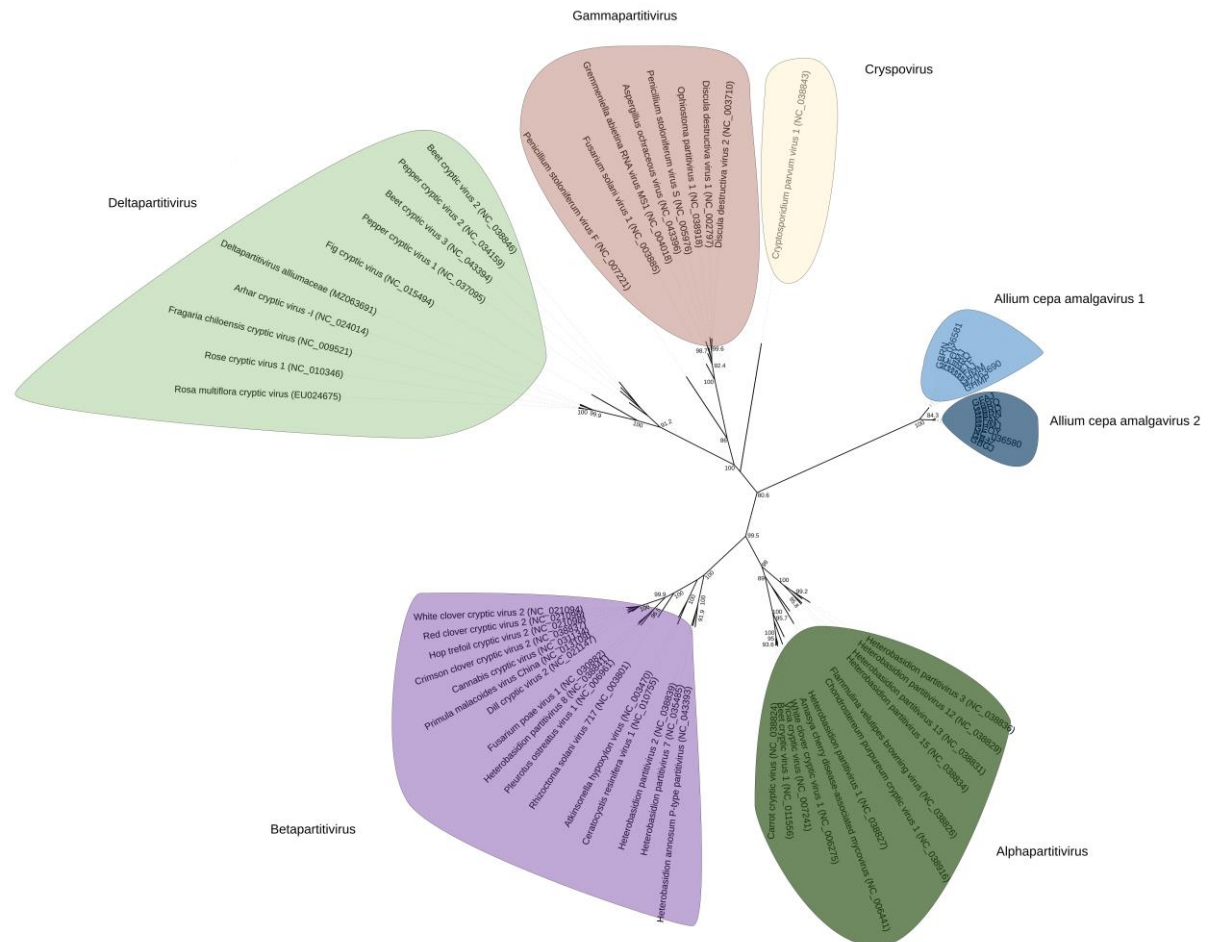
The dsRNA-2 of DpA consists of 1465 bp and has an ORF-3 of 1038 bp that putatively codes for a coat protein (CP). Blastp analysis of CP amino acid sequence showed the highest amino acid sequence identity of 45,99% with the coat protein of arhar cryptic virus-I (YP_009026399, cover 97%). The dsRNA-3 has 1400 bp and a ORF consisting of 1017 bp that also codes putatively for a CP (338 aa, MW 37,9 kDa). The highest amino acid identity of 47,9% (cover 97%, Blastp) was found with the hypothetical protein LR48_Vigan07g013900 of *Vigna angularis* (acc. KOM46435) followed by 50,2% (cover 86%) with the CP of arhar cryptic virus-I (YP_009026398).

Phylogenetic analyses

Phylogenetic analyses were performed using the RdRp amino acid sequences of all 20

amalgaviruses as well as of classified and unclassified partitiviruses. As a result, nine main clusters were observed from the generated tree (**Figure 1**).

Figure 1. Phylogenetic relationships between members of the family *Partitiviridae* and *Amalgaviridae* and unclassified partitiviruses based on the amino acid sequences of the RdRp region.



The starting tree was obtained by BioNJ and optimized by branch length and tree topology. The type of tree improvement was according to the best of nearest neighbor interchange and subtree pruning and regrafting. Branch support values (%) were estimated by the approximate likelihood ratio test (aLRT) with SH-like criteria.

The AcAV-1 isolates were divided into four clusters. The isolate from China of *A. ascalonicum* (acc. number GFAJ01023991) and the one from the Republic of Korea of *A. cepa* (acc. number GBRQ01021363, GBRQ01021361, GBRQ01021362, GBRQ01021364, GBRQ01021365) formed each a single clade. The third and the fourth clades were formed with sequences isolated from *A. cepa*: one clade with sequences from China and Republic of Korea and the other with sequences from India, China, Czech Republic, New Zealand, Republic of Korea and USA. AcAV-2 isolates formed two clusters. The first consists of seven isolates from samples of *A. cepa*, *A. ascalonicum*, *A. fistulosum*, and *A. angulosum* from

different parts of the world: the Brazilian AcAV-2 sequence (Acc. number MZ063690, *A. cepa*), one from China (acc. number GFAJ01064567, GFAJ01075913, GFAJ01102886, GFAJ01099293, *A. ascalonicum*), one from USA (NC_036581, GAAN01008476, *A. cepa*), two isolates from the Czech Republic (acc. number GHMP01074583 GHMP01002595, *A. angulosum* and GHMM01015931, *A. fistulosum*), and two from the Republic of Korea (acc. numbers GBRN01019543, GBRQ01157355, *A. cepa*). The second cluster is formed by an isolate from the Czech Republic (acc. number GHMJ01080900, GHMJ01200427, GHMJ01186121, GHMJ01080899, GHMJ01080901), one from China (acc. number GEOY01072937), and the isolate from USA, all derived from *A. cepa*.

The novel partitivirus sequences found in *A. cepa* from Brazil showed closer relationship with unclassified partitiviruses and deltapartitiviruses genomes and formed a clade with the unclassified partitivirus arhar cryptic virus-I (ArCV-I, NC_024014).

Discussion

The type species of the *Amalgaviridae* family is the *Southern tomato virus* (STV, 3,437 bp), which was first described in 2009 (isolated from tomatoes from the United States and Mexico), with suspicion of association with a new tomato disorder (Sabanadzovic *et al.*, 2009). Attempts with no success were made to mechanically and graft transmit amalgaviruses (Sabanadzovic *et al.*, 2010; Zhan *et al.*, 2019). Experiments with seeds collected from infected tomatoes with STV confirmed high rates of vertical transmission (70 - 90%) (Sabanadzovic *et al.*, 2009). Therefore, viruses belonging to the genus *Amalgavirus* are transmitted vertically through seeds, although it is not known whether the transmission is by pollen or ovary or both (Sabanadzovic *et al.*, 2010, Martin *et al.* 2011). Amalgaviruses have been found infecting different crops in fields from France (Candresse *et al.*, 2013), Spain (Verbeek *et al.*, 2015), China (Padmanabhan *et al.*, 2015), Bangladesh (Padmanabhan *et al.*, 2015) and Italy (Iacono *et al.*, 2015). In all cases, co-infections with other viruses were

verified, making it difficult the association between virus infection and symptomatology (Sabanadzovic *et al.*, 2010). Recently, Elvira-González *et al.* (2020) showed that geographically distant isolates of STV showed very low genetic diversity in the CP gene. Indeed, amalgavirus CP homologs have been detected in the genomes of *Populus trichocarpa*, *Medicago truncatula* and *Theobroma cacao* and spurious integration of amalgavirus sequences into host DNA has been suggested (Krupovic *et al.*, 2015).

Aiming to understand the relationship between amalgaviruses and hosts, we analyzed all available allium transcriptomic data from GenBank in addition to the one generated for this work and assembled complete AcAV-1 and AcAV-2 genomic sequence and well as a novel partitivirus genome from *A. cepa*. So far, most of the identified amalgavirus sequences have been discovered by analyzing available transcriptome datasets. In this work, nine complete genomic sequences of allium amalgavirus 1 and 2, respectively, were assembled from transcriptome data of *Allium cepa* collected around the world (Brazil, China, Czech Republic, India, New Zealand, Republic of Korea, and USA). Multiple pairwise analyses showed that allium amalgavirus complete nucleotide sequences share identities higher than 97% from the same species from different hosts, with exception of the AcAV-1 isolated from *A. ascalonicum* from China. In addition, it was possible to observe from the analyzed transcriptomic data that mixed infections of AcAv-1 and AcAV-2 occurred in *A. cepa*. As suggested for fig mosaic virus (Valia *et al.*, 2014), the close genetic relationship to geographically distant isolates might suggest long-distance migration and it would be interesting to know if amalgaviruses contributes to broad adaptability to a wide range of climatic conditions. Moreover, the low genetic variability observed in the amalgaviruses genomic sequences might be the result of integration events into the allium DNA genome, which probably provides ideal settings for long-term evolution. Therefore, exciting experimental new approaches in the area of plant virology will help to understand the function

of highly conserved amalgavirus sequences across different host species around the world.

Last, a novel partitivirus genomic sequence (DpA) was assembled from tissue of *A. cepa* from fields in Brazil that showed close relationship with arhar cryptic virus-I (Kumar *et al.*, 2017). As found for ArCV-1, which genome is composed of three dsRNA segments, DpA also consists of three dsRNA genomic sequences. According to ICTV (2021) only five species belong to the *Deltapartitivirus* genus: *Beet cryptic virus 2*, *Beet cryptic virus 3*, *Fig cryptic virus*, *Pepper cryptic virus 1* and *Pepper cryptic virus 2*. SDT analyses of RdRp amino acids sequences revealed identities ranging from 38,1 to 59,8% with deltapartitivirus. Therefore, DpA was classified as belonging to the *Deltapartitivirus* genus. Moreover, computer analysis predicted the seven conserved motives (A-G) known for several plant and animal viruses as well as three additional motives conserved with RdRps from amalgaviruses. Specific functions of these motives are yet to be determined. So far unclassified partitiviruses were detected in symptomless and symptomatic plants as found for rose cryptic virus 1 (James *et al.*, 2015) and some authors suggest that partitivirus possibly play a role in virus complexes associated to diseases (Martin and Tzanetakis, 2008). Further studies should clarify if mixed infections of partitiviruses and amalgaviruses play a role in disease expression in onions. This work contributes to the understanding of amalgavirus diversity in onions and describes the first partitivirus genome infecting *Allium cepa*.

Acknowledgements

We are grateful for the Brazilian Funding Agencies, the Coordination for the Improvement of Higher Education Personnel (CAPES) and the Brazilian National Council for Scientific and Technological Development (CNPq). We also thank the Edital 015/2018-PRPPG from the Rural Federal University of Pernambuco (UFRPE) for supporting this project.

References

- Adams MJ, Lefkowitz EJ, King AMQ, Carstens EB (2014): Ratification vote on taxonomic proposals to the International Committee on Taxonomy of Viruses (2014). *Arch. Virol.* 159, 2831–2841. <https://doi.org/10.1007/s00705-014-2114-3>
- Andrews S (2010): FastQC: a quality control tool for high throughput sequence data
Babraham Bioinformatics. Available online at
<http://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc/>
- Bankevich A, Nurk S, Antipov D, et al (2012): SPAdes: A New Genome Assembly Algorithm and Its Applications to Single-Cell Sequencing. *J. Comput. Biol.* 19, 455–477. <https://doi.org/10.1089/cmb.2012.0021>
- Blawid R, Silva JMF, Nagata T (2017): Discovering and sequencing new plant viral genomes by next-generation sequencing: description of a practical pipeline. *Ann. Appl. Biol.* 170, 301–314. <https://doi.org/10.1111/aab.12345>
- Bolger AM, Lohse M, Usadel B (2014): Trimmomatic: a flexible trimmer for Illumina sequence data. *Bioinformatics* 30, 2114–2120. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu170>
- Bruenn JA (1993): A closely related group of RNA-dependent RNA polymerases from double-stranded RNA viruses. *Nucleic Acids Res.* 21, 5667–5669. <https://doi.org/10.1093/nar/21.24.5667>
- Candresse T, Marais A, Faure C (2013): First Report of Southern tomato virus on Tomatoes in Southwest France. *Plant Dis.* 97, 1124–1124. <https://doi.org/10.1094/PDIS-01-13-0017-PDN>
- Charon J, Marcelino VR, Wetherbee R, et al (2020): Metatranscriptomic Identification of Diverse and Divergent RNA Viruses in Green and Chlorarachniophyte Algae Cultures. *Viruses* 12, 1180. <https://doi.org/10.3390/v12101180>
- Darriba D, Taboada GL, Doallo R, Posada D (2012): jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing. *Nat. Methods* 9, 772–772. <https://doi.org/10.1038/nmeth.2109>
- Depierreux D, Vong M, Nibert ML (2016): Nucleotide sequence of *Zygosaccharomyces bailii* virus Z: Evidence for +1 programmed ribosomal frameshifting and for assignment to family Amalgaviridae. *Virus Res.* 217, 115–124. <https://doi.org/10.1016/j.virusres.2016.02.008>
- Elvira-González L, Rubio L, Galipienso L (2020): Geographically distant isolates of the persistent southern tomato virus (STV) show very low genetic diversity in the putative coat protein gene. *Virus Genes*, 56, 668–672. <https://doi.org/10.1007/s11262-020-01785->

x

- Fukuhara T, Tabara M, Koiwa H, Takahashi H (2020): Effect of asymptomatic infection with southern tomato virus on tomato plants. *Arch. Virol.* 165, 11-20. <https://doi.org/10.1007/s00705-019-04436-1>
- Goh CJ, Park D, Lee JS, et al (2018): Identification of a novel plant amalgavirus (Amalgavirus, Amalgaviridae) genome sequence in *Cistus incanus*. *Acta Virol.* 62, 122–128. https://doi.org/10.4149/av_2018_201
- Iacono G, Hernandez-Llopis D, Alfaro-Fernandez A, et al (2015): First report of Southern tomato virus in tomato crops in Italy. *New Disease Reports* 32, 27. <http://dx.doi.org/10.5197/j.2044-0588.2015.032.027>
- James D, Phelan J, Varga A, Rott M, Berube A (2015): First report of rose cryptic virus 1 in Rosa plants in Canada. *Dis. Notes* 99, 558. <https://doi.org/10.1094/PDIS-09-14-0921-PDN>
- Jia H, Gong P (2019): A structure-function diversity survey of the RNA-dependent RNAPolymerases from the positive-strand RNA viruses. *Front. Microbiol.* 10:1945, <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.01945>
- Katoh K, Standley DM (2013): MAFFT multiple sequence alignment software version 7: improvements in performance and usability. *Mol. Biol. Evol.* 30, 772-780. <https://doi.org/10.1093/molbev/mst010>
- Kim H, Park D, Hahn Y (2018): Identification of novel RNA viruses in alfalfa (*Medicago sativa*): an Alphapartitivirus, a Deltapartitivirus, and a Marafivirus. *Gene* 638, 7–12. <https://doi.org/10.1016/j.gene.2017.09.069>
- Krupovic M, Dolja VV, Koonin EV (2015): Plant viruses of the Amalgaviridae family evolved via recombination between viruses with double-stranded and negative-strand RNA genomes. *Biol. Direct* 10, 12. <https://doi.org/10.1186/s13062-015-0047-8>
- Kumar S, Subbarao BL, Kumari R, Hallan V (2017): Molecular characterization of a novel cryptic virus infecting pigeonpea plants. *PLoS One* 12(8): e0181829. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0181829>
- Lee JS, Goh CJ, Park D, Hahn Y (2019): Identification of a novel plant RNA virus species of the genus Amalgavirus in the family Amalgaviridae from chia (*Salvia hispanica*). *Genes Genomics* 41, 507–514. <https://doi.org/10.1007/s13258-019-00782-1>
- Liu W, Chen J (2009): A double-stranded RNA as the genome of a potential virus infecting *Vicia faba*. *Virus Genes* 39, 126–131. <https://doi.org/10.1007/s11262-009-0362-1>
- Martin RR, Tzanetakis IE (2008): First Report of *Rosa multiflora* cryptic virus in *Rosa multiflora* in the Eastern United States. *Plant Dis.* 92, 1706.

- 429 <https://doi.org/10.1094/PDIS-92-12-1706B>
- 430 Martin RR, Zhou J, Tzanetakis IE (2011): Blueberry latent virus: An amalgam of the
 431 Partitiviridae and Totiviridae. *Virus Res.* 155, 175–180.
 432 <https://doi.org/10.1016/j.virusres.2010.09.020>
- 433 Muhire BM, Varsani A, Martin DP (2014): SDT: A Virus Classification Tool Based on
 434 Pairwise Sequence Alignment and Identity Calculation. *PLoS One* 9:e108277.
 435 <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0108277>
- 436 Nunes RLC, Oliveira AB, Dutra AS (2014): Agronomic performance of onions hybrids in
 437 Baraúna, in the semi-arid region of Brazil. *Rev. Ci. Agro.* 45, 606-611.
 438 <https://doi.org/10.1590/S1806-66902014000300023>
- 439 Padmanabhan C, Zheng Y, Li R, et al (2015): Complete Genome Sequence of Southern
 440 tomato virus Identified in China Using Next-Generation Sequencing. *Genome Announc.*
 441 3:. <https://doi.org/10.1128/genomeA.01226-15>
- 442 Park D, Goh CJ, Kim H, Hahn Y (2018): Identification of Two Novel Amalgaviruses in the
 443 Common Eelgrass (*Zostera marina*) and in Silico Analysis of the Amalgavirus +1
 444 Programmed Ribosomal Frameshifting Sites. *Plant Pathol. J.* 34, 150–156.
 445 <https://doi.org/10.5423/PPJ.NT.11.2017.0243>
- 446 Parks DH, Mankowski T, Zangooui S, et al (2013): GenGIS 2: Geospatial Analysis of
 447 Traditional and Genetic Biodiversity, with New Gradient Algorithms and an Extensible
 448 Plugin Framework. *PLoS One* 8:e69885. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0069885>
- 449 Ronquist F, Teslenko M, van der Mark P, et al (2012): MrBayes 3.2: Efficient Bayesian
 450 Phylogenetic Inference and Model Choice Across a Large Model Space. *Syst. Biol.* 61,
 451 539–542. <https://doi.org/10.1093/sysbio/sys029>
- 452 Sabanadzovic S, Abou Ghanem-Sabanadzovic N, Valverde RA (2010): A novel monopartite
 453 dsRNA virus from rhododendron. *Arch. Virol.* 155, 1859–1863.
 454 <https://doi.org/10.1007/s00705-010-0770-5>
- 455 Sabanadzovic S, Valverde RA, Brown JK, et al (2009): Southern tomato virus: The link
 456 between the families Totiviridae and Partitiviridae. *Virus Res.* 140, 130-137.
 457 <https://doi.org/10.1016/j.virusres.2008.11.018>
- 458 Valia JJ, Willemsen A, Elci E, Caglayan K, Falk BW, Rubio L (2014): Genetic variation and
 459 possible mechanisms driving the evolution of worldwide Fig mosaic virus isolates. *Virol.*
 460 104, 108-114. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-05-13-0145-R>
- 461 Verbeek M, Dullemans AM, Espino A, et al (2015): First report of southern tomato virus in
 462 tomato in the Canary Islands, Spain. *J. Plant Pathol.* 97, 391-403.
 463 <https://doi.org/10.4454/JPP.V9712.038>

464 Zhan B, Cao M, Wang K, et al (2019): Detection and Characterization of Cucumis melo
465 Cryptic Virus, Cucumis melo Amalgavirus 1, and Melon Necrotic Spot Virus in
466 Cucumis melo. Viruses 11, 81. <https://doi.org/10.3390/v11010081>

467

468

469

Transcriptomic analyses reveal highly conserved plant amalgavirus genomes in different species of *Allium*

J. A. C. M. DOS SANTOS¹, A. M. F. SILVA², J. C. P. MESQUITA³, *R. BLAWID¹

¹ Department of Agronomy, Rural Federal University of Pernambuco, 52171-900, Recife, Brazil

² Federal University of Alagoas, Alagoas, Brazil

³ Instituto Agronômico de Pernambuco (IPA), Recife, Brazil

Supplementary Table S1. List of TSA and SRA datasets used to assemble AcAV-1 and AcAV-2 genomes.

<i>Allium cepa amalgavirus-1</i>					
TSA/ acc. number	SRA runs	Country	Host	Bioproject	Year
GEOY01002178 GEOY01005685	SRR3144579	China	<i>Allium cepa</i>	PRJNA310814	2016
GFAK01033851	SRR3144593	China	<i>Allium cepa</i> var. agregado	PRJNA310820	2016
GFAJ01023991	SRR3144570	China	<i>Allium ascalonicum</i>	PRJNA310811	2016
GHMJ01088356 GHMJ01020716 GHMJ01088358 GHMJ01199210 GHMJ01194782 GHMJ01022252	SRR9077155	Czech Republic	<i>Allium cepa</i>	PRJNA542932	2021
GBJZ01207969 GBJZ01052553 GBJZ01180288	SRR1293377	India	<i>Allium cepa</i>	PRJNA248253	2015

GAAO01011981/ NC_036580	SRR573753 SRR573754 SRR573755	Linden Drive, Madison, WI, USA	<i>Allium cepa</i>	PRJNA175449	2013
GBGJ01019922	SRR1051882 SRR1056448	New Zealand	<i>Allium cepa</i>	PRJNA238142	2014
GBRN01018519	SRR1312067	Republic of Korea	<i>Allium cepa</i>	PRJNA246669	2014
GBRQ01021363 GBRQ01021361 GBRQ01021362 GBRQ01021364 GBRQ01021365	SRR1312066 SRR1312067	Republic of Korea	<i>Allium cepa</i>	PRJNA246669	2014
GBRO01009396	SRR1312066	Republic of Korea	<i>Allium cepa</i>	PRJNA246669	2014
<i>Allium cepa amalgavirus 2</i>					
TSA/ acc. number	SRA runs	Country	Host	Bioproject	Year
MZ063690		Brazil Pernambu co	<i>Allium cepa</i>		2021
GFAJ01064567 GFAJ01075913 GFAJ01102886 GFAJ01099293	SRR3144570	China	<i>Allium ascalonicum</i>	PRJNA310811	2016
GEOY01072937	SRR3144579	China	<i>Allium cepa</i>	PRJNA310814	2016
GHMM01015931	SRR9077160	Czech Republic	<i>Allium fistulosum</i>	PRJNA542932	2021

GHMJ01080900	SRR9077155	Czech	<i>Allium cepa</i>	PRJNA542932	2021
GHMJ01200427		Republic			
GHMJ01186121					
GHMJ01080899					
GHMJ01080901					

GHMP01074583	SRR9077156	Czech	<i>Allium</i>	PRJNA542932	2013
GHMP01002595		Republic	<i>angulosum</i>		

GAAN01008477	SRR573713	Linden	<i>Allium cepa</i>	PRJNA175446	2014
GAAN01008476	SRR573714	Drive,			
/NC_036581	SRR573726	Madison,			
GAAN01032440		WI, USA			

GBRN01019543	SRR1312067	Republic	<i>Allium cepa</i>	PRJNA246669	2017
		of Korea			

GETF01031658	SRR2814815	Republic	<i>Allium cepa</i>	PRJNA298934	2014
GETF01032221	SRR2814816	of Korea			
	SRR2814817				
	SRR2814818				
	SRR2814819				
	SRR2814820				
	SRR2814821				
	SRR2814822				

GBRQ01157355	SRR1312066	Republic	<i>Allium cepa</i>	PRJNA246669	2014
	SRR1312067	of Korea			

480

481 **Supplementary Table S2.** Conserved RdRps motifs found by multiple sequence alignments
 482 using partitiviruses and amalgaviruses sequences. To obtain the TSA acc. numbers, see
 483 Supplementary Table S1.

RdRp MOTIFS

	1	A DX ₂₋₄ D	B SGX3T	C GDD	D K	2	3
ABV89762	PDVAFTRTQL	DWSGF	PSGSC	GDD	K	LSRKVRE	PE
	CQIKVKRKIR	D	FTNIIG	S		MCHAR	
			SIVN				

YP_001686 786	PDVAFTRTQL CQIKVKRKIR	DWSGF D	PSGSC FTNIIG SIVN	GDD S	K	LSRKVRE MCHAR	PE
YP_001274 391	PDIAFTRTQLC QIKVKRKIR	DWSGF D	PSGSC FTNIIG SIVN	GDD S	K	LSRKVRE HCHAR	PE
YP_009026 407	PDVAFTRTQL CQIKIKRKVR	DWSGF D	PSGSC FTNIIG SITN	GDD S	K	LSRNVRE MSHAR	PE
Deltapartitiv irus alliumaceae MZ063691 MZ063692 MZ090841	PDVAFTRTQL CQIKVKRKVR	DWSAF D	PSGSC FTNIIG SITN	GDD S	K	LSRQVRE RQHAR	PE
YP_004429 258	PDIAFTRTQLA KLPSIKVR	DWKAF D	PSGSY YTNII GSVIN	GDD S	K	LGRSQM HQLNIR	PE
YP_009351 838	PDVGYTRTQL TDLYEKTKIR	DWSNF D	PSGSY FTSIIG SIVN	GDD S	K	LGRTMY GGINQR	PE
YP_009508 067	PDVGYTRTQL TDLREKMKVR	DWQAF D	PSGSY FTSIIG SVVN	GDD S	K	LGRSSLG GLNQR	PE
YP_009466 859	PDVGYTRTQL TDLLEKTKVR	DWSQF D	PSGSY YTSLV GSIIN	GDD S	K	LGRTYVG GLNKR	PE
YP_009665 971	PDIGYTRTQL ADLREKTKVR	DWSSF D	PSGSY YTSIV GSVV N	GDD S	K	LGRTAHG FMNAR	PE
NP_116716	PCLAGQRGG MSDRTDPKTR	DFSADF	PSGS WWTQ IIDS VN	GDD S	K	LGTKYRD GRVYR	PE

NP_620301	PCLAGQRGG MSDRDDPKTR	DFS AFD	PSGS WWTQ IIDS V VN	GDD S	K	LGTKYRS GRVHR	PE
YP_009508 238	PCSAGQRGG MSSIDDPKTR	DFSSFD	PSGS WWTQ MIDS V VN	GDD S	K	LGVKYR DGRVYR	LE
NP_659027	PALAGQRGG MSKR DAPKTR	DFSSFD	PSGS WWTQ MVDS VVN	GDD S	K	LGT TYRG CHPHR	PE
YP_052856	PCLAGQRGG MSEASDPKTR	DFSGFD	PSGS WFTQ MIDS V VN	GDD S	K	LGT TYRN GRPHR	PE
YP_009665 972	PCLAGQRGG MSEASDPKTR	DFSSFD	PSGS WWTQ MVDS VVN	GDD S	K	LGT TYRN GHAHR	PE
NP_624350	PCLATQRGHL SPRDDPKTR	DFSSFD	PSGS WWTQ LVDS VVN	GDD S	K	LGVRYR DGHA FR	PE
YP_271922	PAKLALRGHL SEIDELKTR	DWSGF D	PSGSF FTQ IIG SIVN	GDD S	K	LGYQCN AFRYER	PE
YP_009508 065	PCRS GARCQL RKRG ENKPR	DFSSFD	PSGSA FTQ IIG TIVN	GDD S	K	L GKQIDIL DLTFHN	PE
NP_604475	PTELLVRSHIS KRDNLKVR	DWSRF D	PSGIL MTQFI DSFVN	GDD N	K	LGYTNN YGF PTR	PE

YP_001911 122	PTELLVRSHIS NPKKLKVR	DWSKF D	PSGIL CTQLI DSFVN	GDD N	K	LGYTNN YGMPVR	PE
NP_620659	PTMMFTRNHI SKRDGTLKVR	DWSGY D	PSGM LLTQF LDSFG N	GDD N	K	LSYRCNF GKPRR	PE
YP_227355	PTMLFTRNHIS DRDGNLKQR	DWSGF D	PSGLL NTQY LDSFS N	GDD N	K	LSYQCNY GAPKR	PE
YP_009272 951	PTMLFTRNHIS DRDGILKQR	DWSGF D	PSGM LNTQF LDSFG N	GDD N	K	LSYQCNF GHPRR	PE
YP_009508 063	PTMLFTRNHIS KILGALKQR	DWSGF D	PSGLL NTQFL DSFGN	GDD N	K	LSYTCNF GRPLR	PE
YP_003104 768	PTLLFTRNHIS KRSGTLKVR	DWSSY D	PSGLY NTQY LDSFG N	GGD N	K	LGYECNY GSPKR	PE
YP_007889 821	PTLLFTRNHIS KRDGTLKVR	DWSSY D	PSGLY NTQY LDSFG N	GDD N	K	LGYECNH GSPKR	PE
YP_007889 823	PTLLFTRNHIS KRDGTLKVR	DWSSY D	PSGLY NTQY LDSFG N	GDD N	K	LGYQCN HGSPKR	PE
YP_007889 825	PTLLFTRNHIS KRDGTLKVR	DWSSY D	PSGLY NTQY LDSFG N	GDD N	K	LGYQCN HGSPKR	PE

YP_007891 054	PTLLFTRNHIS KRDGTLKVR	DWSSY D	PSGLY NTQY LDSFG N	GDD N	K	LGYQCN YGSPKR	PE
YP_009293 586	PTLLFTRNHIS KRTGPLKVR	DWSSY D	PSGLY NTQY LDSFG N	GDD N	K	LGYQCN YGSPKR	PE
YP_009508 059	PTLLFTRNHIS KRDGPLKVR	DWSSY D	PSGLY NTQY LDSFG N	GDD N	K	LGYQCN HGSPKR	PE
YP_009408 640	PTVLYVRSQIS KISKLKIR	DWSRF D	PSGIF MTQIL DSFVN	GDD N	K	LGYTNN NGMPSR	PE
YP_009508 061	PTVMYVRSQI SKLSKLKVR	DWSRY D	PSGIF MTQIC DSFCN	GDD N	K	LGYTNLN GMPHR	PE
YP_009508 061	PTVMYVRSQI SKITKLKVR	DYSRFD	PSGIF MTQIL DSFVN	GDD N	K	LGYTNA NGMPHR	PE
YP_086754	PMLLHTKTAI VKKNDPNKM R	DWSRF D	PSGLF ITQLL DSWY N	GDD S	K	LSYRNHN GLPHR	TK
YP_272124	PMLLHTKTAI VKKDDPNKM R	DWSRF D	PSGLF ITQLL DSWY N	GDD S	K	LSYRNHN GLPFR	TK
YP_002308 574	PMLLHTKTAI VKQDDPNKM R	DWSRF D	PSGLF ITQLL DSWY N	GDD S	K	LSYRNHN GFPHR	TK

YP_009508 046	PMLLHTKTAI VKHNDPNKM R	DWSRF D	PSGLF ITQLL DSWY N	GDD S	K	LSYRNHN GFPHR	TK
YP_138537	PMLLHTKTAI VKKDDPNKM R	DWKRF D	PSGLF ITQLI DSWY N	GDD S	K	LSYRHRH GLPYR	TK
YP_009508 049	PMLLHIKTAIV SFDAPNKLR	DWSRF D	PSGLF ITQLM DSWY N	GDD S	K	LSYRNIQ GLPYR	TK
YP_009508 048	PINIHTKSAIIG IHDPNKVR	DWSFF D	ASGQF TTQF MDSIY N	GDD S	K	LSYANNN GLPVR	PK
YP_009508 236	PMRSHARSAI QPISDPNKVR	DWQGF D	PSGLF ITQWL DSVY N	GDD S	K	LGYRNN NGLPVR	PK
YP_009508 051	PLMKIHVKPA LTGTDEQKIR	DWSGF D	PSGLF VTQFL DSHY N	GDD S	K	LGYTNN NGFPTR	PR
YP_009508 058	PIMKIHVKPAL TEPTETKIR	DWSGF D	PSGLF VTQFL DSHY N	GDD S	K	LGYTNN NGYPSR	PR
YP_009508 053	PLINMHVKPA LTETDTTKIR	DWSGF D	PSGLF ETQFL DSFYN	GDD S	K	LGYSNDN GYPSR	PR
YP_009508 056	PLINIHVKPAL TTPDETKIR	DWSGF D	PSGLF TTQFL DSFYN	GDD S	K	LGYTNEN GYPIR	PR

GAAN0100 8477, GAAN0100 8476, GAAN0103 2440	PFVASRVGFR TKLVSQEEAFI RFSENK	DWKKF D	PSGSL WTGW VDTA LN	GDD N	T	LSAYWLE DGRPIR	PE
GBRQ0115 7355	PFVASRVGFR TKLVSQEEAFI RFSENK	DWKKF D	PSGSL WTGW VDTA LN	GDD N	T	LSAYWLE DGRPIR	PE
GETF01031 658, GETF01032 221	PFVASRVGFR TKLVSQEEAFI RFSENK	DWKKF D	PSGSL WTGW VDTA LN	GDD N	T	LSAYWLE DGRPIR	PE
GFAJ01064 567, GFAJ01075 913, GFAJ01102 886, GFAJ01099 293	PFVASRVGFR TKLVSQEEAFI RFSENK	DWKKF D	PSGSL WTGW VDTA LN	GDD N	T	LSAYWLE DGRPIR	PE
GHMM0101 5931	PFVASRVGFR TKLVSQEEAFI RFSENK	DWKKF D	PSGSL WTGW VDTA LN	GDD N	T	LSAYWLE DGRPIR	PE
GHMP0107 4583, GHMP0100 2595	PFVASRVGFR TKLVSQEEAFI RFSENK	DWKKF D	PSGSL WTGW VDTA LN	GDD N	T	LSAYWLE DGRPIR	PE
MZ063690	PFVASRVGFR TKLVSQEEAFI RFSENK	DWKKF D	PSGSL WTGW VDTA LN	GDD N	T	LSAYWLE DGRPIR	PE
GBRN0101 9543	PFVASRVGFR TKLVSQEEAFI RFSENK	DWKKF D	PSGSL WTGW VDTA LN	GDD N	T	LSAYWLE DGRPIR	PE

YP_009447 921	PFVASRVGFR TKLVSQEEAFI RFSKNK	DWKKF D	PSGSL WTGW VDTA LN	GDD N	T	LSAYWLE DGRPIR	PE
GEOY0107 2937	PFVASRVGFR TKLVSQEEAFI RFSKNK	DWKKF D	PSGSL WTGW VDTA LN	GDD N	T	LSAYWLE DGRPIR	PE
GHMJ01080 900, GHMJ01200 427, GHMJ01186 121, GHMJ01080 899, GHMJ01080 901	PFVASRVGFR TKLVSQEEAFI RFSKNK	DWKKF D	PSGSL WTGW VDTA LN	GDD N	T	LSAYWLE DGRPIR	PE
GAAO0101 1981	PYISSRVGFRT KLVSTTEAFA KMKDNK	DWKKF D	PSGSL WTGW VDTA LN	GDD N	T	LSAYWLE DGRPIR	PE
GEOY0100 2178, GEOY0100 5685	PYISSRVGFRT KLVSTTEAFA KMKDNK	DWKKF D	PSGSL WTGW VDTA LN	GDD N	T	LSAYWLE DGRPIR	PE
YP_009447 919	PYISSRVGFRT KLVSTTEAFA KMKDNK	DWKKF D	PSGSL WTGW VDTA LN	GDD N	T	LSAYWLE DGRPIR	PE
GBGJ01019 922	PYISSRVGFRT KLVSTTEAFA KMKDNK	DWKKF D	PSGSL WTGW VDTA LN	GDD N	T	LSAYWLE DGRPIR	PE

GBJZ01207 969, GBJZ01052 553, GBJZ01180 288	PYISSRVGFRT KLVSTTEAFA KMKDNK	DWKKF D	PSGSL WTGW VDTA LN	GDD N	T	LSAYWLE DGRPIR	PE
GBRQ0102 1363, GBRQ0102 1361, GBRQ0102 1362, GBRQ0102 1364, GBRQ0102 1365	PYISSRVGFRT KLVSTTEAFA KMKDNK	DWKKF D	PSGSL WTGW VDTA LN	GDD N	T	LSAYWLE DGRPIR	PE
GFAK01033 851	PYISSRVGFRT KLVSTTEAFA KMKDNK	DWKKF D	PSGSL WTGW VDTA LN	GDD N	T	LSAYWLE DGRPIR	PE
GBRO0100 9396	PYISSRVGFRT KLVSTTEAFA KMKDNK	DWKKF D	PSGSL WTGW VDTA LN	GDD N	T	LSAYWLE DGRPIR	PE
GBRN0101 8519	PYISSRVGFRT KLVSTTEAFA KMKDNK	DWKKF D	PSGSL WTGW VDTA LN	GDD N	T	LSAYWLE DGRPIR	PE
GHMJ01088 356, GHMJ01020 716, GHMJ01088 358, GHMJ01199 210, GHMJ01194 782, GHMJ01022 252	PYISSRVGFRT KLVSTTEAFA KMKDNK	DWKKF D	PSGSL WTGW VDTA LN	GDD N	T	LSAYWLE DGRPIR	PE

GFAJ01023 PHISSRVGFRT DWKKF PSGSL GDD T LSAYWLE PE
 991 KLVSTTDAFK D WTGW N DGRPIR
 KMKENK VDTA
 LN

484

485 **Supplementary Table S3.** GenBank accession numbers of partitivirus sequences used for
 486 analysis in this publication.

Genera/ unclassified	GenBank acc. number	species (alphabetical)	Virus acronyms
unclassified Partitiviruses	NC_024014	Arhar cryptic virus-I	ArCV-1
	EU024675	Rosa multiflora cryptic virus	RoCV1
	NC_010346	Rose cryptic virus 1	RoCV1
	NC_009519	Fragaria chiloensis cryptic virus	FcCV
	MZ063691 dsRNA-1 MZ063692 dsRNA-2 MZ090841 dsRNA-3	Deltapartitivirus alliumaceae	DpA
Cryspovirus	NC_038843	<i>Cryptosporidium parvum virus 1</i>	CSpV1
Deltapartitivirus	NC_038846	<i>Beet cryptic virus 2</i>	BCV2
	NC_043394	<i>Beet cryptic virus 3</i>	BCV3
	NC_037095	<i>Pepper cryptic virus 1</i>	PCV2
	NC_034159	<i>Pepper cryptic virus 2</i>	PCV2
	NC_015494	<i>Fig cryptic virus</i>	FCV
Gammapartitivirus	NC_043396	<i>Aspergillus ochraceous virus</i>	AoV

	NC_002797	<i>Discula destructiva virus 1</i>	DdV1
	NC_003710	<i>Discula destructiva virus 2</i>	DDV2
	NC_003885	<i>Fusarium solani virus 1</i>	FsV1
	NC_004018	<i>Gremmeniella abietina RNA virus MS1</i>	GaRV-MS1
	NC_038918	<i>Ophiostoma partitivirus 1</i>	OPV1
	NC_005976	<i>Penicillium stoloniferum virus S</i>	PsV-S
	NC_007221	<i>Penicillium stoloniferum virus F</i>	PsV-F
<i>Alphapartitivirus</i>	NC_006441	<i>Amasya cherry disease-associated mycovirus</i>	AcPV
	NC_011556	<i>Beet cryptic virus 1</i>	BCV-1
	NC_038824	<i>Carrot cryptic virus</i>	CaCV
	NC_038916	<i>Chondrostereum purpureum cryptic virus 1</i>	CpCV1
	NC_038826	<i>Flammulina velutipes browning virus</i>	FvBV
	NC_038827	<i>Heterobasidion partitivirus 1</i>	HetPV1
	NC_038836	<i>Heterobasidion partitivirus 3</i>	HetPV3
	NC_038829	<i>Heterobasidion partitivirus 12</i>	HetPV12
	NC_038831	<i>Heterobasidion partitivirus 13</i>	HetPV13
	NC_038834	<i>Heterobasidion partitivirus 15</i>	HetPV15
	NC_007241	<i>Vicia cryptic virus</i>	VCV
	NC_006275	<i>White clover cryptic virus 1</i>	WCCV1

Betapartitivirus

NC_003470	<i>Atkinsonella hypoxylon virus</i>	AhV
NC_010755	<i>Ceratocystis resinifera virus 1</i>	CrV1
NC_031134	<i>Cannabis cryptic virus</i>	CCV
NC_038837	<i>Crimson clover cryptic virus 2</i>	CCCV2
NC_021147	<i>Dill cryptic virus 2</i>	DCV-2
NC_030882	<i>Fusarium poae virus 1</i>	FpV1
NC_043393	<i>Heterobasidion annosum P-type partitivirus</i>	HaV-P
NC_038839	<i>Heterobasidion partitivirus 2</i>	HEPV2
NC_035485	<i>Heterobasidion partitivirus 7</i>	HEPV7
NC_038841	<i>Heterobasidion partitivirus 8</i>	HetPV8
NC_021098	<i>Hop trefoil cryptic virus 2</i>	HTCV2
NC_006961	<i>Pleurotus ostreatus virus 1</i>	PoV1
NC_013109	<i>Primula malacoides virus</i>	PmV1
NC_021096	<i>Red clover cryptic virus 2</i>	RCCV2
NC_003801	<i>Rhizoctonia solani virus 717</i>	RhsR1
NC_021094	<i>White clover cryptic virus 2</i>	WCCV2

487

488

489

490

491



CONCLUSÕES GERAIS



CAPÍTULO 3: CONCLUSÕES GERAIS

1. Os dados de SRA disponíveis no NCBI podem ser utilizados para a montagem de genomas de espécies pertencentes às famílias *Partitiviridae* e *Amalgaviridae*. Os genomas montados de AcAV-1 e AcAV-2 demonstraram serem altamente conservados, apresentando as mesmas características genômicas em relação ao tamanho de ORFs. A montagem das regiões não traduzidas (UTR) resultou em sequências de tamanhos diferentes. Portanto, o sequenciamento de alto desempenho não resulta na montagem de sequências completas. Existe a necessidade de verificação de regiões 5' e 3' através da metodologia RACE (*Random amplification of 5' and 3' Ends*);

2. Dezoito sequências virais foram montadas, nove sequências de AcAV-1 e nove de AcAV-2. As sequências de AcAV-1 foram derivadas de um conjunto de dados de TSA/SRA derivados de *Allium cepa* (GEOY e GFAK da China; GHMJ da República Tcheca; GBJZ da Índia, GBGJ da Nova Zelândia; GBRN e GBRQ e GBRO da Coreia do Sul) e de *A. ascalonicum* (GFAJ, China). As sequências de AcAV-2 foram montadas através de dados de TSA/SRA de *A. cepa* (GEOY da China, GHMJ; GBRN; GBRQ da República Tcheca e GETF da Coreia do Sul), *A. ascalonicum* (GFAJ, China), *A. fistulosum* (GHMM, República Tcheca) e *A. angulosum* (GHMP, da Coreia do Sul); A sequência de AcAV-2 derivada de amostras sintomáticas de cebola de campos brasileiros foram montados através de dados de RNA-seq.

3. Ao comparar as sequências de AcAV-1 (GEOY; GFAK; GHMJ; GBJZ; GBGJ; GBRN; GBRQ; GFAJ; GBRO) com as de AcAV-2 (MZ063690, GFAJ; GEOY; GHMM; GHMJ; GHMP; NC_036581, GBRN; GBRQ; GETF) as identidades avaliadas pelo SDT variaram de 66,9 a 67,6% a nível de aminoácido na região que codifica para a RdRp; já utilizando a região da ORF1, as identidades variaram de 38,8 a 39,2%. A sequência do isolado GFAJ01023991 (AcAV-1 de *A. ascalonicum*) foi a que apresentou as menores identidades a nível de aminoácido ao ser analisado via SDT com as sequências dos isolados GEOY; GFAK; GHMJ; GBJZ; GBGJ; GBRN; GBRQ; GBRO; NC_036580, (ORF1 83,9%, ORF2 89,6% e a ORF1 + ORF2 66,5-66,9%); Foram encontrados motivos de RdRp comuns aos amalgavírus e partitivírus, além dos motivos (A-G) conhecidos de RdRp envolvidos na função catalítica da RNA polimerase. As análises filogenéticas utilizando sequências de aminoácidos da RdRp de partitivírus e amalgavírus geraram nove grupos principais. As sequências de AcAV-1 formaram quatro *clusters* (grupos) e as de AcAV-2 formaram dois grupos.

4. Reportamos pela primeira vez a presença de um genoma de cryptovírus de cebola no Brasil. Das amostras de RNA-seq originadas do material foliar de campos de cebola de Petrolândia-PE foi possível a montagem de um genoma trissegmentado (dsRNA-1, MZ063691; dsRNA-2, MZ063692; e dsRNA-3, MZ090841); A nova espécie viral foi denominada de *deltapartitivirus alliumaceae* de acordo com as normas atuais de taxonomia do ICTV (2021); A sequência do novo cryptovírus *deltapartitivirus alliumaceae* mostrou relação filogenética mais estreita com sequências genômicas de partitivírus não classificados e de *deltapartitivirus* e formou um clado com o partitivírus não classificado *arhar cryptic virus-I*.

ANEXO I

Tabela - Número de cultivares registradas no Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (Mapa) no período de 1998 a 2020 por diversas empresas mantenedoras.

Mantenedor no MAPA	Número de cultivares registradas	Cultivar
AGRISTAR DO BRASIL LTDA	62	Andrômeda, Antares F1, Aquarius, Baia, BAIA, Baia Periforme Precoce, BR 19, BR 23, BR 25, BR 27, BR 29 (crioula), Branca, Buccaneer, Canarana, Celebra, Colossus F1, Corona, Cristalina, Cronus, Crystal White Wax Branca, Directa, Don Vitor, DUNAS, Excalibur, Favoritta, Fernanda, Fortaleza, Fugita Sweet, Futura, Goiana, Granex Ouro, IPA 6, IPA 9, Lucinda, Minerva, Montesina, MORENA, NBR 251, Nikita, Optima, Palma, Perfecta, Predator, Predileta, Primax, Python, Red Coach, Red Creole C-5, Regent, Rodeo, Roja Bela, Rosana, Roxa Red Creole c-5, Rubi, Serena, Sirius, Soberana, Teg 502, WHITEX, IPA 10 (ROXA), IPA 11.
AGRITU COMÉRCIO DE PRODUTOS AGROPECUÁRIOS LTDA.	6	Alvorada, Caeté, Catarina, Crioula, Salto Grande, Dourada, Rainha.
AGRITU SEMENTES LTDA_	7	Clarabela 10, IMPERIAL, MENINA, ÔMEGA, ONIX, Perolabela 11, SAFIRA.
AGROCINCO COMÉRCIO DE PRODUTOS AGROPECUÁRIOS LTDA_	17	Avá, Azteca, Charrua, Comanche, Gold Ball, Inca, Irati, Juma, Karajá, Koda, Moicano, Terena, TUSKER, Vilela, Xavante, Zaparo, Zulu.
AM PRODUÇÃO DE SEMENTES LTDA._	8	ID 127 CASTANHA, ID 132 PLANALTO, ID 163 Primola, ID 23 RUBY, ID 362 ESTRELA, ID 75 CERRO NEGRO, LG Fennix, LG PEROLLA.
ARTHUR ROTENBERG_	1	Caramelo.

BAYER S.A.	37	Caramelo, Colina, Gobi, Lambada, Luana, Natasha, NUN 1203, NUN 1603, SDO BR 01, SDO BR 02, SDO BR 03, SDO BR 04, SDO BR 05, SDO BR 06, SDO BR 07, SDO BR 08, SDO BR 09, SDO BR 10, SDO BR 11, SDO BR 12, SDO BR 13, SDO BR 14, SDO BR 15, SDO BR 16, SDO BR 17, SDO BR 18, SDO BR 19, SDO BR 20, SDO BR 21, SDO BR 22, SDO BR 23, SDO BR 24, SDO BR 25, SUNSET, Sweet Caroline, TUAREG.
BEJO SEMENTES DO BRASIL LTDA_	21	Alison, Alvara, Basic, Buzios, Expression, Hacienda, Itaparica, Maragogi, Missile, Pirate, Plano, Raider, RED DUKE, Red Hunter, Red Label, Red Sensation, Reforma, Thesis, Torero, Trancoso, Wayne.
BLUE SEEDS DO BRASIL PESQUISA, DESENVOLVIMENTO E COMÉRCIO LTDA	1	BS COPA0061.
CA PESQUISA E COMÉRCIO DE SEMENTES LTDA	13	Atacama, Carta blanca, Cimarron, Dulciana, MATA HARI, Nun 01502, Nun 01504, Nun 03803, NUN 1205, Nun 2255, RASTA, SERENGETI, Sofire.
D&PL BRASIL LTDA.	53	Akamaru, Ayoba, Baiadura, Bola Tropical, Cadillac, CAMPO LINDO, Candy, Century, Ceylon, Codal, Contessa, Duquesa, Duster, El Valle, Encino, EX 075 9 3001, EX 07521013, EX 07939002, Grand Valley, Granex 33, Granex 429, Grano 6835, Hoshi, HX 2004, IMPERATRIZ, LEONA, Linda Vista, Mercedes, Montana, Nomad, Nova Fronteira XP6803, Princesa, PS 7092, PS07421109, Red Creole, Red Maiden, Red Star, Redbone, Régia, RS 8014, Serrana, Shinju, SV7030NS, SVNJ3008, SVR 07931018, Texas Grano 438, Texas Grano 502, Tropical Valley, XP 07543011, XP 07543012, XP 6781, XP6781, XP8010.

EAGLE FLORES, FRUTAS & HORTALIÇAS LTDA_	10	ANDORINHA, ASA BRANCA, CAPITÃO, CHIBANTE, ESTRELA DA PRIMAVERA, GRALHA DO CAMPO, LUA DA PRIMAVERA, SABIÁ DA MATA, TESOURINHA, Tororó.
EDUARDO PERSCH_	10	BELASUL, Crioula Gl, JOIA, Libório, MASTERS, Pampeana, Preciosa, Reed Crioula, TAURA, TOPSUL.
EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA - EMBRAPA	12	Alfa Tropical, Beta Cristal, BRS 367, BRS Alfa São Francisco, BRS Carrancas, BRS Cascata, BRS Prima, BRS Riovale, BRS Sustentare, Conquista, Criola Mercosul, São Paulo.
EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA - EMBRAPAFELTRIN SEMENTES LTDA	1	Aurora.
EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA - EMBRAPAHORTEC TECNOLOGIA DE SEMENTES LTDA.	1	Primavera.
EMPRESA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA E EXTENSÃO RURAL DE SANTA CATARINA - EPAGRI	11	EMPASC 351 - Seleção Crioula, EMPASC 352 - Bola Precoce, EMPASC 355 - Juporanga, EMPASC 356 - Rosada, EPAGRI 362 - Crioula Alto Vale, EPAGRI 363 - Superprecoces, Norte 14 (Sel. Empasc), SCS366 Poranga, SCS373 Valessul, SCS378 Galega, SCS379 Robusta.
ENZA ZADEN IMP.E EXP. DE SEMENTES LTDA.	2	Gabriella, MANUELLA.
ENZA ZADEN IMPORTAÇÃO E EXPORTAÇÃO DE SEMENTES LTDA	21	Annika, Baiana, Brunella, Camilla, Cavalier, Chelsea, Copperhead, EZ5605, Francesca, Gamay, Generosa, Lombardi, Luminosa, Madalyn, Malbec, MIRELA, Patricia, Presto, Rebecca, Taila.

FELTRIN SEMENTES LTDA	35	Arabela, Ariela, Athena, Aurea, Baia Herval, Baia Periforme Melhorada, Branca Rainha para Conserva, Clover, Crioula Conesul, Crioula Seleccionada, Cristal Wax - Branca/Conserva, Cristal White Wax - conserva, Dolabela, GITANA, Graciela, Isa, Isis, Jubileu, Lola, Madeira, Madrugada, Marcela, Maryon, Omega, Pêra Norte 14 - Bojuda do Rio Grande, Pérola, Pira Ouro, Red Creole Chata Roxa, Rubina, Ruiva, Texas Early Grano 502, Texas Early Grano 502 PRR, Texas Grano, Tropicana, Vitoria.
FELTRIN SEMENTES LTDA HORTEC TECNOLOGIA DE SEMENTES LTDA.	1	Crioula Roxa.
FELTRIN SEMENTES LTDA TSV SEMENTES DE VEGETAIS LTDA.	2	Crioula, Baia Periforme.
GREEN MARKET INTERNATIONAL_	2	CAMP NOU, XIONA.
HAZERA SEEDS DO BRASIL LTDA_	9	CORUMBÁ, Mikado, Rio das Antas, Rio Grande, Rio Pardo, Rio Turvo, RIO VERMELHO, RUSSET, Sulista.
HM CLAUSE BRASIL COMÉRCIO DE SEMENTES LTDA	2	JOELINO, Onali.
HORTEC TECNOLOGIA DE SEMENTES LTDA.	15	Baia Periforme Crioula, Boreal, Camponesa, Claudia, Dallas, Georgea, HT 113, HT 125, HT 215, Iris, Luma, Mercosul HT, Milan, Noeli, Petrolina.
HORTICERES SEMENTES LTDA	3	HS 1069, Lara, Maju.
INSTITUTO AGRONÔMICO - IAC	1	IAC ARAM.
INSTITUTO AGRONOMICO DE PERNAMBUCO - IPA	7	Brisa IPA - 12, Brisaverão IPA 13, Composto IPA-6, Franciscana IPA - 10, Pêra IPA - 4, Roxa IPA - 3, ValeOuro IPA - 11.
ISLA SEMENTES LTDA	11	Angelina, DURGA, Granex Isla Importada, Ibiapaba, IS 071, IS 072, IS 087, IS 887, Jacobina, Raio de Sol,

		White Creole.
LUIS CARLOS POERSCH_	7	Lila, MAXSUL, MEGA, QUERÊNCIA, Rood, Rubra, Sentinela.
OXADIS - SOCIÉTÉ ANONYME	5	Amarela das Virtudes, Branca de Barletta, Branca de Vaugirard, Vermelha de Brunswick, Vermelha de Florença.
RICARDO AUGUSTO ZAPTER VALENÇA	1	Rio Guassu.
RONEI FREITAS DE FREITAS_	3	Agroney, DIVA, Fátima.
RUBEM DARI WILHELSEN_	6	RDW Luthy, RDW Potenthy, RDW Primy, RDW Redy, RDW Tuphy, RDW Valenty.
SAKATA SEED SUDAMERICA LTDA	48	502, 8613, 8622, 8623, 8624, 866, Ada, AF 2572, AF 2573, AF 2579, AF 2904, AF 3322, AF 3696, AF3838, AF4989, AF7327, Baia Super Precoce, Bella Catarina, Bella Crioula, Bella Dura, Bella Vista, Bola de Ouro, Dudalina, Early Red, Galil HA 7, Granex 90, H-9, Hazel, Híbrido 8631, Híbrido 8632, Show de Bola, Sienna, Sweet Harvest, VON 055, VON 056, VON 538, VON 539, VON 540, VON 545, VON 546, VON 547, VON075G, VON077G, VON078G, VON112G, VON113G.
SECRETARIA DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E DESENVOLVIMENTO RURAL/DDPA	1	FEPAGRO 27.
SEMENTES LIBÓRIO LTDA_	5	CAMPERA, Princesa Do Sul, Colorada, Gauchinha, Lotario.
SEMENTES SAKAMA LTDA_	2	Superex, White Lisbon.
SUNNY AGRO LTDA.	3	Alice, Eagle Select, Essex 5103.
SVS DO BRASIL SEMENTES LTDASAKATA SEED SUDAMERICA LTDA	1	Texas Grano 502 PRR.
TAKII DO BRASIL LTDA.	9	1686 TDB, 1692 TDB, 209 TDB, 7036 TDB, Arizona, Blanca Grande,

		Express, Podium, Superex.
TSV SEMENTES DE VEGETAIS LTDA.	11	Bola Suprema, CR 020, Divina, Itajubá, Kerina, MALTA, Mulata, POLLY, Roxa Mercúrio, Sprint, VELLOX.
VIDASUL SEMENTES LTDA_	3	CAMPECINA, VELOCE, Red Crioule (roxa).
VILMORIN DO BRASIL COMÉRCIO DE SEMENTES LTDA	1	Topazio.
W.E. GOTTARDO AGRÍCOLA - ME_	6	L G Faccinio, LG Alpina, LG GRANADA, LG Tainá, LG TEMPRANA, LG Toscana.

Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (Mapa) **Registro Nacional de Cultivares – RNC.** Disponível em < http://sistemas.agricultura.gov.br/snpc/cultivarweb/cultivares_registradas.php>. Acessado em 28/02/2021.

ANEXO II

Tabela - Espécies aceitas pelo ICTV para o gênero *Potyvirus* (2021).

Espécies atualmente aprovadas pelo ICTV (março, 2021)	Número de acesso (Acrônimos)
<i>African eggplant mosaic virus</i>	NC_043537 (AEMV)
<i>Algerian watermelon mosaic virus</i>	NC_010736 (AWMV)
<i>Alstroemeria mosaic virus; Alstroemeria streak virus</i>	NC_043135 (AIMV)
<i>Alternanthera mild mosaic virus</i>	NC_043136 (AltMMV)
<i>Amaranthus leaf mottle virus</i>	NC043420 (AmLMV)
<i>Amazon lily mosaic virus</i>	NC_043137 (ALiMV)
<i>Angelica virus Y</i>	NC_043138 (AVY)
<i>Apium virus Y; parsley virus Y</i>	NC_014905 (ApVY)
<i>Araujia mosaic virus</i>	NC_043139 (ArjMV)
<i>Arracacha mottle virus</i>	NC_018176 (AMoV)
<i>Aasparagus virus 1</i>	NC_025821 (AV1)
<i>banana bract mosaic virus</i>	NC_009745 (BBrMV)

<i>Barbacena virus Y</i>	NC_030847 (BarVY)
<i>Basella rugose mosaic virus</i>	NC_009741 (BaRMV)
<i>peace lily mosaic virus</i>	DQ851494 (PcLMV)
<i>bean common mosaic necrosis virus; bean common mosaic virus serotype A</i>	NC_004047 (BCMNV)
<i>blackeye cowpea mosaic virus</i>	NC_003397 (BICMV)
<i>peanut stripe virus</i>	U34972 (PStV)
<i>bean common mosaic virus</i>	AY112735 (BCMV)
<i>bean yellow mosaic virus</i>	NC_003492 (BYMV)
<i>white lupin mosaic virus</i>	DQ641248 (WhLMV)
<i>beet mosaic virus</i>	NC_005304 (BtMV)
<i>Bidens mosaic virus</i>	NC_023014 (BiMV)
<i>Bidens mottle virus; sunflower chlorotic spot virus</i>	NC_014325 (BiMoV)
<i>blue squill virus A</i>	NC_019415 (BSVA)
<i>Brugmansia mosaic virus</i>	NC_020105 (BruMV)
<i>Brugmansia suaveolens mottle virus</i>	NC_014536 (BsMoV)
<i>butterfly flower mosaic virus</i>	NC_043421 (BFMV)
<i>Calanthe mild mosaic virus</i>	NC_043140 (CalMMV)
<i>calla lily latent virus</i>	EF105299 (CLLV)
<i>Callistephus mottle virus</i>	NC_030794 (CalMoV)
<i>Canna yellow streak virus</i>	NC_013261 (CaYSV)
<i>carnation vein mottle virus</i>	NC_043141 (CVMoV)
<i>carrot thin leaf virus</i>	NC_025254 (CTLV)
<i>carrot virus Y</i>	NC_043142 (CarVY)
<i>Catharanthus mosaic virus</i>	NC_027210 (CatMV)
<i>celery mosaic virus</i>	NC_015393 (CeMV)
<i>Ceratobium mosaic virus</i>	NC_043143 (CerMV)
<i>chilli ringspot virus</i>	NC_016044 (CRSV)
<i>chilli veinal mottle virus</i>	NC_005778 (ChiVMV)

<i>Chinese artichoke mosaic virus</i>	NC_043144 (ChAMV)
<i>Clitoria virus Y</i>	NC_043145 (CIVY)
<i>clover yellow vein virus</i>	NC_003536 (CIYVV)
<i>cocksfoot streak virus</i>	NC_003742 (CSV)
<i>Columbian datura virus; Petunia flower mottle virus</i>	NC_020072 (CDV)
<i>Commelina mosaic virus</i>	MK409377 (ComMV)
<i>cowpea aphid-borne mosaic virus; South African passiflora virus</i>	NC_004013 (CABMV)
<i>cucurbit vein banding virus</i>	NC_035134 (CVBV)
<i>Cypripedium virus Y</i>	NC_043146 (CypVY)
<i>Cyrtanthus elatus virus A; Vallota speciosa virus</i>	NC_017977 (CEVA)
<i>Daphne mosaic virus</i>	NC_008028 (DapMV)
<i>Daphne virus Y</i>	NC_038984 (DVY)
<i>dasheen mosaic virus</i>	NC_003537 (DsMV)
<i>vanilla mosaic virus</i>	KX505964 (VanMV)
<i>Datura shoestring virus</i>	JN624776 (DSSV)
<i>Dendrobium chlorotic mosaic virus</i>	MK241979 (DeCMV)
<i>Dioscorea mosaic virus</i>	MH206616 (DMV)
<i>Diuris virus Y</i>	NC_043147 (DiVY)
<i>donkey orchid virus A</i>	NC_021197 (DOVA)
<i>East Asian Passiflora distortion virus</i>	LC379162 (EAPDV)
<i>East Asian passiflora virus</i>	NC_007728 (EAPV)
<i>endive necrotic mosaic virus</i>	AJ223827 (ENMV)
<i>Euphorbia ringspot virus</i>	AY697300 (EuRSV)
<i>Freesia mosaic virus</i>	NC_014064 (FreMV)
<i>fritillary virus Y</i>	NC_010954 (FVY)
<i>Gloriosa stripe mosaic virus; christmas bell potyvirus</i>	NC_038562 (GSMV)
<i>Gomphocarpus mosaic virus</i>	LC228573 (GoMV)

<i>Habenaria mosaic virus</i>	NC_021786 (HaMV)
<i>Hardenbergia mosaic virus</i>	NC_015394 (HarMV)
<i>henbane mosaic virus</i>	NC_043422 (HMaV)
<i>Hibbertia virus Y</i>	NC_043148 (HiVY)
<i>Hippeastrum mosaic virus</i>	NC_017967 (HiMV)
<i>hyacinth mosaic virus</i>	NC_037051 (HyaMV)
<i>impatiens flower break virus</i>	NC_030236 (IFBV)
<i>iris fulva mosaic virus</i>	(IFMV)
<i>iris mild mosaic virus</i>	NC_043149 (IMMV)
<i>iris severe mosaic virus</i>	NC_029076 (ISMV)
<i>Japanese yam mosaic virus</i>	NC_000947 (JYMV)
<i>Jasmine virus T</i>	NC_029051 (JVT)
<i>Johnsongrass mosaic virus; sugarcane mosaic virus Johnsongrass strain</i>	NC_003606 (JGMV)
<i>Kalanchoë mosaic virus</i>	NC_043150 (KMV)
<i>keunjong mosaic virus</i>	NC_016159 (KjMV)
<i>konjac mosaic virus; Japanese hornwort mosaic virus</i>	NC_007913 (KoMV)
<i>leek yellow stripe virus</i>	NC_004011 (LYSV)
<i>lettuce Italian necrotic virus</i>	NC_027706 (LINV)
<i>lettuce mosaic virus</i>	NC_003605 (LMV)
<i>lily mottle virus; tulip band breaking virus; tulip breaking virus lily strain</i>	NC_005288 (LMoV)
<i>lily yellow mosaic virus</i>	NC_040802 (LVY)
<i>lupine mosaic virus</i>	NC_014898 (LuMV)
<i>Lycoris mild mottle virus</i>	NC_043151 (LyMMoV)
<i>maize dwarf mosaic virus</i>	NC_003377 (MDMV)
<i>Malva vein clearing virus</i>	NC_043423 (MVCV)
<i>mashua virus Y</i>	MH680824 (MasVY)
<i>meadow saffron breaking virus</i>	NC_043152 (MSBV)

<i>Mediterranean ruda virus</i>	NC_043536 (MeRV)
<i>Moroccan watermelon mosaic virus</i>	NC_009995 (MWMV)
<i>Narcissus degeneration virus</i>	NC_008824 (NDV)
<i>Narcissus late season yellows virus</i>	NC_023628 (NLSYV)
<i>Narcissus yellow stripe virus</i>	NC_011541 (NYSV)
<i>Nerine yellow stripe virus</i>	NC_043153 (NeYSV)
nothoscordum mosaic virus	(NoMV)
<i>Onion yellow dwarf virus</i>	NC_005029 (OYDV)
<i>Ornithogalum stripe mosaic virus</i>	NC_019409 (OrMV)
<i>Ornithogalum virus 2</i>	NC_043154 (OrV2)
<i>Ornithogalum virus 3</i>	NC_043155 (OrV3)
<i>Panax virus Y</i>	NC_014252 (PanVY)
<i>papaya leaf distortion mosaic virus</i>	NC_005028 (PLDMV)
<i>papaya ringspot virus</i>	NC_001785 (PRSV)
<i>papaya ringspot virus; watermelon mosaic virus 1</i>	AY027810 (PRSV)
<i>Paris mosaic necrosis virus</i>	NC_043532 (PMNV)
parsnip mosaic virus	(ParMV)
<i>Passiflora chlorosis virus</i>	NC_043156 (PaCV)
<i>passion fruit woodiness virus</i>	NC_014790 (PWV)
<i>pea seed-borne mosaic virus</i>	NC_001671 (PSbMV)
<i>peanut mottle virus</i>	NC_002600 (PeMoV)
<i>pecan mosaic-associated virus</i>	NC_030293 (PMaV)
<i>Pennisetum mosaic virus</i>	NC_007147 (PenMV)
<i>pepper mottle virus</i>	NC_001517 (PepMoV)
<i>pepper severe mosaic virus</i>	NC_008393 (PepSMV)
<i>pepper veinal mottle virus</i>	NC_011918 (PVMV)
<i>pepper yellow mosaic virus</i>	NC_014327 (PepYMV)
<i>Peru tomato mosaic virus</i>	NC_004573 (PTV)

<i>Pfaffia mosaic virus</i>	NC_043157 (PfMV)
<i>Platycodon mild mottle virus</i>	MH779625 (PlaMMV)
<i>Pleione virus Y</i>	NC_043158 (PIVY)
<i>plum pox virus</i>	AJ243957 (PPV)
<i>plum pox virus</i>	X16415 (PPV)
<i>plum pox virus</i>	JQ794501 (PPV)
<i>plum pox virus</i>	AY912055 (PPV)
<i>plum pox virus</i>	AM157175 (PPV)
<i>plum pox virus</i>	KJ787006 (PPV)
<i>pokeweed mosaic virus</i>	JX291161 (PkMV)
<i>potato virus A</i>	NC_004039 (PVA)
<i>Tamarillo mosaic virus</i>	AJ131403 (TamMV)
<i>potato virus V</i>	NC_004010 (PVV)
<i>potato yellow blotch virus</i>	JX294310 (PYBV)
<i>Ranunculus leaf distortion virus</i>	NC_043159 (RanLDV)
<i>Ranunculus mild mosaic virus</i>	NC_043160 (RanMMV)
<i>Ranunculus mosaic virus</i>	NC_043161 (RanMV)
<i>Rhopalanthe virus Y</i>	NC_043162 (RhVY)
<i>saffron latent virus</i>	NC_036802 (SaLV)
<i>Sarcophilus virus Y</i>	NC_043163 (SaVY)
<i>scallion mosaic virus</i>	NC_003399 (ScaMV)
<i>shallot yellow stripe virus; Welsh onion yellow stripe virus</i>	NC_007433 (SYSV)
<i>sorghum mosaic virus</i>	NC_004035 (SrMV)
<i>soybean mosaic virus</i>	NC_002634 (SMV)
<i>Agropyron mosaic virus</i>	AJ507388 (SMV)
<i>Spiranthes mosaic virus 3</i>	NC_043164 (SpMV3)
<i>Sudan watermelon mosaic virus</i>	NC_035459 (SuWMV)
<i>sugarcane mosaic virus</i>	NC_003398 (SCMV)

<i>sunflower chlorotic mottle virus</i>	NC_014038 (SCMoV)
<i>sunflower mild mosaic virus</i>	NC_021065 (SMMV)
<i>sunflower mosaic virus</i>	NC_043165 (SuMV)
<i>sunflower ring blotch virus</i>	NC_034208 (SuRBV)
<i>sweet potato feathery mottle virus</i>	NC_001841 (SPFMV)
<i>sweet potato latent virus</i>	NC_020896 (SPLV)
<i>sweet potato mild speckling virus</i>	NC_038563 (SPMSV)
<i>sweet potato virus 2; Ipomoea vein mosaic virus; sweet potato virus Y</i>	NC_017970 (SPV2)
<i>sweet potato virus C</i>	NC_014742 (SPVC)
<i>sweet potato virus G</i>	NC_018093 (SPVG)
<i>Tamarillo leaf malformation virus</i>	NC_026615 (TLMV)
<i>Telfairia mosaic virus</i>	KU683744 (TeMV)
<i>Telosma mosaic virus</i>	NC_009742 (TelMV)
<i>Thunberg fritillary mosaic virus</i>	NC_007180 (TFMV)
<i>tobacco etch virus</i>	NC_001555 (TEV)
<i>tobacco mosqueado virus</i>	NC_030118 (TMosqV)
<i>tobacco vein banding mosaic virus</i>	NC_009994 (TVBMV)
<i>tobacco vein mottling virus</i>	NC_001768 (TVMV)
<i>tomato necrotic stunt virus</i>	NC_017824 (TNSV)
<i>Tradescantia mild mosaic virus</i>	NC_043166 (TraMMV)
<i>tuberoze mild mosaic virus</i>	NC_043167 (TuMMV)
<i>tuberoze mild mottle virus</i>	NC_043424 (TuMMoV)
<i>tulip breaking virus</i>	NC_043168 (TBV)
<i>tulip mosaic virus</i>	NC_043425 (TulMV)
<i>turnip mosaic virus</i>	NC_002509 (TuMV)
<i>twisted-stalk chlorotic streak virus</i>	NC_043169 (TSCSV)
<i>Vallota mosaic virus</i>	NC_043170 (ValMV)
<i>vanilla distortion mosaic virus</i>	NC_025250 (VDMV)

<i>Verbena virus Y</i>	NC_010735 (VVY)
<i>watermelon leaf mottle virus</i>	NC_043171 (WLMV)
<i>watermelon mosaic virus; watermelon mosaic virus 2</i>	NC_006262 (WMV)
<i>wild melon banding virus</i>	NC_035458 (WMVBV)
<i>wild onion symptomless virus</i>	NC_030391 (WoSV)
<i>wild potato mosaic virus</i>	NC_004426 (WPMV)
<i>wild tomato mosaic virus</i>	NC_009744 (WTMV)
<i>Wisteria vein mosaic virus</i>	NC_007216 (WVMV)
<i>yam mild mosaic virus</i>	NC_019412 (YMMV)
<i>yam mosaic virus</i>	NC_004752 (YMV)
<i>yambean mosaic virus</i>	NC_016441 (YBMV)
<i>Zantedeschia mild mosaic virus</i>	NC_011560 (ZaMMV)
<i>Iranian johnsongrass mosaic virus</i>	NC_018833 (IJGMV)
<i>Zea mosaic virus</i>	AF228693 (ZeMV)
<i>zucchini shoestring virus</i>	NC_043172 (ZSV)
<i>zucchini tigre mosaic virus</i>	NC_023175 (ZTMV)
<i>zucchini yellow fleck virus</i>	NC_043173 (ZYFV)
<i>zucchini yellow mosaic virus</i>	NC_003224 (ZYMV)

Fonte: ICTV na internet-https://talk.ictvonline.org/ictv-reports/ictv_online_report/positive-sense-rna-viruses/w/potyviridae/572/genus-potyvirus. Dominio, *Riboviria*, *Orthornavirae*, *Pisuviricota*, *Stelpaviricetes*, *Patatavirales*, *Potyviridae*.