



UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA
DEPARTAMENTO DE FITOPATOLOGIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM FITOPATOLOGIA

*Caracterização biológica e molecular do complexo
Potato virus Y (PVY) infectando plantas de batata de
distintas regiões produtoras do Brasil.*

Patrícia Pereira da Silva

Brasília-DF
2008



UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA
DEPARTAMENTO DE FITOPATOLOGIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM FITOPATOLOGIA

*Caracterização biológica e molecular do complexo
Potato virus Y (PVY) infectando plantas de batata de
distintas regiões produtoras do Brasil.*

PATRÍCIA PEREIRA DA SILVA

Dissertação apresentada ao Departamento
de Fitopatologia do Instituto de Ciências
Biológicas da Universidade de Brasília
como requisito para obtenção do título de
mestre em Fitopatologia.

Brasília-DF
2008

Trabalho desenvolvido junto ao Departamento de Fitopatologia da Universidade de Brasília e à Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária / Centro Nacional de Pesquisa de Hortaliças (Embrapa Hortaliças), sob a orientação do Dr. Renato de Oliveira Resende e com apoio financeiro do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

Banca examinadora:

Dr. Renato de Oliveira Resende
Universidade de Brasília-Orientador

Dr. Tatsuya Nagata
Universidade de Brasília

Dra. Simone da Graça Ribeiro
Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

A Deus e a Santa Rita da Cássia,
que de alguma forma deram-me
força.

OFEREÇO

Aos meus pais, *Antônio & Maria*, a
minha filha *Thaíssa*, Minhas irmãs,
Mariana e Viviane pelo carinho,
apoio e confiança.

DEDICO

Agradecimentos

Ao Dr. Renato de Oliveira Resende, pela orientação, apoio, confiança, ensinamentos e incentivo profissional.

A Dr. Alice pela paciência, amizade, solidariedade, apoio nas horas difíceis, além do grande exemplo de profissionalismo, muito obrigada!

Ao Dr. Antonio Carlos de Ávila, pelo apoio, confiança e orientação.

À universidade Federal de Brasília, especialmente ao Departamento de Fitopatologia pela oportunidade de realizar o curso de Mestrado.

A todos os professores do departamento de fitopatologia, pelos ensinamentos e disponibilidade.

A Embrapa Hortaliças por disponibilizar suas instalações para execução deste trabalho e aos pesquisadores Dr. Paulo de Melo, Dra. Nirlene Junqueira Vilela pelo auxílio e atenção.

Ao CNPq pelo suporte financeiro para andamento desse trabalho.

A todos os amigos do mestrado, cujos caminhos se cruzaram diante de um ideal comum, sempre soubemos conviver e nos respeitar, ainda que nem sempre compartilhássemos as mesmas idéias, empreendemos muitas lutas juntos e muitas ainda nos aguardam talvez em trilhas diferentes: Anelise, Keize, Cristiane, Leonardo A., Silvia, Eliane, Leonardo M., Leonardo L., Magno, Gisele, Sebastião, Ana Paula, Jaqueline, Paulo, Uéllen, Leandro, Rafael, Marcelo, Bruno.

Ao funcionário da Embrapa Hortaliças, e acima de tudo um grande amigo, Lúcio Flávio, obrigada por todo apoio, ensinamento e amizade.

Aos funcionários da Embrapa Hortaliças, Oneilson e Hamilton por todo apoio concedido na realização deste trabalho.

Aos colegas e amigos dos laboratórios de Virologia e Biologia Molecular, Anelise, Cristiane, Edimércia, Érico, Fabrício, Filipe, Juliano, Leonardo, Lindolfo, Mariana H., Mariana M., Paulo, Pedro Paulo, Rita, Sarah, Silvia, Vinícius, pela alegre convivência, apoio e companheirismo.

Em especial a grande amiga, Rita de Cássia Pereira, pela amizade sólida e verdadeira, pela nossa alegre e tranqüila convivência, pela energia positiva e pelo carinho.

A minha família, meu porto seguro, que sempre me apoio, me incentivou, bateu palmas quando tinha que bater e puxou a orelha quando tinha que puxar muito obrigada!

A todos os meus amigos que sempre me incentivaram.

“As maiores desgraças que se aproximam silenciosamente de nosso planeta são a ignorância e a opressão, e não a ciência, a tecnologia e a indústria, cujos instrumentos, quando manejados corretamente, são indispensáveis na resolução de grandes problemas mundiais, como a superpopulação, a fome e as doenças, permitindo um futuro moldado pela humanidade, por si e para si mesma.”
Parágrafo último do “apelo de Heidelberg”, Rio- 92.

“O que importa na vida não é o ponto de partida, mas a caminhada. Caminhando e semeando, no fim terás o que colher.”
(Cora Coralina)

Sumário

PREFÁCIO.....	1
DEDICATÓRIA.....	2
AGRADECIMENTOS.....	3
SUMÁRIO.....	6
RESUMO.....	9
ABSTRAT.....	12
INTRODUÇÃO GERAL.....	14
REVISÃO DE LITERATURA.....	18
1-cultura	18
1.2-Fitossanidade e degenerescência da batata- semente.....	19
2- PVY – <i>Potato virus Y</i>	21
2.1- Características gerais.....	21
2.2 - Composição e organização genômica.....	24
2.3- Sintomas.....	27
2-4-Transmissão.....	28
2.5-Estirpes e subgrupos do PVY.....	28
2.5.1- <i>Potato virus Y</i> - PVY ^O (“ordinary strain”).....	29
2.5.2- <i>Potato virus Y</i> - PVY ^N (necrotic strain)	30
2.5.3- <i>Potato vírus Y</i> -PVY ^C (Common).....	31
2.6-Subgrupo Necrótico.....	31
2.6.1- <i>Potato virus Y</i> - PVY ^{N:O} (PVY ^{NW}).....	31
2.6.2- <i>Potato virus Y</i> - PVY ^{NTN} (necrotic tuber necrosis).....	32
2.7- Ocorrência de recombinação em PVY.....	35
2.8- Identificação específica de estirpes de PVY.....	36
Material e métodos.....	40
1- Identificação e manutenção dos isolados de Potyvirus.....	40
2- Testes sorológicos.....	40
3-Purificação Biológica.....	41
4-Comparação de patogenicidade em diferentes variedades de batatas.....	42
5- Purificação de partículas dos isolados virais.....	43

6- Extração de RNA Viral.....	44
7- Síntese dos oligonucleotídeos	44
8-Síntese de cDNAs e amplificação do genoma viral via PCR.....	47
9-Preparo de células bacterianas competentes para clonagem.....	49
10- Clonagem do genoma completo dos isolados de PVY.....	50
11-Extração de DNA plasmidial em pequena escala (mini-prep) e digestão.....	52
12- Seqüenciamento e análise das seqüências.....	54
Resultados.....	55
1-Teste sorológico.....	55
1.2-Purificação Biológica.....	56
2-Comparação de patogenicidade em diferentes variedades de batatas.....	58
3- Sínteses dos oligonucleotídeos.....	64
4- Síntese de cDNAs e amplificação do genoma viral via PCR.....	66
5- Clonagem do genoma completo dos isolados de PVY.....	67
6- Seqüenciamento e Analise das seqüências.....	68
6.1- Comparação da seqüência de nucleotídeos da região 5'UTR.....	70
6.2- Alinhamento múltiplo dos nucleotídeos da região 5'UTR.....	72
6.3- Comparação da seqüência de nucleotídeos da região P1.....	73
6.4- Alinhamento múltiplo dos nucleotídeos da região P1.....	74
6.5- Comparação da seqüência de nucleotídeos da região HC-PRO.....	75
6.6- Alinhamento múltiplo dos nucleotídeos da região HC-PRO.....	76
6.7- Comparação da seqüência de nucleotídeos da região P3 e CI.....	77
6.8- Alinhamento múltiplo dos nucleotídeos da região P3 e CI.....	79
6.9-Comparação da seqüência de nucleotídeos da região 6K1 e 6K2.....	79
6.9.10-O alinhamento múltiplo de nucleotídeos da região 6K1 e 6K2.....	82
6.9.11-Comparação da seqüência de nucleotídeos da região VPg.....	83
6.9.12-O alinhamento múltiplo de nucleotídeos da região VPg.....	84
6.9.13-Comparação da seqüência de nucleotídeos da região Nia.....	84
6.9.14 - Alinhamento múltiplo de nucleotídeos da região Nia.....	86
6.9.15-Comparação da seqüência de nucleotídeos da região Nib.....	86
6.9.16- O alinhamento múltiplo nucleotídeos da região Nib.....	87
6.9.17-Comparação da seqüência de nucleotídeos da região CP.....	88
6.9.18-O alinhamento múltiplo de nucleotídeos da região CP.....	89

6.9.19-Comparação da sequência de nucleotídeos da região 3'UTR.....	90
6.9.20-O alinhamento múltiplo de nucleotídeos da região 3'UTR.....	90
Discussão.....	90
Referência bibliográfica.....	98
Anexo.....	113

Resumo

Caracterização biológica e molecular do complexo Potato virus Y (PVY) infectando plantas de batata de distintas regiões produtoras do Brasil.

A batata (*Solanum tuberosum*) é um dos alimentos mais consumidos no mundo, depois do arroz, trigo e milho. Sua produção pode ser afetada por fatores bióticos e abióticos, sendo que, em relação aos patógenos, os vírus se encontram entre os mais importantes causando rápida degenerescência dos tubérculos, após multiplicação em campo. O vírus *Potato Virus Y* (PVY) espécie-tipo do gênero *Potyvirus* tem sido o principal vírus da cultura nos últimos anos. O complexo PVY é formado por várias estirpes que atacam a batateira como: PVY^O (grupo comum), PVY^N (grupo necrótico) e PVY^C, sendo essa última ainda não encontrado na Brasil. Ainda existe o sub-grupo necrótico, PVY^{N:O} que causa necrose de nervura em fumo e pode ou não causar necrose em tubérculos de batata. Outro membro do subgrupo necrótico é o PVY^{NTN}, que induz além de mosaico nas folhas, sintomas de anéis em tubérculos. Atualmente, o PVY^{NTN} é o principal vírus ocorrendo em batateira no Brasil e em várias partes do mundo. No Brasil já foram relatados isolados apresentando características bio-sorológicas diferentes, porém, não há dados na literatura sobre suas características moleculares. Devido a esse desconhecimento da diversidade do complexo do PVY no Brasil, neste trabalho foram realizados estudos comparativos, biológicos e moleculares, entre duas estirpes classificadas como PVY^N e PVY^O e dois isolados do subgrupo necrótico PVY^{NTN}. Esses isolados foram coletados em diferentes regiões produtoras do país sendo designados ITA (Itapetininga-SP), VGS (Vargem Grande do Sul-MG) OBR (região Centro-Oeste) e NBR (região Centro-Oeste). O primeiro passo realizado foi à purificação biológica dos isolados através de diluições seriadas do inóculo, sendo posteriormente, conduzido um estudo de avaliação dos sintomas em oito variedades de

batata. Todos os isolados causaram sintomas de mosaico e deformação foliar nas plantas variando em sua intensidade. Em geral, o PVY^O (isolado OBR) induziu necrose de nervuras e mosaico, o PVY^N (NBR) encurtamento do pecíolo e leve deformação foliar e os isolados de PVY^{NTN} (ITA e VGS) mosaico, deformação foliar e sintomas de anéis nos tubérculos. O isolado VGS, PVY^{NTN}, induziu também sintomas de intensa deformação foliar (topo-crespo ou bouquet) nas variedades Canoinhas, Monalisa e Mondial. Já no estudo molecular foi realizado o sequenciamento de vários genes e regiões não-codantes dos isolados, sendo que o sequenciamento completo dos quatro isolados encontra-se em fase de conclusão. Os resultados das comparações de identidades de nucleotídeos das regiões genômicas seqüenciadas e dos grupamentos obtidos a partir das árvores filogenéticas produzidas, permitem concluir até o momento, que os isolados brasileiros apresentam relacionamento filogenético com isolados americanos e com isolados europeus. O compartilhamento de seqüências desses dois grupos geograficamente distintos pode estar relacionado à importação histórica de batata semente pelo Brasil de países dos dois continentes. Ficou evidente que os isolados do subgrupo PVY^{NTN} possuem seu genoma constituído por uma mistura de segmentos genômicos com traços de PVY^N e PVY^O. Também foi observado que as regiões do genoma que formam a 5'UTR, 6K1, 6K2, CP e 3' UTR parece não estarem correlacionadas com a expressão de sintomas. Por outro lado, as regiões VPg, NIa e NIb, podem ser responsáveis pela indução de sintomas de necrose em tubérculos de batata com maior frequência nos isolados PVY^{NTN}, quando comparados com isolados do subgrupo PVY^{N:O}. No entanto, a variabilidade encontrada indica a região P1 com maior potencial para ser empregada no estudo de expressão de sintomas. Porém, somente com a conclusão do sequenciamento completo do genoma dos isolados brasileiros, possibilitando a localização de eventos de seleção e possível recombinação

nas proteínas virais e regiões reguladoras permitirá obtermos conclusões sobre a evolução do complexo PVY no país. Essas comparações poderão contribuir para a elucidação das diferenças entre isolados brasileiros e aqueles provenientes de outros países e para o entendimento dos fatores que levam o PVY a produzir variantes. O conhecimento da diversidade de isolados do complexo PVY no Brasil, sem dúvida contribuirá para o estudo epidemiológico dessa virose, assim como, para o estabelecimento de métodos de manejo das infecções virais por estirpes de PVY em condições de campo.

Abstract

Biological and molecular characterization of the complex *Potato virus Y* (PVY) infecting potato plants of different producing regions of Brazil.

Potato (*Solanum tuberosum*) is one of the most consumed foods in the world, next to rice, wheat and maize. The production can be affected by biotic and abiotic factors. Viruses are one of most important pathogens because it can cause rapid degeneration of the tubers, after multiplication in the field. PVY has been the main virus species causing severe losses in potatoes in the last six years. The PVY strains infecting potato are: PVY^O (ordinary group), PVY^N (necrotic group) and PVY^C, this last strain has not yet been found in Brazil. There is the sub-group necrotic, PVY^N, which causes necrosis when inoculated in tobacco plants and may or may not cause necrosis in potato tubers. The other member of the subgroup is the necrotic PVY^{NTN}, which induces mosaic on the leaves and necrotic ringspot in potato tubers. In Brazil PVY^{NTN} was isolated presenting different biological and serological features, but no molecular characteristics has been published. Because of this lack study in the PVY complex in Brazil, this work carried out comparative studies, of molecular and biological characteristics, between two strains, a PVY^N and a PVY^O (denoted OBR - Center-West region) e NBR (denoted OBR also from Center-West region of Brazil) two isolates of the subgroup PVY^{NTN}. Denoted ITA (Itapetininga-SP), VGS (Vargem Grande do Sul-MG). For the biological studies an assessment of symptoms in eight varieties of potatoes was made. All isolates caused symptoms of mosaic and leaf deformation on plants varying in its intensity. In general, the PVY^O induced veinal necrosis and mosaic, the PVY^N shortening of the leaf petiole and mild deformation and PVY^{NTN} caused mosaic, leaf deformation and necrotic rings in the tubers. The VGS isolate PVY^{NTN},

also induced symptoms of intense leaf deformation (bouquet) in the potato varieties Canoinhas, Monalisa and Mondial. In the molecular study the sequencing of several protein isolates was performed and the complete sequencing of four isolated is being completed. Based on the results obtained we can conclude so far, that the Brazilians isolates shared phylogenetic relationships with Americans and Europeans isolates, probably as a consequence of seed potato imports from these countries that allowed virus introduction in Brazilian potatoes fields. The genome of the isolates belonging to the subgroup of PVY^{NTN} consists of a mixture of segments present in PVY^N and PVY^O genomes. We also observed that the protein regions 5'UTR, 6K1, 6K2, VPg, NIa, NIb, CP AND 3 'UTR are not correlated with the expression of symptoms, and that regions VPg, NIa and NIb, may be responsible for induction of symptoms of necrosis in potato tubers, more frequently in the isolate PVY^{NTN} when compared with isolate from the subgroup PVY^N. The region P1 seems to be a putative candidate to study the expression of symptoms. More will be needed to complete the sequencing of the genome of the PVY strains to determine the selection pressure for protein mutation and virus recombination and thereby determine their roles and understand their biological role in the field. The elucidation of biological and molecular characteristics of PVY variants can provide better strategies and establish methods of management of viral infection under field conditions.

Introdução Geral

A batata (*Solanum tuberosum*) é originária da América Latina no século XVI foi introduzida na Europa por colonizadores espanhóis como planta ornamental, tornando-se um alimento de grande importância para os europeus. No ano de 1620 chegou à América do Norte onde se tornou um alimento popular (ABBA, 2005). Com o processo de colonização realizado pela Inglaterra, a cultura foi disseminada para as regiões tropicais e subtropicais do planeta, tornando-se a base da alimentação de muitos povos (Figueira, 2000). É o cultivo que produz mais energia e proteína por hectare por dia, o que torna a cultura uma ótima alternativa para aumentar a produção de alimentos nos países em desenvolvimento (Hidalgo, 1985).

O Brasil detém o 19º lugar em produção total e em área plantada, com 3,1 milhões de toneladas por ano em uma área de 150 mil hectares, com uma produtividade média de 20,94 t/ha (Agrianual, 2005). Na América do Sul o Brasil é o maior produtor, com cerca de 1% da produção mundial (FAO, 2007). O país produziu no ano de 2007 3.390,466 t (IBGE, 2008).

O cultivo da batata no país é feito basicamente com a utilização de cultivares importadas, principalmente do Canadá e da Holanda. Essas batatas- sementes, provenientes desses e de outros países, geralmente apresentam boas qualidades fitossanitárias, porém, às vezes, constituem um problema para cultura em termos agrônômicos, pois podem aumentar a possibilidade da introdução e disseminação de patógenos que podem ser transmitidas pelo tubérculo (Cardoso e Guglielmelli Fº, 1982; Souza-Dias, 1996).

Os principais problemas fitossanitários da batata são causados por vírus (Figueira, 2000). Contribuem para isso fatores como o elevado potencial de inóculo

representado por plantas hospedeiras, cultivadas ou de vegetação espontânea, presença de população de vetores praticamente todo o ano, dificuldade de reconhecimento de sintomas primários e batatas-sementes infectadas, entre outros.

Até meados de 1995, o vírus *Potato leafroll virus* (PLRV), era considerado o principal responsável por perdas na cultura da batata no Brasil. Entretanto um isolado do *Potato virus Y* (PVY), com rápida disseminação em campo, mudou esse quadro e o PVY passou a ser uma das principais causas de condenação e reclassificação da batata-semente nos estados produtores (Figueira *et al.*, 1996).

A família *Potyviridae* é a mais importante família de vírus de planta conhecida, causando doenças em diversas culturas. Essa família possui seis gêneros, divididos de acordo com vetor de transmissão, gama de hospedeiros e organização genômica: *Ipomovirus*, *Macluravirus*, *Rymovirus*, *Tritimovirus*, *Bymovirus*, e *Potyvirus*, (Fauquet *et al.*, 2005; Adams *et al.*, 2005).

O gênero *Potyvirus* é o maior e o mais importante gênero dentro da família, infectando uma ampla variedade de plantas, tanto monocotiledôneas como dicotiledôneas. O gênero é constituído por vírus transmitidos por afídeos e que possuem apenas um componente genômico. A espécie tipo do gênero é o *Potato virus Y* (PVY), importante patógeno na cultura da batata (Van Regenmortel *et al.*, 2000).

O PVY apresenta partículas flexuosas, variando de 680 a 900 nm, de comprimento entre 11 a 13nm de diâmetro (Edwardson *et al.*, 1984; Murphy *et al.*, 1995). As partículas são compostas por de RNA de fita simples de senso positivo com uma única fase de leitura (OPEN READING FRAME-ORF) que é traduzida em uma poliproteína de 340-370 kDa (Matthews, 1979, Adams *et al.*, 2005). Na região 3' terminal apresenta uma cauda poliadenilada poli(A) e na 5' terminal uma proteína VPg. A poliproteína é processada por três proteinases virais, NIa, P1 e HC-Pro, em 10

proteínas: a proteína N terminal (P1), a proteinase componente auxiliar (HC-Pro), a proteína P3, a proteína inclusão citoplasmática (CI), duas proteínas de inclusão nuclear (NIa e NIb), duas proteínas pequenas (6K1 e 6K2) e a proteína do capsídeo viral (CP) (Urcuqui-Inchima *et al.*, 2001; Adams *et al.*, 2005).

Os sintomas induzidos por PVY variam com o genótipo e a idade do hospedeiro, a estirpe e a concentração do vírus, além de fatores ambientais, como a temperatura, podendo variar desde infecção latente até necrose pronunciada de folhas e morte de suas hospedeiras (Le Romancer & Nedellec, 1997). As estirpes de PVY que infectam a batata, segundo critérios biológicos e sorológicos (De Bokx & Huttinga, 1981) são PVY⁰ (grupo comum) que causa mosaico leve em plantas de fumo (*Nicotiana tabacum*) e sintomas que variam de fracos a severos em batatas, PVY^C provoca uma resposta de hipersensibilidade em cultivares de batatas que possuem o gene *Nc*, causando necrose e PVY^N (grupo necrótico), que induz necrose de nervura em fumo e em batata provoca sintomas variáveis de mosaico (Weidemann, 1988; Souza-Dias, 1996; Figueira, 1999).

Observa-se também a ocorrência de subgrupos, como o PVY^{N:O} e o PVY^{NTN} (Nie & Singh, 2003). Entre os subgrupos, o PVY^{NTN}, vem causando sérios prejuízos para os produtores de batatas em todo o mundo, principalmente pelos danos causados nos tubérculos (Nie *et al.*, 2004). Souza-Dias (1996) foi quem primeiro que alertou para o perigo da introdução dessa variante no país através de importação de batata-semente.

O PVY^{NTN} induz um mosaico severo em plantas de batatas, com folíolos apicais apresentando-se ondulados. Além disso, esses isolados podem induzir necroses superficiais em tubérculos de algumas variedades de batata. Essas necroses geralmente adquirem forma de anéis, números ou letras na superfície dos tubérculos. (Jeffries, 1998; Sousa-Dias, 2001). Já o PVY^{N:O} provoca necroses de nervura em plantas de fumo,

e também podem causar necrose nos tubérculos de batata. (Nie *et al.*, 2004; Piche *et al.*; 2004).

A região da capa protéica, por possuir epitopos espécies-específicos, é a responsável pelas características sorológicas dos vírus (Shukla & Ward, 1989a;b; Cerovská *et al.*; 1999; Oununa *et al.*; 2002). Mas o uso de anticorpos baseados na capa protéica de PVY não possibilita a diferenciação entre estirpes e os subgrupos do PVY, isso se deve a uma diferença que ocorre na região do epitopo. Por esse motivo, novas técnicas de identificação vêm surgindo, principalmente com o uso da biologia molecular.

Devido ao desconhecimento da diversidade do complexo PVY no Brasil, este trabalho teve como objetivo desenvolver estudos comparativos biológicos e moleculares entre as estirpes de PVY na cultura da batata, contribuindo para o monitoramento da diversidade, disseminação e predominância das diversas estirpes em condições de campo no Brasil. Para realização desse estudo foram selecionados quatro isolados preliminarmente detectados através de anti-soros policlonais, purificados biologicamente via sucessivas diluições de inóculo e identificados através de RT-PCR com primers específicos. O genoma completo dos quatro isolados foi clonado e parcialmente seqüenciado, as seqüências foram analisadas filogeneticamente sendo feito um estudo de identidade entre as estirpes e os subgrupos.

Revisão de literatura

1-A cultura

A batata (*Solanum tuberosum L.*) é originária das regiões andinas da América do Sul, como Peru, Colômbia, Bolívia, Chile e Equador. Nos Andes a bataticultura tem sido praticada pelos indígenas nos últimos oito milênios, havendo oito espécies botânicas cultivadas e mais de 200 espécies tuberíferas silvestres. A cultura foi introduzida na Europa em 1570, após a conquista do império inca pelos espanhóis, de onde foi disseminada para todo o continente, principalmente para Inglaterra, originando-se daí o nome popular batata-inglesa (Filgueira, 2003).

A batata ocupa o quarto lugar entre os alimentos consumidos no mundo, sendo superada apenas pelo trigo, milho e arroz (IBGE, 2008). A produção mundial em 2006 foi de 314.37 milhões de toneladas, sendo a China o maior produtor, contribuindo com 703.38 t (FAO, 2008).

Na América do Sul os principais produtores de batata são o Peru, Brasil e Colômbia (FAO, 2008). Na América Latina, o Brasil ocupa o segundo lugar na produção, com uma safra no ano de 2007 de 3.390,466 t (IBGE, 2008). Os maiores estados produtores são Minas Gerais, São Paulo, Paraná, Rio Grande do Sul e Bahia. O estado de Minas Gerais e o estado de São Paulo, em porcentagem de área plantada, detêm o melhor nível tecnológico e com isso a melhor produtividade e qualidade dos tubérculos do país (Grando, 2002). Minas Gerais produziu uma safra de 993.996t em 36.837ha em 2006, já o estado de São Paulo produziu 726.960t em 32.070ha (IBGE, 2008).

No Brasil a batata é cultivada em três safras distintas, conhecida como “das águas”, “da seca” e “de inverno”. A safra das águas ocorre no período de agosto a

dezembro principalmente com os plantios nos estados do Rio Grande do Sul, Santa Catarina, Paraná, Minas Gerais e São Paulo. Entre as três safras, essa é a que ocupa a maior área, que varia de 110 a 120 mil hectares. Já a safra da seca, ocorre no período que vai de dezembro a abril e o seu plantio é feito principalmente nos estados Rio Grande do Sul, Santa Catarina, Paraná, Minas Gerais e São Paulo, ocupando uma área de 50 a 65 mil hectares. A safra de inverno ocorre entre abril a julho, ocupando uma área de 18 a 25 mil hectares, ocorrendo principalmente nos estados do Espírito Santo, Minas Gerais e São Paulo (FAO, 2008).

1.2-Fitossanidade e degenerescência da batata-semente

Muitas doenças podem afetar a cultura, tanto de origem biótica como abiótica. Mais de 70 doenças bióticas têm sido relatadas, dentre as quais, pelo menos 40 são causadas por vírus (Figueira, 1999). Entre os vírus o *Potato virus Y* (PVY) é considerado hoje o vírus que causa mais danos econômicos para a cultura da batata em quase todo o mundo. O surgimento de subgrupos necróticos contribuiu para esse aumento de infecção de PVY em todo o mundo, possivelmente através do uso de batata-semente contaminada (Singh, *et al.*, 2007).

As viroses causam a redução da produtividade da cultura da batata, promovendo a degenerescência da batata-semente, com as sucessivas multiplicações. Isto ocorre devido ao acúmulo de vírus nos tubérculos, fazendo com que essas originem plantas cada vez menos produtivas, podendo inviabilizar a cultura (Câmara, Cupertino e Filgueira, 1986, Silva, 1987).

As viroses podem ser agrupadas em mosaicos leves e latentes (*Potato virus A*, *Potato virus X*, *Potato virus M* e *Potato virus S*), e mosaicos severos (*Potato virus Y*)

(Filgueira, 1982). Alguns vírus podem levar à redução de peso e número de tubérculos, e até a morte da planta em infecções mais severas.

Entre as viroses causadoras de degenerescência da batata-semente, as de maior importância econômica são as transmitidas por afídeos (Puttemans, 1934; Slack, 1993; Souza-Dias & Iamauti, 2005). No Brasil, até a década de 1980 o *Potato leafroll virus* (PLRV) era o principal responsável por perdas nos campos. A partir da década de 1990, o PVY passou a ser o principal agente relacionado à degenerescência da batata-semente no país (Souza-Dias, 1995; Figueira *et al.*, 1996; 1999).

No Brasil, houve a necessidade de se estabelecer um programa de certificação de batata-semente a partir da década de 1930, quando foi verificada a importância das moléstias causadoras de degenerescência. A produção nacional de batata semente não é suficiente para atender a demanda dos produtores. Dessa forma, o estoque básico de batata-semente nacional sempre foi suprido pela importação anual desse insumo, chegando a gastos de divisas equivalentes a 15 ou 20 milhões de dólares durante a década de 80, com importação de quase 500 mil caixas de 30 kg por ano (Souza-Dias, 2000a).

A qualidade fitossanitária da batata-semente é um fator fundamental para garantir a produtividade da cultura. Uma batata-semente de baixa qualidade pode comprometer toda uma safra, mesmo que todas as outras condições estejam favoráveis ao cultivo. Portanto, para o sucesso do cultivo, é preciso a utilização de uma batata-semente de boa sanidade, estado fisiológico e brotação adequada (Furomoto & Lopes, 1997).

O processo de produção da batata-semente visa à multiplicação de sementes livres de vírus e de outras doenças que possam ser transmitidas por tubérculo, até atingir um nível compatível com o custo e demanda do mercado, sendo que, em cada geração, a

qualidade vai diminuindo devido à degenerescência fisiológica e fitopatológica (Hirano, 1987).

A produção de batata-semente no Brasil iniciou-se na Cooperativa de Cotia no final da década de 1950, com a multiplicação da batata-semente importada da Europa. A partir da década de 1970 houve um aumento na produção da batata-semente no país (Hirano, 1987). Nessa década o Brasil importava mais de 500.000 caixas de batata-semente certificada da Europa. O governo acabou lançando um plano para reduzir a importação. Com isso a Embrapa lançou a produção de batata-semente através da biotecnologia. Com uso da biotecnologia, nas décadas de 1980 e 1990, foram produzidos 25% da necessidade nacional de batata-semente básica (Hirano, 2002).

A região sul é a área mais importante na produção de batata-semente no país, chegando a ser responsável por 60% da batata-semente produzida no país, mas com o crescimento em outros estados, esse número caiu para 20% da produção total (Pereira & Daniels, 2003). O país tem importado anualmente, em torno de 2,126 mil toneladas de batata semente, principalmente dos países Baixos, Chile e Canadá (Agriannual, 2005).

2- Vírus Y da batata (PVY – *Potato virus Y*)

2.1- Características gerais

O PVY foi descrito pela primeira vez na Inglaterra por Smith em 1931 (De Bokx e Huttinga, 1981; Brunt *et al.*, 1996). Este vírus é um importante patógeno das solanáceas, principalmente batata, pimentão, tomate e fumo (De Bokx e Huttinga, 1981; Glais, *et al.*, 2001). Pertence ao gênero *Potyvirus*, família *Potyviridae*, e são transmitidos na natureza por diferentes afídeos vetores (Shukla, *et al.*, 1994). O PVY é a espécie-tipo da família *Potyviridae* (Fauquet *et al.*, 2005).

A família *Potyviridae* é considerada uma das maiores e mais importante grupo de fitovírus do ponto de vista econômico, contribuindo com 20% de todos os vírus de plantas conhecidos (Brunt *et al.*, 1996; Van Regenmortel *et al.*, 2000; Fauquet *et al.*, 2005). A denominação para a família *Potyviridae* recentemente englobou o grupo potyvirus. Esse grupo taxonômico é composto pelo PVY, proposto por Brandes & Wetter (1959). O Comitê Internacional de Nomenclatura de Vírus, renomeado em 1973 de *International Committee on Taxonomy of Viruses* (ICTV), reconheceu a formação do grupo *Potyvirus* e mais 15 outros grupos, no ano 1971 (Harrison *et al.*, 1971). De acordo com último relatório do ICTV a família *Potyviridae* é constituída por aproximadamente 220 espécies, que são divididas em seis gêneros (Fauquet *et al.*, 2005).

A classificação dos seis gêneros da família *Potyviridae*, *Ipomovirus*, *Macluravirus*, *Rymovirus*, *Tritimovirus*, *Bymovirus*, e *Potyvirus*, basea-se no tipo de vetor envolvido na transmissão, organização genômica e gama de hospedeiros (Fauquet *et al.*, 2005). A patologia causada pelos membros da família *Potyviridae* pode variar envolvendo a manifestação de uma série de sintomas, que incluem mosaico, mosqueado, clorose, necrose, deformações, infecção latente (Shukla *et al.*, 1994).

Os membros do gênero *Ipomovirus*, que tem como espécie-tipo *Sweet potato mild mottle virus* (SPMMV), são transmitidos por mosca-branca. Já os membros do gênero *Macluravirus*, espécie-tipo *Maclura mosaic virus* (MacMV), são transmitidos por afídeos. No gênero *Rymovirus*, espécie-tipo *Ryegrass mosaic virus* (RGMV). A transmissão é feita por ácaros do gênero *Abacarus*. O gênero *Tritimovirus*, espécie-tipo *Wheat streak mosaic virus* (WSMV), inclui espécies restritas à família *Gramineae*, porém, sua transmissão é feita por ácaros do gênero *Aceria*. O gênero *Bymovirus*, espécie-tipo *Barley yellow mosaic virus* (BaYMV), é o único que possui genoma de RNA bisegmentado, com transmissão feita por fungos a gramíneas (Adams *et al.*, 2005a ; Fauquet *et al.*, 2005).

Os membros da família *Potyviridae* induzem no citoplasma das células infectadas, corpos de inclusão viral do tipo cata-vento, (Figura-1), (Edwardson et al., 1984; Murphy et al., 1995). Outro tipo de inclusão encontrada em muitas plantas infectadas por potyvírus são as inclusões nucleares cristalinas (NI). Essa inclusão é composta por duas proteínas não estruturais, a *inclusão nuclear a* (NIa) e *inclusão nuclear b* (NIb). Acredita-se que essa inclusão é um resultado da produção excessiva das proteínas NIa e NIb (Knuhtsen et al., 1974, Urcuqui-Inchima et al., 2001). O genoma dos *Potyvirus* é constituído de uma molécula de fita simples de RNA de polaridade positiva (Riechmann et al., 1992).

Os critérios adotados para demarcação de espécies, como gama de hospedeiro, sintomatologia, morfologia das inclusões citoplasmáticas e sorologia, constituíram durante vários anos os principais critérios para classificação de espécies e estirpes de potyvirus. Apesar dessas características desempenharem um papel significativo na determinação do relacionamento taxonômico entre muitos potyvírus, elas por si só não fornecem uma solução adequada para a identificação de espécies e estirpes no gênero como um todo, devido à intensa variação biológica e antigênica que existe entre os membros do gênero (Shukla et al., 1994). Hoje em dia uns dos principais critérios para designação de novas espécies para o gênero potyvirus são aqueles adotados pelo Comitê Internacional de Taxonomia de Vírus (ICTV), que determina a comparação da sequência de aminoácidos capsidial (Berger et al., 2005). Adams et al., (2005) sugerem que a sequência dos nucleotídeos da 3'NTR também pode ser utilizada na classificação. De um modo geral, espécies distintas apresentam identidades entre 38 a 71% para as sequências de aminoácidos da CP, enquanto estirpes de um mesmo vírus apresentam de 90 a 99% de identidade (Ward et al., 1992).

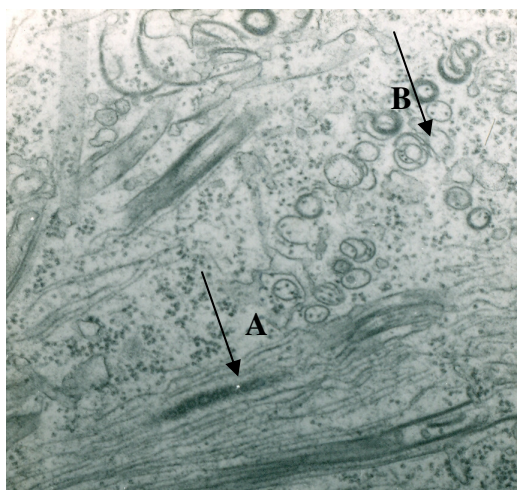


Figura-1- Visualização das partículas filamentosas flexuosas (A) e corpos de inclusão viral do tipo cata-vento (B) em tecido de planta infectada por PVY.

2.2 - Composição e organização genômica

O genoma do PVY é constituído de uma única molécula de RNA com aproximadamente 10 kb, linear, senso positivo, possuindo uma única fase de leitura ORF (*open reading frame*), que é traduzida em uma poliproteína de 340 a 370 kDa . Essa poliproteína é processada por três proteases virais, P1, NIa e HC-Pro em 10 proteínas funcionais: a proteína N-terminal (P1), duas proteínas de inclusão nuclear NIa e NIb, a protease componente auxiliar (HC-Pro), a proteína P3, a proteína inclusão citoplasmática (CI e NIb), duas proteínas pequenas (6K1 e 6K2) e a proteína da capa (CP) (Urcuqui-Inchima *et al.*, 2001; Adams *et al.*, 2005b). O RNA genômico carrega uma proteína de origem viral, a VPg (*viral protein genome-linked*), que é ligada à sua extremidade 5' e uma cauda poli-(A) no final da extremidade 3'. Os únicos produtos protéicos que fazem parte da partícula viral são a VPg e a capa protéica (CP), onde aproximadamente 5% do seu peso é composto de RNA e 95 % de proteína, (Figura-2) (Hollings & Brunt, 1981).

As proteínas codificadas pelos potyvirus parecem ter um caráter multifuncional, pois todas que já tiveram suas funções determinadas atuam em mais de um processo na infecção (Tabela-1). Sua capa protéica pode ser dividida em três regiões: a N-terminal variável, que é encontrada na superfície da molécula, e duas regiões conservadas – a região central com quatro prováveis α -hélices e com 215 a 227 aminoácidos e a região C-terminal, que contém duas α -hélices e três β -strands, com 18 a 20 aminoácidos (Shukla *et al.*, 1988b; Baratova *et al.*, 2001).

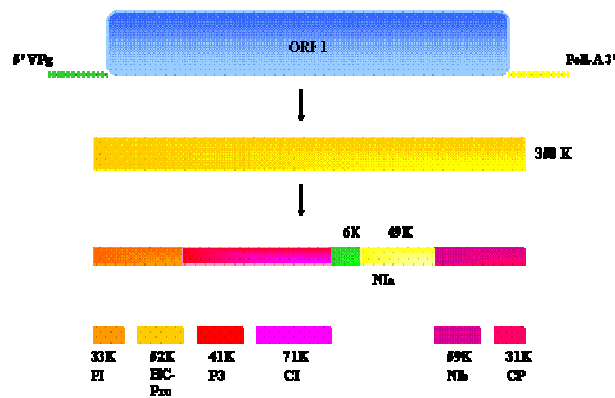


Figura. 2- Esquema da organização genômica do gênero *Potyvirus*, mostrando que o genoma viral é traduzido em uma poliproteína, com a VPG na extremidade 5' e a cauda de poli(A) na extremidade 3' a identificação das proteínas está indicada na Tabela 1 abaixo.

Fonte: evunix.uevora.pt/.../Tulipas_files/image011.gif

Tabela-1: Funções das proteínas codificadas por *Potyvirus*

Proteínas	Peso molecular	Função
P1	32-64 kDa	Protease; Sintomatologia; Movimentação do vírus de célula-a-célula
HC-Pro	56-58 kDa	Transmissão por afídeos; Protease; Movimento sistêmico; Sintomatologia; Supressora de silenciamento gênico.
P3	37 kDa	Patogenicidade; Replicação;
6K1	6 kDa	Função não elucidada
CI	70 kDa	Replicação do genoma; ATPse / RNA helicase; Movimento célula a célula; Transporte do RNA viral através dos plasmodesmas.
6K2	6 kDa	Ligação ao complexo viral de replicação do genoma
VPg	21-24 kDa	Proteinase do tipo cisteína; Auxilia na transmissão por afídeos; Movimento célula-célula e possivelmente a longa distância.
NIa	49 kDa	Protease: principal enzima responsável pela clivagem da poliproteína com exceção de P1/HC-Pro e HC-Pro/P3; Interação proteína-proteína.
NIb	58 kDa	Responsável pelo reconhecimento das sequências regulatórias do RNA viral; Interação com fatores do hospedeiro
CP	28-40 kDa	Encapsidação do RNA; Transmissão por afídeos Movimento sistêmico e célula-a-célula Sintomatologia.

(Adaptado de: Shukla *et al.*, 1994; Anandalakshmi *et al.*, 1998; Urcuqui-Inchima *et al.*, 2001).

A região 5'NTR é uma região não traduzida que possui sequências responsáveis pela regulação da tradução do genoma viral e também está envolvida na síntese das fitas positivas de RNA a partir da negativa (Basso *et al.*, 1994; Gallie *et al.*, 1995). É uma região que apresenta-se altamente conservada em diversos potyvírus (Simon-Buela *et al.*, 1997). Já a região 3'NTR também não traduzida é responsável pela proteção do RNA, evitando ou atenuando os efeitos da degradação exonucleotídica. O 3'NTR é responsável pelo reconhecimento do RNA genômico viral pelo complexo replicativo, que contém elementos cis que são essenciais para que o complexo replicativo ocorra (Haldem-Cahill *et al.*, 1998; Mahajan *et al.*, 1996).

2.3- Sintomas

Os *Potyvirus* causam uma grande variação de sintomas tanto em espécies hospedeiras experimentais como nas naturais. Dentre os sintomas pode-se observar mosaico, mosqueado, lesões necróticas, clareamento de nervuras, lesões cloróticas, epinastia, mosaico em forma de bolhas, redução da área foliar, além da ocorrência de combinações entre esses sintomas (Shukla *et al.*, 1994).

Os sintomas em plantas de batata dependem da variedade e das condições de fertilidade do solo, temperatura, umidade e principalmente das estirpes do vírus (Hérbrard *et al.*, 1999; Robert & Bourdin, 2001; Souza-Dias & Iamauti, 2005a).

O PVY causa mosaicos geralmente visíveis em folhas novas, sendo que esses sintomas geralmente começam nas nervuras (De Boxx *et al.*, 1996; Ellis *et al.*, 1997). Os sintomas são mais visíveis em plantas com crescimento ativo e diminuem de intensidade quando as plantas cessam o crescimento (Salazar, 1996; Llave *et al.*, 1999).

2.4-Transmissão

A transmissão do PVY é feita por de diferentes espécies de pulgões da família *Aphididae*, principalmente pela espécie *Myzus persicae*, o qual pode ser encontrado durante todo o ano no Brasil. Na transmissão, o vírus se mantém ligado apenas ao aparelho bucal dos insetos, ou seja, a transmissão é do tipo não-persistente, diferenciando-se de outros vírus que necessitam circular no corpo do vetor, até serem depositados nas glândulas salivares via hemolifa (Peters, 1987). Os vetores virulíferos permanecem infectivos por menos que 1 a 4 horas, não havendo evidências para a existência de período latente entre a aquisição e a transmissão, nem da multiplicação do vírus no vetor (Govier & Kassanis, 1974).

Os potyvirus podem também ser transmitidos através de inoculação mecânica a partir de extratos de plantas infectadas e alguns deles são transmitidos por sementes (Barnett *et al*, 1998). Todos os potyvirus requerem um “helper factor” para ser transmitido por afídeos (Govier & Kassanis, 1974). Esse fator é constituído por material protéico codificado pelo genoma viral e tem a função de ligar a partícula do vírus no aparelho bucal do vetor (Amman *et al*, 1994).

2.5-Estirpes e subgrupos do PVY

Entre os membros que compõem a espécie PVY existem variações biológicas e moleculares constituindo variantes classificadas como estirpes e subgrupos. As estirpes e os subgrupos de PVY foram identificados de acordo com características biológicas (sintomatologia e quebra de resistência de seus hospedeiros), propriedades sorológicas e dados moleculares. As estirpes que causam infecção em batata são, PVY^O, PVY^N, PVY^C (Le Romancer *et al.*, 1994) e o PVY^Z (Beczner *et al.*, 1984; Blanco-Urgoiti *et al.*, 1998; Jones, 1990). Já os subgrupos conhecidos são o PVY^{NTN} e o PVY^{N:O}.

Através de anticorpos monoclonais, o PVY pode ser separado em dois grupos sorológicos, o PVY^{O, C} (PVY^O sorotipo C) que inclui o PVY^O, PVY^C, PVY^Z e o PVY^{NW} (este subgrupo é designado como PVY^{N:O} na América da Norte) (Nie & Singh, 2003) e o outro grupo denominado PVY^N sorotipo N, que inclui o PNY^N e o PVY^{NTN} (Ali *et al.*, 2007).

As variantes necróticas foram relatadas na década de 80 na Europa (Moravec, *et al.*, 2003). Hoje são conhecidos como subgrupos necróticos o PVY^{N:O} e PVY^{NTN}. De acordo com Singh *et al.*, (2006) novos recombinantes do subgrupo PVY^{NTN} parecem surgir em outras partes do mundo.

2.5.1-Potato virus Y- PVY^O (“ordinary strain”)

Essa estirpe encontra-se disseminada em todo o mundo, sendo predominante na América do Norte (Banttari *et al.*, 1993). O PVY^O foi encontrado no Brasil pela primeira vez por em 1939 por Silbeschmidt *et al.* (1941). Hoje é encontrada em todos os estados produtores de batatas (Sousa-Dias, 2001).

O PVY^O causa em plantas de batata necroses em forma de riscas nas nervuras secundárias (face inferior do folíolo) com formato de anéis necróticos de cor marrom escuro, mais comum na parte apical da planta. Além dos sintomas de mosaico, as plantas podem apresentar ainda aspecto de “pinheirinho” causado pelas necroses de pecíolos e queda das folhas mais velhas, além de folhas ressecadas e dependuradas na parte mediana das hastes. Esses sintomas podem ser vistos tanto na infecção primária precoce como na secundária, quando o vírus é perpetuado pela batata-semente (Figura. 3) (De Bokx, 1981).

Quando o PVY^O ocorre em infecção conjunta com PVX, os sintomas da infecção secundária são muito mais severos, mas sempre limitados à parte aérea, conferindo às

folhas um aspecto áspero, enrugado, denominado de mosaico rugoso (Kerlan, 2000; Loebenstein, 2001; Ragsdale *et al.*, 2001).

2.5.2-Potato virus Y- PVY^N (necrotic strain)

Essa estirpe é mais comum na Europa e inclusive na Rússia mas também pode ser encontrada na África e América do Sul (de Bokx, 1981). Na década de 90 ocorreu um surto na América do Norte, mais precisamente no Canadá (Singh *et al.*, 1992; Lacy, 1997). No Brasil foi detectada em lotes de batata-semente oriundos da Argentina (Sousa-Dias, *et al.*, 1992).

Na infecção primária, a planta de batata infectada apresenta anéis ou pontuações necróticas nas folhas apicais (Robert & Bourdin, 2001). Geralmente sintoma de mosaico aparece somente no final do ciclo (Hoa *et al.*, 1991). Às vezes apenas uma haste da planta expressa sintoma, porém, testes com hastes sem sintomas de uma mesma planta (oriunda da mesma batata-semente) mostram a presença do vírus (Singh, 1993; Novy *et al.*, 2002).

Já na infecção secundária, pode-se observar mosaicos e diminuição do tamanho das folhas (Baulcombe *et al.*, 1993). Podem ser observados também, depressão das nervuras nas folhas apicais e redução do crescimento, dependendo das condições climáticas (Sousa-Dias & Iamauti, 2005). A infecção que ocorre no final do ciclo geralmente não se manifesta na folhagem, o vírus é translocado para o tubérculo, onde não causa sintoma algum. Mas há evidências de perdas relacionadas com o aumento do teor de açúcares nos tubérculos de algumas variedades, causando prejuízo no armazenamento (Ragsdale *et al.*, 2001; Robert & Bourdin, 2001).

É importante ressaltar que a letra N seguida ao nome do vírus causa geralmente confusão, pois a letra refere-se à necrose de nervuras em cultivares de plantas-teste de fumo (*N. tabacum*), no entanto, em plantas de batatas é rara a ocorrência de necroses.

2.5.3-Potato vírus Y-PVY^C (Common)

A estirpe PVY^C é encontrada no Brasil, conforme observado em estudos recentes (Daniels, 2000). É encontrada com mais frequência na Austrália e em algumas regiões da Europa (de Bokx, 1981).

Os sintomas em plantas de batatas são caracterizados por necrose em forma de risca nas folhas, terminando com círculo ou ponto necrótico. As folhas também apresentam mosaico rugoso, semelhante aos da interação de PVY^O com PVX (Brunt & Loeberstein, 2001). As necroses podem causar morte da planta. Geralmente ocorre necrose interna e externa nos tubérculos, sua transmissão geralmente não é feita por pulgões (Valkonem *et al.*, 1995; De Bokx *et al.*, 1996; Bus, 1996; Radcliffe & Ragsdale, 2002). A característica de geralmente não ser transmitida por pulgões a difere da estirpe comum.

2.6-Subgrupo Necrótico

2.6.1- Potato virus Y- PVY^{N:O} (PVY^{NW})

Esse subgrupo foi primeiramente descrito na Polônia e foi denominado como PVY^{N-Wilga} (PVY^{NW}) (Kerlan, *et al.*, 2001). Na América do Norte isolados PVY^{N:O} foram relatados na década de 90 (McDonald & Singh, 1996). Nos últimos anos, isolados dessa estirpe, vem sendo encontrados em várias regiões da América do Norte (Singh *et al.*, 2003). As seqüências parciais do genoma de representantes deste subgrupo mostram

a ocorrência de uma possível recombinação do gene CP com o PVY^O e na proteína P1 com o PVY^N (McDonald *et al.*, 1997; Glais *et al.*, 2002; Singh *et al.*, 2003).

Os resultados das análises moleculares demonstram que o subgrupo surgiu da recombinação entre as estirpes de PVY^O e do PVY^N sendo que, sua identificação, pode ser feita com anticorpo monoclonal contra PVY^O (Xianzhou & Singh, 2003). Com isso, a diferenciação entre o PVY^O e PVY^{N:O} é feita através de sintomatologia e dados moleculares. O PVY^{N:O} causa necrose de nervura em plantas de fumo, que é uma reação biológica característica de PNY^N e podem causar necrose em tubérculos. (Nie *et al.*, 2004; Piche *et al.*; 2004).

2.6.2- Potato virus Y- PVY^{NTN} (necrotic tuber necrosis)

O PVY^{NTN} foi descrito na Hungria em 1984 (Beczner *et al.*, 1984). Logo após, foi encontrado em outros países como Alemanha, Dinamarca, França, Bélgica, Áustria, Iugoslávia e também no Oriente Médio (Le Romancer *et al.*, 1994). O país que mais sofreu com o aparecimento dessa variante foi a Eslovênia, onde em três anos, ocorreu uma paralisação comercial da cultivar Igor, que era a mais plantada no país e ocupava quase 60% (18 mil/ha) da área cultivada de batata (Kus, ., 1995). Na América do Norte estudos vêm demonstrando uma grande variabilidade de variantes de PVY^{NTN} que apresentam diferenças patológicas e moleculares (Xianzhou & Singh, 2003; Piche *et al.*, 2004; Sousa-Dias & Sawasaki, 2004).

Sousa-Dias em 1996 foi quem primeiro alertou sobre o perigo da introdução desse novo subgrupo no Brasil, através de tubérculos-semente importados. Nesse alerta chamava-se a atenção para a cultivar Atlantic, devido à alta incidência de PVY que estava sendo constatada nos tubérculos plantados com batata-semente importada dessa cultivar (Souza-Dias *et al.*, 1995; Souza-Dias & Tristão, 1997).

O PVY^{NTN} causa mosaico bastante evidente em plantas de batata, com a ocorrência de folíolos apicais ondulados e de tamanho menor que os de plantas sadias. Ocorrem também necroses superficiais que aparecem nos tubérculos de algumas variedades mais suscetíveis, como por exemplo, Monalisa, Atlantic e Vivaldi. Essas necroses adquirem formas características de anéis, números ou letras na superfície dos tubérculos após colheita e armazenamento (Figura 4) sendo que esses sintomas representam a prova biológica mais evidente e aceita para indicar que se trata do PVY^{NTN} (Sousa-Dias, 2001; Jeffries, 1998; McDonald *et al.*, 1991; Singh, 1992), (Figura. 5). O PVY^{NTN} também tem a capacidade de quebrar a resistência de praticamente todos os genótipos de batata conhecidos como tolerantes ao PVY^N (Van den Heuvel *et al.*, 1994)

Segundo Beemster & De Bakx (1987) na fase inicial da infecção, os sintomas na forma de círculos são salientes na epiderme dos tubérculos, assemelhando-se a um arranhão superficial, seguido da erupção da epiderme. Podem ocorrer também escamações sem rompimento da epiderme no centro das lesões. Esses sintomas manifestam-se nos tubérculos por ocasião da colheita ou logo após o armazenamento. Esses anéis necróticos são sempre visíveis na epiderme dos tubérculos e, portanto, superficiais. Dessa forma, é possível diferenciar esse subgrupo, de outros vírus que causam sintomas de necroses evidentes na superfície, mas também ataca o interior dos tubérculos, tais com: *Tabacco ratle virus* (TRV) ou *Potato mop-top virus* (PMTV).

Vários estudos sobre a manifestação dos sintomas necróticos nos tubérculos demonstram que esses depreciam significativamente a aparência dos tubérculos e seu valor comercial independentemente da coloração da pele avermelhada ou de pele branca (McDonald & Singh, 1996).

A variedade Monalisa, que ocupa mais de 60% de área plantada no Brasil, apresenta lesões nos tubérculos que podem chegar a ocupar mais da metade da superfície. Mesmo apresentando uma alta tolerância a estirpes PVY^O e PVY^N (Sousa-Dias, 2001). Já as variedades Atlantic e Bintje são bem suscetíveis ao PVY comum do PVY, e também, comportam-se como altamente suscetíveis ao PVY^{NTN}. No entanto, a cultivar Atlantic apresenta-se moderadamente sensível a manifestação das necroses na superfície dos tubérculos enquanto Bintje é tolerante (McDonald & Singh, 1996).

Não existe até o momento um teste sorológico confiável para a identificação (Van den Heuvel *et al.*, 1994; Nie & Singh, 2003). Os anticorpos policlonais contra PVY existentes hoje detectam todas as estirpes e subgrupos, e, portanto são indicados apenas para monitoramento de infecção de PVY. A distinção mais confiável pode ser feita apenas o nível molecular, como RT-PCR (Singh *et al.*, 1998; Nie & Singh, 2003) com primers específicos para a estirpe. Existem Kits comerciais para a realização da RT-PCR, porém, esses kits apresentam um custo bastante elevado.

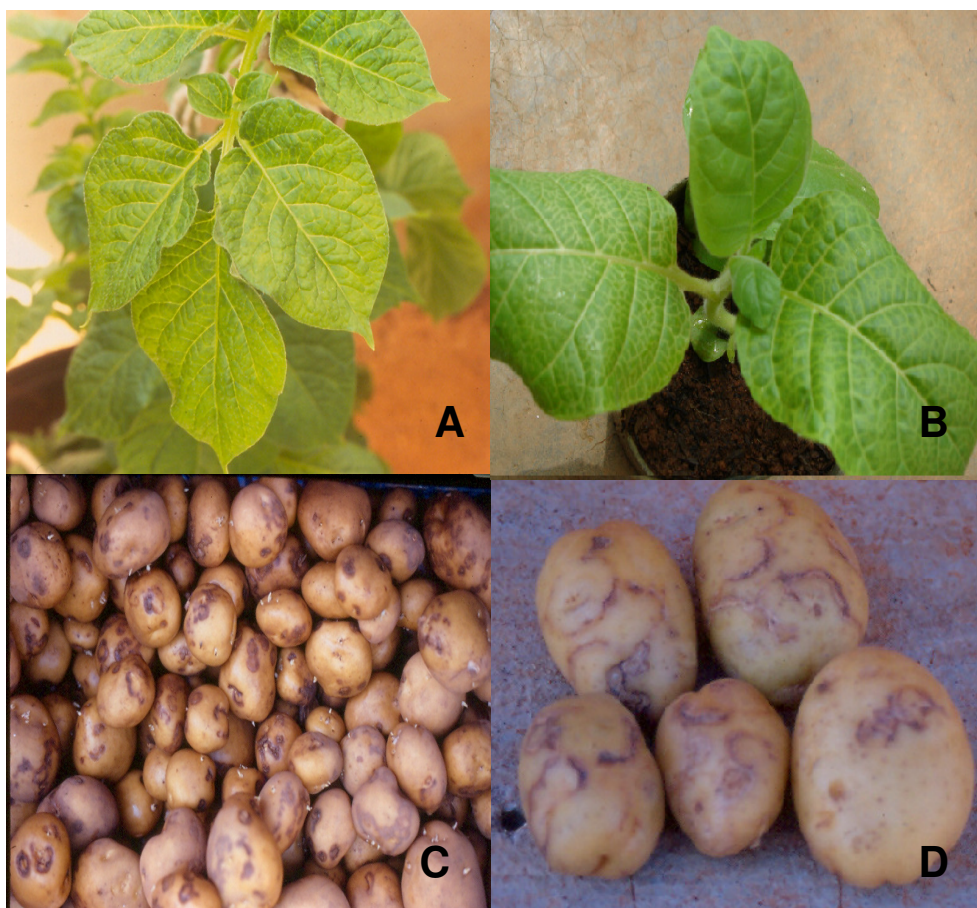


Figura 4 - Sintomas causados pelo subgrupo de PVY^{NTN} em diferentes tecidos de plantas. Sintoma de mosaico bem evidente em plantas de batata (A); Sintoma de mosaico em folhas de *N. tabacum* TNN (B); Sintoma de necrose em tubérculos (C e D)

2.7- Ocorrência de recombinação em PVY

Os vírus demonstram um alto grau de variabilidade, resultado de três fenômenos que afetam o seu genoma: mutação, recombinação e pseudo-recombinação (Aaziz & Tepfer, 1999; Glais *et al.* 2002). Watson (1960) foi quem primeiro mostrou evidências da ocorrência de recombinação entre duas estirpes, PVY^O e PVY^C. Neste trabalho, ele observou que alguns isolados provenientes de plantas com infecção mista induziam sintomas típicos do PVY^C e também eram transmitidos por afídeos, o que seria o resultado de uma recombinação entre as duas estirpes.

No ano de 1984 foi detectado na cv. Wilga, no nordeste da Polônia, um novo isolado de PVY (PVY^{NW}), com características da estirpe necrótica, que foi mais infectivo em

plantas de batata e incapaz de reagir com um anticorpo monoclonal específico para PVY^N (Chrzanowska, 1991, 1994). Em 1997 Chachvlska *et al.* verificaram que os isolados PNY^{NW} apresentavam identidade de 99% na região da proteína da capa com o isolado comum PVY^O-LW. Já Glais *et al.* (1998) observaram que o isolado PVY^{NW} e o francês PVY^NN242 agrupavam-se no “cluster” necrótico nos 4063 primeiros nucleotídeos e nos 5670 nucleotídeos restantes agrupavam com isolados de PVY^O, sugerindo com isso uma possível recombinação.

Em relação ao PVY^{NTN} existe uma controvérsia quanto à sua origem a partir de um evento de recombinação. Alguns autores defendem que ele é provavelmente um variante do PVY^N, que desenvolveu a capacidade de induzir necrose nos tubérculos justificando a denominação NTN (o primeiro N identifica o subgrupo como pertencente ao grupo do PVY^N, e as letras seguintes TN indicam necrose nos tubérculos, provenientes do inglês “Tuber necrosis”) (Jeffries, 1998; Piche *et al.*, 2004; Sousa-Dias *et al.*, 2006). Em 1996 Revers *et al.* realizaram estudos com o PVY^{NTN} e sugeriram que esse subgrupo seria resultante de eventos de recombinação entre PVY^O e o PVY^N. Isso foi observado com base na existência de um ponto em que o “crossing-over” poderia ocorrer nas regiões da proteína da capa e 3’NTR.

De acordo com Glais *et al.* (2002) as estipes de PVY^O e PVY^N apresentam genomas próprios característicos de cada grupo individualmente, já os subgrupos são constituídos por uma mistura de segmentos com traços de PVY^N e de PVY^O, caracterizando eventos de recombinação.

2.8- Identificação específica de estirpes de PVY

Diversas técnicas são utilizadas para a detecção e a identificação e fitovírus embasadas em critérios biológicos, sorológicos, citológicos, antigênicos e em propriedades estruturais dos vírus (Shukla *et al.*, 1994). Os testes biológicos por meio de sintomas e

resposta de resistência de plantas indicadoras e diferenciadoras são amplamente utilizados para a detecção e identificação de estirpes de *Potyvirus* (Romero *et al.*, 2001). Por outro lado, testes de transmissão por vetores e proteção cruzada são menos utilizados para diferenciar estirpes. Algumas espécies pertencentes à família *Potyviridae* podem ser identificadas e detectadas por observações de alterações ultra-estruturais no citoplasma da planta hospedeira (Shukla *et al.*, 1994). A sorologia empregando-se anticorpos monoclonais ou policlonais contra a partícula viral ou a capa protéica também tem sido um critério amplamente usado, pois possibilita que vírus pertencentes a diferentes gêneros possam ser identificados e classificados com exatidão (Van Regenmortel, 2000). A sorologia não tem apresentado resultados satisfatórios quando aplicada à taxonomia de PVY para separar as estirpes e os subgrupos. O relacionamento sorológico ocorre entre estirpes de uma mesma espécie e também pode ocorrer entre espécies diferentes de um mesmo gênero. Este relacionamento entre espécies diferentes acaba não permitindo a separação de determinadas espécies (Shukla & Ward, 1989).

Os principais problemas relacionados com a sorologia de *Potyvirus* são: (I) a presença de reação cruzada variável entre anti-soros e (II) relacionamento sorológico não esperado entre distintas espécies (Shukla *et al.*, 1992).

O desenvolvimento de novas técnicas que possibilitam a caracterização de espécies de vírus, além do uso de propriedades biológicas, causou mudanças e novas perspectivas para a classificação taxonômica dos vírus. Principalmente com o uso da biologia molecular, que cada vez mais se torna importante na distinção de espécies e estirpes, ou até mesmo, gêneros de vírus de plantas.

A sequência completa de nucleotídeos de diversos membros do gênero *Potyvirus* já é conhecida (Nicolas & Laliberté, 1992; Thole *et al.*, 1993). Os primeiros isolados de PVY sequenciados foram PVY-D (Shukla *et al.*, 1986) e PVY10,18 e 43 (Shukla *et al.*,

1988), utilizando a técnica de sequenciamento e digestão enzimática. Os isolados apresentaram uma identidade de 92% com PeMV e de 62% com TEV. Posteriormente, um isolado PVY^N da França (Robaglia *et al.*, 1989), foi totalmente sequenciado utilizando a técnica de dideoxinucleotídeo terminal elaborada por Sanger *et al.* (1977), sendo o método mais utilizado até os dias atuais.

A identificação das sequências específicas das estirpes e dos subgrupos de PVY, tem como finalidade originar oligonucleotídeos e sondas (Nie & Singh, 2002a; 2002b; Moravec *et al.*, 2003), e anticorpos monoclonais (Ounouna *et al.*, 2002), permitindo com isso maior precisão e rapidez na diagnose.

A técnica hoje mais usada para distinção das estirpes e subgrupos de PVY tem sido a diferenciação baseada no ácido nucléico viral, ou seja, com o uso de testes moleculares, como a transcrição reversa seguida da reação em cadeia da polimerase (RT-PCR) (Glais *et al.*, 1996,2002; Singh *et al.*, 1998; Singh & Weiguny, 1998; Xianzhou *et al.*, 2004).

O RT-PCR para ser eficiente na identificação de estirpes do PVY tem que ser realizado com oligonucleotídeos específicos para um grupo, como por exemplo, o subgrupo PVY^{NTN} (Singh & Weiguny, 1998). Nie & Singh (2003) propuseram uma técnica de RT-PCR triplex para identificar o PVY^{NTN} e PVT^{N:O}. Os oligonucleotídeos foram desenhados na região CP.

A região da capa protéica é a região mais sequenciada e estudada (Shukla & Ward, 1989a;b) entre os *Potyvirus*, principalmente o PVY (Dhar & Singh, 1997; Cerovszá *et al.*, 2001). Segundo Shukla & Ward (1988), são três as principais razões para se utilizar critérios baseados na sequência da capa protéica, para identificação do PVY: (I) as proteínas virais têm certa homologia com proteínas de outros grupos de vírus de plantas e vírus animal, exceto a capa protéica; (II) a capa protéica corresponde

a aproximadamente 95 % do peso da partícula viral e (III) a sorologia reflete a estrutura da proteína da capa.

Material e métodos

1- Identificação e manutenção dos isolados de Potyvirus

O trabalho foi realizado na Embrapa Hortaliças. Foram selecionados quatro isolados de PVY, sendo um PVY^N e PVY^O também de Brasília e dois PVY^{NTN} coletados no estado de São Paulo nos municípios de Itapetininga e Vargem Grande do Sul.

Os isolados foram preservados em freezer -80 °C multiplicados através de inoculação mecânica em plantas de *Nicotiana tabacum* e mantidas em casa de vegetação.

Os isolados foram nomeados de acordo com a estirpe e o subgrupo, seguida do nome abreviado da cidade de origem. Dessa forma a designação dos isolados caracterizados no trabalho, foi a seguinte: isolado PVY^O-OBR, o isolado PVY^N-NBR, (provenientes da região centro-oeste), PVY^{NTN}-ITA, (proveniente de Itapetininga) e isolado PVY^{NTN}-VGS (proveniente de Vargem Grande do Sul).

2- Testes sorológicos

Antes da purificação biológica, cada isolado foi identificado através de anticorpo policlonal contra PVY. A metodologia usada para detectar o vírus nas amostras de plantas inoculadas foi à técnica de sanduíche duplo de anticorpos em “*Enzyme Linked Immunosorbent Assay*” (DAS-ELISA) (Clark & Adams, 1977).

Para a cobertura da placa, foram colocados nas cavidades das placas 150 µL de IgG de PVY (1ug/ml), diluído em tampão de revestimento [Na₂CO₃ 0.014M, NaHCO₃ 0.035M]. Em seguida, as placas foram incubadas por 4 h a 37 °C. Após esse período as placas foram lavadas com PBS-TWEEN [NaCl 1.40 M; KH₂PO₄ 0,02 M; Na₂HPO₄ 12H₂O 0.08M; KCL 0.02M; 0.5 ml de Tween 20 por litro, em seguida 100 µL de

amostras das plantas diluídas, 1/10 em PBS-TWEEN, foram adicionados nos poços. Após essa etapa as placas foram incubadas por uma noite a 4 °C. Após esse período as placas foram lavadas três vezes com tampão PBS-TWEEN. Foram colocados nas cavidades 100 µL de IgG conjugado (1µg/ml) em PBS-TWEEN as placas foram incubadas por 4 horas a 37 °C. As placas foram lavadas por três vezes com tampão PBS-TWEEN e adicionados *phosphatase substrate tablets* (1mg/ml) em tampão de dietanolamina por poço para revelação das placas. A leitura da absorbância foi feita com filtro de 405 nm em leitora de ELISA *Labsystem Multiskan* (BIOCHROMATIC).

Os controles negativos usados foram extratos de folhas de *Nicotiana tabacum* 'Samsun' sadia e os controles positivos foram extratos de folhas infectados com isolados de PVY mantidos em *Nicotiana tabacum* 'Samsun' na casa de vegetação da Embrapa Hortaliças.

3-Purificação Biológica

Os isolados foram biologicamente purificados através de passagens sequenciais em plantas de *Nicotiana tabacum* 'Samsun' via inoculação mecânica usando extrato de folhas infectadas com cada isolado macerado em tampão fosfato. As plantas foram polvilhadas com carborundum 600 mesh antes da inoculação mecânica e lavadas com água corrente imediatamente após a inoculação. O inóculo foi diluído em diferentes concentrações: 10^{-2} , 10^{-4} , 10^{-5} .

Após sucessivas diluições a infecção nas plantas foi confirmada através de teste sorológico (DAS-ELISA) usando anti-soro policlonal contra PVY. Testes adicionais de DAS-ELISA com anti-soro contra PVX e PLRV foram realizados para descartar qualquer possibilidade de infecção mista. Para identificação da estirpe foi usada a metodologia descrita por Nie & Singh, 2003. Esse procedimento consiste em realizar

uma extração de RNA total utilizando o reagente Trizol (Invitrogen) e fazer um triplex-RT-PCR com os oligonucleotídeos Sn (CAT GAT GGA TCT GGC TAC A), A_{0re} (AGT GGG GTA CGT TAG ATG TAG G), S₅₅ (GAT CTC AAG TTG AAG GGG AC), A_{60re} (TTG CGG ACA TCA CTA AAG CG), A_{94re} (GCC ACT GCA TAT GTA AAT ACT) e o S₉₁ (CGTAATCTGCGCGATGGAA). As amostras foram levadas ao termociclador e submetidas a 30 ciclos, sendo a temperatura de anelamento de 62 °C para os primeiros cinco ciclos, 60 °C para os cinco ciclos seguintes, 58 °C para os outros 10 ciclos e para os últimos 10 ciclos uma temperatura de 55 °C. Em todos os ciclos a temperatura de desnaturação foi de 92 °C por 90 segundos e a extensão final foi de 72 °C por 10 minutos.

4-Comparação de patogenicidade em diferentes variedades de batatas.

Após a purificação biológica de cada isolado de PVY, esses foram inoculados mecanicamente (conforme descrito anteriormente) em diferentes cultivares de batatas, para observação comparativa dos sintomas causados pelas diferentes estirpes e subgrupos e de seu variante em plantas de batata. Em todas as inoculações foi empregada a diluição de inóculo de 10⁻⁵ (peso/volume). As variedades usadas foram: Achat, Baraka, BRS-Ana, Mondial, Canoinhas, Bintje, Monalisa e Ágata. As plantas foram mantidas em casa de vegetação em vasos de 5 l e os sintomas nos tubérculos foram avaliados diariamente até 90 dias após inoculação.

5- Purificação de partículas dos isolados virais

Após a confirmação da infecção e da identidade de cada estirpe viral isolada biologicamente, foi realizada a purificação das partículas virais através do método descrito por Dusi & Zambolim (1984). Foram usados 20 g de folhas de *Nicotiana*

tabacum 'Samsun' sistemicamente infectadas e apresentando sintomas de infecção coletadas 15 dias após a inoculação. As folhas foram maceradas na proporção de 1:3 a 5 (p/v) em tampão borato gelado. As folhas foram trituradas no liquidificador, o extrato foi filtrado em gaze previamente fervido e o extrato foi centrifugado a 13 000g por 10 minutos. Coletou-se o sobrenadante e acrescentou-se ao extrato 2% de Triton X-100 e 6 % de PEG 6000 contendo 0,5 % de NaCl na proporção de 9:1 (v:v). A mistura foi mantida em agitação lenta por 90 minutos. Adicionou-se 6 % (p/v) de polietilenoglicol 6000 e 0,5 % (p/v) de NaCl, sendo a mistura mantida sob agitação lenta por mais 90 minutos. Após esse passo, a mistura foi centrifugada a 13 000g por 15 minutos. O sobrenadante foi descartado e ao precipitado foi adicionado 20% do volume inicial de tampão borato 50 mM, pH 8,3, contendo 0,5 M de uréia, 6 mM EDTA, 0,1 % de 2 mercaptoetanol, sendo este ressuscitado por 1 hora sob agitação. Após esse tempo, a mistura foi centrifugada a 13 000g por 10 minutos, e o sobrenadante foi coletado e centrifugado a 215.000 g por 60 minutos. O pellet resultante foi ressuscitado em tampão borato, pH 8,3, e as partículas de vírus purificadas foram armazenadas em freezer -80 °C.

6- Extração de RNA Viral

Após a purificação das partículas virais de cada isolado foi realizada a extração do RNA viral, usando o reagente Trizol (Invitrogen). Em cinquenta microlitros de vírus purificado foram adicionados 500 µL de Trizol, agitando-se por 1 minuto com posterior incubação em temperatura ambiente por 5 minutos. Após esse tempo, foram adicionados 100 µL de clorofórmio, agitando-se por 2 minutos, sendo a mistura centrifugada a 13 523g por 15 minutos a 4 °C. Aproximadamente 450 µL do sobrenadante foram coletados adicionado-se em seguida 320 µL de isopropanol. A

mistura foi incubada por 5 minutos no gelo e centrifugado a 13 523g por 10 minutos a 4 °C. O sobrenadante foi descartado, o pellet foi lavado com 500 µL de etanol 70 % gelado e centrifugado por mais 5 minutos a 4 °C. O etanol foi descartado e o pellet foi submetido à secagem em temperatura ambiente e posteriormente ressuspendido em 50 µL de água milli-Q tratada com DEPC.

7- Síntese dos oligonucleotídeos

Visando amplificar o genoma completo das estirpes de PVY isoladas e identificadas via PCR diferencial (conforme descrito no item 2.3), foi realizado um alinhamento das seqüências de vários isolados de PVY encontrados no banco de dados usando o programa Clustal W ([HTTP://www.clustalw.genome.ad.jp](http://www.clustalw.genome.ad.jp)). Os números de acessos foram: AY 884985.1; DQ 157178.1; AY 745491.1; AY 745492.1; EF 026076.1; DQ 008213.1; AJ 889866.1; AJ 889867.1; AY 166866.1; AY 166867.1; DQ 157180.1; AY 884982.1; EF 016294.1; EF 026075.1; M 95491.1; AJ 889868.1; NC 001616.1; AF 522296.1; A08776. 1; U 09509.1; EF 026074.1; AF 237963.2; e DQ 309028.1.

A partir do alinhamento de seqüências foram sintetizados 32 oligonucleotídeos cobrindo todo o genoma viral (Figura-5), sendo que da seqüência obtidas dos isolados OBR e NBR foram desenhados mais oito oligonucleotídeos, sendo quatro para o OBR, cobrindo as parte das regiões da CI e NIB, já o isolado NBR foram sintetizados também quatro oligonucleotídeos para sequenciar parte das regiões da CI, NIa e NIB visando o sequenciamento do genoma completo dos isolados em estudo. Desses 40 oligonucleotídeos, 12 foram usados para amplificação dos fragmentos que foram clonados, sendo os demais usados nas reações de sequenciamento (Tabela-2).

Tabela. 2- Lista de oligonucleotídeos sintetizados usados para amplificar e sequenciar o genoma viral completo dos isolados de PVY em estudo.

	Oligonucleotídeos
1	1FO novo19mer* AAT TAA AAC AAC TCA ATA C
2	680Fo 19mer GCA GAT AAA GCA GAT TAT G
3	788Re 19mer AAA CCC ATC ATA TGC GCA G
4	1380Fo 16mer AGC ACT TAA CTG AAC C
5	2000Fo 20mer AA AGG GGA TTC GGA GAT GTT
6	2180Re 18mer CAT GGT TGG CCA AGT TCC
7	2700Fo 19mer TTG ATG CTA CGT GYG ATG G
8	2730Re 20mer TGT GCR ACR AGT GTT TCT GC
9	3100Re 20mer ACCT GAG GCA GTR CCT TTG AC
10	3380Fo 17mer GCA GAT TGA GAA GAA TG
11	3480Re 17mer GCA AAC TGA ACT ATC TG
12	3900FO (PVYO) 20mer GC CTG TTC ATC TTA GTG TGG
13	4080Fo 18mer GCC AAC ACT GCG YAT GCG
14	4180Re 20mer AAC TGA GCT AAT TGA GAG CG
15	4340Re (PVY ^N) 21mer GAA AGT GTA TCC TCA ACC ACC
16	4500Fo 20mer TGA TGG CAG AAC AAT GAA GC
17	4780Fo 20mer GCA TTG CGA ATT GGA CRC AC
18	4850Fo 20mer ATG ACA GGA GGC GTT TCA AC
19	4880Re 20mer GTT GAA ACG CCT CCT GTC AT
20	5040R (PVY ^O) 21mer ATA GAC TGA TCG CAC AAA GGC
21	5530Re 16mer AAT TCT CCT CAC ATG C
22	5430Fo 19mer CTC TTA GAG CTA GAT ATG C
23	6150Re 19mer TTT GAG TGG GTT GTG TGG C
24	6180Fo 16mer TTG ATT TAA TGC CAC A
25	6280Re 18mer GAG TGA TTT AGC TTC ATG
26	6700Fo 16mer TGG AAG CAC TGG ATT G
27	6700Re 21mer TTT CTA CAA TCC AAT GCT TCC
28	6860Fo (PVY ^N) 24mer GAG CAT AAT GAG TGG ACC AAA TCG
29	7030Re 20mer GCT CCA TAC ATC CAT GCA GA
30	7300FO (PVY ^O) 19mer GAG GAA GCC ATC AAT AGG G
31	7720Re (PVY ^N) 20mer ACG CCG AAG CAA TCT GTC CC
32	7579Fo 19mer CGG TGC AAA GAA AAG ATA C
33	7620Re 20mer ACA CAC ACT TTA CCA CCC AG
34	8279Fo 18mer GTG TCC ATT CTG CAA TGG
35	8330Re 17mer CCC CAT GAC TCT ATC AT
36	8450Re (PVY ^O) 23mer CCA TAT ACA GTT TCC TTA ATG CC
37	8460Re (PVY ^N) 20mer GAG CAT GGC ATT GAA GAA GC
38	8920Fo 19mer ATG CCA ACT GTG ATG AAT G
39	9079Re 19mer CTG CAA CAT CTG AGA AAT G
40	9650Re 19mer CCT GAT TGA AGT TTA CAG

*mer-quantidade de nucleotídeos.

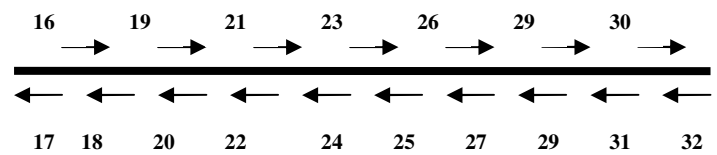
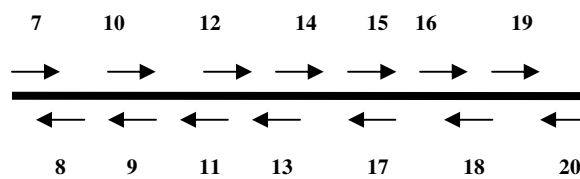
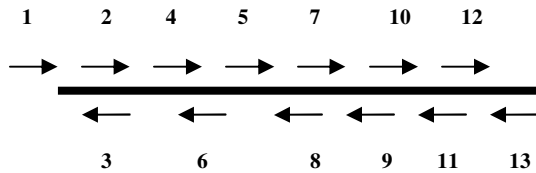
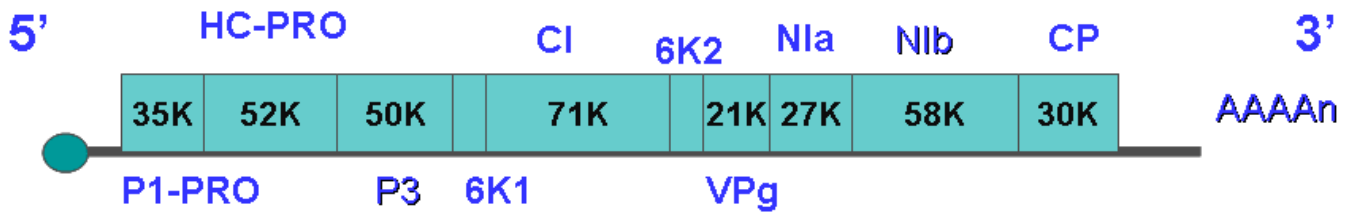


Figura. 5-Representação esquemática da localização e orientação dos oligonucleotídeos no genoma do PVY, para obtenção da seqüência completa do genoma viral dos isolados em estudo. A numeração dos primers corresponde à identificação apresentada na Tabela 1.

8- Síntese de cDNAs e amplificação do genoma viral via PCR.

Após a extração do RNA viral dos diferentes isolados, esses foram submetidos à transcrição reversa (RT), usando cinco oligonucleotídeos, 4180re, 4880re, 6150re, 7620re e 9650re. Para a síntese da fita de DNA complementar foi utilizado a enzima *SuperScript III Reverse Transcriptase* (Invitrogen) de acordo com as recomendações do fabricante.

Após a obtenção da fita de cDNA, 1µL da reação foi adicionado a uma mistura de 9 µL contendo 1µL de tampão de *Platinum Taq DNA Polymerase High Fidelity* (Invitrogen) (10X), 0,8 µL de dNTPs (2,5 mM), 0,4 µL de MgSO₄ (2,5 mM), 0,2 µL de

cada oligonucleotídeo (10 uM) e 0,05 µL de *Taq* (5U/ul) DNA polimerase (Platinum). As amostras foram levadas ao termociclador, submetidas inicialmente a 94 °C por 30 segundos, sendo depois submetidas após esse período a 30 ciclos, sendo a desnaturação da fita à 94 °C por 30 segundos; anelamento dos oligonucleotídeos a 40°C por 30 segundos e extensão das fitas à 68 °C por seis segundos e uma extensão final de sete minutos a 68 °C.

Foram empregadas as seguintes combinações de oligonucleotídeos: quando se utilizou o oligonucleotídeo 4180 no sentido reverso foi utilizado o oligonucleotídeo 1FO; para o oligonucleotídeo 4880re foi usado o 3380fo; já para o oligonucleotídeo 6150 reverso, foi utilizado o 2700fo; para o oligonucleotídeo 7620re foi usado o 4500fo; para o oligonucleotídeo 9650 reverso, foi usado o 4780fo e o 6700fo. Os tamanhos esperados dos fragmentos amplificados foram de 4180 pb, 1500pb, 3750 pb, 3120pb, 4870pb e 4870 pb, respectivamente.

Para a visualização do produto de PCR obtido, 5 µL de cada reação foram misturados a 2 µL de tampão de amostra 6 X (0,25 % de azul de bromofenol + 30 % de glicerol) e aplicado em gel de agarose a 1 %. Como marcador de peso molecular utilizou-se 1 kb Plus DNA Ladder (Invitrogen). O gel foi corado em solução de brometo de etídeo e visualizado sob luz ultravioleta.

9-Preparo de células bacterianas competentes para clonagem

Células de *Escherichia coli* cepa 'XL1-Blue' resistentes a tetraciclina, mantidas em estoque congelado em glicerol, foram transferidas diretamente para uma placa de petri contendo meio de Luria & Bertani- LB- (10 g de triptona; 10 g de cloreto de sódio; 5 g de extrato de levedura; 15 g de Agar, em 1 L de água), pH 7,5 (Sambrook *et al.*, 1989), adicionado de 15 µg/mL de tetraciclina, e foram incubadas a 37 °C, por 16 h. Uma colônia foi transferida para 25 mL de meio LB líquido, e deixada crescer a 37 °C, por 16 h, sob

agitação constante (220 rpm). Após este período, 10 mL (1/100) do meio da cultura foram transferidos para outro frasco contendo 1L de meio LB líquido, deixados crescer a 37 °C sob vigorosa agitação, até atingir OD 0,6 (cerca de 4 h). Após atingir a densidade ótica esperada, as células foram resfriadas completamente e centrifugadas a 4 °C, a 3600 g por 15 min. Descartou-se o sobrenadante completamente e o sedimento foi ressuscitado com 300 mL de glicerol 10 % gelado, sobre o gelo com delicadeza. O volume foi completado para 1 l com glicerol 10 % gelado e centrifugado a 3600 g por 15 min a 4 °C. O sobrenadante foi novamente descartado e o sedimento foi ressuscitado gentilmente com 50 mL de glicerol 10 % gelado, sobre o gelo. O volume foi completado para 500 mL com glicerol 10 % gelado e centrifugado a 3600 g por 15 min a 4 °C. O sedimento foi ressuscitado gentilmente com 30 mL de glicerol 10 % gelado sobre o gelo. O volume foi completado para 200ml com glicerol 10 % gelado e centrifugado a 3600 g por 15 min. Por fim, o sedimento foi ressuscitado com 3,5 mL de glicerol 10 % gelado, sobre o gelo. Alíquotas de 100 µL foram distribuídas em tubos de microcentrifuga (1,5 mL) gelados, colocados posteriormente em nitrogênio líquido e em seguida estocados a - 80 °C.

10- Clonagem do genoma completo dos isolados de PVY

Após a confirmação, através de gel de agarose 1 %, da amplificação dos fragmentos de tamanho esperado por PCR, correspondentes as partes específicas do genoma, o produto de PCR foi precipitado e ressuscitado em 10 µL de água estéril. Após esse passo, o produto de PCR foi novamente submetido à eletroforese em gel de agarose 1 % e para evitar degradação de fragmentos de DNA pela luz ultravioleta, à visualização do DNA no gel de agarose foi feito com corante Violeta Cristal contendo 4 µg/ml na concentração final. A solução foi preparada em 100 ml de água estéril, acrescentando 2 ml de cristal violeta, sendo o extrato final colocado no gel que foi submetido a uma agitação constante de 30 minutos.

As bandas de tamanhos esperados foram retiradas do gel com o uso de um bisturi estéril e a eluição foi feita com o kit de purificação *PureLink Quick gel extraction kit* (Invitrogen) seguindo as instruções do fabricante. Foram adicionados 600 μL de *Gel Solubilization Buffer* (GS1) em 300 mg da banda removida do gel e a mistura foi incubada a 50 °C por 15 minutos. Posteriormente, inverteu-se o microtubo e incubou-se por mais 5 minutos a 50 °C. Após esse tempo, a amostra foi passada para a coluna e centrifugada a 13 523g por 1 minuto. Em seguida, foram adicionados 500 μL de GS1 na coluna, incubou-se à temperatura ambiente por 1 minuto e centrifugou-se a 13 523g por 1 minuto. Foram adicionados na coluna 700 μL de *Wash buffer* com etanol, incubado à temperatura ambiente por 5 minutos e centrifugado a 13 523g por 1 minuto. A solução que passou pela coluna foi descartada e outra centrifugação a 13 523g por mais 1 minuto foi realizada, para eliminar todo o tampão de lavagem. A coluna foi transferida para um novo microtubo de 1,5 ml, adicionaram-se 50 μL de TE aquecido a 75 °C e centrifugou-se a 13 523g por 2 minutos. O DNA eluído obtido foi estocado à -20 °C.

Para preparação dos fragmentos amplificados para a clonagem em vetor específico, após a eluição dos DNAs, foi feita a adenilação (*A-overhanging*), no fragmento, pois durante a autocorreção (*proof reading*), a enzima *Taq polymerase High Fidelity* retira as deoxiadenosinas da extremidade 3' do produto de PCR. O método de adenilação consiste na adição de deoxiadenosina na extremidade 3' do DNA, onde em 8,68 μL do DNA eluído foi adicionado 1 μL tampão *Taq DNA polimerase 10 X*, 0,12 μL dNTPs 2,5 mM, 0,1 μL dATP 2 mM e 0,1 μL *Taq DNA polymerase* (5 U/ μL , Invitrogen), sendo a reação incubada a 72 °C por 30 minutos. Após esse tempo, o fragmento foi ligado ao vetor de clonagem vetor pCR[®]2.1-TOPO[®] (Invitrogen), seguindo as instruções do fabricante. Para a reação de ligação foram usados 3 μL do

produto de PCR (10 ng), 1 µL da solução salina (salt solution), 1 µL de água estéril e 1 µl do vetor Topo-TA, mantendo-se a proporção molar de 1:3 (vetor:inseto). A mistura foi deixada por 30 minutos a temperatura ambiente. A vantagem do uso desse vetor é permitir a clonagem direta de fragmentos de PCR, sendo necessário apenas a presença de uma dioxiadenosina na extremidade 3' do DNA e uma dioxitimina nas extremidades coesivas 3' do vetor, o que permite a ligação. Após esse passo, foi feita a desalinização do DNA, para retirar o excesso de sal da reação, para isso foi utilizado membrana de nitrocelulose da Millipore.

O vetor recombinante contendo o fragmento de DNA amplificado foi introduzido em *Escherichia coli* linhagem XL1-Blue por eletroporação, usando um eletroporador BIO-RAD.

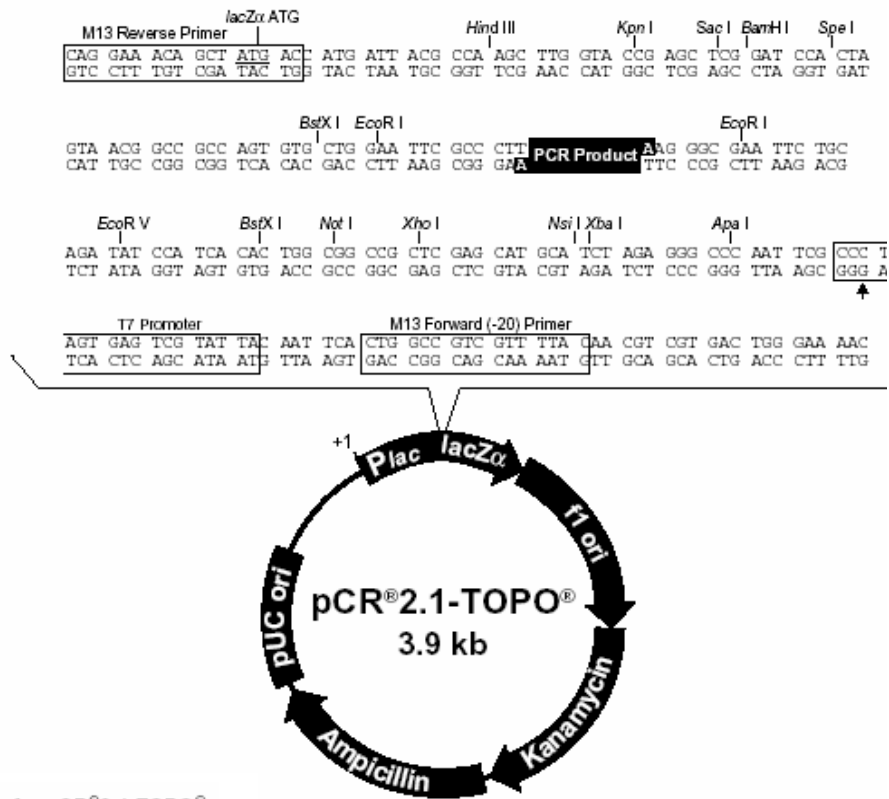
Após a transformação a suspensão bacteriana foi plaqueada em meio Agar LB, sendo que em cada placa foram vertidos 20 ml de meio LB contendo 100 ug/ml de ampicilina. As placas foram incubadas por 15 horas a 37 °C.

11- Extração de DNA plasmidial em pequena escala (mini-prep) e digestão com enzima de restrição.

As colônias bacterianas desenvolvidas no meio descrito no item 2.5 que apresentaram tamanho superior ao vetor, foram repicadas individualmente para tubos contendo 8 ml de meio LB líquido acrescido de 8 µL de ampicilina (100 ug/ml), mantidos sobre agitação durante 15 horas, a 37 °C. O DNA plasmidial foi isolado utilizando o protocolo descrito a seguir: a solução bacteriana de cada tubo originado de uma única colônia foi transferida para microtubos de 1,5 ml e procedida à precipitação das células bacterianas centrifugando a 13 523g por 1 min. Este procedimento foi repetido por mais uma vez. Após o descarte do sobrenadante foram adicionados 200 µL de TEG (50 mM glicose + 25 mM Tris, pH 8,0 + 10 mM EDTA, pH 8,0). O 'pellet' foi

ressuspendido completamente por agitação em vortex. Foram acrescentados 400 µL de solução desnaturante (NaOH 0,2 N, acrescido de SDS 1 %), incubando-se por 5 minutos em gelo. Após esse passo, foram adicionados 300 µL de acetato de potássio 5 M e incubou-se novamente em gelo por 3 minutos. Após esse tempo, as amostras foram centrifugadas por 5 minutos a 13 523 g, transferindo-se o sobrenadante para um novo tubo onde foram adicionados 100 µL de clorofórmio, e após serem invertidos por 1 minuto centrifugou-se por 5 minutos a 13 523 g. A fase aquosa foi transferida para um novo tubo, à qual foram adicionados 600 µL de isopropanol e incubou-se a mistura por 5 minutos à temperatura ambiente. Uma última centrifugação para precipitação do DNA plasmidial foi realizada por 5 minutos a 13 523 g. Concluída a precipitação, o 'pellet' foi lavado com etanol 70 % gelado e secado a temperatura ambiente. O 'pellet' foi ressuspendido com 50 µL de água esterilizada. Alíquotas de cada amostra foram visualizadas em gel de agarose 1 % corado com solução de brometo de etídeo, submetidas à eletroforese e visualização sob luz ultravioleta.

De acordo com o padrão eletroforético observado no gel, as amostras que apresentaram tamanho superior ao vetor, possivelmente contendo um inserto, foram selecionadas para serem digeridas separadamente com as enzimas Eco-RI e Hind-III (Invitrogen), as quais apresentam sítios de restrição no sítio de clonagem do vetor que flanqueiam o local de inserção do fragmento (Figura-6).



Comments for pCR[®]2.1-TOPO[®]
3931 nucleotides

Figura 6- Esquema do vetor TOPO TA cloning kit, (Invitrogen), utilizado para realizar a clonagem dos fragmentos amplificados via PCR.

As reações foram incubadas a 37 °C por 4 horas. Para a observação da presença do fragmento de interesse foi realizada eletroforese em gel de agarose a 1 % corado com brometo de etídeo e visualização sob luz ultravioleta. Os plasmídeos contendo o inserto esperado foram purificados utilizando-se o Kit QIAprep™ Spin Miniprep Kit Protocol' (QIAGEN)), de acordo com as especificações do fabricante.

12- Seqüenciamento e análise das seqüências

Foram selecionados 24 clones, sendo seis de cada estirpe estudada para sequenciamento. Para obter as seqüências nucleotídicas dos fragmentos clonados, bem como, de todo genoma viral, foram usados os 40 oligonucleotídeos sintetizados e também os oligonucleotídeos M13_{fo} e M13_{re}, utilizando um seqüenciador automático.

As seqüências foram analisadas através do programa Staden Package (Staden *et al.*, 2003). Foi utilizado o programa BLAST (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast>) para comparar as seqüências obtidas com outras disponíveis no banco de dados. O alinhamento múltiplo entre as seqüências completas de potyvírus depositadas no banco com aquelas obtidas pelo seqüenciamento foi realizado através do programa Clustal W. A análise filogenética foi realizada com o programa MEGA 4 (<HTTP://www.megasoftware.net>).

Resultados

1- Teste sorológico

Antes da purificação biológica foi realizada a confirmação da identidade sorológica de cada isolado através do teste DAS - ELISA, usando anticorpo policlonal contra o PVY. Os dados obtidos por meio da detecção do vírus pela técnica de DAS-ELISA mostraram que, os quatros isolados apresentaram uma absorbância de NBR- 0,718, OBR- 0,923, VGS- 0,513 e o ITA- 0,526, enquanto o controle negativo apresentou absorbância média de 0,015 e o controle positivo uma absorbância de 0,923, como demonstrado na Figura-7. Comprovando que todos os quatros isolados em estudo são PVY.

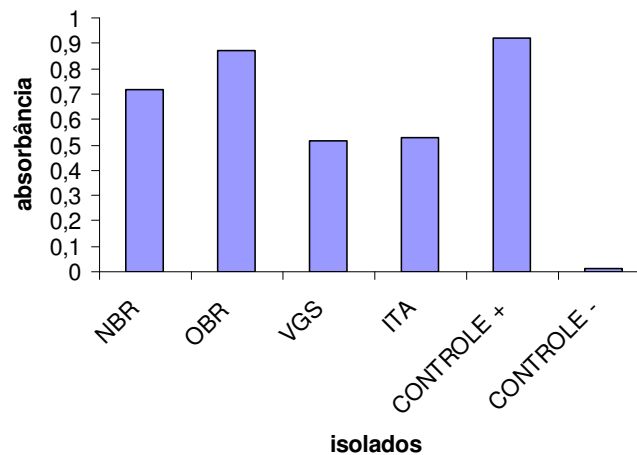


Figura-7. Resultado do teste DAS-ELISA confirmando que os quatro isolados representam estirpes da espécie *Potato vírus Y* (PVY), onde NBR-PVY^N; OBR-PVY^O; VGS-PVY^{NTN} e ITA-PVY^{NTN}.

1.2-Purificação Biológica

Após a purificação biológica através de passagens sequenciais em plantas de *Nicotiana tabacum* 'Samsun' via inoculação mecânica, foi escolhida a diluição de 10^{-5} (por ser a mais diluída) para efetuar a manutenção dos isolados e com isso, ampliar as chances de alcançar uma alta pureza viral. A infecção das plantas foi confirmada através do teste DAS-ELISA usando anti-soro policlonal contra PVY (Figura-8). Também foi realizado um segundo teste DAS-ELISA com anti-soro contra PVX e PLRV e os resultados descartaram qualquer possibilidade infecção mista com esses vírus, como pode ser observado nas Figuras 9e 10.

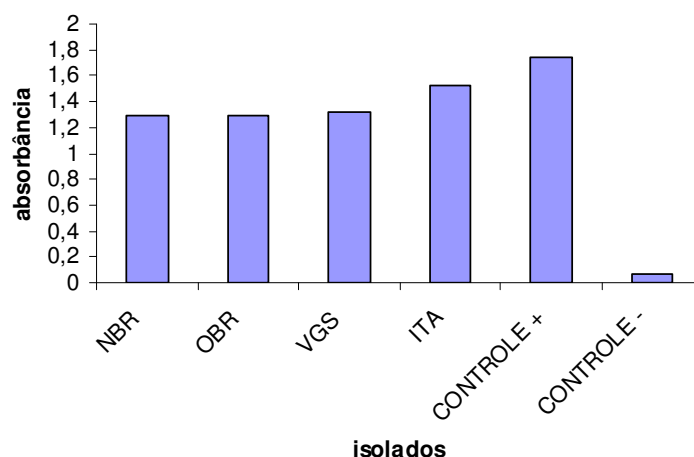


Figura 8- Resultado do teste Das-Elisa usando anti-soro policlonal contra PVY de extrato foliar proveniente de plantas inoculadas com a diluição 10^{-5} para todos os isolados testados comprovando a infecção das plantas de *Nicotiana tabacum* "Samsun". (Sendo que o NBR pertence a estirpe PVY^N; o OBR representa o PVY^O; VGS pertence a estirpe PVY^{NTN} e o ITA pertence a estirpe PVY^{NTN}).

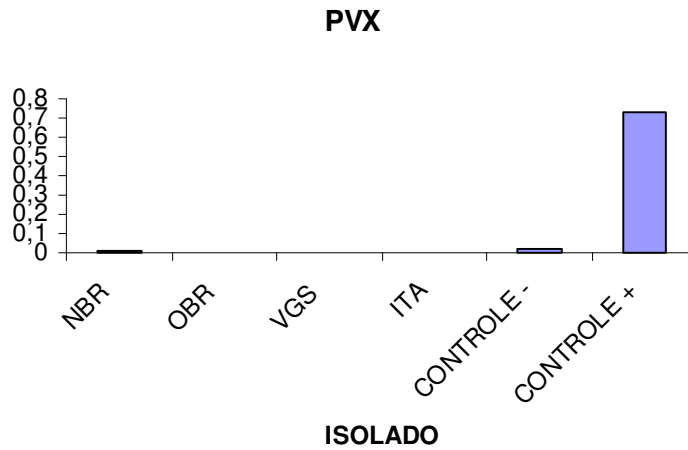


Figura 9- Resultado do teste Das-Elisa usando anti-soro policlonal contra PVX de extrato foliar proveniente de plantas inoculadas com a diluição 10^{-5} para todos os isolados de PVY estudados descartando uma infecção mista com PVX. (Sendo que o NBR pertence a estirpe PVY^N; o OBR representa o PVY⁰; VGS pertence a estirpe PVY^{NTN} e o ITA pertence a estirpe PVY^{NTN}).

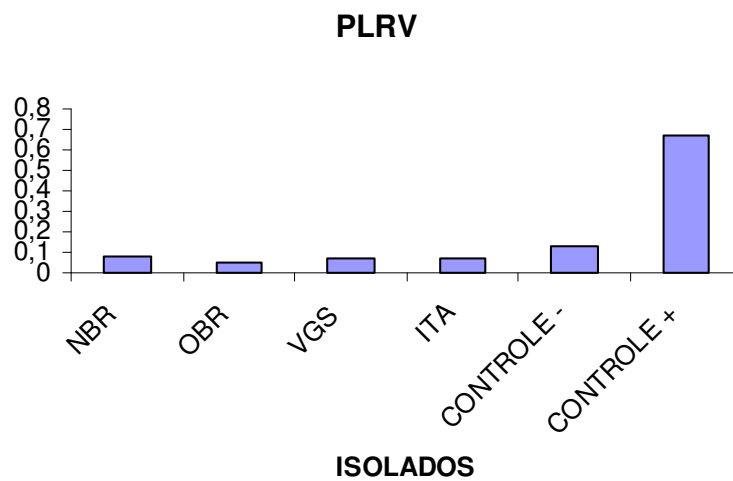


Figura 10- Resultado do teste Das-Elisa usando anti-soro policlonal contra PLRV de extrato foliar proveniente de plantas inoculadas com a diluição 10^{-5} para todos os isolados testados descartando uma infecção mista com PLRV (Sendo que o NBR pertence a estirpe PVY^N; o OBR representa o PVY⁰; VGS pertence a estirpe PVY^{NTN} e o ITA pertence a estirpe PVY^{NTN}).

Após as diluições foi feita extração de RNA total utilizando o método Trizol e após esse passo foi feito um tripex RT-PCR usando a metodologia descrita por Nie & Singh (2003), para confirmar a pureza entre as estirpes e os subgrupos, já que o DAS-ELISA com anti-soro policlonal contra PVY, não diferencia as estirpes e os subgrupos. O subgrupo PVY^{NTN} apresentou três fragmentos amplificados, sendo de 640bp, 440bp e 300pb. Já o PVY^O apresentou um único fragmento de 859bp enquanto o PVY^N não apresentou fragmentos amplificados (Figura-11). Com essa metodologia foi possível diferenciar as estirpes e os subgrupos.

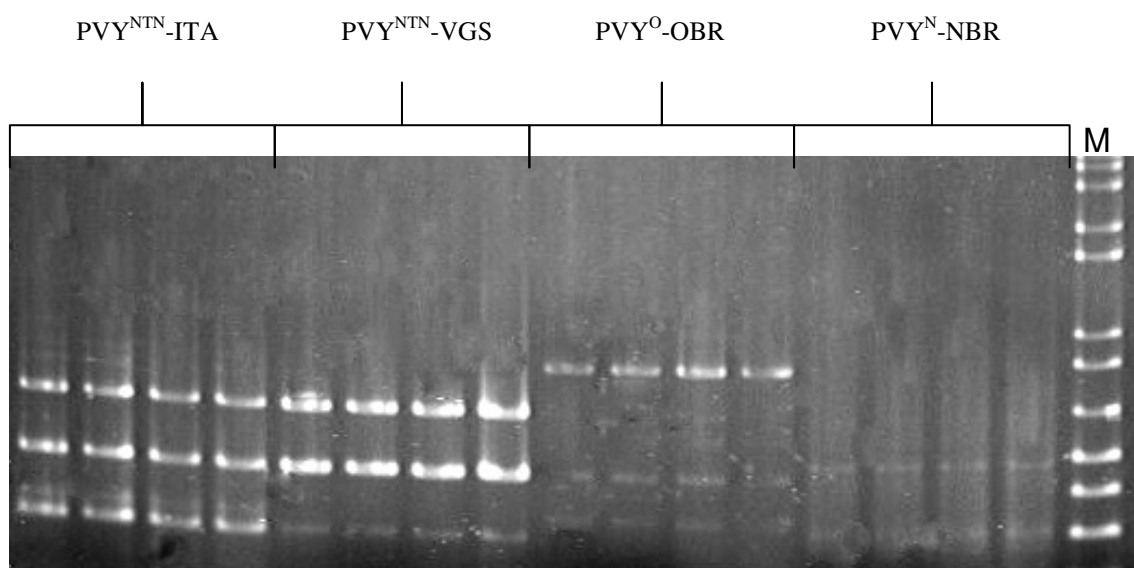


Figura-11- Análise em gel de agarose a 1 % do produto da PCR obtidos com um conjunto de primers específicos para as estirpes PVY^N; PVY^O e PVY^{NTN}. Para PVY^{ntn} foram amplificadas bandas de 300pb, 400pb e 500pb respectivamente, para o PVY^o foram amplificadas uma banda de 800 pb e para a estirpe PVYⁿ não houve amplificação esperada. M-marcado 1Kb plus.

2- Comparação de patogenicidade em diferentes variedades de batatas.

Após a purificação biológica de cada isolado de PVY foi feita a comparação de patogenicidade em diferentes variedades de batatas. Foi usada uma concentração de inoculo de 10^{-5} (peso/volume) e posterior inoculação nas variedades selecionadas (Quadro-1) e (Figura-16).

A infecção das plantas de batata foi confirmada 30 dias após o plantio através do teste DAS-ELISA, usando anti-soro policlonal contra PVY (Figuras 12, 13, 14 e 15). O isolado NBR apresentou um baixo grau de infecção nas variedades Achat, Ágata, Baraka, Bintje, BRS-Ana e Monalisa, porém, na avaliação dos sintomas nas plantas de batatas as variedades Achat e Bintje apresentaram sintomas característicos de infecção de PVY^N. Esse resultado sugere que não existe uma correlação entre concentração de vírus e sintomas.

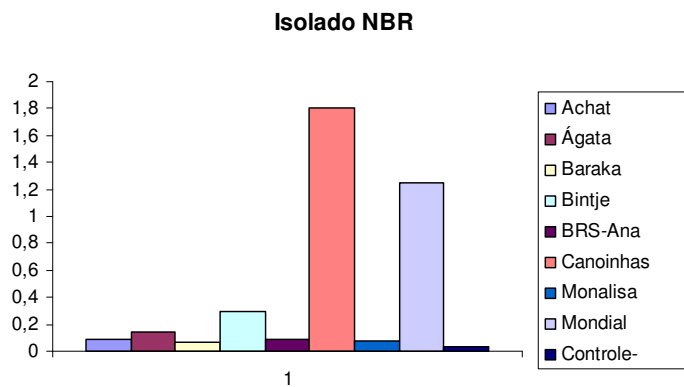


Figura-12- Resultado do teste Das - Elisa usando anti-soro policlonal contra PVY de amostras de extrato foliar proveniente de plantas de batatas inoculadas com o isolado NBR (PVY^N).

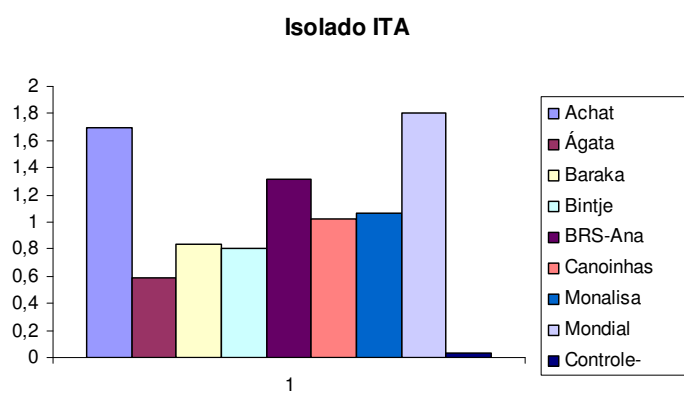


Figura 13- Resultado do teste Das - Elisa usando anti-soro policlonal contra PVY de amostras de extrato foliar proveniente de plantas de batatas inoculadas com o isolado ITA (PVY^{NTN}).

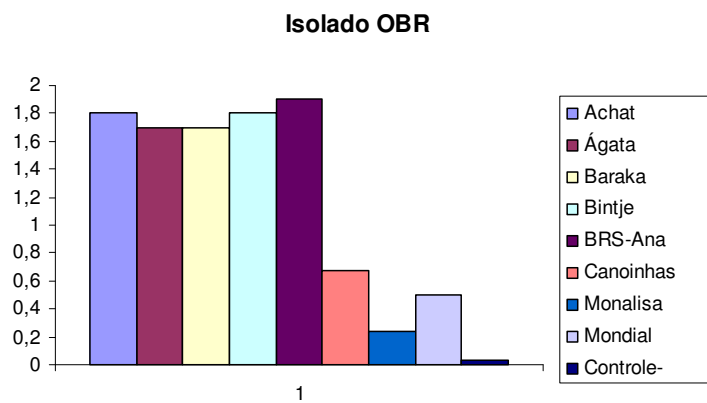


Figura 14- Resultado do teste Das - Elisa usando anti-soro policlonal contra PVY de amostras de extrato foliar proveniente de plantas de batatas inoculadas com o isolado OBR (PVY^O).

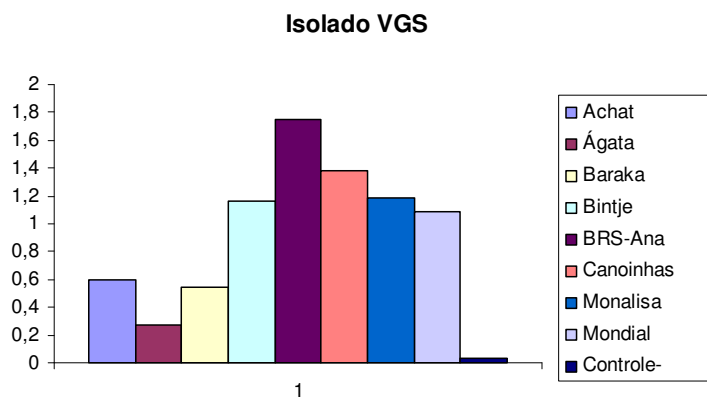


Figura 15- Resultado do teste Das - Elisa usando anti-soro policlonal contra PVY de amostras de extrato foliar proveniente de plantas de batatas inoculadas com o isolado VGS (PVY^{NTN}).

Quadro 1-Resultado da avaliação de patogenicidade em diferentes variedades de batatas após a purificação biológica dos isolados de PVY em estudo (isolado NBR pertence à estirpe PVY^N; o OBR representa o PVY^O; VGS pertence a estirpe PVY^{NTN} e o ITA pertence a estirpe PVY^{NTN}).

Variedade	Isolado ITA	Isolado VGS	Isolado OBR	Isolado NBR
Achat	Rugosidade dos folíolos; Necrose nas hastes; Encurtamento do pecíolo.	Assintomático	Assintomático	Leve deformação foliar; Necrose de nervura.
Àgata	Mosaico; Ondulação e deformação foliar; Epinastia	Mosaico severo; Deformação e ondulação dos folíolos;	Mosaico severo; Severa deformação do limbo; Folíolos tendendo a enrolar para baixo;	Assintomático
Baraka	Assintomático	Assintomático	Mosaico leve; Deformação do limbo foliar.	Encurtamento do pecíolo.
Bintje	Mosaico severo; Deformação do limbo.	Mosaico severo; Deformação do limbo.	Mosaico e deformação; Ondulação dos folíolos.	Mosaico severo; Deformação do limbo foliar; Epinastia.
BRS-Ana	Mosaico leve;	Mosaico leve.	Mosaico leve; Deformação do limbo.	Assintomático
Canoinhas	Mosaico leve; Deformação do limbo;	Deformação severa dos folíolos; Mosaico severo; Encarquilhamento foliar; Sintoma de boto crespo (Bouquet).	Mosaico leve; Necrose de nervura.	Assintomático
Monalisa	Mosaico severo; Epinastia.	Deformação severa dos folíolos; Mosaico severo; Encarquilhamento foliar; Sintoma de boto crespo (Bouquet).	Mosaico; Necrose ondulada nas nervuras, com pintas necróticas no limbo foliar.	Assintomático
Mondial	Mosaico severo; Deformação do limbo.	Mosaico severo, limbo deformado e ondulado; Redução dos folíolos.;Sintoma de boto crespo (Bouquet).	Morte da planta.	Deformação do limbo; Encurtamento do pecíolo.



Figura-16-Sintomas causados pelos isolados em estudo em plantas de batatas de diferentes cultivares. A concentração do inoculo usado foi de 10^{-5} . Foto A e C: planta apresentando folíolos apicais ondulados, típico sintoma de sintoma de topo crespo causado pelo subgrupo PVY^{NTN}, isolado VGS; Foto B: planta apresentando sintomas de mosaico bem evidente provocado pelo subgrupo PVY^{NTN}, isolado ITA; Foto D: planta apresentando sintomas de folhas ressecadas, coriáceas e dependuradas, provocados pela estirpe PVY^O, isolado OBR.

Os tubérculos colhidos das plantas infectadas com os isolados VGS e ITA, (Figura-18), após brotarem, foram plantados em casa de vegetação. Após 30 dias, as plantas foram submetidas ao teste DAS-ELISA para confirmar a infecção com os isolados de PVY sendo que, apenas a variedade Achat, apresentou resultado negativo para os dois isolados em questão (Figura-17). Após 90 dias, os tubérculos da segunda geração foram colhidos e apenas a variedade Mundial apresentou sintoma nos seus tubérculos para os dois isolados em questão.

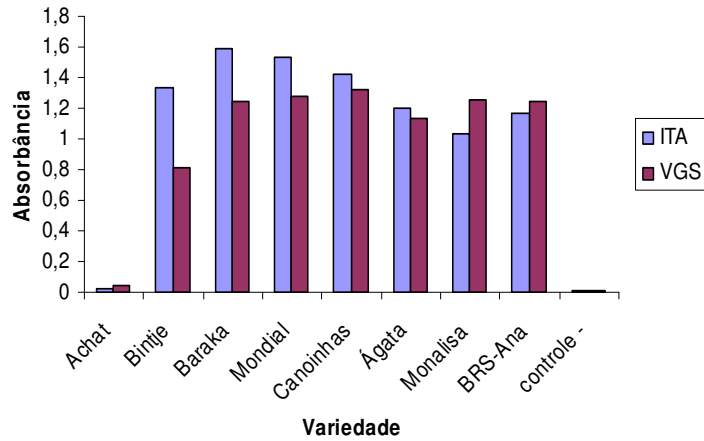


Figura -17: Resultado do teste DAS-ELISA usando anti-soro policlonal contra PVY para confirmação da infecção das plantas de batata oriundas de tubérculos infectados com isolado ITA e VGS (PVY^{NTN}).



Figura-18: Tubérculos oriundos de plantas inoculadas com PVY^{NTN} (ITA e VGS). Todos os tubérculos apresentaram sintomas típicos de necrose, sintomas estes, considerados como comprovação biológica para caracterizar se um isolado pertence a estirpe necrótica PVY^{NTN}.

3- Sínteses dos oligonucleotídeos

Visando a amplificação e sequenciamento do genoma completo das estirpes de PVY isoladas e identificadas via PCR diferencial, foi feito um alinhamento das seqüências de vários isolados de PVY encontrados no banco mundial de dados NCBI usando o programa Clustal W. A partir do alinhamento de seqüências foram sintetizados 40 oligonucleotídeos cobrindo todo o genoma viral. Os primers (1FO-4180R), (2000FO- 6150R) e (4880F-9650R) foram usados para amplificação dos fragmentos que foram clonados do isolado NBR (Figura-19). Já para o isolado OBR os oligonucleotídeos usados para sua clonagem foram, (1FO-4180R), (3900F-5040R) e (4880F-9650R) (Figura-20). Para o isolado ITA foram usados os oligonucleotídeos (1FO-4180R), (3380F-4880R) e (4880F-9650R) (Figura-21). O isolado VGS teve seu genoma clonado com os oligonucleotídeos (1FO-4180R), (4500F-7620R) e (6700F-9650R) (Figura-22). Os demais oligonucleotídeos foram usados nas reações de sequenciamento.

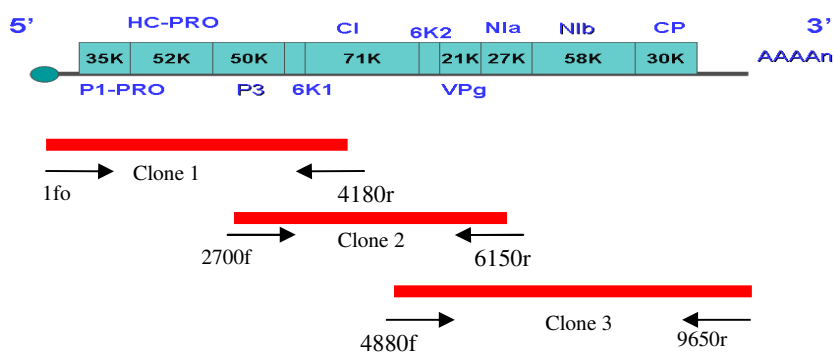


Figura-19-Representação esquemática mostrando a posição dos clones obtidos para sequenciamento do genoma viral do isolado NBR sendo o clone 1 amplificado com os oligonucleotídeos 1fo-4180re; Clone 2 amplificado com os Oligonucleotídeos 2700fo-6150re; Clone 3 amplificado com os oligonucleotídeos 4850fo-9650re.

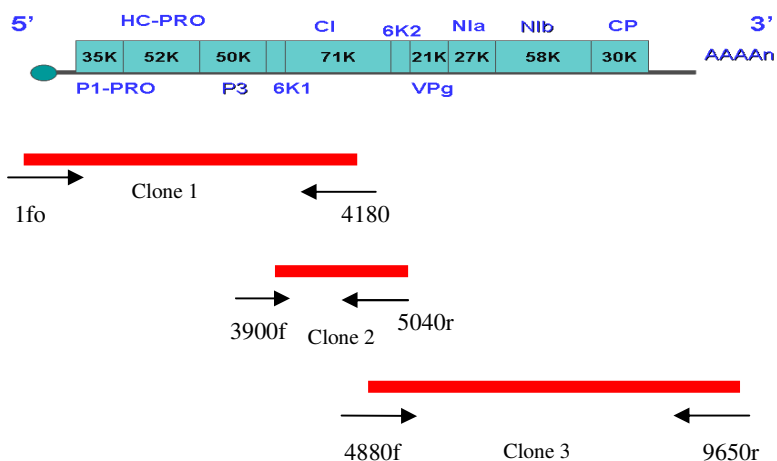


Figura-20-Representação esquemática mostrando a posição dos clones obtidos para seqüenciamento do genoma viral do isolado OBR, sendo o clone 1 amplificado com os oligonucleotideos 1fo-4180re; Clone 2 amplificado com os Oligonucleotideos 3900fo-5040re; Clone 3 amplificado com os oligonucleotideos 4880fo-9650re.

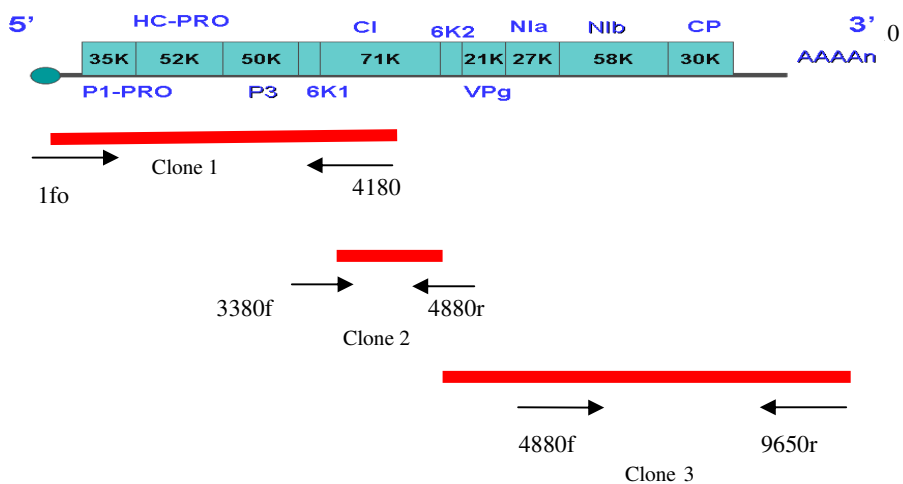


Figura-21-Representação esquemática mostrando a posição dos clones obtidos para seqüenciamento do genoma viral do isolado ITA, sendo o clone 1 amplificado com os oligonucleotideos 1fo-4180re; Clone 2 amplificado com os Oligonucleotideos 3380fo-4880re; Clone 3 amplificado com os oligonucleotideos 4880fo-9650re.

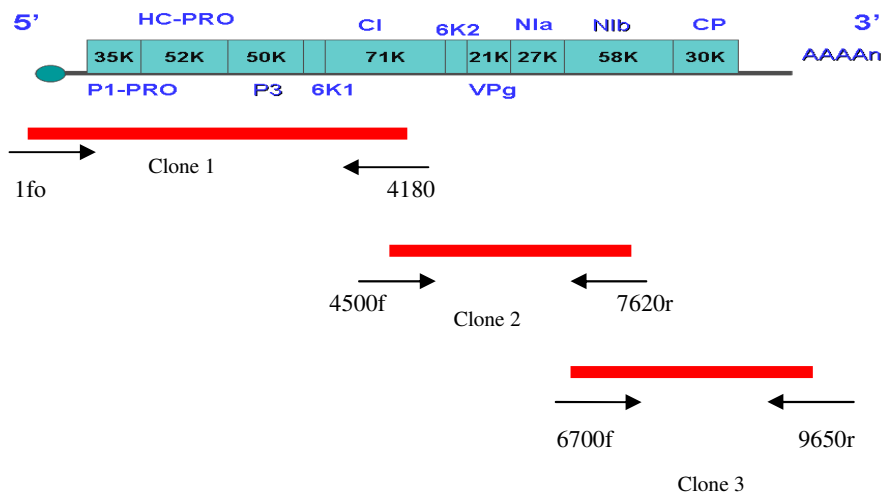


Figura-22-Representação esquemática mostrando a posição dos clones obtidos para sequenciamento do genoma viral do isolado VGS, sendo o clone 1 amplificado com os oligonucleotídeos 1fo-4180re; Clone 2 amplificado com os Oligonucleotídeos 4500fo-7620re; Clone 3 amplificado com os oligonucleotídeos 6700fo-9650re.

4- Síntese de cDNAs e amplificação do genoma viral via PCR

O RNA viral dos isolados foi submetido à transcrição reversa (RT), usando os seguintes oligonucleotídeos, 4180re, 4880re, 6150re, 7620re e 9650re. Para o PCR, as combinações 1FO com 4180re amplificou um fragmento de 4180 pb, já para a combinação 2700fo com 6150re o fragmento foi de 3750 pb. Na combinação 3380fo com 4880re o fragmento obtido foi de 1500pb, já com os oligonucleotídeos 4500fo com 7620re o fragmento clonado foi de 3120pb. Com o par de nucleotídeos 6700fo com 9650re o tamanho do fragmento foi de 2950pb e na combinação de 4780fo com 9650re o fragmento amplificado foi de 4870 pb (Figura-23).

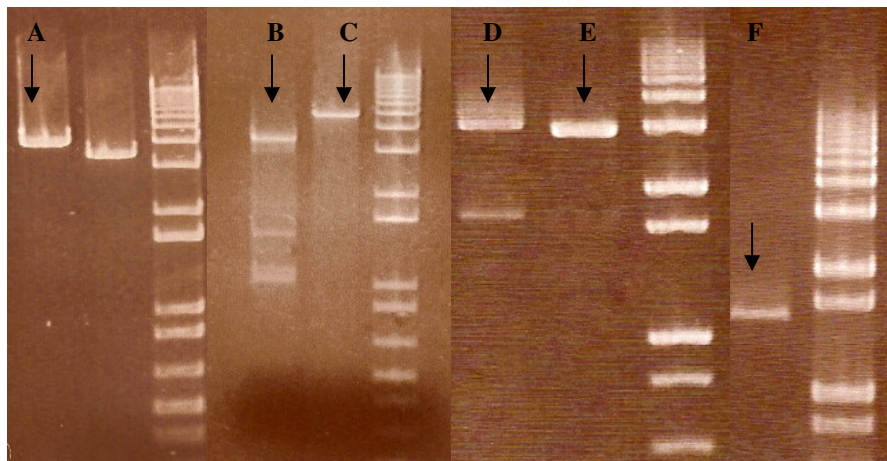


Figura 23- Análise em gel de agarose 1 % dos fragmentos de PCR, onde A) Fragmento obtido da combinação dos oligonucleotídeos 1FO - 4180re com tamanho de 4180 pb.; B) apresenta um fragmento de 3750 pb a partir da combinação entre os oligonucleotídeos 2700fo com 6150re. C) Fragmento obtido da combinação dos oligonucleotídeos 4780fo-9650re de 4870pb; D) combinação entre os oligonucleotídeos 7620fo -4500re com um fragmento de 3120pb; E) Fragmento obtido da combinação dos oligonucleotídeos 6700fo-9650re de 2950pb; F) combinação entre os oligonucleotídeos 3380fo-4880re amplificando um fragmento de 1500pb

5-Clonagem do genoma completo dos isolados de PVY

Os fragmentos obtidos através da amplificação foram isolados e clonados no vetor pCR®2.1-TOPO®. Após esse passo foi feita uma digestão com as enzimas de restrição EcoRI e Hind-III para verificar se os fragmentos foram clonados corretamente. (Figura -24). Todos os clones que apresentaram padrões distintos na liberação do inserto foram seqüenciados, primeiramente utilizando-se primers do vetor M13 forward e M13 reverse, para confirmar a clonagem da região esperada. Para essa confirmação se o fragmento clonado era da região viral esperada, as seqüências parciais obtidas foram analisadas via o programa “Blast” (NCBI Website) para determinação da região, onde o clone apresentava maior identidade de seqüências de nucleotídeos comparadas com as seqüências depositadas no banco de dados. Após a confirmação da clonagem, foi feito o seqüenciamento completo usando os 40 oligonucleotídeos que foram sintetizados para cobrir todo o genoma.

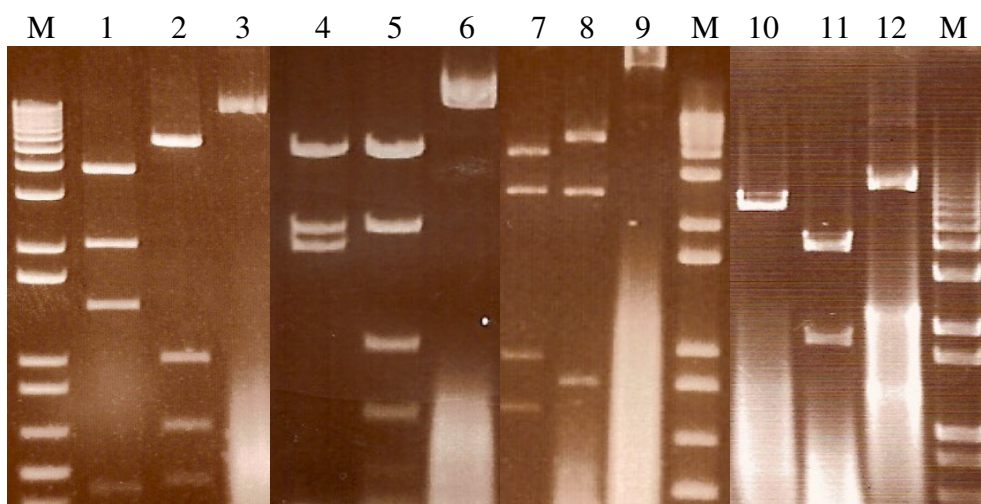


Figura-24- Análise em gel de agarose 1 % dos DNAs plasmidiais digeridos com a enzima EcoRI e Hind-III- 1- DNA digerido com EcoRI , 2- DNA digerido com Hind-III e 3- DNA não digerido, dos produtos de amplificação com os primers 2700fo- 6150re; 4- DNA digerido com EcoRI ,5- DNA digerido com Hind-III e 6- DNA não digerido, a partir dos produtos de amplificação com os primers 1fo- 4180re; 7- DNA digerido com EcoRI ,8- DNA digerido com Hind-III e 9-DNA não digerido, dos produtos de amplificação com os primers 4850fo- 9650re; 10- DNA digerido com EcoRI , 11- DNA digerido com Hind-III e 12- DNA não digerido, a partir dos produtos de amplificação com os primers 4500fo-7620re; M- marcador um 1Kb plus.

6- Seqüenciamento e Análise das seqüências

Os clones obtidos foram seqüenciados cada um com os oligonucleotídeos que foram sintetizados e também com os oligonucleotídeos universais contidos no vetor de clonagem, M13F e o M13R. As regiões completas que foram seqüenciadas dos quatros isolados foram: 5'UTR, 6K2 e VPg. Já as regiões HC-PRO, P3 e CI foram completamente seqüenciadas somente para o isolado NBR. A região NIa foi determinada para os isolados ITA e VGS. A NIB foi seqüenciada nos isolados OBR e ITA. Já as regiões da CP e a 3'UTR foram completamente determinadas para os isolados NBR, OBR e ITA, como pode ser visualizado na Figura 25.

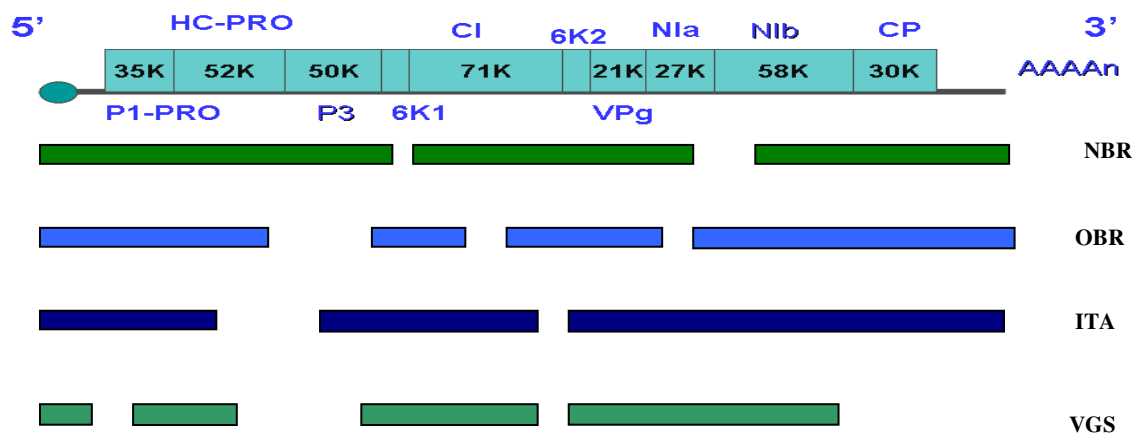


Figura 25-Representação esquemática mostrando as regiões do genoma de PVY que foram sequenciadas dos quatros isolados em estudo. Sendo o NBR (PVY^N); OBR (PVY^O); ITA (PVY^{NTN}) e VGS (PVY^{NTN}).

Após a edição e montagem das sequências com auxílio dos esferogramas, foi feita a análise destas utilizando-se o programa Blast ([HTTP://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast/blast.cgi](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast/blast.cgi)). Com o auxílio do programa Clustal ([HTTP://www.clustalw.genome.ad.jp](http://www.clustalw.genome.ad.jp)) foram realizados os alinhamentos múltiplos das regiões obtidas de cada isolado com sequencias de isolados de PVY (caracterizados em várias regiões do mundo) disponíveis no GenBank ([HTTP://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/query.fcgi](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/query.fcgi)). As identidades das regiões do genoma estudadas foram obtidas através do programa DNAmam, sendo selecionados os seguintes isolados do GenBank para comparação com os isolados brasileiros: PVY^N-Egito (AF522296), PVY^N-Japão (AB270705), PVY^O-USA (EF026074), PVY^{NTN}-Alemanha (AJ889866), PVY^{NTN}-Canadá (AY166866), PVY^{NTN}-USA (EF026075), PVY^{N:O}-Canadá (AY745492), PVY^{N:O}-USA (EF026076), PVY^W-Alemanha (AJ889867).

As regiões do genoma do PVY correspondendo a todos os genes codificados pelo vírus, além das regiões 5'-UTR e 3'-UTR foram comparadas separadamente entre os isolados do GenBank e os isolados brasileiros estudados. As árvores filogenéticas

geradas dos diferentes alinhamentos foram visualizadas com auxílio do programa Mega 4 ([HTTP://www.megasoftware.net](http://www.megasoftware.net)).

6.1- Comparação da sequência de nucleotídeos da região 5'UTR

Na árvore filogenética gerada a partir do alinhamento da região 5'NTR dos isolados em estudo e dos isolados publicados, que compreendeu toda a região 5'NTR, verificou-se uma divisão em dois grupos distintos (Figura-26). Um grupo formado pelos isolados necróticos oriundos da América, com exceção do PVY^N do Japão, onde foram agrupados os isolados necróticos brasileiros em estudo. Um segundo grupo foi formado por isolados necróticos e comuns provenientes dos continentes Europeu e Asiático, sendo que o isolado OBR em estudo ficou nesse grupo.

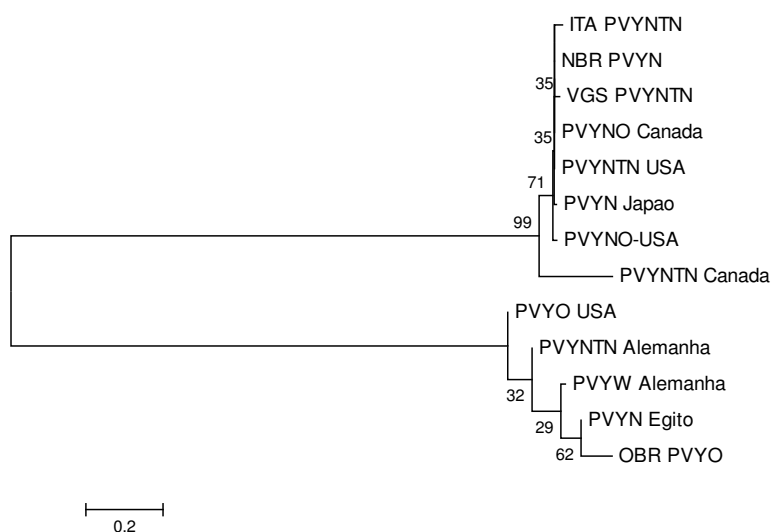


Figura-26- Árvore filogenética obtida a partir das seqüências de nucleotídeos da proteína 5'UTR de isolados de PVY e de alguns isolados de PVY publicados em bancos de dados. O comprimento dos ramos horizontais é proporcional à distância genética entre os isolados; os ramos verticais são arbitrários. Os números sobre os ramos indicam a porcentagem de repetições da análise de *bootstrap* na qual as ramificações foram observadas.

Na análise de identidade dos 170 nucleotídeos sequenciados do isolado ITA, que compreendeu toda a região 5'UTR, quando comparado com os isolados já publicados

no banco de dados apresentou uma identidade que variou de 50,7 a 98,4%, sendo a menor identidade observada quando ITA foi comparado com o isolado EF026074(PVY^O-USA) e a maior com o isolado AY745492 (PVY^{N:O}-Canadá).

Já análise dos 168 nucleotídeos sequenciados do isolado NBR, quando comparado com os isolados do banco de dados teve uma variação de 56,0 a 98,0%, sendo a identidade de 56,0 % observada quando se comparou com o isolado AJ889867(PVY^W-Alemanha) e AF522296(PVY^N-Egito) e de 98,0%, comparado com o isolado AB270705 (PVY^N-Japão).

Na análise da região 5'UTR do isolado OBR foram sequenciados 152 nucleotídeos dessa região, sendo que a identidade obtida variou de 51,0 a 93,4%. A menor identidade foi observada no alinhamento com o isolado AY166866 (PVY^{NTN}-Canadá) e a maior percentagem de identidade obtida quando OBR foi comparado com o isolado EF026074(PVY^O-USA).

Na análise da região 5'UTR do isolado VGS os 169 nucleotídeos apresentaram uma variação na identidade de 57,3 a 90,7%, sendo a de 50,3% quando comparado com o isolado EF026074 (PVY^O-USA) e a maior identidade de 90,7%, foi observada com o isolado AY745492 (PVY^{N:O}-Canadá).

Entre os isolados brasileiros em estudo, os isolados necróticos, ITA, VGS e NBR apresentaram uma identidade entre 96 a 97%, já o OBR quando comparado com esses isolados necróticos apresentou uma identidade que variou de 52 a 53%.

6.2-Alinhamento múltiplo dos nucleotídeos da região 5'UTR

Através do alinhamento múltiplo dos nucleotídeos dos isolados, obtido através do Programa Clustal W para os 13 isolados comparados, a análise iniciou-se na posição 13, do isolado ITA, onde todos os isolados alinharam. Foram observadas diferenças nas

6.3-Comparação da sequência de nucleotídeos da região P1

Na região que codifica a proteína P1 foram comparados apenas 12 isolados, pois para o isolado em estudo VGS, não foi possível obter a sequência de toda a região que compreende a P1 sequenciada. Diferente do observado na 5'UTR, os isolados se dividiram em três grupos (Figura-28) sendo que, mais uma vez, os isolados do subgrupo necrótico apresentaram uma divisão geográfica, como descrito por Nie & Singh (2002a,b). Todos os isolados Norte-Americanos foram agrupados em um grupo, juntamente com o isolado do subgrupo necrótico em estudo, o ITA e o isolado necrótico NBR. Outro grupo compreendeu os dois isolados do subgrupo necrótico Europeus, enquanto um terceiro grupo, foi formado pelo isolado comum em estudo OBR, pelo isolado comum do USA e o isolado necrótico do Japão.

No alinhamento dos nucleotídeos dos isolados em estudo com os isolados publicados, que compreendeu toda a região P1, o isolado OBR foi aquele que apresentou o gene de maior tamanho, com 835 nucleotídeos, contra 825 nucleotídeos do isolado NBR e 804 nucleotídeos do ITA. A região P1 do isolado necrótico ITA apresentou identidade que variou de 53,4 a 93,1%, sendo a identidade de 53,4% observada quando comparada com a região P1 do isolado AF522296 (PVY^N-Egito) e de 93,1% com a região P1 dos isolados AJ889866 (PVY^{NTN}-Alemanha) e o EF026075(PVY^{NTN}-USA).

Já a identidade da mesma região do isolado NBR variou de 71,0 a 99,0%, sendo o menor valor obtido da comparação com a P1 do isolado AJ889866 (EF026074 (PVY^O-USA) e o maior valor da comparação com EF026076 (PVY^{N:O} do USA). Já o isolado OBR, apresentou uma variação de identidade de 52,2 a 96,6%, sendo a de 52,2 % obtida da comparação entre a P1 do isolado OBR e o isolado EF026075(PVY^{NTN}-

USA) e AJ889866 (PVY^{NTN} - Alemanha) a de 96,6% com o isolado EF026075(PVY^O-USA). Esses dados confirmam que a região P1 apresenta uma variabilidade, conforme previsto por Tordo *et al.* (1995).

Na comparação entre os isolado em estudo os isolados necróticos, NBR e ITA, apresentaram uma identidade de 93% e quando comparado com o OBR a identidade obtida foi entre 70 a 71% respectivamente.

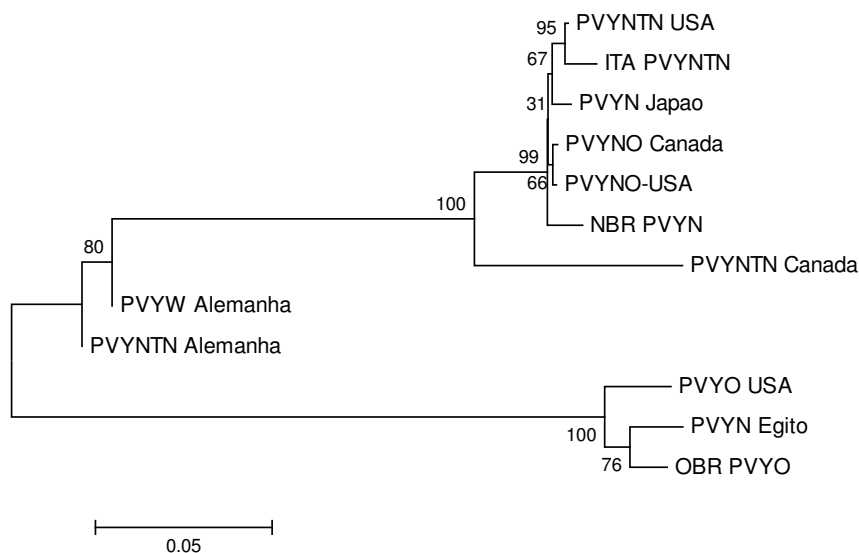


Figura-28- Árvore filogenética obtida a partir das seqüências de nucleotídeos da proteína P1 de isolados brasileiros de PVY e de alguns isolados de PVY publicados. O comprimento dos ramos horizontais é proporcional à distância genética entre os isolados; os ramos verticais são arbitrários. Os números sobre os ramos indicam a porcentagem de repetições da análise de *bootstrap* na qual as ramificações foram observadas.

6.4-Alinhamento múltiplo dos nucleotídeos da região P1

Através do alinhamento múltiplo dos nucleotídeos dos isolados obtido através do Clustal W, para os 12 isolados comparados, a análise começou do segundo nucleotídeo, onde todos alinharam, observou-se que os oitos primeiros nucleotídeos foram conservados, e como já apresentados anteriormente, o isolado comum em estudo apresentou um número maior de nucleotídeos. Foram observadas varias diferenças entre

os nucleotídeos dos dois isolados necróticos em estudo, como por exemplo, nas posições 208, o NBR apresentou uma adenina contra uma guanina do ITA e na posição 645, o isolado ITA possui uma inserção e o NBR uma citosina. Já o isolado comum em estudo, OBR, mostrou varias diferenças quando comparado com os isolados necróticos em estudo. Numa comparação global, o grupo 2 teve uma maior similaridade com o grupo 3.

6.5-Comparação da sequencia de nucleotídeos da região HC-PRO

Apenas o isolado NBR em estudo apresentou essa região completamente sequenciada. Para os outros três isolados essa região foi parcialmente determinada. Diferentemente do observado nas regiões 5'UTR e na P1, a filogenia da região HC-PRO não dividiu os isolados geograficamente. Formaram-se dois grupos onde no primeiro, encontram-se os isolados necróticos europeus e americanos e o isolado NBR. Já no segundo grupo foi formado pelos isolados PVY^N do Egito e o PVY^O do USA (Figura-29).

A região HC-PRO obtida do isolado NBR foi de 1395 nucleotídeos, que compreendeu toda a região da proteína, e as identidades obtidas da comparação entre as regiões da HC-PRO de NBR com os isolados publicados, variou de 65,0% com o isolado AF522296 (PVY^{NTN}-Alemanha) a 99,0% com o EF026075(PVY^{NTN}-USA).

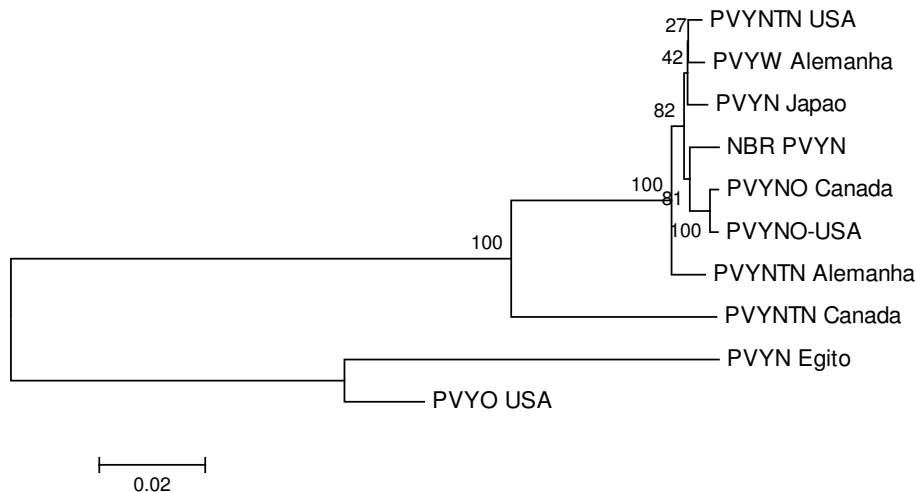


Figura-29- Árvore filogenética obtida a partir das seqüências de nucleotídeos da proteína HC-PRO de isolados brasileiros de PVY e de alguns isolados de PVY publicados. O comprimento dos ramos horizontais é proporcional à distância genética entre os isolados; os ramos verticais são arbitrários. Os números sobre os ramos indicam a porcentagem de repetições da análise de *bootstrap* na qual as ramificações foram observadas.

6.6-Alinhamento múltiplo dos nucleotídeos da região HC-PRO

A análise do alinhamento múltiplo dos nucleotídeos obtido através do Clustal W, foi realizada a partir da posição 41 do NBR, onde todas as sequencias apresentaram o alinhamento adequado. As diferenças observadas nos nucleotídeos do isolado NBR foram a partir da posição 61, onde, no lugar de uma guanina como observado para todos os outros isolados, o NBR apresentou uma adenina, nas posições 107, 265 e 987, o NBR apresentou uma timina no lugar da citosina e na posição 1280 o isolado possui uma timina no lugar da citosina. A diferença de seqüência entre os dois grupos foi clara em todo o alinhamento das sequências.

6.7-Comparação da sequencia de nucleotídeos da região P3 e CI

As regiões P3 e a CI também foram sequenciadas completamente apenas para o isolado NBR e usadas nas comparações. A análise da região P3 do isolado NBR, com os isolados do banco de dados, mostrou através da árvore filogenética que foram formados

dois grupos. O primeiro grupo composto pelos isolados padrões do banco e o segundo grupo formado pelo isolado NBR agrupado com o isolado AJ166866 (PVY^{NTN}-Canadá) (Figura-30). A análise da identidade entre esses isolados demonstrou uma variação de 54,3 a 82,7%, sendo que a identidade de 54,3 % foi obtida na comparação com dois isolados, o AF522296(PVY^N-Egito), enquanto, a maior identidade foi de 82,7% com o isolado AY166866 (PVY^{NTN}-Canadá).

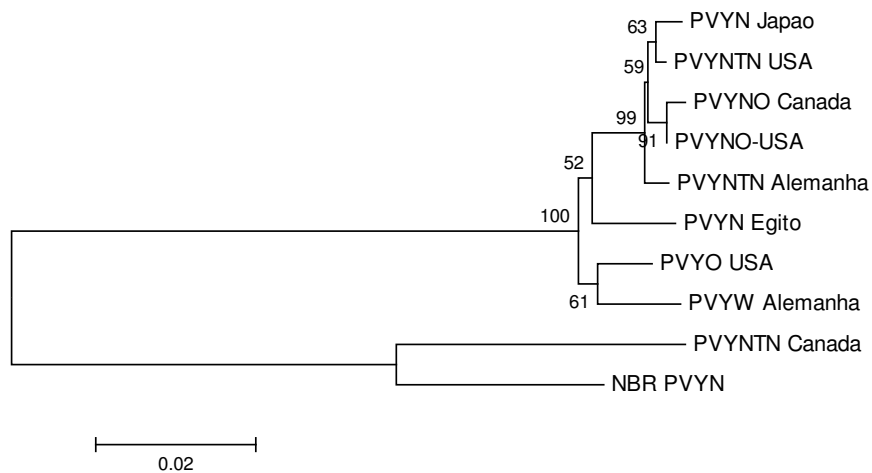


Figura 30-Árvore filogenética obtida a partir das seqüências de nucleotídeos da proteína P3 de isolados de PVY e de alguns isolados de PVY publicados. O comprimento dos ramos horizontais é proporcional à distância genética entre os isolados; os ramos verticais são arbitrários. Os números sobre os ramos indicam a porcentagem de repetições da análise de *bootstrap* na qual as ramificações foram observadas.

Na análise da região CI, pode-se observar que a árvore filogenética formou dois grupos distintos (Figura-31), sendo o primeiro formado, tanto por isolados necróticos americanos, como isolados europeus, além do isolado comum proveniente do banco genético. Já o segundo grupo, foi formado pelo isolado NBR agrupado com o isolado AJ166866 (PVY^{NTN}-Canadá) (Figura-5). A análise da região apresentou uma variação na identidade de 83,8 a 91,6 %, sendo a identidade de 83,8 % observada quando NBR foi alinhado com isolado AJ 889866 (PVY^W-Alemanha) e a de 91,6 % na comparação

com o isolado AY166866 (PVY^{NTN}-Canadá). Esse resultado demonstrou que houve variabilidade na região em relação ao isolado NBR, mesmo sendo uma região considerada altamente conservada por Eagles *et al.*, 1994.

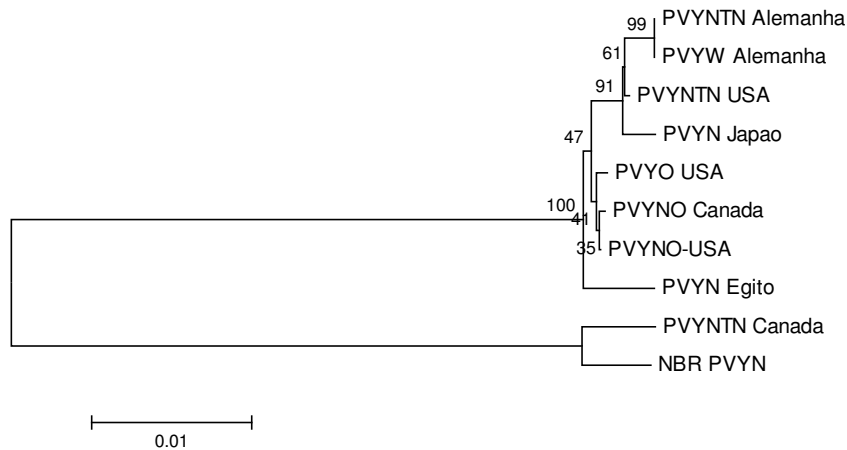


Figura-31-Árvore filogenética obtida a partir das seqüências de nucleotídeos da proteína CI de isolados de PVY e de alguns isolados de PVY publicados. O comprimento dos ramos horizontais é proporcional à distância genética entre os isolados; os ramos verticais são arbitrários. Os números sobre os ramos indicam a porcentagem de repetições da análise de *bootstrap* na qual as ramificações foram observadas.

6.8-Alinhamento múltiplo dos nucleotídeos da região P3 e CI

No alinhamento múltiplo dos nucleotídeos da região P3, o isolado NBR mostrou diferenças de nucleotídeos em várias posições do gene quando comparado com os outros isolados publicados. Nas posições 735 a 738 enquanto todos os isolados do banco apresentam uma inserção de 3 nucleotídeos o isolado NBR possui os nucleotídeos GCG, respectivamente.

Para o alinhamento múltiplo dos nucleotídeos da região CI, foram comparados a seqüência completa de 1902 nucleotídeos do isolado NBR. Em relação as diferenças observadas nos nucleotídeos entre o isolado NBR e os isolados padrões usados na análise, foi observado que o NBR apresentou algumas diferenças de nucleotídeos em relação ao isolado que demonstrou maior identidade de seqüências, o AY166866 (PVY^{NTN}-Canadá). Como na posição 98 o isolado NBR apresentou uma guanina no

lugar da adenina. Na comparação entre os dois grupos, foram observadas varias diferenças entre os nucleotídeos na parte amino terminal até a posição 902.

6.9-Comparação da sequencia de nucleotídeos da região 6K1 e 6K2

A analise da região 6K1 dos três isolados em estudo, OBR, ITA e VGS em comparação com os isolados publicados, mostrou que a árvore filogenetica formou dois grupos. O primeiro grupo foi formado pelos isolados em estudo, ITA ,OBR e VGS juntamente com os isolados necroticos do continente europeu e do continente americano, assim como, o isolado comum do USA. Já no segundo grupo, o isolado AF522296 (PVY^N-Egito) formou um grupo com um único representante.(Figura-32).

A análise de identidade dos 187 nucleotídeos do isolado OBR, foi observado uma variação na identidade de 33,1% com o isolado AF522296 (PVY^N-Egito) a 82,0% com os isolados EF026075(PVY^{NTN}-USA), EF026076(PVY^{N:O}-USA), AY745492 (PVY^{N:O}-Canadá) e AB270705(PVY^N-Japão). Para o isolado ITA, os 156 nucleotídeos analisados mostraram uma variação de identidade de 40,6% quando comparado com o isolado AF522296 (PVY^N-Egito) e 100% de identidade quando comparado com os isolados EF026075(PVY^{NTN}-USA), EF026076(PVY^{N:O}-USA) e AB270705(PVY^N-Japão). Finalmente, para o isolado VGS, a região com 156 nucleotídeos mostrou uma variação na sua identidade de 40,6% com o isolado AF522296(PVY^N-Egito) a 100% com EF026075(PVY^{NTN}-USA), EF026076(PVY^{N:O}-USA), AY745492 (PVY^{N:O}-Canadá) e AB270705(PVY^N-Japão).

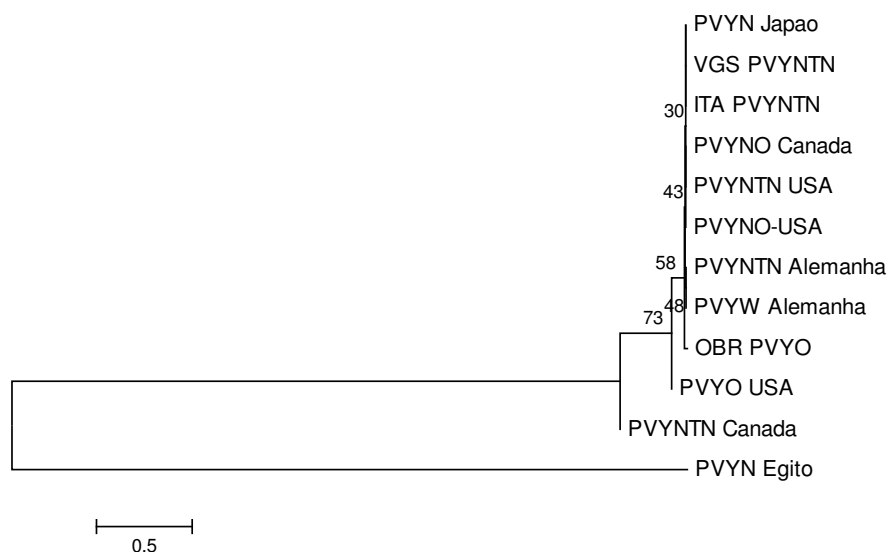


Figura 32-Árvore filogenética obtida a partir das seqüências de nucleotídeos da proteína 6K1 de isolados de PVY e de alguns isolados de PVY publicados. O comprimento dos ramos horizontais é proporcional à distância genética entre os isolados; os ramos verticais são arbitrários. Os números sobre os ramos indicam a porcentagem de repetições da análise de *bootstrap* na qual as ramificações foram observadas.

A árvore filogenética da região 6K2 formou dois grupos (Figura- 33), sendo o primeiro grupo formado pelos quatro isolados em estudo, NBR, OBR, ITA e VGS, agrupados tanto com isolados necróticos, como com isolados comuns e o segundo grupo formado pelo isolado necrótico AF522296 (PVY^N-Egito).

A variação de identidade observada nos 156 nucleotídeos do isolado NBR foi de 36,0% com o isolado AF522296 (PVY^N-Egito) a 99,3% com EF026076(PVY^{N:O}-USA), AY745492 (PVY^{N:O}-Canadá). Já o isolado OBR também possui 156 nucleotídeos com uma variação na identidade de 39,0 a 99,3%, sendo de 39,0% quando comparado com o isolado AF522296 (PVY^N-Egito) e de 99,3% com o isolado com EF026076(PVY^{N:O}-USA) e AY745492 (PVY^{N:O}-Canadá). A análise dos 156 nucleotídeos do isolado ITA mostrou uma variação na identidade de 36,0 a 99,3%, sendo a de 36,0% com o isolado AF522296 (PVY^N-Egito) e a de 99,3% com AY745492(PVY^{N:O}- Canadá) e com EF026076(PVY^{N:O}-USA). O isolado VGS possui 142 nucleotídeos com uma variação na identidade de 35,2% com AF522296 (PVY^N-Egito) a 89,0% com AY745492 (PVY^N-

o-Canadá). O resultado de identidade confirma a comparação obtida pela árvore filogenética.

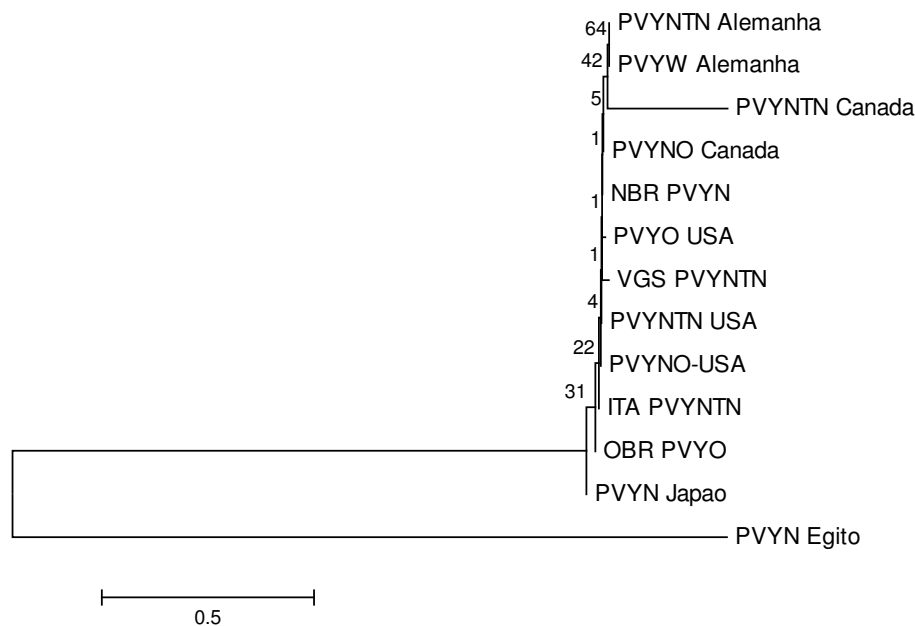


Figura 33-Árvore filogenética obtida a partir das seqüências de nucleotídeos da proteína 6K2 de isolados de PVY e de alguns isolados de PVY publicados. O comprimento dos ramos horizontais é proporcional à distância genética entre os isolados; os ramos verticais são arbitrários. Os números sobre os ramos indicam a porcentagem de repetições da análise de *bootstrap* na qual as ramificações foram observadas.

6.10-O alinhamento múltiplo de nucleotídeos da região 6K1 e 6K2

O alinhamento múltiplo dos nucleotídeos da região 6K1 iniciou-se a partir da posição quatro. O alinhamento mostrou-se parcialmente conservado. Já o alinhamento múltiplo da região 6K2 mostrou ser uma região conservada. As únicas diferenças observadas foram para o isolado OBR na posição 63, onde este isolado apresentou uma timina no lugar da citosina e o isolado VGS na posição 55, que mostrou a presença de uma timina no lugar da citosina.

6.11-Comparação da seqüência de nucleotídeos da região VPg

A árvore filogenética da região VPg mostrou a formação de dois grupos distintos (Figura-34), sendo um grupo composto pelos isolados necróticos em estudo, juntamente com alguns isolados necróticos (isolados padrões PVY^{NTN} e o PVY^W provenientes do

banco de dados), e o segundo grupo formado tanto por isolados do subgrupo necrótico, PVY^{N:O}, como por isolados comuns, incluindo o isolado PVY^O caracterizado nesse trabalho.

A análise de identidade dos 564 nucleotídeos do isolado NBR mostrou uma variação entre 50,0 a 99,4%, sendo a menor identidade com o isolado AF522296(PVY^N-Egito) e a maior identidade com o AJ889866 (PVY^{NTN}-Alemanha). Já a análise de identidade do isolado OBR apresentou uma variação de 50,2% com o isolado EF026076 (PVY^{N:O}-USA) a 98,0% com AY745492 (PVY^{N:O}-Canadá). O isolado ITA apresentou uma identidade que variou entre 45,1% com AF522296(PVY^N-Egito) a 99,0% com AB270705 (PVY^N-Japão). O isolado VGS apresentou uma variação de identidade entre 44,9 a 98,5%, sendo a menor com o isolado AF522296(PVY^N-Egito) e a maior com AJ889866 (PVY^{NTN}-Alemanha).

Na região VPG o isolado necrótico em estudo VGS, apresentou uma identidade de 98% quando comparado com o isolado comum, OBR.

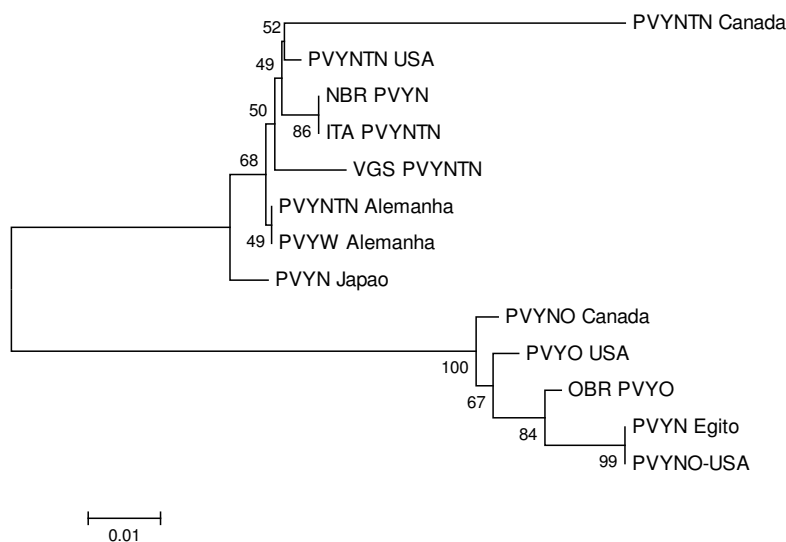


Figura 34-Árvore filogenética obtida a partir das seqüências de nucleotídeos da proteína VPg de isolados de PVY e de alguns isolados de PVY publicados. O comprimento dos ramos horizontais é proporcional à distância genética entre os isolados; os ramos verticais são arbitrários. Os números sobre os ramos indicam a porcentagem de repetições da análise de *bootstrap* na qual as ramificações foram observadas.

6.12-O alinhamento múltiplo de nucleotídeos da região VPg

O alinhamento múltiplo da região começou na posição 1, com exceção dos isolados AF522296 e EF026076 que iniciaram na posição 183. O alinhamento mostrou que os dois grupos formados na arvores filogenética apresentam uma variabilidade significativa.

6.13-Comparação da sequência de nucleotídeos da região NIa

A árvore filogenética da região NIa mostrou uma similaridade com a árvore formada pela região VPg. Dois grupos foram obtidos agrupando os isolados necróticos em estudo com os isolados do subgrupo necrótico, com exceção dos isolados PVY^{N:O} que formou um segundo grupo juntamente o PVY^O dos USA e o PVY^N do Egito (Figura-35).

Em relação à análise dos 727 nucleotídeos do isolado ITA que representam a proteína NIa, a identidade de nucleotídeos variou de 47,2%, com o isolado AF522296 (PVY^N-Egito) a 98,0% com o isolado AJ889866(PVY^{NTN}-Alemanha). O isolado VGS apresentou a região NIa com tamanho de 732 nucleotídeos, que compreendeu toda a região Nia. A comparação de identidade mostrou uma variação de 47,0% obtida da comparação entre a NIa do VGS com o isolado AF522296 (PVY^N-Egito) a 97,0% com o isolado AJ889866(PVY^{NTN}-Alemanha).

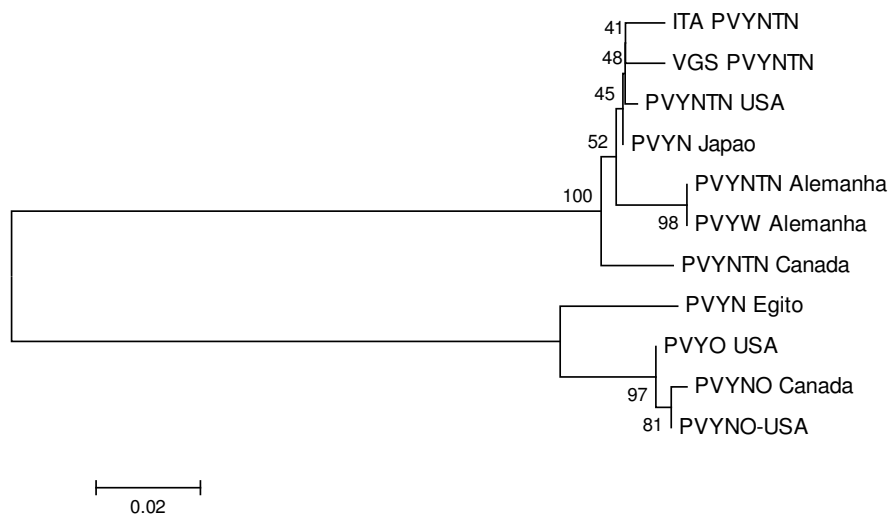


Figura 35-Árvore filogenética obtida a partir das seqüências de nucleotídeos da proteína NIa de isolados de PVY e de alguns isolados de PVY publicados. O comprimento dos ramos horizontais é proporcional à distância genética entre os isolados; os ramos verticais são arbitrários. Os números sobre os ramos indicam a porcentagem de repetições da análise de *bootstrap* na qual as ramificações foram observadas.

6.14--Alinhamento múltiplo de nucleotídeos da região NIa

O alinhamento iniciou-se na posição 11 para a maioria dos isolados, onde todos foram alinhados. Os isolados necróticos em estudos mostraram algumas diferenças no decorrer do alinhamento, como na posição 138 o isolado VGS apresentou uma citosina no lugar de uma timina e nas posições 302 e 303 enquanto os isolados, com exceção do AJ889867, apresentavam nucleotídeos o isolado ITA possui uma inserção de dois nucleotídeos. A divisão observada na árvore filogenética foi confirmada pela variação observada entre os isolados, demonstrando que realmente os isolados se dividem em dois grupos.

6.15-Comparação da sequência de nucleotídeos da região NIb

A árvore filogenética da região NIb apresentou três grupos distintos, sendo o primeiro bem homogêneo contendo somente isolados necróticos, no qual, o isolado necrótico ITA foi agrupado. O grupo dois foi formado apenas pelo isolado AF522296 (

PVY^N do Egito) e o grupo três mostrou-se mais heterogêneo, agrupando isolados necroticos e comuns. Nesse último grupo encontra-se o isolado comum em estudo (Figura-36).

A região N1b do isolado OBR é formada por 1537 nucleotídeos, que compreendem toda a região da proteína N1b. Apresentou uma variação de identidade de 72,7 a 97,8%, sendo a de 72,7 % observada na comparação com a região N1b do isolado AF522296 (PVY^N do Egito) e a identidade de 97,8% observada com o isolado EF026074 (PVY^O-USA). O isolado ITA apresentou uma região N1b contendo 1560 nucleotídeos, que também compreendeu toda a região da proteína N1b. As identidades obtidas do alinhamento com os isolados do banco de dados variaram de 69,4% com a região N1b do isolado AF522296 (PVY^N-Egito) a 99,0% com o isolado EF026075 (PVY^{NTN}-USA).

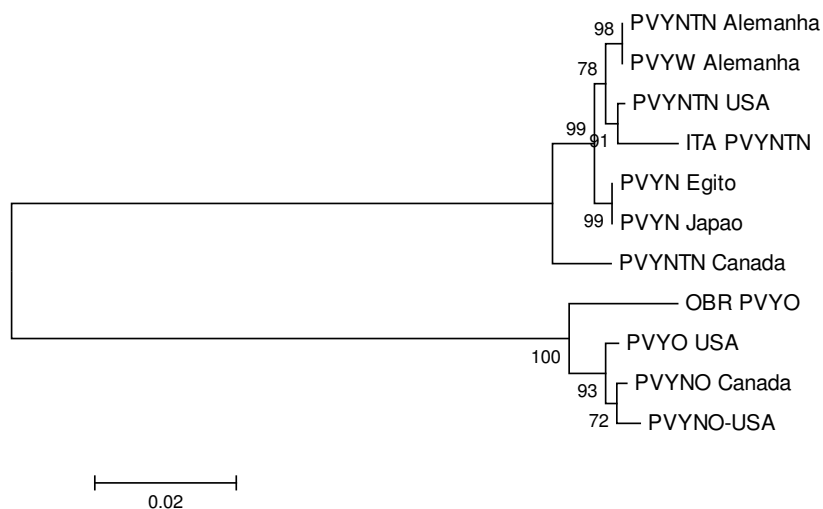


Figura 36-Árvore filogenética obtida a partir das seqüências de nucleotídeos da proteína N1b de isolados de PVY e de alguns isolados de PVY publicados. O comprimento dos ramos horizontais é proporcional à distância genética entre os isolados; os ramos verticais são arbitrários. Os números sobre os ramos indicam a porcentagem de repetições da análise de *bootstrap* na qual as ramificações foram observadas.

6.16-O alinhamento múltiplo nucleotídeos da região N1b

Na análise do alinhamento múltiplo da região N1b podemos observar várias diferenças, principalmente entre os grupos formados no estudo filogenético. Em relação aos isolados em estudos foram observadas algumas diferenças no decorrer do alinhamento, como por exemplo na posição 120 o isolado OBR apresenta uma guanina no lugar de uma adenina, nas posições 802 e 824 o OBR possui uma citosina no lugar de uma timina e o isolados VGS na posição 168 possui uma adenina no lugar de uma guanina.

6.17-Comparação da sequência de nucleotídeos da região CP

Na análise da árvore filogenética da região CP (Figura-37), verificou-se que os isolados se dividiram em dois grupos, conforme descrito por Revers et al., (1996). O grupo 1, mais heterogêneo, foi formado pelos isolados de PVY^{N:O}, PVY^O, PVY^N e PVY^W, sendo que o isolado comum em estudo OBR, foi inserido nesse grupo, enquanto, que o grupo 2, bem mais homogêneo, foi composto por isolados necróticos. Os isolados necróticos em estudo, NBR e ITA, foram agrupados nesse segundo grupo.

A região CP seqüenciada do isolado NBR possui 948 nucleotídeos, que compreendeu toda a região da CP. As identidades obtidas da comparação com a região da CP dos isolados publicados foram de 67,4% com o isolado AF522296 (PVY^N do Egito) e de 85,0% com o isolado EF026075(PVY^{NTN}-USA).

O isolado OBR apresentou uma região CP com o tamanho de 801 nucleotídeos, que também compreendeu toda a região da CP. As identidades obtidas do alinhamento com a região CP dos isolados publicados variou de 62,0 a 98,5%, sendo a menor identidade obtida com o isolado AF522296 (PVY^N-Egito) e a maior com o isolado EF026074(PVY^O-USA).

A capa protéica do isolado ITA apresentou um tamanho de 809 nucleotídeos, que também compreendeu toda a região da CP. As identidades variaram de 55,0% com a região da CP do isolado AF522296 (PVY^N-Egito) a 98,0% com o isolado EF026075 (PVY^{NTN}-USA).

Nessa região a maior identidade entre os isolados em estudo foi observada na comparação entre o isolado do subgrupo necrótico ITA e o isolado comum OBR, com um valor de identidade de nucleotídeos de 90%.

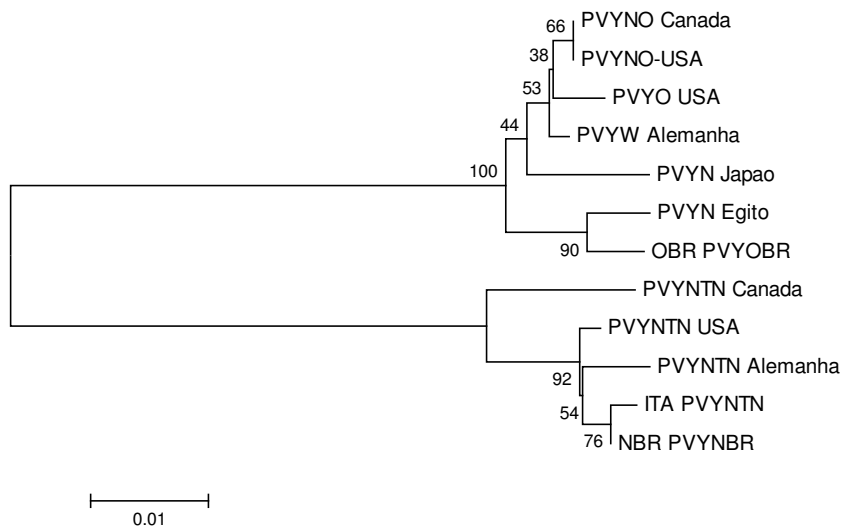


Figura 37-Árvore filogenética obtida a partir das seqüências de nucleotídeos da CP de isolados de PVY e de alguns isolados de PVY publicados. O comprimento dos ramos horizontais é proporcional à distância genética entre os isolados; os ramos verticais são arbitrários. Os números sobre os ramos indicam a porcentagem de repetições da análise de *bootstrap* na qual as ramificações foram observadas.

6.18-O alinhamento múltiplo de nucleotídeos da região CP

O alinhamento múltiplo da região CP mostrou que o isolado OBR foi divergente, em relação aos outros dois isolados em estudo, NBR e ITA, apresentando vários nucleotídeos diferentes em vários pontos da seqüência do gene. Em todo o alinhamento foram observadas 5 inserções, com exceção do isolado ITA que não apresentou inserções na seqüência da CP.

Na região C-terminal do gene CP, os isolados AJ889867 (PVY^W-Alemanha) AJ889866 (PVY^{NTN}-Alemanha) assim como, o isolado necrótico em estudo, ITA, mostraram a presença de uma timina, não observada para os outros isolados.

6.19-Comparação da sequência de nucleotídeos da região 3'UTR

A árvore filogenética da região 3'UTR dividiu os isolado em dois grupos bem heterogêneos (Figura-38). O Grupo 1 onde os isolado em estudo, OBR, NBR e ITA, ficaram agrupados com os isolados necroticos e também com o isolado comum, PVY^O proveniente dos USA. Já o Grupo 2, agrupou os isolados AF5222969 (PVY^N-Egito) e o AJ166866 (PVY^{NTN}-Canadá).

A região 3'UTR do isolado NBR possui 333 nucleotídeos, que compreendeu toda a região 3'UTR. As identidades de nucleotídeos apresentaram uma variação, quando comparadas com a região 3'UTR dos isolado do banco de dados, de 77,1% com o isolado AY166866 (PVY^{NTN}-Canada) a 99,6% com o isolado AB270705(PVY^N-Japão).O isolado OBR possui uma região 3'UTR de 390 nucleotídeos, que cobre toda a região da 3'UTR. As identidades apresentaram uma variação de 70,0% com o isolado AY166866 (PVY^{NTN}-Canada) a 83,3% com dois isolados o EF026075(PVY^{NTN}-USA). A região 3'UTR do isolado ITA apresentou um tamanho de 397 nucleotídeos, que também compreendeu toda a região 3'UTR. As variações de identidade apresentadas foram de 68,0 a 81,2%, sendo a identidade de 68,0% obtida da comparação com a região 3'UTR do isolado publicado AY166866 (PVY^{NTN}-Canada) e a de 81,2% observada com o isolado EF026075(PVY^{NTN}-USA).

Nessa região a maior identidade foi observada para os isolados brasileiros em estudo, entre o isolado comum, OBR e o isolado NBR, com identidade de 84%.

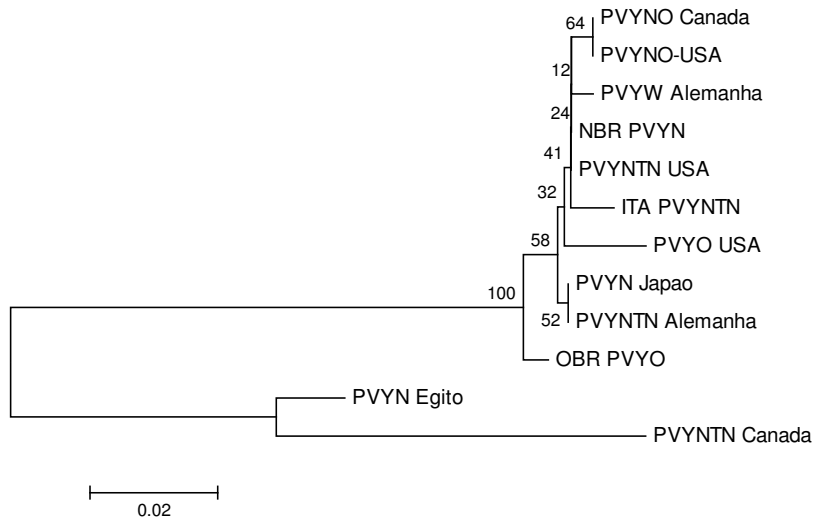


Figura 38-Árvore filogenética obtida a partir das seqüências de nucleotídeos da 3'UTR de isolados de PVY e de alguns isolados de PVY publicados. O comprimento dos ramos horizontais é proporcional à distância genética entre os isolados; os ramos verticais são arbitrários. Os números sobre os ramos indicam a porcentagem de repetições da análise de *bootstrap* na qual as ramificações foram observadas.

6.20-O alinhamento múltiplo de nucleotídeos da região 3'UTR

O alinhamento múltiplo mostrou que a região é conservada. As diferenças começaram a partir da posição 116 onde o OBR possui uma guanina no lugar de uma adenina. Já o isolado necrótico ITA na posição 286, onde todos os outros apresentam uma guanina ele possui uma inserção e na posição 295 apresenta uma adenina no lugar de uma guanina.

Discussão

O PVY tem sido o principal problema relacionado à degenerescência da batata-semente nos últimos anos (Figueira *et al.*, 1996). Em plantas de batata, os sintomas causados pelo PVY dependem da variedade e das condições de fertilidade do solo, temperatura, umidade, e, principalmente, da estirpe do PVY (Hébrard *et al.*, 1999; Robert & Bourdin, 2001; Souza Dias & Iamauti, 2005a), sendo o PVY o mais comum e importante causador de mosaico. Os sintomas do mosaico são geralmente visíveis em folhas novas (De Bokx *et al.*, 1996; Ellis *et al.*, 1997; Makivalkama *et al.*, 2001). Quanto às estirpes que infectam batata em nível mundial, são conhecidas pelo menos três: PVY^N, PVY^O e PVY^C (Chrzanowska, 1994; Banttari *et al.*, 1993; Salazar, 1996; Ellis *et al.*, 1996; Daniels & Schons, 2003; Souza-Dias & Iamauti, 2005).

Entretanto, devido à grande variabilidade existente, alguns isolados de PVY não se enquadram nestes grupos tradicionais (Shukla *et al.*, 1988). Provavelmente uma das principais causas da grande diversidade existente seria a alta taxa de recombinação existente entre isolados de PVY (Revers *et al.*, 1996), influenciando na epidemiologia e determinando sua sobrevivência em campo. Um desses variantes é o PVY^{NTN}, que causa sintoma de anéis necróticos nos tubérculos. Sua diagnose é complicada porque os tubérculos infectados nem sempre apresentam sintomas visíveis por ocasião da colheita, surgindo durante o período de armazenamento do tubérculo. Isso foi constatado por Le Romancer & Nedellec (1997), que testaram 33 cultivares de batata e observaram que a maioria, (28 cultivares), apresentou necrose, exceto nas cultivares que possuem resistência conferida pelo gene *Ry*.

O fato de o Brasil ser ainda dependente da importação de batata-semente básica faz com que o risco de introdução de novos isolados de vírus seja relativamente alto.

Não se sabe quantos nem quais são as estirpes de PVY atualmente existentes no território nacional. Em geral, os tubérculos-semente aqui plantados têm sido importados da Europa, Canadá e Estados Unidos. Com isso acredita-se que os isolados necróticos brasileiros possuem como ancestral comum com os isolados desses países. Segundo Nie & Singh (2002), o subgrupo necrótico PVY^{NTN} pode ser dividido em dois grupos, um Norte Americano e um outro grupo Europeu, sendo a diferenciação desses isolados realizada com a combinação de várias técnicas.

Nesse trabalho, primeiramente foi feita a identificação de cada isolado com o teste DAS-ELISA usando anticorpo policlonal contra PVY, para confirmação da identidade sorológica dos quatro isolados em estudo, comprovando que eles representam isolados de PVY.

Entretanto, mesmo a utilização de anticorpos monoclonais produzidos a partir de polipeptídios sintéticos para as regiões C-terminal (Ohshima *et al.*, 1992) ou N-terminal da capa (Ounouma *et al.*, 2002) não permitiriam a diferenciação entre as estirpes e subgrupos de PVY (Ellis *et al.*, 1996; Boonham & Barker, 1998). Assim sendo, foi realizado um “triplex RT-PCR” usando a metodologia descrita por Nie & Singh (2003), para confirmar a purificação biológica de cada estirpe, o que resultou na identificação e confirmação do isolamento biológico de um isolado de PVY^O, um de PVY^N e dois de PVY^{NTN}.

Na análise dos sintomas ficaram evidentes as diferenças existentes entre os dois isolados necróticos, ITA e VGS, nas variedades Mundial, Monalisa e Canoinhas. Essas variedades apresentaram sintoma típico de topo crespo (“Bouquet”), quando inoculado com o isolado VGS. Isso mostrou que o sintoma de topo crespo pode ocorrer em outras variedades que não a Monalisa, como relatado por Souza-Dias (2005). Esse resultado

vem reforçar que o sintoma de topo crespo é causado pelo PVY, sem qualquer infecção mista.

Considerando a comparação entre os isolados de PVY, a pergunta ainda sem resposta seria: Existe uma correlação entre os diferentes sintomas observados entre os isolados necróticos e não-necróticos de PVY com as diferenças genéticas (sequência de nucleotídeos e aminoácidos) encontradas nos genes virais e regiões não-codantes desses isolados? Para tentar responder a essa questão, nesse trabalho quatro isolados brasileiros de diferentes regiões geográficas e causando sintomas necróticos (isolados NBR, ITA e VGS) e não-necróticos (isolados OBR) foram seqüenciados e comparados com isolados padrões já caracterizados em várias regiões do mundo cujas seqüências estão disponíveis no banco de dados.

O segmento 5' terminal demonstrou ser a região que apresenta a maior variabilidade no genoma do PVY (Thole *et al.*, 1993), como também foi verificado por Tordo *et al.*(1995), quando a sequência completa de um isolado PVY^{NTN} foi comparada.

Examinando a árvore filogenética, obtida com 500 repetições nesse trabalho, observou-se que a região 5'UTR forma dois grupos, como sugerido por Nie & Singh (2000a; 2002b), onde os isolados europeus se diferenciam dos isolados necróticos norte americanos. Os isolados necróticos brasileiros em estudo ficaram agrupados com os isolados americanos, e o OBR foi agrupado tanto com o isolado comum americano como com os necróticos europeus. É atípico o fato do isolado comum se agrupar com isolados necróticos, sugerindo que o isolado OBR apresenta diferença significativa com os isolados necróticos americanos, porém, se agrupam com os isolados europeus. Nesse caso específico essa região pode ser usada para diferenciar os isolados necróticos de acordo com sua origem geográfica.

A capa protéica é a região mais estudada (Shukla & Ward, 1989a; b) entre os *Potyvirus* (Dhar & Singh, 1997; Cerovszá *et al.*, 2001) sendo usada para a demarcação de espécies do gênero. Examinando a árvore filogenética dessa região obtida com base nas seqüências de nucleotídeos, constatamos que os isolados se dividiram em dois grupos, porém, não houve correlação com a origem geográfica dos isolados. Esse resultado demonstra que a região CP não agrupou os isolados considerando a região geográfica de origem, mas diferencia os isolados necróticos PVY^{NTN} dos isolados comuns, assim como, dos isolados do subgrupo necrótico PVY^{N:O}. Esses resultados demonstraram que, nessa região, ocorre variabilidade entre os isolados dos subgrupos necróticos PVY^{N:O} e o PVY^{NTN}.

A proteína P3 tem função relacionada à replicação do genoma e patogenicidade, sendo uma proteína que apresenta significativa variabilidade (Shukla *et al.*, 1994). O alinhamento múltiplo do isolado NBR (único que apresentou essa região totalmente seqüenciada) com outros 9 isolados do complexo PVY na região P3, apresentou várias substituições de nucleotídeos. Nas posições 108 a 140 o isolado apresentou 20 mutações e nas posições 146 a 167 foram 13 pontos de mutação, além de outras várias mutações ao longo da seqüência comparada. A variabilidade atribuída à proteína P3 conforme descrita por Shukla *et al.* (1994) pode explicar o alto número de mutações observada para o isolado NBR.

O estudo comparativo do genoma do isolado OBR demonstrou que este apresentou uma maior identidade de nucleotídeos com o isolado EF 026074-PVY^O-USA que variou de 80,2 a 98,7 %, dependendo da região genômica analisada. Entretanto, na análise das árvores filogenéticas das regiões do genoma determinadas, o isolado OBR, na maioria das vezes, agrupou-se com o isolado AF522296-PVY^N-Egito. Esses resultados discrepantes podem ser explicados pela forma com que os dados

comparativos são gerados. Enquanto na comparação de identidade os isolados são analisados dois a dois, na construção da árvore filogenética um conjunto de isolados é empregado para obter-se a história evolutiva desse grupo. Portanto, possíveis eventos de recombinação podem influenciar na determinação do relacionamento filogenético de isolados de PVY, fato que não é detectado pela simples análise de identidade das regiões do genoma. Essa possibilidade pode explicar a identidade de nucleotídeos mais alta com o isolado PVY^O do USA, porém, apresentando relacionamento evolutivo mais próximo do isolado PVY^N do Egito. Uma análise conclusiva poderá ser obtida a partir do sequenciamento completo do genoma do isolado OBR.

O isolado do subgrupo necrótico ITA apresentou uma maior identidade com os isolados do subgrupo necrótico, PVY^{NTN} e PVY^{N:O}, tanto americano como europeu. Essa alta identidade com isolados americanos e europeus pode ser um indicativo de que o PVY^{NTN} brasileiro possui ancestrais comuns tanto na América como na Europa, provavelmente decorrente de importações de batata sementes desses continentes, fato que permitiu a geração de isolados com características comuns aos dois grupos.

O isolado também apresentou uma identidade significativa com os isolados AB270705- PVY^N do Japão e com EF026074-PVY^O-USA nas regiões da 6K1, 6K2, VPg, CP e da 3'UTR mostrando uma identidade de nucleotídeos que variou de 80,2% a 100%. Essas identidades observadas podem confirmar o estudo realizado por Revers *et al.* em 1996, onde, através da análise dessas regiões do genoma, sugeriram que o PVY^{NTN} seria resultante de eventos de recombinação entre PVY^O e o PVY^N. As comparações demonstraram que esses eventos de recombinação ocorriam principalmente nas regiões da capa protéica e 3'NTR.

Em relação à severidade de sintomas, o isolado VGS apresenta sintomas mais severos em algumas variedades de batata. Porém, como ainda não temos o genoma

completo sequenciado dos dois isolados brasileiros do subgrupo necrótico, não é possível relacionar a patogenicidade diferenciada desses isolados com possíveis alterações nos genes virais. Essa comparação poderia ser estudada, após sequenciamento completo das regiões P1, P3 e CP, propostas como envolvidas na patogenicidade de isolados do complexo PVY. A correlação dessas proteínas com manifestação e intensidade de sintomas foi observada e descrita por vários autores, como Verchot & Carrington, (1995b) que relacionam a proteína P1 a infectividade, além da atividade auto-proteolítica. Já a proteína P3, é um dos produtos gênicos menos estudados dos potyvirus, sendo que Shukla *et al.*, (1994) sugere que a proteína tenha função relacionada com a replicação do genoma e patogenicidade da planta. A proteína CP é a proteína mais estudada e amplamente empregada do ponto de vista taxonômico e possui uma série de funções, entre elas a indução de sintomas (Naderi & Berger, 1997).

Na análise global das comparações realizadas nesse estudo, os isolados do subgrupo necrótico PVY^{NTN}, ITA e VGS, apresentaram nas regiões sequenciadas, principalmente nas regiões 6K1, 6K2, VPg, CP e 3'UTR identidades significativas tanto com o isolado comum, PVY^O, quanto com o isolado necrótico PVY^N. Esses resultados confirmam aqueles obtidos por Glais *et al.* (2002), os quais demonstraram que o subgrupo PVY^{NTN} possui seu genoma constituído por uma mistura de segmentos com características de PVY^N e PVY^O.

Na comparação entre os isolados em estudo foi observado que nas regiões 5'UTR e P1 os isolados do subgrupo necrótico, ITA e VGS, apresentaram uma identidade maior com o isolado NBR e nas regiões CP e 3'UTR a maior identidade observada foi com OBR. Já na região VPg a identidade encontrada foi a mesma tanto na comparação com OBR como com o NBR. Esse resultado sugere que os isolados

brasileiros do subgrupo necrótico também apresentam genomas formados por segmentos de PVY^N e PVY^O.

O agrupamento atípico de isolados necróticos (PVY^N) com isolados do subgrupo necrótico (PVY^{NTN}) juntos com isolados comuns (PVY^O), demonstraram a dificuldade de correlacionar-se as variações nas sequências de nucleotídeos das regiões 5'UTR, 6K1, 6K2, VPg, NIa, NIB, CP E 3' UTR com os sintomas induzidos nas hospedeiras. Já na região P1, o isolado comum em estudo, OBR, ficou separado tanto dos isolados necróticos como do subgrupo necrótico, com exceção do isolado AF522296 (PVYN-Egito). No entanto, é necessário destacar, que o isolado do Egito designado como necrótico, sempre foi agrupado com isolados comuns nas comparações das regiões do genoma em estudo. Essa variação consistente encontrada na região P1 parece indicar que essa proteína pode estar relacionada à expressão de sintomas. Para sustentar essa observação será necessário sequenciar a região do isolado VGS e realizar novas comparações com outros isolados já publicados.

Com os genes virais já sequenciados podemos observar que nas regiões VPg, NIa e NIB, os isolados do subgrupo PVY^{N:O} foram agrupados com os isolados comuns, e não com os isolados PVY^{NTN} como era esperado. Em consequência, as diferenças observadas nessas regiões podem ser responsáveis pela indução de sintomas de necrose em tubérculos de batata ocorrendo com maior frequência nos isolados PVY^{NTN}, quando comparados com isolados do subgrupo PVY^{N:O}.

Outro fato observado na comparação das regiões já sequenciadas demonstrou que os isolados necróticos brasileiros apresentaram relacionamento filogenético tanto com isolados americanos como com isolados europeus, o que pode estar relacionado à introdução de diversidade genética através da importação de batata semente de diferentes origens geográficas. Tal constatação demonstra a necessidade constante de

caracterização biológica e molecular dos isolados brasileiros, para que possamos observar as variabilidades existentes entre eles e podermos entender melhor a evolução do complexo PVY presente no país. Em última análise, a identificação desses variantes virais é de grande importância para o estabelecimento de métodos de manejo das infecções virais em condições de campo.

Para obtermos uma visão completa das diferenças existentes entre as estirpes brasileiras e o subgrupo que elas representam, será necessário finalizar o sequenciamento e realizar as comparações das seqüências de nucleotídeos e de aminoácidos com os vários isolados caracterizados e disponíveis no banco de dados. Essas comparações permitirão caracterizar os eventos de seleção nas diferentes proteínas para que possamos desvendar suas funções biológicas. Poderão também, permitir o entendimento dos fatores determinantes externos, como planta hospedeira, insetos vetor e ambiente físico e fatores internos, como as funções biológicas das proteínas que seguramente, exercem uma pressão evolucionária sobre o genoma dos *Potyvirus*.

Referências Bibliográficas

- AAZIZ , R. & TEPFER, M. Recombination in RNA viruses and in virus-resistant transgenic Plants. *Journal of General Virology* 80: 1339–1346. 1999.
- ABBA. Prêmio idéia inovadora Congresso Mundial da Batata. *Batata Show* 5 (12): 7. 2005.
- ACCATINO, P. Agronomic management in the utilization of true potato seed: Preliminary results. In: *The production of potatoes from true seed*. Pholoppines. 61-99.1980
- ADAMS, M. J., ANTONIW, J. F. & BEAUDOIN, F. Overview and analysis of the polyprotein cleavage sites in the family Potyviridae. *Molecular Plant Pathology* 6(4):471- 487. 2005b.
- ADAMS, M. J.; ANTONIW, J. F. & FAUQUET, C. M. Molecular criteria for genus and species discrimination within the family Potyviridae. *Archives of Virology* 150:459-479. 2005a.
- AGRIANUAL - Anuário da Agricultura Brasileira. São Paulo: FNP Consultoria, 2005.
- ALI M.C., MAOKA T. & NATSUAKI. K. T. Whole Genome Sequence and Characterization of a Novel Isolate of PVY Inducing Tuber Necrotic Ringspot in Potato and Leaf Mosaic in Tobacco. *Journal of Phytopathology*, 2007.
- ALON, Y. & BEN ZEEV, I. Operation of a commercial enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) and seed testing laboratory. In: Loebenstein, G.; Berger, P.H.; Brunt, A.A.; Lawson, R.H. (eds). *Virus and virus-like diseases of potatoes and production of seed-potatoes*. Dordrecht, Klumer Acadmic Publishers 311 – 322. 2001.
- AMMAN, E.D., JÄRLFORS, V. & PIRONE, T.P. Association of potyvirus helper component protein with virions and the cuticle lining the maxillary food canal and foregut of an aphid vector. *Phytopathology* 84:1054-1060. 1994.
- ANANDALAKSHMI R., PRUSS G. J., MARATHE R., MALLORY A. C., SMITH T. H. & VANCE V. B. A viral suppressor of gene silencing in plants. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 95:1379-1384. 1998.
- ATREYA, C.D., RACCAH, B. & PIRONE, T.P. A point mutation in the coat protein abolishes aphid transmissibility of a potyvirus. *Virology* 178: 161 – 165. 1990.
- BANTTARI, E. E., ELLIS, P. J. & PAUL KHURANA, S. M. Management of Diseases Caused by Viruses and Viruslike Pathogens. In: ROWE, R. C. (Ed.). *Potato health management*. St Paul, MN: APS press, Chap. 14: 127- 133. 1993.
- BARATOVA, L.A., EFIMOV, A.V., DOBROV, E.N., FEDOROVA, N.V., HUNT, R.,

- BADUN, G.A., KSENOFONTOV, A.L., TORRANCE, L. & JARVEKULG, L. In situ spatial organization of Potato virus A coat protein subunits as assessed by tritium bombardment. *Journal of Virology* 75:9696–9702. 2001.
- BARNETT, O.W., ADAM, G., BRUNT, A.A., DIJKSTRA, J., DOUGHERTY, W.G., EDWARDSON, J.R., GOLDBACH, R., HAMMOND, J., HILL, J.H., JORDAN, R.L., KASHIWAZAKI, S., LOMMEL, S.A., MAKKOUK, K., MORALES, F.J., OHKI, S.T., PURCIFULL, D., SHIBATA, E., SHUKLA, D.D & UYEDA, I. Potato virus Y <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/ICTVdDB/57010001> htm. Acessado em 15 de agosto de 2007.2007
- BASSO, J., DALLAIRE, P., CHREST, P.J., DEVANTIER, Y. & LALIBERTE, J.F. Evidence for an internal ribosome entry site within the 5' non-translated region of turnip mosaic potyvirus RNA. *Journal of General Virology* 75:3157-3165.1994.
- BAULCOMBE, D.C., LLOYD, J., MANOUSSOPOULOS, I.N., ROBERTS, I.M. & HARRISON, B.D. Signal for potyvirus-dependent aphid transmission of potato aucuba mosaic virus and the effect of its transfer to potato virus X *Journal of General Virology* 74:1245- 1253. 1993.
- BECZNER, L., HORVATH, H., ROMHANY, I. & FORSTER, H. Studies on the etiology of tuber necrotic ringspot disease in potato. *Pptato Research* 27:339-352. 1984.
- BEEMSTER, A.B.R. & DE BOKX, J.A. Survey of properties and symptoms. In: De Bokx, J.A. & Van Der Want, J.P.H. (eds). *Viruses of potatoes and seed potato production*. 2nd ed. Wageningen: PUDOC. p. 84-113. 1987.
- BERGER, P.H., ADAMS, M.J., BARNETT, O.W., BRUNT, A.A., HAMMOND, J., HILL, J.H., JORDAN, R.L., KASHIWAZAKI, S., RYBICKI, E., SPENCE, N., STENGER, D.C., OHKI, S.T., UYEDA, I., VAN ZAAYEN, A., VALKONEN, J.P. & VETTEN, H.J. Family *Potyviridae*, in: FAUQUET, C.M., MAYO, M.A., MANILOFF, J., DESSELBERGER, V. & BALL, L.A. In: *Virus Taxonomy. Report of the International Committee on Taxonomy of Viruses*. Springer-Verlag. 819-841. 2005.
- BERGER, P.H., BARNETT, O.W., BRUNT, A.A., COLINET, D., EDWARDSON, J.R., HAMMOND, J., HILL, J.H., JORDAN, R.L., KASHIWAZAKI, S., MAKKOUK, K., MORALES, F.J., RYBICKI, E., SPENCE, N., OHKI, S.T., UYEDA, I., VAN ZAAYEN, A. & VETTEN, H.J. Family *potyviridae*. in: *virus taxonomy - seventh report of the international committee on taxonomy of viruses*. Academic press. 703-724. 2000.
- BERGER, P. H. & PIRONE, T. P. The effect of helper component on uptake and localization of potyvirus in *Myzus persicae*. *Virology* 153:256-261. 1986.
- BLANCO-URGOITI, B., SANCHEZ, F., SAN ROMAN, C. P., DOPAZO, J. & PONZ, F. Potato virus Y group C isolates are a homogeneous pathotype but two different genetic strains. *Journal of General Virology, London*. 79(8):2037-2042. 1998.
- BOONHAM, N. & BARKER, I. Strain specific recombinant antibodies to potato virus Y potyvirus. *Journal of Virological Methods* 74.(2): 193-199.1998.

- BRANDES, J. & WETTER, C. Classification of elongated plant viruses on the basis of particle morphology. *Virology* 8:99-115. 1959.
- BROWN, L.G. Emerging potato viruses that confront regulations. In: Loebenstein, G.; Berger, P.H.; Brunt, A.A.; Lawson, R.H. (eds). *Virus and virus-like diseases of potatoes and production of seed-potatoes*. Dordrecht, Klumer Acadmic Publishers. 439-450. 2001.
- BRUNT, A.A., CRABTREE, K., DALLWITZ, M.J., GIBS, A.J. & WATSON, L. *Viruses of plants. Descriptions and lists from the VIDE database*. Wallingford: CAB International. 1484. 1996.
- BRUNT, A. A. & LOEBENSTEIN, G. The main viruses infecting potato crops. In: Loebenstein, G.; Berger, P.H.; Brunt, A.A.; Lawson, R.H. (eds). *Virus and virus-like diseases of potatoes and production of seed-potatoes*. Dordrecht, Klumer Acadmic Publishers. 65 – 134. 2001.
- BURTON, W.G. *The potato*. 3.ed. Harlow: Longman Scientific and Technical.745, 1989.
- BUS, C.B. *Potato Diseases: diseases, pest and defects*. Den Haag, Co-published by The NIVAA. 109-111. 1996.
- BUSTAMANTE, P. & HULL, R., Plant virus gene expressed strategies, *Electronic journal of biotechnology* 1 (1):18. 1998.
- Cadeia Produtiva da batata no estado de minas gerais. –Belo- Horizonte: EPAMIG, 1999.
- CÂMARA, F. L. A., CUPRETINO, F. P. & FILGUEIRA, F. A. R. Incidência de vírus em cultivares de batata multiplicadas sucessivamente em Goiás. *Fitopatologia Brasileira, Brasília* 11 (3): 711-716. 1986.
- CARDOSO, M.R.O. & GUGLIELMELLI, F.S. Os cultivares e suas características. *Correio agrícola Bayer* 3: 440-442. 1982.
- CARMAGO, W.P.F. Produto interno bruto (PIB) da cadeia produtiva da batata. *Batata Show* 1(2): 22. 2001.
- CEROVSKÁ, N., MORAVEC, T., FILIGAROVÁ.,M. & PETRZIK, K. Nucleotide sequences of 5´ terminal parts of coat protein genes of various isolates of NTN strain of *Potato virus Y*. *Acta Virol* 45: 55-59.2001.
- CEROVSKÁ N., MORAVEC T., FILIGAROVÁ M., RYSLAVÁ H. & GROSCLAUDE J. Partial antigenic characterization of different potato virus Y NTN strain isolates. *Acta virologica* 43(6):391-393.1999.
- CHACHULSKA, A.M., CHRZANOWSKA, M., ROBAGLIA, C. & ZAGÓRSKI, W. Tobacco veinal necrosis determinants are unlikely to be located within the 5' and 3'

terminal sequences of the potato virus Y genome. Archives of Virology 142:765-779. 1997.

Chrzanowska, M. New isolates of the necrotic strain of potato virus Y (PVYN) found recently in Poland. Potato Research 34:179–82. 1991.

Chrzanowska, M. Differentiation of potato virus Y (PVY) isolates. Phytopathologia Polonia. Pozna 8(20):15-20.1994.

CLARK, M.F. & ADAMS, A.N. Characteristics of the microplate method of enzymelinked immunosorbent assay for the detection of plant viruses. Journal of General Virology 34: 475 – 483. 1977.

CRONIN, S., VERCHO, T.J., HALDEMAN-CAHILL, R., SHAAD, M.C. & CARRINGTON, J.C. Long-distance movement factor: a transport function of the potyvirus helper component proteinase. Plant Cell 7: 549-59.1995.

DANIELS, J. Identificação sorológica de estirpe do vírus Y da batata do Sul do Brasil. Fitopatologia Brasileira 25 (3):265. 2000.

DANIELS, J., ANTONIO, C. F.S., SOUZA, Z.S. & SCHONS, J. Degêncencia de batata-semente básica após um ou dois períodos de cultivo. Horticultura Brasileira 20. (3). 2002.

DANIELS, J., PAIVA, E., ASSIS, M. DE. & CASTRO, L. A. S. Produção e utilização de anti-soro para diagnose de viroses em batata. Fitopatologia Brasileira 9: 344. 1994.

DANIELS, J. & SCHONS, J. O cultivo da batata na região sul do Brasil. Brasília, Embrapa Informação Tecnológica. 300 – 320. 2003.

DE BOKX, J. A. Potato virus Y. In: HOOKER, W. J. (Ed). Compendium of potato diseases. Saint Paul: The American Phytopathological Society. 70-71. 1981.

DE BOKX, J. A. & BUS, C.B. Mottling, CrinKling, Stipple Streak and Eye disease (Potato virus Y). In: VAN DER ZAAG, D.E.; *et al.* (eds). Potato Diseases: diseases, pest and defects. Den Haag, Co-published by The NIVAA. 72-74. 1996.

DHAR A. K. & SINGH, R.P. Improvement in the sensitivity of PVY^N detection by increasing the cDNA probe size. Journal of virological Methods 50: 197-210. 1994.

DHAR, A.K. & SINGH, R.P. Molecular characterization of coat protein genes of serologically distinct of potato virus Y necrotic strain. Canadian Journal of Microbiology, Canadá 43(7):677-683. 1997.

DRAPER, M.A. & GUDMESTAD, N.C. Mechanical transmission of PVY by seed cutting. Am. Potato J. 69: 577 – 578. 1992.

EAGLES, R. M., BALMORI-MELAIN, E., BECK, D. L., GARDNER, R. C. & FORSTER, R. L. Characterization of NTP-ase, RNA-binding and RNAhelicase activities of the cytoplasmic inclusion protein of tamarillo mosaic potyvirus. European Journal of Biochemistry 224:677-684.1994.

- EDWARDSON, J.R , CHRISTIE, R.G & KO, N.J. Potyvirus cylindrical inclusions-Subdivision-IV. *Phytopathology* 74(9):1111-1114.1984.
- ELLIS P., STACE-SMITH R., BOWLER G. & MACKENZIE DJ. Production of monoclonal antibodies for detection and identification of strains of potato virus Y. *Canadian Journal of Plant Pathology* 18:64–70. 1996.
- ELLIS, R., STACE-SMITH, E., DE VILLIERS, D. Identification and geographic distribution of serotypes of potato virus Y. *Plant Disease* 81(5):481-484. 1997.
- FAO-FAOSTAT. Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome, Italy. <http://faostat.fao.org> . Acessado em 25 de janeiro de 2008.2008.
- FAUQUET, C.M., MAYO, M.A., MANILOFF, J., DESSELBERGER, U. & BALL, L.A. *Virus Taxonomy. Eighth Report of the International Committee on Taxonomy of Viruses*. New York: Academic Pres. 1259. 2005.
- FERNANDEZ, A., LAIN, S. & GARCIA, J.A. RNA helicase activity of the plum pox potyvirus CI protein expressed in *Escherichia coli*. Mapping of an RNA binding domain. *Nucleic Acids Research* 23: 1327-1332.1995.
- FIGUEIRA, A. R. *Viroses da Batata: Situação Atual e Perspectivas Futuras. Informe Agropecuário* 20(197):86-96. 1999.
- FIGUEIRA, A. R., MORAES, F.H.R. & PINTO, A.V.S. New PVY necrotic strain is causing great losses in Brazil. *Phytopathology* 86(11):S85.1996.
- FILGUEIRA, F.A.R. *Batata: A terceira fonte de alimento. Manual de Olericultura: cultura e comercialização de hortaliças. 2.ed. Rev. e Ampl. São Paulo: Ed. Agr. Ceres, 1982.*
- FILGUEIRA, F.A.R. *Manual de olericultura: cultura e comercialização de hortaliças. São Paulo: Agronômica Ceres. 650. 2000.*
- FILGUEIRA, F.A.R. *Novo manual de olericultura: agrotecnologia modernana produção e comercialização de hortaliças. 2º Ed. Viçosa: Editora UFV. 412. 2003.*
- FILGUEIRA, F.A.R., PEIXOTO, N. *Melhoramento genético da batata para regiões de cerrado. Horticultura Brasileira* 14(1). 1996.
- FUROMOTO, E. & LOPES., C.A., *Batata-semente. In: Lopes., C.A., Cultivo da Batata (Solanum tuberosum l.) Brasília Embrapa. (Instruções técnicas da Embrapa Hortaliças, 8).*35. 1997.
- GALLIE, D.R., TANGUAY, R.L. & LEATHERS, V. The tobacco etch viral 5' leader and poly-A tail are are functionally synergistic regulators of translation. *Gene*.165:233-238.1995.

GLAIS, L., KERLAN, C., TRIBODET, M., MARIE-JEANNE, V., ROBAGLIA, C. & ASTIER-MANIFASTIER, S. Molecular characterization of potato virus YN isolates by PCR-RFLP. *European Journal Plant Pathology* 102: 655-662. 1996.

GLAIS, L., TRIBODET M., GAUTHIER JP., ASTIER-MANIFACIER S., ROBAGLIA C. & KERLAN C. RFLP mapping of the whole genome of ten viral isolates representative of different biological groups of potato virus Y. *Archives of Virology* 143: 2077-91. 1998.

GLAIS, L., TRIBODET M. & KERLAN C. Molecular detection of particular PVY isolates: PVY^{NTN} and PVY^{NW}. *Proceedings of the 11th EAPR Virology Section Meeting, Havlíckuv Brod – Trest (Czech Rep.)*. 70-71. 2001.

GLAIS, L., TRIBODET, M. & KERLAN, C. Genomic variability in Potato potyvirus Y (PVY): evidence that PVYNW and PVYNTN variants are single to multiple recombinants between PVYO and PVYⁿ isolates. *Archives of Virology*. 147:36-378. 2002.

GOUGH, K.H. & SHUKLA, D.D. Nucleotide sequence of johnsongrass mosaic potyvirus genomic RNA. *Intervirology* 36:181-192. 1993.

GOVIER, D.A. & KASSANIS, B.A. Virus-induced component of plant sap needed when aphids acquire potato virus y from purified preparations. *Virology* 61: 420-426. 1974.

GRANDO, V. Batata: principais pragas e doenças. *Correio agrícola, São Paulo* 1: 10-13. 2002.

HALDEM-CAHILL, R., DAROS, J.A. & CARRINGTON, J.C. Secondary structures in the capsid protein coding sequence and 3' nontranslated region involved in amplification of the tobacco etch virus genome. *Journal of virology* 72:4072-4079. 1998.

HARRISON, B. D. & ROBERTS, I. M. Pinwheels and crystalline structure induced by Atropa mild mosaic virus, a plant virus with particles 925 nm long. *Journal of General Virology* 10:71-78. 1971.

HARRISON, B.D. & ROBINSON, D.J., Molecular variation in vector-borne plant viruses: epidemiological significance. *Philos. Trans. R. Soc. Lond. B. Biol. Sci.* 321:447-462. 1988.

HÉBRARD, E., FROISSART, R., LOUIS, C. & BLANC, S. Les modes de transmission des virus phytopathogènes par vecteurs. *Virologie* 3: 35 – 48. 1999.

HIDALGO, T.A. & ACCATINO, P. O Centro Internacional de la papa e sua contribuição para os programas de batata dos países não andinos da América Latina. *Horticultura Brasileira* 3(2). 1985.

HIRANO, E. Produção de batata-semente. REIFSCHNEIDER, F.J.B. (Ed.). *Produção de batata*. Brasília: Linha Gráfica e Editora. 171-183. 1987.

- HIRANO, E. Produção de batata semente pela Embrapa. *Batata-Show* 2(4): 23. 2002.
- HOA, V.D., RASCO JR. & P. VANDER ZAAG. Effect of primary infection of PVY on potato. *Asian potato J.* 2:31-35. 1991.
- HOLLINGS, M. & BRUNT, A. A. Potyvirus group. *CMI/AAB Descriptions of plant viruses* 291:7. 1981.
- IBGE- Instituto Brasileiro de geografia e estatística. Site <http://www.ibge.gov.br/home/> Acessado em 04 de janeiro de 2008.2008.
- JEFFRIES, C. Technical Guidelines for the Safe Movement of Germoplasm. N°19 Potato. Rome. 177.1998
- JONES, R.A.C. Strain group specific and virus specific hypersensitive reactions to infection with potyviruses in potato cultivars. *Annals of Biology, Great Britain* 117(1):93-106. 1990.
- KERLAN, C.; CHRZANOWSKA, M.; GLAIS, L.; FREMONDIERE, G. & TRIBODET, M., Biological and molecular characterization of various PVY^{NTN} isolates. In: *Proceedings of the 11th European association of potato research, virology section, trest, Czech republic edition, potato research institute, Havlíèkùv Brod.* 65-66.2001.
- KERLAN, C., TRIBODET, M., GLAIS, L. & GUILLET, M. Variability of potato virus Y in potato crops in France. *Journal Phytopathology* (in press) 147(643-651). 2000.
- KNUHTSEN, H., HIEBERT, E. & PURCIFULL, D. E. Partial purification and some properties of Tobacco etch virus induce intanuclear inclusions. *Virology* 61:200-209. 1974.
- KUS, M. The epidemic of the necrotic ringspot stain of potato virus Y (PVY^{NTN}) and its effect on potato crops in Slovenia. In: *Abstrat Virology, Sect. Meet. Eur. Asso. Potato Research.* Bled 45-46. 1995.
- LACY, M. BOTANY & OLANT pathology. Dept. Michigam State Univ, <http://lrp.el.msu.edu/msueimp/hdoc/modc4/51691009.html>. Acessado em 05 de outubro de 2007.
- LAIN, S., MARTIN, M.T., RIECHMAN, J.L. & GARCIA, J.A. Novel catalytic activity associated with positive-strand RNA virus infection- nucleic acid- stimulate ATPase activity of the plum pox potyvirus helicase-like protein. *Journal of Virology* 65: 1-6. 1991.
- LE ROMANCER, M., KERLAN, C. & NEDELLEC, M. Biological characterization of various geographical isolates of potato virus Y inducing superficial necrosis on potato tubers. *Plant Pathology* 43(1):138-144. 1994.
- LE ROMANCER, M. & NEDELLEC, M. Effect of plant genotype, virus isolate and temperature on the expression of the potato tuber necrotic ringspot disease (PTNRD). *Plant Pathology, Oxford* 46(1):104-11. 1997.

- LLAVE, C., MARTÍNEZ, B., DÍAZ-RUIZ, J.R. & LÓPEZ-ABELHA, D. Helper component mutations in nonconserved residues associated with aphid transmission efficiency of a pepper isolate of potato virus Y. *Phytopathology* 89: 1176- 1181. 1999.
- LOEBENSTEIN, G., BERGER, P.H., BRUNT, A.A. & LAWSON, R.H. *Virus and virus-like diseases of potatoes and production of seed-potatoes*. Dordrecht: Kluwer Academic Publishers.460. 2001.
- LOPES, C.A. & BUSO, J.A. *Cultivo da batata(Solanum tuberosum L.)*. Brasília/CNPQ. (Instruções técnicas 8). 35. 1997.
- MAAT, D.Z. & DE BOKX, J.A. Potato leafroll virus: antiserum preparation and detection in potato leaves and sprouts with enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA). *Neth J. Pl. Pathology* 84: 149- 156. 1995.
- 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 Virology* 70: 4370-4379. 1996.
- MAIA, I.G. & BERNARDI, F. Nucleic acid-binding properties of a bacterially expressed potato virus Y helper component- proteinase. *Journal of General Virology* 77: 869-877. 1996.
- MAKIVALKAMA, T., VALKONEN, J. P. T., LEHTINEN, A. & PEHU, E. Protection against potato virus Y (PVY) in the field in potatoes transformed with the PVYP1 gene. *American Journal of Potato Research* 78(3):209-214. 2001.
- MATTHEWS, R.E.F. Classification and nomenclature of viruses. Third report of the International Committee on Taxonomy of viruses. *Intervirology* 12: 131-296. 1979.
- MCDONALD, J.G, MACLATCHY, I.A., SHEIDOW, N.W., WATSON, M.C. & REELEDER, R.D. Tobacco vein necrosis strain of potato virus Y (PVY^N). Ontario Min. Agric. Food (FAM) Fact Sheet. 1991.
- MCDONALD, J.G. & SINGH, R.P. Response of potato cultivars to North American isolates of PVY^{NTN}. *American Potat Journal* 73: 317-323. 1996.
- MCDONALD J.G., WONG E., HENNING D. & TAO T. Coat protein and 5' nontranslated region of a variant of potato virus Y. *Journal Plant Pathology* 19:138-144.1997.
- MORAVEC, T., CEROVSKA, N. & BOONHAM, N. The detection of recombinant, tuber necrosing isolates of potato virus Y (PVYNTN) using a three-primer PCR based in the coat protein gene. *Journal Virological Methods* 109:265-267.2003.
- MOURY, B., MOREL, C., JOHANSEN, E. & M. JACQUEMOND, M. Evidence for diversifying selection in *Potato virus Y* and in the coat protein of other potyvirus. *Journal of General Virology* 83(11):2563-2573. 2002.

MURPHY, F.A., FAUQUET, C.M., BISHOP, D.H.L., GHABRIAL, S.A., JARVIS, A.W., MARTELLI, G.P., MAYO, M.A. & SUMMERS, M.D. Virus taxonomy: classification and nomenclature of viruses. Arch. Virol 10:300-315. (suppl). 1995.

MURPHY, J.F., JARLFORS, U. & SHAW, J.G. Development of cylindrical inclusions in potyvirus infected protoplast. Phytopathology 81:371-374. 1991.

NADERI, M. & BERGER, P.H. Pathogenbesis-relates protein 1z is induced in potat virus Y-infected plants as well as by coat protein targeted to chloroplasts. Plant Pathology 51:41-44. 1997.

NICOLAS, O. & LALIBERTE, J. F. The complete nucleotide sequence of turnip mosaic potyvirus RNA. Journal of General Virology 73: 2785-2793, 1992.

NIE, X. & SINGH, R.P. Detection of multiple potato viruses using an oligo(dT) as a common cDNA primer in multiplex RT-PCR. Journal of Virological Methods 86:179-185, 2000.

NIE, X. & SINGH, R.P. Probable geographical grouping of PVY(N) and pvy(ntn) based on sequence variation in P1 and 5'UTR of PVY genome and methods for differentiating North American PVY(NTN). Journal of Virological Methods 103(2):145-56. 2002a.

NIE, X. & SINGH, R.P. A new approach for the simultaneous differentiation of biological and geographical strains of Potato virus Y by uniplex and multiplex RT-PCR. Journal of Virological Methods 104(1):41-54. 2002b.

NIE X. & SINGH R.P. Specific differentiation of recombinant PVYN:O and PVYNTN isolates by multiplex RTPCR. Journal of Virological Methods 113: 69–77. 2003.

NIE, X. & SINGH, R.P. Evolution of North American PVY^{NTN} strain TU 660 from local PVY^N by mutation rather than recombination. Virus genes 26(1):39-47. 2003.

NIE, X., SINGH, R.P. & SINGH, M. Molecular and pathological characterization of N:O isolates of the potato virus Y from Manitoba, Canada. Journal Plant. Pathology 26:573-583. 2004.

NOVY, R.G., NASRUDDIN, A., RAGSDALE, D.W. & RADCLIFFE, E.B. Genetic resistances to potato leafroll virus, potato virus Y, and green peach aphid in progeny of *Solanum tuberosum*. American Journal of Potato Research 79: 9 - 18. 2002.

OHSHIMA, K., NAKAYA, T., INOUE, AK., HATAYA, T., HAYASHI, Y. & SHIKATA, E. Production and characteristics of strain common antibodies against a synthetic polypeptide corresponding to the C-terminal region of potato virus Y coat protein. Journal of Virological Methods 40(3):265-273.1992.

OUNOUNA, H., KERLAN, C., LAFAYE, P., LOUKILIM, J. & ELGAAIED, A. Production of monoclonal antibodies against synthetic peptides of the N-terminal region of Potato virus Y coat protein and their use in PVY strain differentiation. Plant Pathology 51(4):487-494.2002.

- PEREIRA, A.S. & DANIELS, J. O cultivo da batata na região sul do Brasil. Brasília-DF: Embrapa Informação Tecnológica. 567. 2003.
- PETERS, D., DE-BOKX, J.A. & VAN DER WART, J.P.H. Viruses of Potato and Seed-Potato Production. 2.ed. 126-145. 1987.
- PICHE, L.M., SINGH, R.P., NIE, X. & GUDMESTAD, N.C., Diversity among potato virus Y isolates obtained from potatoes grown in the united states. *Phytopathology. Plant Pathology* 94: 1369-1374. 2004.
- PUTTEMANS, A. Informação sobre “Doenças de degenerescência” da batateira no Brasil. *Revista de agricultura* 9(¾):103-111. 1934.
- RADCLIFFE, E.B. & RAGSDALE, D.W. Aphid-transmitted Potato Viruses: The Importance of Understanding Vector Biology. *American Journal of Potato Research* 79(5):353 – 386. 2002.
- RAGSDALE, D.W., RADCLIFFE, E.B. & DIFONZO, C.D. Epidemiology and field control of PVY and PLRV. In: Loebenstein, G.; Berger, P.H.; Brunt, A.A.; Lawson, R.H. (eds). *Virus and virus-like diseases of potatoes and production of seed potatoes*. Dordrecht, Klumer Acadmic Publishers. 237 – 270. 2001.
- RESTREPO- HARTWING, M.A. & CARRINGTON, J.C. The tabacco etch potyvirus 6-kilodalton protein is membrane associated and involved in viral replication. *Journal of Virology* 66: 5662-5666. 1994.
- REVERS, F. , LE GALL, O. ,CANDRESSE, T. , LE ROMANCER, M. & DUNEZ, J., Frequent occurrence of recombinant potyvirus isolates. *Journal of General Virology* 77:1953-65. 1996.
- RIECHMANN, J. I., LAIN, S. & GARCIA, J. A. Highlights and prospects of potyvirus molecular biology. *Journal of General Virology* 73:1-16. 1992.
- ROBAGLIA C., DURAND-TARDIF M., TROCHET M., BAUDAZIN G., ASTIER-MANIFACIER S. & CASSE-DELBART F. Nucleotide sequence of potato virus Y (N strain) genomic RNA. *Journal of General Virology* 70: 935–947. 1989.
- ROBERTS, I.M.; WANG,D.FINDLAY, K. & MAULE.A.J. Ultraestrutural and temporal observations of thepotyvirus cylindrical inclusions (CIs) show that CI protein acts transiently in aiding virus movement. *Virology* 245: 173-181. 1998.
- ROBERT, Y. & BOURDIN, D. Transmisson of Viruses. In: Loebenstein, G.; Berger, P.H.; Brunt, A.A.; Lawson, R.H. (eds). *Virus and virus-like diseases of potatoes and production of seed-potatoes*. Dordrecht, Klumer Acadmic Publishers.195 – 225, 2001.
- ROJAS, M.R., ZERBINI, F., ALLISON, R.F, GILBERTSON, R.L. & LUCAS, W.J. Capsid protein and helper component-proteinase function as potyvirus cell-to-cell movement proteins. *Virology.v. 237. p. 283-295.1997.*

ROMERO, A., BLANCO-URGOITI, M.J., SOTO, A. & FERERES, F. PONZ. Characterization of typical pepper-isolates of PVY reveals multiple pathotypes within a single genetic strain. *Virus Research*. 79: 71-80. 2001.

SALAZAR, L.F. *Potato Viruses and their control*. Lima Ed. International potato center. 1996.

SAMBROOK, J., FRITSCH, E.F. & MANIATIS, T. *Molecular cloning. A laboratory manual*. Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor. Ed. 2. 1:2 - 3. 1989.

SANGER, F., NICKLEN, S. & COULSON, A. R. DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 74:5463-5467. 1977.

SILBERSCHMIDT, K., NOBREGA, N.R. & KRAMER, M.A. Identificação de vírus encontradas nos campos de multiplicação de tubérculos-semente de batatinha. *Agricultura* 21: 23-40.1941.

SILVA, M. S. Multiplicação rápida. In: REIFSCHNEIDER, F. J. B. *Produção de batata*. Brasília: Linha Gráfica. 194-200. 1987.

SIMÓN-BUELA.L., GUO, H.S. & GARCIA, J.A. Cap-independent leaky scanning as the mechanism of translation initiation of a plant viral genomic RNA. *Journal of General Virology* 78:2691-2699.1997.

SINGH, R.P. Incidence of the tobacco vein necrotic strain of potato virus Y (PVYN) in Canada in 1990 and 1991 and scientific basis for eradication of the disease. *Canada. Plant Dis. Survey* 72: 113 – 119. 1992.

SINGH, R.P., BOUCHER, A., SOMERVILLE, T.H. & DHAR, A.H. Selection of a monoclonal antibody to detect PVY/N and its use in ELISA and DIBA. *Can. J. Plant Pathol* 25: 293 – 300. 1993.

SINGH, R.P., MCLAREN, D.L., NIE. X. & SINGH, M. Possible escape of a recombinant isolate of potato virus Y by serological indexing and methods of its detection. *Plant Dis.*87: 679-685.2003.

SINGH, R.P., SINGH, M. & MCDONALD, J.C. Screening by a 3-primer PCR of North American PVYN isolates for European-type members of the tuber necrosis-inducing PVY^{NTN} subgroup. *Can J. Plant Pathol.*20: 227-233.1998.

SINGH, R.P. & SOMERVILLE, T.H. Evaluation of the enzyme-amplified ELISA for the detection of potato virus A, M, S, X, Y and leafroll. *American Potato Journal* 69: 21 – 30. 1992.

SINGH, R.P. & WEILGUNY,H. Separation of Slovenian isolates of PVYNTN from the North American isolates of PVYN by a 3-primer PCR. *Journal of Virological Methods* 71: 57-68. 1998.

Site: evunix.uevora.pt/.../Tulipas_files/image011.gif. Acessado em 02 de agosto de 2007.2007.

SOUZA-DIAS, J.A.C. Viroses de batata e suas implicações na produção de batata-semente no Estado de São Paulo. *Summa Phytopathologica* 21: 264-266. 1995.

SOUZA-DIAS, J.A.C. de. Doenças causadas por vírus em batata. *Informe Agropecuário* 18(184).1996.

SOUZA-DIAS, J.A.C. Viroses da batata: ameaças para o mercado globalizado. *Summa Phytopatologica* 26 (1):161 – 168. 2000.

SOUZA-DIAS, J.A.C. Batata com laranja: Produção de minitubérculos de batata-semente via plantio de broto livre de vírus aumenta a renda de citricultores: batata com laranja. *Cultivar HF, Pelotas* II(9):8 – 11. 2001a.

SOUZA-DIAS, J.A.C. Raças do vírus Y da batata (PVY) e a questão da variante NTN. *Batata Show* 1(2):16 – 21. 2001b.

SOUZA-DIAS, J. A. C. Poderia, a bataticultura brasileira, estar de frente a uma nova virose desastrosa, como a do PVYntn?. *Batata Show - Associação Brasileira da Batata (ABBA)*. 11 – 12.2005.

SOUZA-DIAS, J.A.C. Tecnologia do broto/batata-semente: uma idéia que está brotando na bataticultura. *O Agrário* I (7):7. 2006.

SOUZA-DIAS, J.A.C.; COSTA, A.S. & RAMOS, V.J. Enrolamento da folha é também praticamente, o único fator de degenerescência da batata-semente no período 1980 – 84 na estação experimental de Itararé – SP. *Fitopatologia Brasileira* 9 (2):405.1984.

SOUZA-DIAS, J.A.C. & IAMAUTI, M.T. Doenças da batateira (*Solanum tuberosum* L.). In: Kimati, H.; Amorin, L.; Rezende, J.A.M.; Bergamin-Filho, A. & Camargo, L. E.A.(eds). *Manual de Fitopatologia*. 119 – 142. 2005.

SOUZA-DIAS, J.A.C., KITAJIMA, E.W., SAWAZAKI, H.E., REZENDE, J.A.M. & MIRANDA F.O. Observações adicionais sobre o Potato vírus Y (PVY) do encrespamento severo em plantas de batata Monalisa na região de Casa Branca. *Fitopaologiat. Brasileira* 31:342. 2006.

SOUZA-DIAS, J.A.C., RUSSO, P., BETTI, J.A., MILLER, L. & SLACK, S.A. Simplified extraction method for ELISA and PCR detection of primary potato leafroll virus (PLRV) infection in dormant potato tubers. *American Potato Journal* 74: 468 – 469.1997.

SOUZA-DIAS, J.A.C., RUSSO, P., BETTI, J.A. , MILLER, L. & SLACK, S.A. Simplified extraction method for ELISA and PCR detection of potato leafroll luteovirus primary infection in dormant potato tubers. *American Journal of Potato Research* 76: 209 – 213. 1999.

SOUZA-DIAS, J.A.C & SAWAZAKI, H.E. Monalisa and Atlantic potato cultivars have differential sensitivity to tuber symptom expression to PVYNTN as a function of

their resistance to PVY^O and PVY^N. American Journal of potato research. 81: 55-56.2004.

SOUZA-DIAS, J.A.C., SCAGLIUSI, S.M., AMANCIO, A.V., MIRANDA FILHO, H.S. & COSTA, A.S. Batata-semente certificada da Argentina encontra-se dentro dos padrões brasileiros de sanidade a vírus, mas a presença dos vírus YN e do mosaico da alfafa suscita preocupações. Summa Phytopathologica 18: 35. 1992.

SOUZA-DIAS, J.A.C & TRISTÃO, J.F. Rise of PVY Incidence in Seed Potato regions of São Paulo state (Brazil) associated with the introduction of Atlantic Potatoes. American Potato Journal 74 (6):469 (abstract).1997.

SOUZA-DIAS, J.A.C., TRISTÃO, J.F. & MIRANDA, H.S. Vírus Y da batata-semente cv. Atlantic: alteração na epidemiologia da virose em São Paulo e no Paraná. Fitropatologia Brasileira 20: 320. Suplemento. 1995.

SCOTTI, C.A. O desafio social da bataticultura. Horticultura Brasileira, Brasília 1(1)1983.

SHI, X.; MILLER, H.; VERCHOT, J.; CARRINGTON, J.C. & VANCE, V.B. Mutations in the region encoding the central domain of helper component-proteinase (HC-Pro) eliminate potato virus X potyviral synergism. Virology 231: 35-42. 1997.

SHUKLA, D.D., INGLIS, A.S., MCKERN, N.M. & GOUGH, K.H. Coat protein of potyviruses. 2. Amino acid sequence of the coat protein of potato virus Y. Virology 152:118-125. 1986.

SHUKLA, D. D., LAURICELLA, R. & WARD, C. W. Coat protein of Pótyviruses. Copmparasion of biological properties, serological relationship and coat protein amino acid sequences of four strains of potato virus Y. Archives of Virology 102: 2007-219.1988.

SHUKLA, D. D., LAURICELLA, R. & WARD, C. W. Serology of Potyviruses: current problems and some solutions. In: Barnett, O. W. Potyvirus Taxonomy, Springer, Wien and New York. Archives of Virology Supplement 5:31-46. 1992.

SHUKLA, D. D. & WARD, C. W. Amino acid sequence homology of coat proteins as a basis for identification and classification of the Potyvirus group. Journal of General Virology 69:2703-2710. 1988.

SHUKLA, D. D. & WARD, C. W. Identification and classification of potyviruses on the basis of coat protein sequence data and serology. Archives of Virology 106:171-200. 1989a.

SHUKLA, D. D. & WARD, C. W. Structure of Potyvirus coat proteins and its application in the taxonomy of the Potyvirus group. Advances in Virus Research 36:273-314.1989b.

SHUKLA, D. D., WARD, C. W. & BRUNT, A. A. The Potyviridae. CAB International. 516.1994.

THOLE, V., DALMAY, T., BURGYAN, J. & BALAZ, E. Cloning and sequencing of potato virus Y (Hungarian isolate) genomic RNA. *Gene* 123: 149-561. 1993.

TORDO V. M., CHACHULSKA A. M., FAKHFAKH H., LE ROMANCER M., ROBAGLIA C. & ASTIER-MANIFACIER S. Sequence polymorphism in the 5'NTR and in the P1 coding region of potato virus Y genomic RNA. *Journal of General Virology* 76(4):939-949.1995.

TRUTA, A.A.C. & FIGUEIRA, A.R. Detecção simultânea dos vírus do enrolamento (PLRV), vírus Y (PVY) e o vírus X (PVX) da batata (*Solanum tuberosum* L.) por Das-elisa: *Ciência e Agrotecnologia* 597:604. 2000.

TURPEN,T. Molecular cloning of potato vírus Y genome: nucleotide sequence homology in non-coding regions of potyviruses. *Journal of Feneral Virology* 70 (8): 1951-1960. 1989.

URCUQUI-INCHIMA, S., HAENNI, A.L. & BERNARDI, F. Potyvirus proteins: a wealth of functions. *Virus Res* 74: 157–175. 2001.

VALKONEN, J.P.T., PUURAND, U. , SLACK, S.A., MAKINEN, K. & SAARMA, M. Three strains of potato A potyvirus based on hypersensitive responses in potato, serological properties and coat protein sequences. *Plant Dis* 79: 748 – 753, 1995.

VAN DEN HEUVEL. J.F.J.M., VAN DER VLUG, R.A.A., VERBEEK, M., DE HAAN P.T. & HUNTTIGA, H. Characteristics of a resistance-breaking isolates of potato vírus Y causing tuber necrotic disease. *European Journal of Plant Pathology* 100: 347-356.1994.

VAN REGENMORTEL, M.H.V., FAUQUET. C.M., BISHOP, D.H.L., CARSTENS, E. B., ESTES, M.K., LEMON, S.M., MANILOFF, J., MAYO, M.A., MCGEOCH, D.J., PRINGLE, C.R. & WICKNER, R.B. Virus taxonomy classification and nomenclature of viruses: seventh report of the international committee on taxonomy of viruses. San Diego: Academic Press. 1161. 2000.

VECHI, C. Seminário “Alvaro Santos Costa” sobre virose de batata. *Horticultura Brasileira* 2(2):p.55-67. 1984.

VERCHOT, J. & CARRINGTON, J.C. Evidence that the potyvirus P1 proteinase fuctions in trans as an accessory factor for genome amplification. *Journal of Virology* 69:3668-3674.1995.

VERCHOT, J., KOONIN, E.V. & CARRINGTON, J.C. The 35-kDa protein from the N-terminus of the potyviral polyprotein functions as a third virus-encoded proteinase. *Virology* 185:527-535.1991.

VOLLER, A., BIDWELL, D. E. & BARTLETT, A. Enzyme immunoassays in diagnostic medicine. *Bulletin of the World Health Organization, Geneve* 53(1): 55-65. 1976.

WARD, C.W., MCKERN, N.M., FRENKEL, M.J. & SHUKLA, D.D. Sequence data as the major criterion for Potyvirus classification. Archives of virology 5: 283-297. 1992.

WATSON, M.A. Evidence for interaction or genetic recombination between Potato Viruses Y and C in infected plants. Virology 10:211-232. 1960.

WEIDEMANN, H.L. Importance and control of potato virus YN (PVY^N) in seed potato production. Potato Research 31(1): 85-94. 1988.

XIANZHOU N., DURNIN, D., ABIR I. & HILL R. Cytosolic calcium is involved in the regulation of barley hemoglobin gene expression. Journal of virological Methods 121 (2): 163-170 .2004.

XIANZHOU N. & SINGH, R.P. Specific differentiation of recombinant PVY(N:O) and PVY(NTN) isolates by multiplex RT-PCR. Journal of virological methods 113(2): 69-77.2003.

YUKI, V.A. Afídeos vetores de vírus de batata. Correio agrícola Bayer (Batata- Edição especial) 3: 460-463. 1982.

ANEXO

Tabela 1-Resultado da análise de identidade de cada região sequenciada do genoma dos isolados brasileiros NBR, OBR, ITA e VGS em estudo, através do programa DNAmam. Os resultados de identidade de nucleotídeos foram obtidos através do alinhamento com isolados publicados no banco de dados. Os isolados padrões usados nas comparações foram: AF522296 (PVY^N-Egito), AB270705(PVY^N-Japão), EF026074(PVY^O-USA), AJ889866(PVY^{NTN}-Alemanha),AY166866(PVY^{NTN}-Canadá), EF026075(PVY^{NTN}-USA), AY745492(PVY^{N:O}-Canadá),EF026076(PVY^{N:O}-USA),AJ889867(PVY^W-Alemanha).

NBR	5' UTR	P1	HC-PRO	P3	6K1	CI	6K2	VPg	Nia	Nib	CP	3'UTR
AY166866- PVY ^{NTN} CANADA	75,6%	91,0%	91,0%	82,7%		91,6%	80,0%	95,9%			81,6%	77,1%
EF026075- PVY ^{NTN} USA	93,0%	98,0%	99,0%	75,0%		90,3%	98,7%	97,7%			85,0%	92,7%
AJ889866- PVY ^{NTN} ALEMANHA	67,0%	85,0%	65,0%	75,0%		84,7%	97,4%	99,4%			83,7%	89,3%
EF026076-PVY ^{N:O} USA	90,0%	99,0%	87,0%	73,5%		90,4%	99,3%	87,7%			77,1%	93,6%
AY745492-PVY ^{N:O} CANADÁ	89,0%	98,0%	67,0%	74,8%		90,4%	99,3%	87,7%			76,1%	93,6%
AJ889867-PVY ^W ALEMANHA	56,0%	85,0%	96,0%	74,9%		83,8%	98,7%	97,7%			77,1%	93,3%
AF522296-PVY ^N EGITO	56,0%	72,0%	70,0%	54,3%		90,3%	36,0%	50,0%			67,4%	80,7%
AB270705-PVY ^N JAPÃO	98,0%	98,0%	98,0%	75,0%		90,3%	98,7%	98,9%			76,9%	99,6%
EF026074-PVY ^O USA	58,0%	71,0%	72,0%	75,2%		90,1%	98,7%	87,5%			76,7%	92,7%
OBR	5' UTR	P1	HC-PRO	P3	6K1	CI	6K2	VPg	Nia	Nib	CP	3'UTR
AY166866- PVY ^{NTN} CANADA	51,0%	72,2%			69,5%		79,4%	84,5%		83,4%	89,0%	70,0%
EF026075- PVY ^{NTN} USA	52,2%	52,2%			82,0%		98,7%	86,0%		83,3%	98,5%	83,3%
AJ889866- PVY ^{NTN} ALEMANHA	79,6%	52,2%			81,2%		97,4%	88,1%		83,1%	90,7%	79,1%
EF026076-PVY ^{N:O} USA	61,3%	72,4%			82,0%		99,3%	50,2%		96,2%	98,2%	83,0%
AY745492-PVY ^{N:O} CANADÁ	61,0%	72,1%			81,8%		99,3%	98,0%		96,2%	84,0%	83,0%
AJ889867-PVY ^W ALEMANHA	75,1%	79,7%			81,2%		97,4%	86,0%		79,0%	98,2%	82,8%
AF522296-PVY ^N EGITO	79,3%	78,2%			33,1%		39,0%	50,3%		72,7%	61,9%	73,9%
AB270705-PVY ^N JAPÃO	79,3%	72,1%			82,0%		98,7%	88,3%		81,6%	97,7%	78,7%
EF026074-PVY ^O USA	93,4%	96,6%			80,2%		98,7%	97,8%		97,8%	98,5%	82,3%

ITA	5' UTR	P1	HC-PRO	P3	6K1	CI	6K2	VPg	Nia	Nib	CP	3'UTR
AY166866- PVY ^{NTN} CANADA	85,1%	78,5%			82,6%		79,4%	95,9%	95,3%	97,2%	95,1%	68,0%
EF026075- PVY ^{NTN} USA	85,1%	93,1%			100%		98,7%	97,7%	91,1%	99,0%	98,0%	81,2%
AJ889866- PVY ^{NTN} ALEMANHA	76,0%	93,1%			99,3%		97,4%	99,4%	98,0%	98,6%	97,9%	77,1%
EF026076-PVY ^{N:O} USA	79,3%	84,2%			100%		99,3%	87,7%	79,1%	83,7%	89,8%	81,0%
AY745492-PVY ^{N:O} CANADÁ	98,4%	84,3%			82,6%		99,3%	87,7%	78,9%	83,9%	73,9%	81,0%
AJ889867-PVY ^W ALEMANHA	65,1%	76,6%			99,3%		98,4%	97,7%	89,2%	79,8%	90,6%	81,1%
AF522296-PVY ^N EGITO	65,4%	53,4%			40,6%		36,0%	45,1%	47,2%	69,4%	55,0%	71,3%
AB270705-PVY ^N JAPÃO	87,8%	84,4%			100%		99,0%	99,0%	88,8%	82,8%	89,8%	76,6%
EF026074-PVY ^O USA	50,7%	62,8%			98,0%		98,7%	87,5%	79,1%	82,9%	90,1%	80,2%
VGS	5' UTR	P1	HC-PRO	P3	6K1	CI	6K2	VPg	Nia	Nib	CP	3'UTR
AY166866- PVY ^{NTN} CANADA	78,5%				82,6%		71,3%	98,0%	97,1%			
EF026075- PVY ^{NTN} USA	86,4%				100%		88,5%	96,8%	91,5%			
AJ889866- PVY ^{NTN} ALEMANHA	62,1%				99,3%		87,2%	98,5%	97,0%			
EF026076-PVY ^{N:O} USA	74,0%				100%		88,5%	78,0%	80,3%			
AY745492-PVY ^{N:O} CANADÁ	90,7%				100%		88,9%	87,2%	80,1%			
AJ889867-PVY ^W ALEMANHA	61,1%				99,3%		87,2%	96,8%	87,8%			
AF522296-PVY ^N EGITO	61,1%				40,6%		35,2%	44,9%	47,0%			
AB270705-PVY ^N JAPÃO	81,8%				100%		87,9%	98,0%	89,7%			
EF026074-PVY ^O USA	57,3%				98,0%		87,9%	87,0%	80,3%			

CLUSTAL 2.0.8 multiple sequence alignment

```
ITA_5UTR -----AACATAAGAAAATCAACGCAAAAAACTCA 30
VGS_5UTR -----AACATAAGAAAATCAACGCAAAAAACTCA 30
NBR_5UTR -----AACATAAGAAAATCAACGCAAAAAACTCA 30
AB270705_PVYN_Japao_5UTR -----CAACATAAGAAAATCAACGCAAAAAACTCA 31
EF026076_PVYNo_USA_5UTR -----CAACGCAAAAAACTCA 17
EF026075_PVYNTN_USA_5UTR -----CAACTCAATACAACATAAGAAAAACAACGCAAAAAACTCA 41
AY745492_PVYNo_Canada_5UTR -AATTA AAAACA ACTCAATACAACATAAGAAAATCAACGCAAAAAACTCA 49
AJ166866_PVYNTN_Canada_5UTR -AATTA AAAACA ACTCAATACAACATAAGAAAATCAACGCAAAAAACTCA 49
AF522296_PVYN_Egito_5UTR -AATTA AAAACA ACTCAATACAACATAAGAAAAACAACGCAAAAAACTCA 49
OBR_5UTR -----CAACGCAAAAAACTCA 17
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_5UTR AAATTA AAAACA ACTCAATACAACATAAGAAAAACAACGCAAAAAACTCA 50
AJ889867_PVYW_Alemanha_5UTR AAATTA AAAACA ACTCAATACAACATAAGAAAAACAACGCAAAAAACTCA 50
EF026074_PVY0_USA_5UTR -----CAACGCAAAAAACTCA 17
***** **
```

```
ITA_5UTR CAAAAGCTTTCAACTCTAATTC AAACAATTTGTTAAGTTTCAATTTTCGAC 80
VGS_5UTR CAAAAGCTTTCAACTCTAATTC AAACAATTTGTTAAGTTTCAATTTTCGAT 80
NBR_5UTR CAAA-GCTTTCAACTCTAATTC AAACAATTTGTTAAGTTTCAATTTTCGAT 79
AB270705_PVYN_Japao_5UTR CAAAAGCTTTCAACTCTAATTC AAACAATTTGTTAAGTTTCAATTTTCGAT 81
EF026076_PVYNo_USA_5UTR TAAACGCTTTCAACTCTAATTC AAACAATTTGTTAAGTTTCAATTTTCGAT 67
EF026075_PVYNTN_USA_5UTR CAAAAGCTTTCAACTCTAATTC AAACAATTTGTTAAGTTTCAATTTTCGAT 91
AY745492_PVYNo_Canada_5UTR CAAAAGCTTTCAACTCTAATTC AAACAATTTGTTAAGTTTCAATTTTCGAT 99
AJ166866_PVYNTN_Canada_5UTR CAAAAGCTTTCAATTC TAACTCAAGCAATTTGTTAAGTTTCAACTTTGAT 99
AF522296_PVYN_Egito_5UTR TAAACGCTC---ATTCTCACTCAAGCAACTTGCTAAGTTTCAGTTTAAAT 96
OBR_5UTR TAAACGCTC---ATTCTCACTCAAGCAACTTGCTAAGTTTCAGTTTAAAT 64
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_5UTR TAAACGCTT---ATTCTCACTCAAGCAACTTGCTAAGTTTCAGTTTAAAT 97
AJ889867_PVYW_Alemanha_5UTR TAAACGCTT---ATTATCACTCAAGCAACTCGCTAAGTTTCAGTTTCAGAT 97
EF026074_PVY0_USA_5UTR TAAACGCTT---ATTCTCACTCAAGCAACTTGTTAAGTTTCAGTTTAAAT 64
*** ** * * * **** * * * * * * * * * * *
```

ITA_5UTR	CTTCATCAAACAAACTCTTTCAATTTTCAGCGTAAGCTATCGTAATTTAGT	130
VGS_5UTR	TTTCATCAAACAAACTCTTTCAATTTTCAGTGTAAGCTATCGTAATTCAGT	130
NBR_5UTR	CTTCATCAAACAAACTCTTTCAATTTTCAGTGTAAGCTATCGTAATTCAGT	129
AB270705_PVYN_Japao_5UTR	CTTCATCAAACAAACTCTTTCAATTTTCAGTGTAAGCTATCGTAATTCAGT	131
EF026076_PVYNo_USA_5UTR	CCTCATCAAACAAACTCTTTCAATTTTCAGTGTAAGCTATCGTAATTCAGT	117
EF026075_PVYNTN_USA_5UTR	CTTCATCAAACAAACTCTTTCAATTTTCAGTGTAAGCTATCGTAATTCAGT	141
AY745492_PVYNo_Canada_5UTR	CTTCATCAAACAAACTCTTTCAATTTTCAGTGTAAGCTATCGTAATTCAGT	149
AJ166866_PVYNTN_Canada_5UTR	CTTCGTCGTACAAACCGTTTCAACTTCAGTGTAAGTTCTCGTAACTCAAT	149
AF522296_PVYN_Egito_5UTR	CATTTCCCTTGCAATTCTCTAGAACAATATTGGAAACCATTTCAACTCAAC	146
OBR_5UTR	CATTTCCCTTGCAATTCTCTGAAGCAATATTGGAAACTATTTCAACTCAAC	114
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_5UTR	CATTTCCCTTGCAATTCTCTTAAACGATATTGGAAACCATTTCAACTCAAC	147
AJ889867_PVYW_Alemanha_5UTR	CATTTCCCTTGCAATTCTCTTAAACGATATTGGAAACCATTTCAACTCAAC	147
EF026074_PVY0_USA_5UTR	CATTTCCCTTGCAATTCTCTTAAACAATATTGGAAACCGTTTCAACTCAAC	114

* * *** * * * * * * * * * * * * *

ITA_5UTR	AAGTTATTTCA--AACTCTCGTAAATTGCAGAAGATCATCCA	170
VGS_5UTR	AAGTTATTTCA--AACTCTCGTAAATTGCAGAAGATCATCC-	169
NBR_5UTR	AAGTTATTTCA--AACTCTCGTAAATTGCAGAAGATCATCC-	168
AB270705_PVYN_Japao_5UTR	AAGTTATTTCA--AACTCTCGTAAATTGCAGAAGATCATCC-	170
EF026076_PVYNo_USA_5UTR	AAGTTATTTCA--AACTCTCGTAAATTGCAGAAGATCATCC-	156
EF026075_PVYNTN_USA_5UTR	AAGTTATTTCA--AACTCTCGTAAATTGCAGAAGATCATCC-	180
AY745492_PVYNo_Canada_5UTR	AAGTTATTTCA--AACTCTCGTAAATTGCAGAAGATCATCCA	189
AJ166866_PVYNTN_Canada_5UTR	AGTTTATTTCA--AACTCTCTCAAATAGCAACATACCAGCCA	189
AF522296_PVYN_Egito_5UTR	AAGCAATTTTCATCACTTCCAACCAATTTTCAGATCCTCA----	184
OBR_5UTR	AAGCAATTTTCATCACTTCCAACCAATTTTCAGATCCTCA----	152
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_5UTR	AAGTAATTTTCATCACTTCCAACCAATTTTAGATCCTCA----	185
AJ889867_PVYW_Alemanha_5UTR	AAGTAATTTTCATCACTTCCAACCAATTTTAGATCCTCA----	185
EF026074_PVY0_USA_5UTR	AAGCAATTTTCATCACTTCCGATCAATTTTCAGATCCTCA----	152

* ***** * ** *** * **

CLUSTAL 2.0.8 multiple sequence alignment

```

AY745492_PVYNO_Canada_P1      -TGGCAACTTACACATCAACAATCCAGTTTGGTTCCATTGAATGCAAAC 49
EF026076_PVYNO-USA_P1        ATGGCAACTTACACATCAACAATCCAGTTTGGTTCCATTGAATGCAAAC 50
NBR_P1                         ATGGCAACTCACACATCAACAATCCTGTTTGGTTCCATTGAATGCAAAC 50
EF026075_PVYNTN_USA_P1       ATGGCAACTTACACATCAACAATCCAGTTTGGTTCCATTGAATGCAAAC 50
ITA_P1                         -TGGCAACTTACACATCAACAATCCAGTTTGGTTCCATTGAATGCAAAC 49
AB270705_PVYN_Japao_P1       ATGGCAACTTACACATCAACAATCCAGTTTGGTTCCATCGAATGCAAAC 50
AJ166866_PVYNTN_Canada_P1    -TGGCAACTTACATGTCAACGATTCAATTCGGTTCCATTGAATGCAAAC 49
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_P1  ATGGCAACTTACATGTCAACAATCTGTTTCGGTTCGTTTGAATGCAAGCT 50
AJ889867_PVYW_Alemanha_P1    ATGGCAACTTACATGTCAACAATCTGTTTCGGTTCGTTTGAATGCAAGCT 50
AF522296_PVYN_Egito_P1       ATGGCAACTTACATGTCAACAATCTGTTTTGGTTCGTTTGAATGCAAGCT 50
OBR_P1                         ATGGCAACTTACATGTCAACAATCTGTTTCGGTTCGTTTGAATGCAAGCT 50
EF026074_PVYO_USA_P1         ATGGCAACTTACATGTCAACAATCTGTTTCGGTTCGTTTGAATGCAAGCT 50
                               ***** ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *
AY745492_PVYNO_Canada_P1     TCCATACTCACCCGCTCCTTTTGGGCTAGTTGCGGGGAAACGAGAAGTTT 99
EF026076_PVYNO-USA_P1       TCCATACTCACCCGCTCCTTTTGGGCTAGTTGCGGGGAAACGAGAAGTTT 100
NBR_P1                        TCCATACTCACCCGCTCCTTTTGGGCTAGTTGCGGGGAAACGAGAAGTTT 100
EF026075_PVYNTN_USA_P1      TCCATACTCACCCGCTCCTTTTGGGCTAGTTGCGGGGAAACGAGAAGTTT 100
ITA_P1                        TCCATACTCACCCGCTCCTTTTGGGCTAGTTGCGGGGAAACGAGAAGTTT 99
AB270705_PVYN_Japao_P1      TCCATACTCACCCGCTCCTTTTGGGCTAGTTGCGGGGAAACGAGAAGTTT 100
AJ166866_PVYNTN_Canada_P1   TCCATACTCACCCGCCCTTTTGGAGCTAGTTGCGAGGGAACGAGAAGTTT 99
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_P1 ACCATACTCACCCGCCTCTTGCGGGCATATTGTGAAGGAACGAGAAGTGC 100
AJ889867_PVYW_Alemanha_P1   ACCATACTCACCCGCCTCTTGCGGGCATATTGTGAAGGAACGAGAAGTGC 100
AF522296_PVYN_Egito_P1      ACCATACTCACCCGCCTCTTGCGAGCATATTGTGAAGGAACGAGAAGTGC 100
OBR_P1                        ACCATACTCACCCGCCTCTTGCGAGCACATTGTGAAGGAACGAGAAGTGC 100
EF026074_PVYO_USA_P1        ACCATACTCACCCGCTTCTTGCGGGCATATTGTGAAGGAGCGAGAAGTGC 100
                               ***** ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *
AY745492_PVYNO_Canada_P1     CAACCACCACTGACCCCTTCGCAAGTTTGGAGATGCAGCTTAGTGCGCGA 149
EF026076_PVYNO-USA_P1       CAACCACCACTGACCCCTTCGCAAGTCTGGAGATGCAGCTTAGTGCGCGA 150
NBR_P1                         CAACCATCACTGACCCCTTCGCAAGTTTGGAGATGCAGCTTAGTGCGCGA 150
EF026075_PVYNTN_USA_P1      CAACCACCACTGACCCCTTCGCAAGTTTGGAGATGCAGCTTAGTGCGCGA 150
ITA_P1                         CAACCACCACTGACCCCTTCGCAAGTTTGGAGATGCAGCTTAGTGCGCGA 149
AB270705_PVYN_Japao_P1      CAACCACCACTGACCCCTTCGCAAGTTTGGAGATGCAGCTTAGTGCGCGA 150

```


AJ166866_PVYNTN_Canada_P1 CAACCATCACTGACCCCTTCGCAGGTTTGGAGATGCAGCTTAGTGCGCGA 149
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_P1 TGGCTTCCGTTGATCCTTTTCGCAGATCTGGAAACACAACCTTAGTGACGGA 150
 AJ889867_PVYW_Alemanha_P1 TGGCTTCCGTTGATCCTTTTCGCAGATCTGGAAACACAACCTTAGTGACGGA 150
 AF522296_PVYN_Egito_P1 CGGCTTCCGTTGATCCTTTTCGCAGATCTGGAAACACAACCTTAGTGACGGA 150
 OBR_P1 TGGCTTCCGTTGATCCTTTTCGCAGATCTGGAAACACAACCTTAGTGACGGA 150
 EF026074_PVYO_USA_P1 TGGCTTCCGTTGATCCTTTTCGCAGATCTGGAAACACAACCTTAGTGACGGA 150

* * *** ** ***** * **** * ** ***** **

AY745492_PVYNO_Canada_P1 TTACGAAGGCAAGAGTTTGCAACTATTTCGAACATCCAAGAATGGTACTTG 199
 EF026076_PVYNO-USA_P1 TTACGAAGGCAAGAGTTTGCAACTATTTCGAACATCCAAGAATGGTACTTG 200
 NBR_P1 TTACGAAGGCAAGAGTTTGCAACTATTTCGAACATCCAAGAATGGTACTTG 200
 EF026075_PVYNTN_USA_P1 CTACGAAGGCAAGAGTTTGCAACTATTTCGAACATCCAAGAATGGTACTTG 200
 ITA_P1 TTACGAAGGCAAGAGTTTGCAACTATTTCGAACATCCAAGAATGGTACTTG 199
 AB270705_PVYN_Japao_P1 TTACGAAGGCAAGAGTTTGCAACCATTTCGAACATCCAAGAATGGTACTTG 200
 AJ166866_PVYNTN_Canada_P1 CTACGAAGGCAAGAGCTTGGCACTGTCCGTACATCCAAGAGTGGTACTTG 199
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_P1 TTGCTCAAGCAAGAATATGCTACTGTTCGTGTGCTCAAGAACGGTACTCT 200
 AJ889867_PVYW_Alemanha_P1 TTGCTCAAGCAAGAATATGCTACTGTTCGTGTGCTCAAGAACGGTACTCT 200
 AF522296_PVYN_Egito_P1 TTGCTCAAGCAAGAATATGCTACTGTTCGTGTGCTCAAGAACGGTACTTT 200
 OBR_P1 TTGCTCAAGCAAGAATATGCTACTGTTCGTGTGCTCAAGAATGGTACTTT 200
 EF026074_PVYO_USA_P1 TTGCTCAAGCAAGAATATGCTACTGTTCGTGTGCTCAAGAACGGTACTCT 200

* * * *** * *** ** * ** *** * ****

AY745492_PVYNO_Canada_P1 CATGTATCGATAACAAGACTGATGTCCAGATTGCGCGCATTCAAAAAGAAGC 249
 EF026076_PVYNO-USA_P1 CATGTATCGATAACAAGACTGATGTCCAGATTGCGCGCATTCAAAAAGAAGC 250
 NBR_P1 CATGTATCGATAACAAGACTGATGTCCAGATTGCGCGCATTCAAAAAGAAGC 250
 EF026075_PVYNTN_USA_P1 CATGTATCGATAACAAGACTGATGTCCAGATTGCGCGCATTCAAAAAGAAGC 250
 ITA_P1 CATGTATCGATAACAAGACTGATGTCCAGATTGCGCGCATTCAAAAAGAAGC 249
 AB270705_PVYN_Japao_P1 CATGTATCGATAACAAGACTGATGTCCAGATTGCGCGCATTCAAAGGAAGC 250
 AJ166866_PVYNTN_Canada_P1 CATGTATCGATAACAAGACTGATGTCCAGATTGCGCGCATCCAAAAGAAGC 249
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_P1 TACGTACCGATAACAAGACTGATGTCCAGATAACGCGCATTCCAGAAGAAAC 250
 AJ889867_PVYW_Alemanha_P1 TACGTACCGATAACAAGACTGATGTCCAGATAACGCGCATTCCAGAAGAAAC 250
 AF522296_PVYN_Egito_P1 TACGTACCGATAACAAGACTGATGTCCAGATAATGCGCATTCCAGAAGAAAC 250
 OBR_P1 TACGTACCGATAACAAGACTGATGTCCAGATAATGCGCATTCCAGAAGAAAC 250
 EF026074_PVYO_USA_P1 TACTTACCGATACAAAACTGATGTCCAGATAACGCGCATTCCAGAAGAAAC 250

* ** ***** ***** ***** ***** ** * *** *

AY745492_PVYNO_Canada_P1 GCGAGGAAAGAGAAAGAGAGGAATATAATTTCCAAATGGCTGCGTCAAGT 299

EF026076_PVYNO-USA_P1 GCGAGGAAAGAGAAAGAGAGGAATATAATTTCCAAATGGCTGCGTCAAGT 300
 NBR_P1 GCGAGGAAAGAGAAAGAGAGGAATATAATTTCCAAATGGCTGCGTCAAGT 300
 EF026075_PVYNTN_USA_P1 GCGAGGAGAGAGAAAGAGAGGAATATAATTTCCAAATGGCTGCGTCAAGT 300
 ITA_P1 GCGAGGAGAGAGAAAGAGAGGAATATAATTTCCAAATGGCTGCGTCAAGT 299
 AB270705_PVYN_Japao_P1 GCGAGGAGAGAGAAAGAGAGGAATATAATTTCCAAATGGCTGCGTCAAGT 300
 AJ166866_PVYNTN_Canada_P1 GCGAGGAAAGAGAAAGAGAAGAACAACACTTCCAAATGGCTGCACCGAGT 299
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_P1 TGGAAAGGAAGGATAGGGAAGAATATCACTTCCAGATGGCAGCTCCTAGT 300
 AJ889867_PVYW_Alemanha_P1 TGGAAAGGAAGGATAGGGAAGAATATCACTTCCAGATGGCAGCTCCTAGT 300
 AF522296_PVYN_Egito_P1 TGGAGAGGAAGGATAGGGAAGAATATCACTTCCAAATGGCCGCTCCTAGT 300
 OBR_P1 TAGAGAGGAAGGATAGGGAAGAATATCACTTCCAAATGGCCGCTCCTAGT 300
 EF026074_PVYO_USA_P1 TGGAGAGGAAGGATAGGGAAGAATATCACTTCCAGATGGCCGCTCCTAGT 300

** * ** ** ** *** * * ***** ***** ** * ***

AY745492_PVYNO_Canada_P1 GTTGTGTCGAAGATCACTATTGCTGGTGGAGAGCCACCTTCAAAACTTGA 349
 EF026076_PVYNO-USA_P1 GTTGTGTCGAAGATCACTATTGCTGGTGGAGAGCCACCTTCAAAACTTGA 350
 NBR_P1 GTTGTGTCGAAGATCACTATTGCTGGTGGAGAGCCACCTTCAAAACTTGA 350
 EF026075_PVYNTN_USA_P1 GTTGTGTCGAAGATCACTATTGCTGGTGGAGAGCCACCTTCAAAACTTGA 350
 ITA_P1 GTTGTGTCGAAGATCACTATTGCTGGTGGAGAGCCACCTTCAAAACTTGA 349
 AB270705_PVYN_Japao_P1 GTTGTGTCGAAGATCACTATTGCTGGTGGAGAGCCACCTTCAAAACTTGA 350
 AJ166866_PVYNTN_Canada_P1 GTTGTGTCGAAGATTACTATTGCTGGTGGAGAGCCACCTTCGAAACTTGA 349
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_P1 ATTGTGTCAAAGATCACTATTGCTGGTGGAGAGCCACCTTCAAAACTTGA 350
 AJ889867_PVYW_Alemanha_P1 ATTGTGTCAAAGATCACTATTGCTGGTGGAGAGCCACCTTCAAAACTTGA 350
 AF522296_PVYN_Egito_P1 ATTGTGTCAAAAATTACTATAGCTGGCGGAGATCCTCCATCAAAGTCTGA 350
 OBR_P1 GTTGTGTCAAAAATTACTATAGCTGGCGGAGATCCTCCATCAAAGTCTGA 350
 EF026074_PVYO_USA_P1 ATTGTGTCAAAAATTACAATAGCTGGTGGAGATCCTCCATCAAAGTCTGA 350

***** ** ** ** ** ** ** ***** ***** ***

AY745492_PVYNO_Canada_P1 ATCACAATGCGGAGGGGTGTCATCCACACAACCTCCAAGGATGCGCACAG 399
 EF026076_PVYNO-USA_P1 ATCACAAGTGCAGAGGGGTGTCATCCACACAACCTCCAAGGATGCGCACAG 400
 NBR_P1 ATCACAAGTGCAGAGGGGTGTCATCCACACAACCTCCAAGGATGCGCACAG 400
 EF026075_PVYNTN_USA_P1 ATCACAAGTGCAGAGGGGTGTTATCCACACAACCTCCAAGGATGCGCACAG 400
 ITA_P1 ATCACAAGTGCAGAGGGGTGTTATCCACACAACCTCCAAGGATGCGCACAG 399
 AB270705_PVYN_Japao_P1 ATCACAAGTGCAGAGGGGTGTCATCCACACAACCTCCAAGGATGCGCACAG 400
 AJ166866_PVYNTN_Canada_P1 ATCACAAGTGCAGAGGGGTGTCATCCACACAACCTCCAAGAATGCGTACAG 399
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_P1 ATCACAAGTGCAGAGGGGTGTCATCCACACAACCTCCAAGGATGCGCACAA 400
 AJ889867_PVYW_Alemanha_P1 ATTACAAGTGCAGAGGGGTGTCATCCACACAACCTCCAAGGATGCGCACAG 400
 AF522296_PVYN_Egito_P1 GCCACAAGCACAAGAGGGATCATTACATAAATCCAAGGATGCGTAAAG 400

OBR_P1	GCCACAAGCACCAAGAGGGATCATTTCATACAACCTCCAAGGATGCGTAAAG	400
EF026074_PVYO_USA_P1	GCCACAAGCACCAAGAGGGATCATTTCATACAACCTCCAAGGATGCGTAAAG	400
	***** * ** ** * ** ** ***** ** * *	
AY745492_PVYNO_Canada_P1	CAAAAACATATCACACGCCAAAGTTGACAGAGGGACAAATGAACCACCTT	449
EF026076_PVYNO_USA_P1	CAAAAACATATCACACGCCAAAGTTGACAGAGGGACAAATGAACCACCTT	450
NBR_P1	CAAAAACATATCACACGCCAAAGTTGACAGAGGGACAAATGAACCACCTT	450
EF026075_PVYNTN_USA_P1	CAAAAACATATCACACGCCAAAGTTGACAGAGGGACAAATGAACCACCTT	450
ITA_P1	CAAAAACATATCACACGCCAAAGTTGACAGAGGGACAAATGAACCACCTT	449
AB270705_PVYN_Japao_P1	CAAAAACATATCACACGCCAAAGTTAACAGAGGGACAAATGAACCACCTT	450
AJ166866_PVYNTN_Canada_P1	TGAAAACATATCACACGCCAAAGTTGACAGAGAAACAAATGAACCACCTT	449
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_P1	CGAAAACGTATCACACGCCAAAGTTGACAGAGGGACAGATGAACCACCTT	450
AJ889867_PVYW_Alemanha_P1	CAAAAACATATCACACGCCAAAGTTGACAGAGGGACAAATGAACCACCTT	450
AF522296_PVYN_Egito_P1	TCAAGACACGCCCCATAATAAAGTTGACAGAAGGCCAGATGAATCACCTC	450
OBR_P1	TCAAGACACACCCATAATAAAGTTGACAGAAGGCCAGATGAATCATCTC	450
EF026074_PVYO_USA_P1	TCAAGACACGTTCCATAATAAAGTTGACAGAAGGCCAGATGAATCATCTC	450
	** ** * ** ***** ** ***** ** **	
AY745492_PVYNO_Canada_P1	ATCAAGCAGGTGAAGCAAATTATGTCAACCAAAGGAGGGTCTGTTCAACT	499
EF026076_PVYNO_USA_P1	ATCAAGCAGGTGAAGCAAATTATGTCAACCAAAGGAGGGTCTGTTCAACT	500
NBR_P1	ATCAAGCAGGTGAAGCAAATTATGTCAACCAAAGGAGGGTCTGTTCAACT	500
EF026075_PVYNTN_USA_P1	ATCAAGCAGGTGAAGCAAATTATGTCAACCAAAGGAGGGTCTGTTCAACT	500
ITA_P1	ATCAAGCAGGTGAAGCAAATTATGTCAACCAAAGGAGGGTCTGTTCAATT	499
AB270705_PVYN_Japao_P1	ATCAAGCAGGTGAAGCAAATTATGTCAACCAAAGGAGGGTCTGTTCAACT	500
AJ166866_PVYNTN_Canada_P1	ATCAAGCAGGTAAAGCAAATCATGTCAACTAAAGGAGGGTCTGTTCAACT	499
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_P1	ATCAAGCAGGTGAAGCAAATTATGTCAACCAAAGGAGGGTCTGTTCAACT	500
AJ889867_PVYW_Alemanha_P1	ATCAAGCAGGTGAAGCAAATTATGTCAACCAAAGGAGGGTCTGTTCAACT	500
AF522296_PVYN_Egito_P1	ATTAAGCAGATAAAACAGATTATGTCCGAGAAAAGAGGGTCTGTCCACTT	500
OBR_P1	ATTAAGCAGATAAAAGCAGATTATGTCCGAGAAGAGAGGGTCTGTCCACTT	500
EF026074_PVYO_USA_P1	ATTAAGCAGGTGAAGCAGATTATGTCCGAGAAGAGAGGGTCTGTCCACTT	500
	** ***** * ** ** * ** ***** ** ***** ** *	
AY745492_PVYNO_Canada_P1	GATTAGCAAGAAAAGTACCCATGTTCACTATAAAGAAGTTTTGGGATCAC	549
EF026076_PVYNO_USA_P1	GATTAGCAAGAAAAGTACCCATGTTCACTATAAAGAAGTTTTGGGATCAC	550
NBR_P1	GATTAGCAAGAAAAGTACCCATGTTCACTATAAAGAAGTTTTGGGATCGC	550
EF026075_PVYNTN_USA_P1	GATTAGCAAGAAAAGTACCCATGTTCACTATAAAGAAGTTTTGGGATCAC	550
ITA_P1	GATTAGCAAGAAAAGTATCCATGTTCACTATAAAGAAGTTTTGGGATCAC	549

AB270705_PVYN_Japao_P1 GATTAGCAAGAAAAGTACCCATGTTCACTATAAAGAAGTTTTGGGATCAC 550
 AJ166866_PVYNTN_Canada_P1 GATTAGCAAGAAAAGTACCCATGTTCAATATAAAGAAGTTTTGGGAGCAC 549
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_P1 GATTAGCAAGAAAAGTACCCATGTTCACTATAAAGAAGCTTTGGGATCAC 550
 AJ889867_PVYW_Alemanha_P1 GATTAGCAAGAAAAGTACCCATGTTCACTATAAAGAAGTTTTGGGATCAC 550
 AF522296_PVYN_Egito_P1 AATTAGTAAGAAAACCACACTCATGTTCAATATAAGAAGATACTTGGTGCA 550
 OBR_P1 AATTAGTAAGAAAACCACACTCATGTTCAATATAAGAAGATACTTGGTGCAA 550
 EF026074_PVYO_USA_P1 AATTAGTAAGAAGACCACACTCATGTTCAATATAAGGAGATACTTGGAGCAA 550

***** * * ***** * * * * *

AY745492_PVYNO_Canada_P1 ATCGCGCAGTTGTTTGCCTGCACATATGAGAGGTTTACGAAAGAGAGTG 599
 EF026076_PVYNO-USA_P1 ATCGCGCAGTTGTTTGCCTGCACATATGAGAGGTTTACGAAAGAGAGTG 600
 NBR_P1 ATCGCGCAGTTGTTTGCCTGCACATATGAGAGGTTTACGAAAGAGAGTG 600
 EF026075_PVYNTN_USA_P1 ATCGCGCAGTTGTTTGCCTGCACATATGAGAGGTTTACGAAAGAGAGTG 600
 ITA_P1 ATCGCGCAGTTGTTTGCCTGCACATATGAGAGGTTTACGAAAGAGAGTG 598
 AB270705_PVYN_Japao_P1 ATCGCGCAGTTGTTTGCCTGCACATATGAGAGGTTTACGAAAGAGAGTG 600
 AJ166866_PVYNTN_Canada_P1 ATCGCGCAGTCGTTTGCCTGCACATATGAGAGGTTTACGAAAGAGAGTA 599
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_P1 ATCGCGCAGTTGTTTGCCTGCACATATGAGAGGTTTACGAAAGAGAGTG 600
 AJ889867_PVYW_Alemanha_P1 ATCGCGCAGTCGTTTGCCTGCACATATGAGAGGTTTACGAAAGAGAGTG 600
 AF522296_PVYN_Egito_P1 ACTCCGCAGCGTTTGAAGTGCACATATGATGGGTTTGCACGGAGAGTG 600
 OBR_P1 CTCGCGCAACGGTTTGAAGTGCACATATGATGGGTTTGCACGGAGAGTG 600
 EF026074_PVYO_USA_P1 CTCGCGCAGCGTTTGAAGTGCACATATGATGGGTTTGCACGGAGAGTG 600

**** * * ***** ***** * * *****

AY745492_PVYNO_Canada_P1 GACTTTCCGTGTGATAAATGGACCGTTGTGCGTCTACAGCATCTCGCCAG 649
 EF026076_PVYNO-USA_P1 GACTTTCCGTGTGATAAATGGACCGTTGTGCGTCTACAGCATCTCGCCAG 650
 NBR_P1 GACTTTCCGTGTGATAAATGGACCGTTGTGCGTCTACAGCATCTCGCCAG 650
 EF026075_PVYNTN_USA_P1 GACTTTCCGTGTGATAAATGGACCGTTGTGCGCCTACAGCATCTCGCCAG 650
 ITA_P1 GACTTTCCGTGTGATAAATGGACCGTTGTGCGCCTACAGCATCTCGC-AG 647
 AB270705_PVYN_Japao_P1 GACTTTCCGTGTGATAAATGGACCGTTGTGCGTCTACAGCATCTCGCCAG 650
 AJ166866_PVYNTN_Canada_P1 GACTTTCCGTGTGATAAATGGACCGTTGTGCGTCTACAGCATCTCGCCAG 649
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_P1 GACTTTCCGTGTGATAAATGGACCGTTGTGCGTCTACAGCATCTCGCCAG 650
 AJ889867_PVYW_Alemanha_P1 GACTTTCCGTGTGATAAATGGACCGTTGTGCGTCTACAGCATCTCGCTAG 650
 AF522296_PVYN_Egito_P1 GACTTCCGATGTGATATGTGGACAGTTGGACTTTTGAACGTCTCGCTCG 650
 OBR_P1 GACTTCCGATGTGATATGTGGACAGTTGGACTTTTGAACGTCTCGCTCG 650
 EF026074_PVYO_USA_P1 GACTTCCGATGTGATATGTGGACAGTTGGACTTTTGAACGTCTCGCTCG 650

***** * ***** ***** * * * * ***** *

AY745492_PVYNO_Canada_P1	GACGGACAAGTGGACTAACCAAGTTCGTGCTACTGATCTACGCAAGGGCG	699
EF026076_PVYNO-USA_P1	GACGGACAAGTGGACTAACCAAGTTCGTGCTACTGATCTACGCAAGGGCG	700
NBR_P1	GACGGACAAGTGGACTAACCAAGTTCGTGCTACTGATCTACGCAAGGGCG	700
EF026075_PVYNTN_USA_P1	GACGGACAAGTGGACTAACCAAGTTCGTGCTACTGATCTACGCAAGGGCG	700
ITA_P1	GACGGACAAGTG-ACTAACCAAGTTCGTGCTACTGATCTACGCAAGG-CG	695
AB270705_PVYN_Japao_P1	GACGGACAAGTGGACTAACCAAGTTCGTGCTACTGATCTACGCAAGGGCG	700
AJ166866_PVYNTN_Canada_P1	GACGGACAAGTGGACTAACCAAGTTCGTGCTACTGATCTACGAAAAGGGCG	699
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_P1	GACGGACAAGTGGAAATAACCAAGTTCGTGCTACTGATCTACGCAAGGGCG	700
AJ889867_PVYW_Alemanha_P1	GACGGACAAGTGGACTAACCAAGTTCGCGCTACTGATCTACGCAAGGGCG	700
AF522296_PVYN_Egito_P1	GACGGACAAATGGTCCAATCAAGTCCGCACATCAACATACGAAGGGGTG	700
OBR_P1	GACGGACAAATGGTCCAATCAAGTCCGCACATCAACATACGAAGGGGTG	700
EF026074_PVYO_USA_P1	GACGGACAAATGGTCCAATCAAGTCCGCACATCAACATACGAAGGGGTG	700
	***** ** ** ***** ** *** * ***** * ** *	

AY745492_PVYNO_Canada_P1	ATAGTGGAGTTATATTGAGTAATACTAATCTCAAAGGAACTTTGGGAGA	749
EF026076_PVYNO-USA_P1	ATAGTGGAGTTATATTGAGTAATACTAATCTCAAAGGAACTTTGGGAGA	750
NBR_P1	ATAGTGGAGTTATATTGAGTAATACTAATCTCAAAGGAACTTTGGGAGA	750
EF026075_PVYNTN_USA_P1	ATAGTGGAGTTATATTGAGTAATACTAATCTCAAAGGACACTTTGGAAGA	750
ITA_P1	ATAGTG-AGTTATATTGAGTA-TACTAATCTCAAAG-ACACTTTG--AGA	740
AB270705_PVYN_Japao_P1	ATAGTGGAGTTATATTGAGTAATACTAATCTCAAAGGAACTTTGGAAGA	750
AJ166866_PVYNTN_Canada_P1	ATAGTGGAGTTATATTGAGTAATACTAATCTCAAAGGATACTTTGGGAGA	749
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_P1	ATAGTGGAGTTATATTGAGTAATACTAATCTCAAAGGAACTTTGGGAGA	750
AJ889867_PVYW_Alemanha_P1	ATAGTGGAGTTATATTGAGTAATACTAATCTCAAAGGAACTTTGGGAGA	750
AF522296_PVYN_Egito_P1	ATAGTGGAGTCATCTTGAACACAAAAAGCCTCAAAGGCCACTTTGGTAGA	750
OBR_P1	ATAGTGGAGTCATCTTGAACACAAAAAGCCTCAAAGGCCACTTTGGTAGA	750
EF026074_PVYO_USA_P1	ATAGTGGAGTCATTTTGAACACAAAAAGCCTCAAAGGCCACTTTGGTAGA	750
	***** *** ** ***** * * * ***** ***** ***	

AY745492_PVYNO_Canada_P1	AGCTCGGAGGGCCTATTCATAGT-GCGTGGGTTCGCACGAAGGAAAAATCT	798
EF026076_PVYNO-USA_P1	AGCTCGGAGGGCCTATTCATAGT-GCGTGGGTTCGCACGAAGGAAAAATCT	799
NBR_P1	AGCTCGGAGGGCCTATTCATAGT-GCGTGGGTTCGCACGAAGGAAAAATCT	799
EF026075_PVYNTN_USA_P1	AGCTCGGAGGGCCTATTCATAGT-GCGTGGGTTCGCACGAAGGAAAAATCT	799
ITA_P1	AGCTCGGAGG--CTAT-CATAGTTGCGTGG--TCGCACGA----GAAATCT	782
AB270705_PVYN_Japao_P1	AGCTCGGAGGGCCTATTCATAGT-GCGTGGGTTCGCACGAAGGAAAAATCT	799
AJ166866_PVYNTN_Canada_P1	AGTTCGGAGGGTCTATTTATAGT-GCGTGGATCGCATGAAGGAAAAATCT	798
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_P1	AGCTCGGAGGGCATATTCATAGT-GCGTGGGTTCGCACGAAGGAAAAATCT	799
AJ889867_PVYW_Alemanha_P1	AGCTCGGAGGGCCTATTCATAGT-GCGTGGGTTCGCACGAAGGAAAAATCT	799

CLUSTAL 2.0.8 multiple sequence alignment

```

AY745492_PVYNO_Canada_HCpro      -----GGGGTTATGGATTCAATGGTTCAGTTCTCAAGCGCTGAAA 40
EF026076_PVYNO-USA_HCpro        -----GGGGTTATGGATTCAATGGTTCAGTTCTCAAGCGCTGAAA 40
NBR_HCpro                        -----GGGGTTATGGATTCAATGGTTCAGTTCTCAAGCGCTGAAA 40
EF026075_PVYNTN_USA_HCpro       -----GGGGTTATGGATTCAATGGTTCAGTTCTCAAGCGCTGAAA 40
AJ889867_PVYW_Alemanha_HCpro    -----GGGGTTATGGATTCAATGGTTCAGTTCTCAAGCGCTGAAA 40
AB270705_PVYN_Japao_HCpro       -----GGGGTTATGGATTCAATGGTTCAGTTCTCAAGCGCTGAAA 40
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_HCpro  -----AGCGCTGAAA 10
AJ166866_PVYNTN_Canada_HCpro    GGTTACACAAGGAGTTCTAGACTCAATGGTTCAGTTCTCAAACGCTGAAA 50
AF522296_PVYN_Egito_HCpro       -----CAGAGTATTTTAAACTCAATGATCCAGTTTTCGAATGCCGACA 43
EF026074_PVYO_USA_HCpro         -----ACTCAATGATCCAGTTTTCGAATGCTGATA 30

AY745492_PVYNO_Canada_HCpro      GCTTTTGGGAAGGGATTGGACGGCAATTGGGCACAAATGAGATACCCTACA 90
EF026076_PVYNO-USA_HCpro        GCTTTTGGGAAGGGATTGGACGGCAATTGGGCACAAATGAGATACCCTACA 90
NBR_HCpro                        GCTTTTGGGAAGGGATTGGACAGCAATTGGGCACAAATGAGATATCCTACA 90
EF026075_PVYNTN_USA_HCpro       GCTTTTGGGAAGGGATTGGACGGCAATTGGGCACAAATGAGATATCCTACA 90
AJ889867_PVYW_Alemanha_HCpro    GCTTTTGGGAAGGGATTGGACGGCAATTGGGCACAAATGAGATATCCTACA 50
AB270705_PVYN_Japao_HCpro       GCTTTTGGGAAGGGATTGGACGGCAATTGGGCACAAATGAGATATCCTACA 90
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_HCpro  GCTTTTGGGAAGGGATTGGACGGCAATTGGGCACAAATGAGATATCCTACA 60
AJ166866_PVYNTN_Canada_HCpro    GCTTCTGGAAGGGATTGGACGGCAATTGGGCACGGATGAGATACCCTACA 100
AF522296_PVYN_Egito_HCpro       ATTTTGGGAAGGGTCTGGACGGTAATTGGGCACGAATGAGATATCCTTCG 93
EF026074_PVYO_USA_HCpro         ATTTTGGGAAGGGTCTAGACGGTAATTGGGCACAACGAGATATCCTTCG 80
          ** ***** * *** * ***** ***** *** *

AY745492_PVYNO_Canada_HCpro      GATCATACATGTGTGGCAGGCTTACCAGTTGAAGACTGTGGCAGAGTTGC 140
EF026076_PVYNO-USA_HCpro        GATCATACATGTGTGGCAGGCTTACCAGTTGAAGACTGTGGCAGAGTTGC 140
NBR_HCpro                        GATCATACATGTGTGGTAGGCTTACCAGTTGAAGACTGTGGCAGAGTTGC 140
EF026075_PVYNTN_USA_HCpro       GATCATACATGTGTGGCAGGCTTACCAGTTGAAGACTGTGGCAGAGTTGC 140
AJ889867_PVYW_Alemanha_HCpro    GATCATACATGTGTGGCAGGCTTACCAGTTGAAGACTGTGGCAGAGTTGC 100
AB270705_PVYN_Japao_HCpro       GATCATACATGTGTGGCAGGCTTACCAGTTGAAGACTGTGGCAGAGTTGC 140
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_HCpro  GATCATACATGTGTGGCAGGCTTACCAGTTGAAGACTGCGGCAGAGTTGC 110
AJ166866_PVYNTN_Canada_HCpro    GATCATACATGCGTAGCAGGCTTACCAGTTGAAGACTGTGGCAGAGTAGC 150
AF522296_PVYN_Egito_HCpro       GATCACACATGTGTAGCTGGTTTACCTGTCGAAGATTGTGGTAGGGTAGC 143
EF026074_PVYO_USA_HCpro         GATCACACATGTGTAGCTGGTTTACCTGTCGAAGATTGTGGTAGAGTTGC 130

```

***** ** * ** **** ** ***** ** ** ** **

AY745492_PVYNO_Canada_HCpro AGCGATAATGACACACAGTATTTTACCGTGCTATAAGATAACCTGCCCTA 190
EF026076_PVYNO-USA_HCpro AGCGATAATGACACACAGTATTTTACCGTGCTATAAGATAACCTGCCCTA 190
NBR_HCpro AGCGATAATGACACACAGTATTTTACCGTGCTATAAGATAACCTGCCCTA 190
EF026075_PVYNTN_USA_HCpro AGCGATAATGACACACAGTATTTTACCGTGCTATAAGATAACCTGCCCTA 190
AJ889867_PVYW_Alemanha_HCpro AGCGATAATGACACACAGTATTTTACCGTGCTATAAGATAACCTGCCCTA 150
AB270705_PVYN_Japao_HCpro AGCGATAATGACACACAGTATTTTACCGTGCTATAAGATAACCTGCCCTA 190
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_HCpro AGCAATAATGACACACAGTATTTTACCGTGCTATAAGATAACCTGCCCTA 160
AJ166866_PVYNTN_Canada_HCpro AGCAATAATGACACACAGTATTTTACCGTGCTATAAGATAACCTGCCCTA 200
AF522296_PVYN_Egito_HCpro TGCATTGATGGCACACAGTATCCTTCCGTGCTATAAGATAACCTGCCCTA 193
EF026074_PVYO_USA_HCpro TGCATTGATGGCACACAGTATCCTCCTCCGTGCTACAAGATAACCTGCCCTA 180

** * ** ***** * ***** ***** ***** *

AY745492_PVYNO_Canada_HCpro CCTGTGCCCAACAATATGCCAAGTCCAGCCAGTGACTTACTTAAGATA 240
EF026076_PVYNO-USA_HCpro CCTGTGCCCAACAATATGCCAAGTCCAGCCAGTGACTTACTTAAGATA 240
NBR_HCpro CCTGTGCCCAACAATATGCCAAGTCCAGCCAGTGACTTACTTAAGATA 240
EF026075_PVYNTN_USA_HCpro CCTGTGCCCAACAATATGCCAAGTCCAGCCAGTGACTTACTTAAGATA 240
AJ889867_PVYW_Alemanha_HCpro CCTGTGCCCAACAATATGCCAAGTCCAGCCAGTGACTTACTTAAGATA 200
AB270705_PVYN_Japao_HCpro CCTGTGCCCAACAATATGCCAAGTCCAGCCAGTGACTTACTTAAGATA 240
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_HCpro CCTGTGCCCAACAATATGCCAAGTCCAGCCAGTGACTTACTTAAGATA 210
AJ166866_PVYNTN_Canada_HCpro CCTGTGCTCAACAGTATGCCAAGTCCAGCCAGTGATTGCTCAAAGTA 250
AF522296_PVYN_Egito_HCpro CCTGTGCTCAACAGTATGCCAAGTCCAGTCCAGTCCAGTCTGTTTAAAGCTA 243
EF026074_PVYO_USA_HCpro CCTGTGCTCAACAGTATGCCAAGTCCAGTCCAGTCCAGTCTGTTTAAAGCTG 230

***** ***** ***** ***** * ** ** * * ** *

AY745492_PVYNO_Canada_HCpro TTACACAAGCAGCAAGTATGGTTTAAATCGATTGGGGGCAGACAAAGA 290
EF026076_PVYNO-USA_HCpro TTACACAAGCAGCAAGTATGGTTTAAATCGATTGGGGGCAGACAAAGA 290
NBR_HCpro TTACACAAGCAGCAAGTATGGTCTAAATCGATTGGGGGCAGACAAAGA 290
EF026075_PVYNTN_USA_HCpro TTACACAAGCAGCAAGTATGGTTTAAATCGATTGGGGGCAGACAAAGA 290
AJ889867_PVYW_Alemanha_HCpro TTACACAAGCAGCAAGTATGGTTTAAATCGATTGGGGGCAGACAAAGA 250
AB270705_PVYN_Japao_HCpro CTACACAAGCAGCAAGTATGGTTTAAATCGATTGGGGGCAGACAAAGA 290
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_HCpro TTACACAAGCAGCAAGTATGGTTTAAATCGATTGGGGGCAGACAAAGA 260
AJ166866_PVYNTN_Canada_HCpro TTACACAGGCAGCAAGTATGGTTTAAAGTCGATTGGGAGCGGATAAAGA 300
AF522296_PVYN_Egito_HCpro TTGCATAAACATGCAAGAGATGGTTTGAATCGATTGGGAGCGGATAAAGA 293
EF026074_PVYO_USA_HCpro TTGCATAAACATGCGAGAGATGGTTTGAACCGATTGGGAGCGGATAAAGA 280

* ** * ** ** * ***** * * ***** ** ** *****


```

AY745492_PVYNO_Canada_HCpro      TCGCTTTGTGCATGTCAAAAAGTTCTTGACAATCTTAGAGCACTTAACTG  340
EF026076_PVYNO-USA_HCpro          TCGCTTTGTGCATGTCAAAAAGTTCTTGACAATCTTAGAGCACTTAACTG  340
NBR_HCpro                           TCGCTTTGTGCATGTCAAAAAGTTCTTGACAATCTTAGAGCACTTAACTG  340
EF026075_PVYNTN_USA_HCpro         TCGCTTTGTGCATGTCAAAAAGTTCTTGACAATCTTAGAGCACTTAACTG  340
AJ889867_PVYW_Alemanha_HCpro      TCGCTTTGTGCATGTCAAAAAGTTCTTGACAATCTTAGAGCACTTAACTG  300
AB270705_PVYN_Japao_HCpro         TCGCTTTGTGCATGTCAAAAAGTTCTTGACAATCTTAGAGCACTTAACTG  340
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_HCpro    TCGCTTTGTGCATGTCAAAAAGTTTTTGACAATCTTAGAGCACTTAACTG  310
AJ166866_PVYNTN_Canada_HCpro      TCGCTTTGTGCATGTCAGCAAGTTCTTGACAGTCCTAGAGCACTTGACTG  350
AF522296_PVYN_Egito_HCpro         CCGGTTTATACATGTTAATAAGTTCTTGATAGCGTTAGAGCATCTAACTG  343
EF026074_PVYO_USA_HCpro           CCGGTTTATACATGTTAATAAGTTCTTGATAGCGTTAGAGCATCTAACTG  330
                                     **  **  *  ****  *  ****  ****  *  ****  *  ****
                                     **  **  *  ****  *  ****  ****  *  ****  *  ****

AY745492_PVYNO_Canada_HCpro      AACCGGTTGATCTGAGTCTAGAAATTTTTCAATGAAGTATTCAAGTCTATA  390
EF026076_PVYNO-USA_HCpro          AACCGGTTGATCTGAGTCTAGAAATTTTTCAATGAAGTATTCAAGTCTATA  390
NBR_HCpro                           AACCGGTTGATCTGAGTCTAGAAACTTTTTCAATGAAGTATTCAAGTCTATA  390
EF026075_PVYNTN_USA_HCpro         AACCGGTTGATCTGAGTCTAGAAATTTTTCAATGAAGTATTCAAGTCTATA  390
AJ889867_PVYW_Alemanha_HCpro      AACCGGTTGATCTAAGTCTAGAAATTTTTCAATGAAGTATTCAAGTCTATA  350
AB270705_PVYN_Japao_HCpro         AACCGGTTGATCTGAGTCTAGAAATTTTTCAATGAAGTATTCAAGTCTATA  390
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_HCpro    AACCGGTTGATCTGAGTCTAGAAATTTTTCAATGAAGTATTCAAGTCTATA  360
AJ166866_PVYNTN_Canada_HCpro      AACAGTCTGATCTAAATCTAGAAATCTTCAATGAAGTATTCAAGTCTATA  400
AF522296_PVYN_Egito_HCpro         AACCGGTGGACCTGAATCTCGAGCTTTTTCAATGAGATATTTAAATCCATA  393
EF026074_PVYO_USA_HCpro           AACCGGTGGATTTGAATCTCGAGCTTTTTCAATGAGATATTTAAATCCATA  380
                                     ****  **  **  *  *  **  **  ****  ****  **  **  **
                                     ****  **  **  *  *  **  **  ****  ****  **  **  **

AY745492_PVYNO_Canada_HCpro      GGGGAGAAGCAACAATCACCTTTCAAAAACCTGAATATTCTGAATAAATTT  440
EF026076_PVYNO-USA_HCpro          GGGGAAAAGCAACAATCACCTTTCAAAAACCTGAATATTCTGAATAAATTT  440
NBR_HCpro                           GGGGAGAAGCAACAATCACCTTTCAAAAACCTGAATATTCTGAATAAATTT  440
EF026075_PVYNTN_USA_HCpro         GGGGAGAAGCAACAATCACCTTTCAAAAACCTGAATATTCTGAATAAATTT  440
AJ889867_PVYW_Alemanha_HCpro      GGGGAGAAGCAACAATCACCTTTCAAAAACCTGAATATTCTGAATAAATTT  400
AB270705_PVYN_Japao_HCpro         GGGGAGAAGCAACAATCACCTTTCAAAAACCTGAATATTCTGAATAAATTT  440
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_HCpro    GGGGAGAAGCAACAATCACCTTTCAAAAACCTGAATGTTCTGAATAAATTT  410
AJ166866_PVYNTN_Canada_HCpro      GGAGAGAAGCAACAATCACCTTTCAAAAACCTGAATATTCTGAATAAATTT  450
AF522296_PVYN_Egito_HCpro         GGGGAGAAAACAGCAAGCACCAGTTCAAGAATTTAAATGTCTTAAATAAATTT  443
EF026074_PVYO_USA_HCpro           GGGGAGAAGCAGCAAGCACCAGTTCAAGAATTTAAATGTCTTAAATAAATTT  430
                                     **  **  **  **  **  ****  ****  **  *  **  *  *  ****

```

AY745492_PVYNO_Canada_HCpro CTTTTTGAAAGGAAAGGAAAATACAGCTCGTGAATGGCAGGTGGCTCAAT 490
 EF026076_PVYNO-USA_HCpro CTTTTTGAAAGGAAAGGAAAATACAGCTCGTGAATGGCAGGTGGCTCAAT 490
 NBR_HCpro CTTTTTGAAAGGAAAGGAAAATACAGCTCGTGAATGGCAGGTGGCTCAAT 490
 EF026075_PVYNTN_USA_HCpro CTTTTTGAAAGGAAAGGAAAATACAGCTCGTGAATGGCAGGTGGCTCAAT 490
 AJ889867_PVYW_Alemanha_HCpro CTTTTTGAAAGGAAAGGAAAATACAGCTCATGAATGGCAGGTGGCTCAAT 450
 AB270705_PVYN_Japao_HCpro CTTTTTGAAAGGAAAGGAAAATACAGCTCGTGAATGGCAGGTGGCTCAAT 490
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_HCpro CTTTTTGAAAGGAAAAGAAGATACAGCTCGTGAATGGCAGGTGGCTCAAT 460
 AJ166866_PVYNTN_Canada_HCpro CTTTTTGAAAGGAAAGGAGAATACAGCTCGTGAATGGCAAGTGGCTCAAT 500
 AF522296_PVYN_Egito_HCpro CTTTCCTGAAAGGAAAAGAAAATACAGCTCATGAATGGCAGGTAGCTCAAT 493
 EF026074_PVYO_USA_HCpro CTTTCCTGAAAGGAAAAGAAAATACAGCTCATGAATGGCAAGTGGCTCAAT 480
 *** ***** ** ***** ***** ** *****

AY745492_PVYNO_Canada_HCpro TAAGCTTACTTGAATTGGCAAGATTCCAAAAGAACAGAACGGATAATATC 540
 EF026076_PVYNO-USA_HCpro TAAGCTTACTTGAATTGGCAAGATTCCAAAAGAACAGAACGGATAATATC 540
 NBR_HCpro CAAGCTTACTTGAATTGGCAAGATTCCAAAAGAACAGAACGGATAATATC 540
 EF026075_PVYNTN_USA_HCpro TAAGCTTACTTGAATTGGCAAGATTCCAAAAGAACAGAACGGATAATATC 540
 AJ889867_PVYW_Alemanha_HCpro TAAGCTTACTTGAATTGGCAAGATTCCAAAAGAACAGAACGGATAATATC 500
 AB270705_PVYN_Japao_HCpro TAAGCTTACTTGAATTGGCAAGATTCCAAAAGAACAGAACGGATAATATC 540
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_HCpro TAAGCTTACTTGAATTGGCAAGATTCCAAAAGAACAGAACGGATAATATC 510
 AJ166866_PVYNTN_Canada_HCpro TAAGCTTACTTGAATTGGCAAGATTCCAAAAGAACAGGACAGATAATATC 550
 AF522296_PVYN_Egito_HCpro TGAGTTTGCTCGAATTAGCAAGGTTCCAGAAGAACAGAACTGATAACATC 543
 EF026074_PVYO_USA_HCpro TGAGTTTGCTCGAATTAGCAAGGTTCCAGAAGAATAGAACTGATAACATC 530
 ** ** ** ***** ***** ***** ***** ** ** ***** ***

AY745492_PVYNO_Canada_HCpro CAGAAAGGAGACATCTCGTTCCTTTAGGAATAAACTATCTGCCAAAGCAAA 590
 EF026076_PVYNO-USA_HCpro AAGAAAGGAGACATCTCGTTCCTTTAGGAATAAACTATCTGCCAAAGCAAA 590
 NBR_HCpro AAGAAAGGAGACATCTCGTTCCTTTAGGAATAAACTATCTGCCAAAGCAAA 590
 EF026075_PVYNTN_USA_HCpro AAGAAAGGAGACATCTCGTTCCTTTAGGAATAAACTATCTGCCAAAGCAAA 590
 AJ889867_PVYW_Alemanha_HCpro AAGAAAGGAGACATCTCGTTCCTTTAGGAATAAACTATCTGCCAAAGCAAA 550
 AB270705_PVYN_Japao_HCpro AAGAAAGGAGACATCTCGTTCCTTTAGGAATAAACTATCTGCCAAAGCAAA 590
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_HCpro AAGAAAGGAGACATCTCGTTCCTTTAGGAATAAACTATCTGCCAAAGCAAA 560
 AJ166866_PVYNTN_Canada_HCpro AAGAAAGGTGACATCTCGTTCCTCAGGAATAAGCTATCCGCCAAAGCAAA 600
 AF522296_PVYN_Egito_HCpro AAGAAAGGTGATATATCTTTCCTCAGAAATAAATTATCTGCCAAGGCAAA 593
 EF026074_PVYO_USA_HCpro AAGAAAGGTGATATATCTTTCCTCAGAAATAAATTATCTGCCAAGGCAAA 580
 ***** ** ** ** ***** ** ***** ***** ***** *****

AY745492_PVYNO_Canada_HCpro TTGGAACCTGTATCTTTCATGTGATAACCAGCTGGATAAGAATGCAAAC 640

EF026076_PVYNO-USA_HCpro	TTGGAACTTGTATCTTTCATGTGATAACCAGCTGGATAAGAATGCAAAC	640
NBR_HCpro	TTGGAACTTGTATCTGTTCATGTGATAACCAGCTGGATAAGAATGCAAAC	640
EF026075_PVYNTN_USA_HCpro	TTGGAACTTGTATCTGTTCATGTGATAACCAGCTGGATAAGAATGCAAAC	640
AJ889867_PVYW_Alemanha_HCpro	TTGGAACTTGTATCTGTTCATGTGATAACCAGCTGGATAAGAATGCAAAC	600
AB270705_PVYN_Japao_HCpro	TTGGAACTTGTATCTGTTCATGTGATAACCAGCTGGATAAGAATGCAAAC	640
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_HCpro	TTGGAACTTGTATCTGTTCATGTGATAACCAGCTGGATAAGAATGCAAAC	610
AJ166866_PVYNTN_Canada_HCpro	TTGGAACTTGTATCTGTTCATGCGATAATCAGTTGGATAAGAACGCAAAC	650
AF522296_PVYN_Egito_HCpro	CTGGAATCTGTATTTGTCTGTCGCGACAACCAGCTGGATAAAAAATGCAAAC	643
EF026074_PVYO_USA_HCpro	CTGGAATCTGTATTTGTCTGTCGCGACAACCAGTTGGATAAAAAATGCAAAT	630
	***** *	
AY745492_PVYNO_Canada_HCpro	TCCTGTGGGGACAGAGGGAATATCATGCTAAGCGATTTTTCTCGAACTAT	690
EF026076_PVYNO-USA_HCpro	TCCTGTGGGGACAGAGGGAATATCATGCTAAGCGATTTTTCTCGAACTAT	690
NBR_HCpro	TCCTGTGGGGACAGAGGGAATATCATGCTAAGCGATTTTTCTCGAACTAT	690
EF026075_PVYNTN_USA_HCpro	TCCTGTGGGGACAGAGGGAATATCATGCTAAGCGATTTTTCTCGAACTAT	690
AJ889867_PVYW_Alemanha_HCpro	TCCTGTGGGGACAGAGGGAATATCATGCTAAGCGATTTTTCTCGAACTAT	650
AB270705_PVYN_Japao_HCpro	TCCTGTGGGGACAGAGGGAATATCATGCTAAGCGATTTTTCTCGAACTAT	690
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_HCpro	TCCTGTGGGGACAGAGGGAATATCATGCTAAGCGATTTTTCTCGAACTAT	660
AJ166866_PVYNTN_Canada_HCpro	TCCTGTGGGGACAGAGGGAATATCATGCCAAGCGTTTTTTCTCGAACTTT	700
AF522296_PVYN_Egito_HCpro	TCCTCTGGGGACAAAGGGAGTATCATGCTAAGCGTTTTTTCTCAAACCTC	693
EF026074_PVYO_USA_HCpro	TTCTGTGGGGACAAAGGGAGTATCATGCTAAGCGTTTTTTCTCAAACCTC	680
	* *	
AY745492_PVYNO_Canada_HCpro	TTCGAGGAAATTGATCCAGCGAAGGGCTATTCAGCATAACGAAAATCGTTT	740
EF026076_PVYNO-USA_HCpro	TTCGAGGAAATTGATCCAGCGAAGGGCTATTCAGCATAACGAAAATCGTTT	740
NBR_HCpro	TTCGAGGAAATTGATCCAGCGAAGGGCTATTCAGCATAACGAAAATCGTTT	740
EF026075_PVYNTN_USA_HCpro	TTCGAGGAAATTGATCCAGCGAAGGGCTATTCAGCATATGAAAATCGTTT	740
AJ889867_PVYW_Alemanha_HCpro	TTCGAGGAAATTGATCCAGCGAAGGGCTATTCAGCATATGAAAATCGTTT	700
AB270705_PVYN_Japao_HCpro	TTCGAGGAAATTGATCCAGCGAAGGGCTATTCAGCATAACGAAAATCGTTT	740
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_HCpro	TTCGAGGAAATTGATCCAGCGAAGGGCTACTCAGCATATGAAAATCGTTT	710
AJ166866_PVYNTN_Canada_HCpro	TTCGAGGAAATTGATCCAGCGAAGGGCTACTCAGCGTACGAAACTCGTTT	750
AF522296_PVYN_Egito_HCpro	TTTGAGGAAATTGATCCAGCGAAGGGATACTCAGCATATGAAATCCGCAA	743
EF026074_PVYO_USA_HCpro	TTTGAGGAAATTGATCCAGCGAAGGGATACTCAGCATATGAAATCCGCAA	730
	** *	
AY745492_PVYNO_Canada_HCpro	GCATCCGAATGGGACAAGAAAACCTTGCAATTGGAAACCTAATTGTACCAC	790
EF026076_PVYNO-USA_HCpro	GCATCCGAATGGGACAAGAAAACCTTGCAATTGGAAACCTAATTGTACCAC	790

NBR_HCpro	GCATCCGAATGGGACAAGAAAACCTTGCAATTGGAAACCTAATTGTACCAC	790
EF026075_PVYNTN_USA_HCpro	GCATCCGAATGGGACAAGAAAACCTTGCAATTGGAAACCTAATTGTACCAC	790
AJ889867_PVYW_Alemanha_HCpro	GCATCCGAATGGGACAAGAAAACCTTGCAATTGGAAACCTAATTGTACCAC	750
AB270705_PVYN_Japao_HCpro	GCATCCGAATGGGACAAGAAAACCTTGCAATTGGAAACCTAATTGTACCAC	790
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_HCpro	GCATCCGAATGGGACAAGAAAACCTTGCAATTGGAAACCTAATTGTACCAC	760
AJ166866_PVYNTN_Canada_HCpro	GCATCCGAATGGGAGGAGAAAACCTTGCAATTGGAAACCTAATTGTTCCAC	800
AF522296_PVYN_Egito_HCpro	GCATCCAAGTGGAAACAAGGAAGCTCTCAATTGGTAACCTAGTTGTCCCAC	793
EF026074_PVYO_USA_HCpro	GCATCCAAATGGAACAAGGAAGCTCTCAATTGGTAACCTAGTTGTCCCAC	780
	***** * *** * ** ** * ***** ** * ** ** *	
AY745492_PVYNO_Canada_HCpro	TTGATCTGGCTGAGTTTAGGCGGAAGATGAAAGGTGATTATAAAAAGACAG	840
EF026076_PVYNO-USA_HCpro	TTGATCTGGCTGAGTTTAGGCGGAAGATGAAAGGTGATTATAAAAAGACAG	840
NBR_HCpro	TTGATCTGGCTGAGTTTAGGCGGAAGATGAAAGGTGATTATAAAAAGACAG	840
EF026075_PVYNTN_USA_HCpro	TTGATCTGGCTGAGTTTAGGCGGAAGATGAAAGGTGATTATAAAAAGACAG	840
AJ889867_PVYW_Alemanha_HCpro	TTGATCTGGCTGAGTTTAGGCGGAAGATGAAAGGTGATTATAAAAAGACAG	800
AB270705_PVYN_Japao_HCpro	TTGATCTGGCTGAGTTTAGGCGGAAGATGAAAGGTGATTATAAAAAGACAG	840
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_HCpro	TTGATCTGGCTGAGTTTAGGCGGAAGATGAAAGGTGATTATAAAAAGACAG	810
AJ166866_PVYNTN_Canada_HCpro	TCGATCTGGCTGAGTTTAGGCGGAAGATGAAAGGTGATTATAAAAAGACAG	850
AF522296_PVYN_Egito_HCpro	TTGATTTAGCTGAGTTTAGGCAGAAGATGAAAGGTGACTATAGGAAACAA	843
EF026074_PVYO_USA_HCpro	TTGATTTAGCTGAGTTTAGGCAGAAGATGAAAGGTGACTATAGGAAACAA	830
	* ** * ***** ***** ** * **	
AY745492_PVYNO_Canada_HCpro	CCAGGGGTGAGTAAGAAGTGCACGAGCTCGAAGGATGGAAACTACGTGTA	890
EF026076_PVYNO-USA_HCpro	CCAGGGGTGAGTAAGAAGTGCACGAGCTCGAAGGATGGAAACTACGTGTA	890
NBR_HCpro	CCAGGGGTGAGTAAGAAGTGCACGAGCTCGAAGGATGGAAACTACGTGTA	890
EF026075_PVYNTN_USA_HCpro	CCAGGGGTGAGTAAGAAGTGCACGAGCTCGAAGGATGGAAACTACGTGTA	890
AJ889867_PVYW_Alemanha_HCpro	CCAGGGGTGAGTAAGAAGTGCACGAGCTCGAAGGATGGAAACTACGTGTA	850
AB270705_PVYN_Japao_HCpro	CCAGGGGTGAGTAAGAAGTGCACGAGCTCGAAGGATGGAAATTACGTGTA	890
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_HCpro	CCAGGGGTGAGTAAGAAGTGCACGAGCTCGAAGGATGGAAACTACGTGTA	860
AJ166866_PVYNTN_Canada_HCpro	CCAGGGGTGAGTAAGAAGTGCACGAGCTCGAAGGATGGAAACTACGTGTA	900
AF522296_PVYN_Egito_HCpro	CCAGGGGTGAGTAAGAAGTGCACGAGTTCGAAAGATGGTAATTATGTGTA	893
EF026074_PVYO_USA_HCpro	CCAGGAGTTAGCAGAAAAGTGCACGAGTTCGAAAGATGGTAATTATGTGTA	880
	***** ** * * ***** ***** ** * ** *	
AY745492_PVYNO_Canada_HCpro	TCCCTGTTGTTGCACTACACTTGATGATGGCTCAGCTGTTGAATCAACAT	940
EF026076_PVYNO-USA_HCpro	TCCCTGTTGTTGCACTACACTTGATGATGGCTCAGCTGTTGAATCAACAT	940
NBR_HCpro	TCCCTGTTGTTGCACTACACTTGATGATGGCTCAGCTGTTGAATCAACAT	940

```

EF026075_PVYNTN_USA_HCpro      TCCTTGTTGTTGCACTACACTTGATGATGGCTCAGCTGTTGAATCAACAT 940
AJ889867_PVYW_Alemanha_HCpro   TCCCTGTTGTTGCACTACACTTGATGATGGCTCAGCTGTTGAATCAACAT 900
AB270705_PVYN_Japao_HCpro      TCCCTGTTGTTGCACTACACTTGATGATGGCTCAGCTGTTGAATCAACAT 940
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_HCpro TCCCTGTTGTTGCACTACACTTGATGATGGCTCAGCTGTTGAATCAACAT 910
AJ166866_PVYNTN_Canada_HCpro   TCCCTGTTGTTGTACTACACTCGATGATGGCTCAGCTGTTGAATCAACAT 950
AF522296_PVYN_Egito_HCpro      TCCCTGTTGTTGCACAACACTTGATGATGGTTCAGCCATTGAATCAACAT 943
EF026074_PVYO_USA_HCpro        TCCCTGTTGTTGCACAACACTTGATGATGGTTCAGCTATTGAATCAACAT 930
*** ***** ** ***** ***** ***** ***** ***** *****

AY745492_PVYNO_Canada_HCpro    TTTACCCGCCAACTAAGAAGCACCTCGTAATAGGCAATAGTGGCGATCAA 990
EF026076_PVYNO-USA_HCpro       TTTACCCGCCAACTAAGAAGCACCTCGTAATAGGCAATAGTGGCGATCAA 990
NBR_HCpro                       TTTACCCGCCAACTAAGAAGCACCTCGTAATAGGTAATAGTGGCGACCAA 990
EF026075_PVYNTN_USA_HCpro      TTTACCCGCCAACTAAGAAGCACCTCGTAATAGGTAATAGTGGTGATCAA 990
AJ889867_PVYW_Alemanha_HCpro   TTTACCCGCCAACTAAGAAGCACCTCGTAATAGGTAATAGTGGCGATCAA 950
AB270705_PVYN_Japao_HCpro      TTTACCCGCCAACTAAGAAGCACCTCGTAATAGGCAATAGTGGCGATCAA 990
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_HCpro TTTACCCGCCAACTAAGAAGCACCTCGTAATAGGTAATAGTGGCGACCAA 960
AJ166866_PVYNTN_Canada_HCpro   TTTACCCGCCAACTAAAAAGCATCTTGTAATAGGTAACAGCGGTGATCAA 1000
AF522296_PVYN_Egito_HCpro      TCTATCCACCA----- 954
EF026074_PVYO_USA_HCpro        TCTT----- 934
* *

AY745492_PVYNO_Canada_HCpro    AAGTATGTTGACTTACCAAAAGGGAATTCTGAGATGTTATATATTGCCAG 1040
EF026076_PVYNO-USA_HCpro       AAGTATGTTGACTTACCAAAAGGGAATTCTGAGATGTTATATATTGCCAG 1040
NBR_HCpro                       AAGTATGTTGACTTACCAAAAGGGAATTCTGAGATGTTATATATTGCCAG 1040
EF026075_PVYNTN_USA_HCpro      AAGTATGTTGACTTACCAAAAGGGAATTCTGAGATGTTATATATTGCCAG 1040
AJ889867_PVYW_Alemanha_HCpro   AAGTATGTTGACTTACCAAAAGGGAATTCTGAGATGTTATATATTGCCAG 1000
AB270705_PVYN_Japao_HCpro      AAGTTTGTGACTTACCAAAAGGGAATTCTGAGATGTTATATATTGCCAG 1040
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_HCpro AAGTATGTTGACTTACCAAAAGGGAATTCTGAGATGTTATATATTGCCAG 1010
AJ166866_PVYNTN_Canada_HCpro   AAGTATGTTGATCTACCAAAAGGGAATTCTGAAATGTTATACATTGCCAG 1050
AF522296_PVYN_Egito_HCpro      -----ACTAAAAGCACCTTGTAATTGGCA-ATAGTGGTGA 989
EF026074_PVYO_USA_HCpro        -----ACCAAAGGGGATTCGGAGATGTTATACATTGCCAA 970
*** ***** * * * ** * * * **

AY745492_PVYNO_Canada_HCpro    GCAAGG--CTTCTGTTACATTAACATTTTCCCTCGCGATGTTAATTAACAT 1088
EF026076_PVYNO-USA_HCpro       GCAAGG--CTTCTGTTACATTAACATTTTCCCTCGCGATGTTAATTAACAT 1088
NBR_HCpro                       GCAAGG--CTTCTGTTACATTAACATTTTCCCTCGCGATGTTGATTAACAT 1088
EF026075_PVYNTN_USA_HCpro      GCAAGG--TTTCTGTTACATTAACATTTTCCCTCGCGATGTTGATTAACAT 1088

```

AJ889867_PVYW_Alemanha_HCpro GCAAGG--TTTCTGTTACATTAACATTTTCCTCGCGATGTTGATTAACAT 1048
 AB270705_PVYN_Japao_HCpro GCAAGG--TTTCTGTTACATTAACATTTTCCTCGCGATGTTGATTAACAT 1088
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_HCpro GCAAGG--CTTCTGTTACATTAACATTTTCCTCGCGATGTTGATTAACAT 1058
 AJ166866_PVYNTN_Canada_HCpro GCAAGG--GTTTTGTTATATTAATATATTCCTTGCAGATGTTGATTAATAT 1098
 AF522296_PVYN_Egito_HCpro CCAAAAATTTGTTGATTTACCAAAAAGGGGATTTCGGAGATGTTAT--ACAT 1037
 EF026074_PVYO_USA_HCpro GCAGGG--TTATTGTTATATCAACGTGTTTCTTGCAATGCTTATTAACAT 1018
 ** * ** * * ** * * * ** * **

AY745492_PVYNO_Canada_HCpro TAGTGAGGAAGATGCAAAGGATTTCACTAAGAAGGTTTCGTGACATGTGTG 1138
 EF026076_PVYNO_USA_HCpro TAGTGAGGAAGATGCAAAGGATTTCACTAAGAAGGTTTCGTGACATGTGTG 1138
 NBR_HCpro TAGTGAGGAAGATGCAAAGGATTTCACTAAGAAGGTTTCGTGACATGTGTG 1138
 EF026075_PVYNTN_USA_HCpro TAGTGAGGAAGATGCAAAGGATTTCACTAAGAAGGTTTCGTGACATGTGTG 1138
 AJ889867_PVYW_Alemanha_HCpro TAGTGAGGAAGATGCAAAGGATTTCACTAAGAAGGTTTCGTGACATGTGTG 1098
 AB270705_PVYN_Japao_HCpro TAGTGAGGAAGATGCAAAGGATTTCACTAAGAAGGTTTCGTGACATGTGTG 1138
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_HCpro TAGTGAGGGAGATGCAAAGGATTTCACTAAGAAGGTTTCGTGACATGTGTG 1108
 AJ166866_PVYNTN_Canada_HCpro TAGTGAGGAAGATGCAAAGGATTTCACTAAGAAGGTTTCGTGACATGTGTG 1148
 AF522296_PVYN_Egito_HCpro TGCCAAAGCAGGGTT---ATTGTTATATTAACGTGTTTCTTGCAATGC--- 1081
 EF026074_PVYO_USA_HCpro TAGCGAGGAGGATGCAAAGGATTTCACTAAGAAGGTTTCGTGACATGTGTG 1068
 * ** * * * ** * ** *** * ***

AY745492_PVYNO_Canada_HCpro TGCCAAAGCTTGGAACCTGGCCAACCATGATGGATCTGGCTACAACCTTGT 1188
 EF026076_PVYNO_USA_HCpro TGCCAAAGCTTGGAACCTGGCCAACCATGATGGATCTGGCTACAACCTTGT 1188
 NBR_HCpro TGCCAAAGCTTGGAACCTGGCCAACCATGATGGATCTGGCTACAACCTTGT 1188
 EF026075_PVYNTN_USA_HCpro TGCCAAAGCTTGGAACCTGGCCAACCATGATGGATCTGGCTACAACCTTGT 1188
 AJ889867_PVYW_Alemanha_HCpro TGCCAAAGCTTGGAACCTGGCCAACCATGATGGATCTGGCTACAACCTTGT 1148
 AB270705_PVYN_Japao_HCpro TGCCAAAGCTTGGAACCTGGCCAACCATGATGGATCTGGCTACAACCTTGT 1188
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_HCpro TGCCAAAGCTTGGAACCTGGCCAACCATGATGGATCTGGCTACAACCTTGT 1158
 AJ166866_PVYNTN_Canada_HCpro TGCCAAAGCTTGGAACCTGGCCAACCATGATGGATCTGGCTACTACTTGT 1198
 AF522296_PVYN_Egito_HCpro TGATTAACATTAGAACCTGGCCAACTATGATGGATTTGGCGACCACTTGT 1131
 EF026074_PVYO_USA_HCpro TGCCAAAGCTTGGAACCTGGCCAACTATGATGGATTTGGCGACCACTTGT 1118
 ** ** ** ***** ***** ** *****

AY745492_PVYNO_Canada_HCpro GCTCAAATGAAAATATTTTACCCTGATGTTTCATGATGCAGAACTGCCTAG 1238
 EF026076_PVYNO_USA_HCpro GCTCAAATGAAAATATTTTACCCTGATGTTTCATGATGCAGAACTGCCTAG 1238
 NBR_HCpro GCTCAAATGAAAATATTTTACCCTGATGTTTCATGATGCAGAACTGCCTAG 1238
 EF026075_PVYNTN_USA_HCpro GCTCAAATGAAAATATTTTACCCTGATGTTTCATGATGCAGAACTGCCTAG 1238
 AJ889867_PVYW_Alemanha_HCpro GCTCAAATGAAAATATTTTACCCTGATGTTTCATGATGCAGAACTGCCTAG 1198

AB270705_PVYN_Japao_HCpro GCTCAAATGAAAATATTCTACCCTGATGTTTCATGATGCAGAACTGCCTAG 1238
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_HCpro GCTCAAATGAAAATATTCTACCCTGATGTTTCATGATGCAGAACTGCCTAG 1208
 AJ166866_PVYNTN_Canada_HCpro GCTCAAATGAAAATATTCTACCCTGATGTTTCATGATGCAGAGCTGCCAG 1248
 AF522296_PVYN_Egito_HCpro GCTCAAATGAGAATATTCTATCCTGACGTACATGATGCAGAATTGCCAG 1181
 EF026074_PVYO_USA_HCpro GCTCAAATGAGAATATTCTATCCTGACGTGCATGATGCAGAGCTGCCTAG 1168
 ***** **

AY745492_PVYNO_Canada_HCpro AATACTAGTCGATCACGAAACGCAGACATGCCATGTGGTTGACTCGTTTG 1288
 EF026076_PVYNO-USA_HCpro AATACTAGTCGATCACGAAACGCAAACATGCCATGTGGTTGACTCGTTTG 1288
 NBR_HCpro AATACTAGTCGATCACGAAACGCAGACATGCCATGTGGTTGATTTCGTTTG 1288
 EF026075_PVYNTN_USA_HCpro AATACTAGTCGATCACGAAACGCAGACATGCCATGTGGTTCGACTCGTTTG 1288
 AJ889867_PVYW_Alemanha_HCpro AATACTAGTCGATCACGAAACGCAGACATGCCATGTGGTTGACTCGTTTG 1248
 AB270705_PVYN_Japao_HCpro AATACTAGTCGATCACGAAACGCAGACATGCCATGTGGTTGACTCGTTTG 1288
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_HCpro AATACTAGTCGATCACGAAACGCAGACATGCCATGTGGTTGACTCGTTTG 1258
 AJ166866_PVYNTN_Canada_HCpro AATACTAGTTGACCATGAAACTCAGACATGCCATGTGGTTCGACTCGTTTG 1298
 AF522296_PVYN_Egito_HCpro AATATTGGTTGACCATGACACTCAAACGTGTCATGTGGTTGACTCATTG 1231
 EF026074_PVYO_USA_HCpro AATATTGGTTGACCATGACACTCAAACGTGTCACGTGGTTGACTCATTG 1218
 **** * ** ** ** **

AY745492_PVYNO_Canada_HCpro GCTCACAAACAACCTGGGTATCATATTTTCAAAGCATCTAGCGTGTCCCAA 1338
 EF026076_PVYNO-USA_HCpro GCTCACAAACAACCTGGGTATCATATTTTCAAAGCATCTAGCGTGTCCCAA 1338
 NBR_HCpro GCTCACAAACAACCTGGGTATCATATTTTCAAAGCATCTAGCGTGTCCCAA 1338
 EF026075_PVYNTN_USA_HCpro GCTCACAAACAACCTGGGTATCATATTTTCAAAGCATCTAGCGTGTCCCAA 1338
 AJ889867_PVYW_Alemanha_HCpro GCTCACAAACAACCTGGGTATCATATTTTCAAAGCATCTAGCGTGTCCCAA 1298
 AB270705_PVYN_Japao_HCpro GCTCACAAACAACCTGGGTATCATATTTTCAAAGCATCTAGCGTGTCCCAA 1338
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_HCpro GCTCACAAACAACCTGGGTATCATATTTTCAAAGCATCTAGCGTGTCCCAA 1308
 AJ166866_PVYNTN_Canada_HCpro GTTCGAAACAACCTGGCTATCATATCCTAAAGGCATCTAGCGTGTCTCAG 1348
 AF522296_PVYN_Egito_HCpro GCTCGCAGACAACCTGGATATCATATTCTAAAAGCATCCAGCGTGTCTCAA 1281
 EF026074_PVYO_USA_HCpro GCTCGCAAACAACCTGGATATCATATTCTAAAAGCATCCAGCGTGTCTCAA 1268
 * ** ** ***** **

AY745492_PVYNO_Canada_HCpro CTTATTTTATTTGCCAATGATGAGTTGGAGTCTGACATTAAGCACTATAG 1388
 EF026076_PVYNO-USA_HCpro CTTATTTTATTTGCTAATGATGAGTTGGAGTCTGACATTAAGCACTATAG 1388
 NBR_HCpro CTTATTTTATTTGCTAATGATGAGTTGGAGTCTGACATTAAGCACTATAG 1388
 EF026075_PVYNTN_USA_HCpro CTTATTTTATTTGCTAATGATGAGTTGGAGTCTGACATTAAGCACTATAG 1388
 AJ889867_PVYW_Alemanha_HCpro CTTATTTTATTTGCTAATGATGAGTTGGAGTCTGACATTAAGCACTATAG 1348
 AB270705_PVYN_Japao_HCpro CTTATTTTATTTGCTAATGATGAGTTGGAGTCTGACATTAAGCACTATAG 1388

AJ889866_PVYNTN_Alemanha_HCpro CTTATTTTGTGGCTAATGATGAGTTGGAGTCTGACATTAACATTATAG 1358
 AJ166866_PVYNTN_Canada_HCpro CTTATCTTGTTTGCAAACGATGAGTTGGAATCTGACATTAAGCACTATAG 1398
 AF522296_PVYN_Egito_HCpro CTTATCTTGTTTGCAAATGATGAATTAGAATCTGATATAAAACATTATAG 1331
 EF026074_PVYO_USA_HCpro CTTATCTTGTTTGCAAATGATGAATTAGAATCTGATATAAAACATTATAG 1318
 ***** ** ***** ** ***** ** ** ***** ** ** ** *****

AY745492_PVYNO_Canada_HCpro AGTTGGT----- 1395
 EF026076_PVYNO-USA_HCpro AGTT----- 1392
 NBR_HCpro AGTTGGT----- 1395
 EF026075_PVYNTN_USA_HCpro AGTTGGT----- 1395
 AJ889867_PVYW_Alemanha_HCpro AGTTGGT----- 1355
 AB270705_PVYN_Japao_HCpro AGTTGGT----- 1395
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_HCpro AGTTGG----- 1364
 AJ166866_PVYNTN_Canada_HCpro AGTTGGTG----- 1406
 AF522296_PVYN_Egito_HCpro AGTT----- 1335
 EF026074_PVYO_USA_HCpro AGTTGGTGGTGTTCCTAATGCATGCCCTGAACTTGGGTCCACAATATCAC 1368

AY745492_PVYNO_Canada_HCpro -----
 EF026076_PVYNO-USA_HCpro -----
 NBR_HCpro -----
 EF026075_PVYNTN_USA_HCpro -----
 AJ889867_PVYW_Alemanha_HCpro -----
 AB270705_PVYN_Japao_HCpro -----
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_HCpro -----
 AJ166866_PVYNTN_Canada_HCpro -----
 AF522296_PVYN_Egito_HCpro -----
 EF026074_PVYO_USA_HCpro CTTTCAGAGAAGGAGGAGTTATAATGTCTGAGTCGGCAGCGCTGAAACTG 1418

AY745492_PVYNO_Canada_HCpro -----
 EF026076_PVYNO-USA_HCpro -----
 NBR_HCpro -----
 EF026075_PVYNTN_USA_HCpro -----
 AJ889867_PVYW_Alemanha_HCpro -----
 AB270705_PVYN_Japao_HCpro -----
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_HCpro -----

AJ166866_PVYNTN_Canada_HCpro
AF522296_PVYN_Egito_HCpro
EF026074_PVYO_USA_HCpro

CTTTTAAAGGGAATTTT 1435

CLUSTAL 2.0.8 multiple sequence alignment

```
EF026074_PVYO_USA_P3      ---GGTGTTCCTAATGCATGCCCTGAACTTGGGTCCACAATATCACCTTT 47
AJ889867_PVYW_Alemanha_P3 ---GGTGTTCCTAATGCATGCCCTGAACTCGGGTCCACAATATCACCTTT 47
AB270705_PVYN_Japao_P3   ---GGTATTCCCTAATGCATGCCCTGAACTTGGGTCTACAATATCACCTTT 47
EF026075_PVYNTN_USA_P3   ---GGTATTCCCTAATGCATGCCCTGAACTTGGGTCTACAATATCACCTTT 47
AY745492_PVYNO_Canada_P3 ---GGTGTTCCTAATGCATGCCCTGAACTTGGGTCCACAATATCACCTTT 47
EF026076_PVYNO-USA_P3    -----CTTGGGTCCACAATATCACCTTT 23
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_P3 --TGGTGTTCCTAATGCATGCCCTGAACTTGGGTCCACAATATCACCTTT 48
AF522296_PVYN_Egito_P3   GGTGGTGTTCCTAATGCTAGCCCTGAACTTGGGTCCACAATATCACCTTT 50
AJ166866_PVYNTN_Canada_P3 ----GTATTCCCTGGGGCATGTCCTGAGCTCGGATCCACGATATCACCTTT 46
NBR_P3                    ---GGTATTCCCTGGAGCATGCCCTGAGCTTGGGTCCACAATATCACCTTT 47
                               ** ** ** ** ** *****

EF026074_PVYO_USA_P3     CAGAGAAGGAGGAGTTATAATGTCTGAGTCGGCAGCGCTGAAACTGCTTT 97
AJ889867_PVYW_Alemanha_P3 CAGAGAAGGAGGAGTTATAATGTCTGAGTCGGCAGCGCTGAAACTGCTTT 97
AB270705_PVYN_Japao_P3   CAGAGAAGGAGGAGTTATAATGTCTGAGTCGGCAGCGCTGAAACTGCTTT 97
EF026075_PVYNTN_USA_P3   CAGAGAAGGAGGAGTTATAATGTCTGAGTCGGCAGCGCTGAAACTGCTTT 97
AY745492_PVYNO_Canada_P3 CAGAGAAGGAGGAGTTATAATGTCTGAGTCGGCAGCGCTGAAACTGCTTT 97
EF026076_PVYNO-USA_P3    CAGAGAAGGAGGAGTTATAATGTCTGAGTCGGCAGCGCTGAAACTGCTTT 73
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_P3 CAGAGAAGGAGGAGTTATAATGTCTGAGTCGGCAGCGCTGAAACTGCTTT 98
AF522296_PVYN_Egito_P3   CAGAGAAGGAGGAGTTATAATGTCTGAGTCGGCAGCGCTGAAACTGCTTT 100
AJ166866_PVYNTN_Canada_P3 CAGAGAAGGAGGAATCATAATGTCTGAGTCAGCAGCACTGAAACTGCTTT 96
NBR_P3                    TAGAGAAGGAGGAATCATAATGTCTGAGTCAGCAGCGCTAAAACGCTCC 97
                               ***** * *****

EF026074_PVYO_USA_P3     TAAAGGGAATTTTTAGACCTAAGGTGATGAGACAGTTGCTGTTAGATGAG 147
AJ889867_PVYW_Alemanha_P3 TAAAGGGAATTTTTAGACCTAAGGTGATGAGACAGTTGCTGTTAGATGAG 147
AB270705_PVYN_Japao_P3   TGAAGGGAATTTTTAGACCTAAGGTGATGAGACAGTTGCTGTTAGATGAG 147
EF026075_PVYNTN_USA_P3   TGAAGGGAATTTTTAGACCTAAGGTGATGAGACAGTTGCTGTTAGATGAG 147
AY745492_PVYNO_Canada_P3 TGAAGGGAATTTTTAGACCTAAGGTGATGAGACAGTTGCTGTTAGATGAG 147
EF026076_PVYNO-USA_P3    TGAAGGGAATTTTTAGACCTAAGGTGATGAGACAGTTGCTGTTAGATGAG 123
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_P3 TGAAGGGAATTTTTAGACCTAAGGTGATGAGACAGTTGCTGTTAGATGAG 148
AF522296_PVYN_Egito_P3   TGAAGGGAATTTTTAGACCTAAGGTGATGAGACAGTTGCTGTTAGATGAG 150
AJ166866_PVYNTN_Canada_P3 TAAAGGATATCTTTAGACCCAAGGTGATGAGACAGTTACTATTAGATGAA 146
NBR_P3                    TAAAGGGAATTTTTAGGCCCAAAGTGAAGCAATTGCTACTGGATGAA 147
```

* * * * *

EF026074_PVYO_USA_P3	CCTTACCTGTTGATTTTATCAATATTATCTCCTGGCATACTGATGGCTAT	197
AJ889867_PVYW_Alemanha_P3	CCTTACCTGTTGATTCTATCAATATTATCTCCTGGCATACTGATGGCTAT	197
AB270705_PVYN_Japao_P3	CCTTACCTGTTGATTCTATCAATATTATCCCCTGGCATACTGATGGCTAT	197
EF026075_PVYNTN_USA_P3	CCTTACCTGTTGATTCTATCAATATTATCCCCTGGCATACTGATGGCTAT	197
AY745492_PVYNO_Canada_P3	CCTTACCTGTTGATTCTATCAATATTATCCTCTGGCATACTGATGGCTAT	197
EF026076_PVYNO-USA_P3	CCTTACCTGTTGATTCTATCAATATTATCCCCTGGCATACTGATGGCTAT	173
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_P3	CCTTACCTGTTGATTCTATCAGTATTATCCCCTGGCATACTGATGGCTAT	198
AF522296_PVYN_Egito_P3	CCTTACCTGTTGATTCTATCAATACTATCCCCTGGCATACTGATGGCTAT	200
AJ166866_PVYNTN_Canada_P3	CCATATCTGCTCATTCTTTTCGATATTGTCCCCGGCATACTCATGGCTAT	196
NBR_P3	CCATATTTGCTCATTTTTATCGATATTATCTCCTGGTATACTTATGGCTAT	197

* * * * *

EF026074_PVYO_USA_P3	GTATAATAATGGGATTTTTGAACTTGCGGTAAGGTTGTGGATTAATGAGA	247
AJ889867_PVYW_Alemanha_P3	GTATAACAATGGGATTTTTGAACTTGCGGTAAGGTTGTGGATTAATGAGA	247
AB270705_PVYN_Japao_P3	GTACAATAATGGGATTTTTGAACTTGCGGTAAGGTTGTGGATTAATGAGA	247
EF026075_PVYNTN_USA_P3	GTACAATAATGGGATTTTTGAACTTGCGGTAAGGTTGTGGATTAATGAGA	247
AY745492_PVYNO_Canada_P3	GTACAATAATGGGATTTTTGAACTTGCGGTAAGGTTGTGGATTAATGAGA	247
EF026076_PVYNO-USA_P3	GTACAATAATGGGATTTTTGAACTTGCGGTAAGGTTGTGGATTAATGAGA	223
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_P3	GTACAATAATGGGATTTTTGAACTTGCGGTAAGGTTGTGGATTAATGAGA	248
AF522296_PVYN_Egito_P3	GTATAATAATGGGATTTTTGAACTTGCGGTGAGGTTGTGGATTAATGAGA	250
AJ166866_PVYNTN_Canada_P3	GTACAATAATGGGATTTTTGAGCTTGCAGTGAAGTTGTGGATTAATGAAA	246
NBR_P3	GTACAACAATGGGATTTTTGAGTTAGCGGTGAAGTTGTGGATCAATGAGA	247

* * * * *

EF026074_PVYO_USA_P3	AACAATCCATAGCTATGATAGCATCGCTACTATCAGCTTTAGCCCTACGA	297
AJ889867_PVYW_Alemanha_P3	AACAATCCATAGCTATGATAGCATCGCTACTATCAGCTTTAGCCCTACGA	297
AB270705_PVYN_Japao_P3	AACAATCCATAGCTATGATAGCATCGCTACTATCAGCTTTAGCCCTACGA	297
EF026075_PVYNTN_USA_P3	AACAATCCATAGCTATGATAGCATCGCTACTATCAGCTTTAGCCCTACGA	297
AY745492_PVYNO_Canada_P3	AACAATCCATAGCTATGATAGCATCGCTACTATCAGCTCTAGCCCTACGA	297
EF026076_PVYNO-USA_P3	AACAATCCATAGCTATGATAGCATCGCTACTATCAGCTTTAGCCCTACGA	273
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_P3	AACAATCCATAGCTATGATAGCATCGCTACTATCAGCTTTAGCCCTACGA	298
AF522296_PVYN_Egito_P3	AACAATCCATAGCTATGATAGCATCGCTACTATCAGCTTTAGCCCTACGA	300
AJ166866_PVYNTN_Canada_P3	AGCAATCTGTAGCCATGATAGCATCGTTATTGGCCGCCTTAGCTTTACGA	296
NBR_P3	AACAATCTATAGCCATGATAGCATCGTTATTGTCGCCCTTGGCTTTACGA	297

* * * * *

EF026074_PVYO_USA_P3 GTGTCAGCGGCAGAAACACTCGTCGCACAGAGGATTATCATTGATGCTGC 347
 AJ889867_PVYW_Alemanha_P3 GTGTCAGCGGCAGAAACACTCGTCGCACAGAGGATTATCATTGACGCTGC 347
 AB270705_PVYN_Japao_P3 GTGTCAGCGGCAGAAACACTCGTCGCACAGAGGATTATAAATTGATACTGC 347
 EF026075_PVYNTN_USA_P3 GTGTCAGCGGCAGAAACACTCGTCGCACAGAGGATTATAAATTGATACTGC 347
 AY745492_PVYNO_Canada_P3 GTGTCAGCGGCAGAAACACTTGTGTCGCACAGAGGATTATAAATTGATACTGC 347
 EF026076_PVYNO_USA_P3 GTGTCAGCGGCAGAAACACTTGTGTCGCACAGAGGATTATAAATTGATACTGC 323
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_P3 GTGTCAGCGGCAGAAACACTCGTCGCACAGAGGATTATAAATTGATACTGC 348
 AF522296_PVYN_Egito_P3 GTGTCAGCGGCAGAAACACTCGTCGCACAGAGGATTATAAATTGATGCTGC 350
 AJ166866_PVYNTN_Canada_P3 GTGTCAGCAGCAGAAACACTCGTTGCACAGAGGATCATAATTGACACGGC 346
 NBR_P3 GTGTCAGCAGCAGAAACACTCGTTGCACAGAGGATTATAAATTGACACGGC 347
 ***** ***** **** ** ***** ** ***** * **

EF026074_PVYO_USA_P3 AGCTACAGACCTCCTTGATGCTACGTGTGATGGGTTCAACCTACATCTAA 397
 AJ889867_PVYW_Alemanha_P3 AGCTACAGACCTCCTTGATGCTACGTGTGATGGGTTCAACCTACATCTAA 397
 AB270705_PVYN_Japao_P3 AGCTACAGATCTCCTTGATGCTACGTGCGATGGGTTCAACCTACATCTAA 397
 EF026075_PVYNTN_USA_P3 AGCTACAGATCTCCTTGATGCTACGTGCGATGGGTTCAACCTACATCTAA 397
 AY745492_PVYNO_Canada_P3 AGCTACAGATCTCCTTGATGCTACGTGCGATGGGTTCAACCTACATCTAA 397
 EF026076_PVYNO_USA_P3 AGCTACAGATCTCCTTGATGCTACGTGCGATGGGTTCAACCTACATCTAA 373
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_P3 AGCTACAGATCTCCTTGATGCTACGTGCGATGGGTTCAACCTACATCTAA 398
 AF522296_PVYN_Egito_P3 AGCTACAGACCTCCTTGATGCTACGTGTGATGGGTTCAACCTACATCTAA 400
 AJ166866_PVYNTN_Canada_P3 AGCAACAGATCTTCTCGATGCTACGTGTGATGGATTCAATTTAAATCTGA 396
 NBR_P3 AGCAACAGATCTTCTCGATGCTACGTGTGATGGATTCAATTTAAATCTGA 397
 *** ***** ** ** ***** ***** ***** ** ***** *

EF026074_PVYO_USA_P3 CGTACCCCACTGCATTGATGGTGTGCAAGTTGTTAAGAATAGAAATGAA 447
 AJ889867_PVYW_Alemanha_P3 CGTACCCTACTGCATTGATGGTGTGCAAGTTGTTAAGAATAGAAATGAA 447
 AB270705_PVYN_Japao_P3 CGTACCCCACTGCGTTGATGGTGTGCAAGTTGTTAAGAATAGAAATGAA 447
 EF026075_PVYNTN_USA_P3 CGTACCCCACTGCGTTGATGGTGTGCAAGTTGTTAAGAATAGAAATGAA 447
 AY745492_PVYNO_Canada_P3 CGTACCCCACTGCGTTGATGGTGTGCAAGTTGTTAAGAATAGAAATGAA 447
 EF026076_PVYNO_USA_P3 CGTACCCCACTGCGTTGATGGTGTGCAAGTTGTTAAGAATAGAAATGAA 423
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_P3 CGTACCCCACTGCGTTGATGGTGTGCAAGTTGTTAAGAATAGAAATGAA 448
 AF522296_PVYN_Egito_P3 CGTACCCCACTGCATTGATGGTGTGCAAGTTGTTAAGAATAGAAATGAA 450
 AJ166866_PVYNTN_Canada_P3 CATATCCCACTGCACTCATGGTGTGCAAGTTGTTAAGAACAGAAATGAA 446
 NBR_P3 CATATCCCACTGCACTCATGGTGTGCAAGTTGTTAAGAACAGAAATGAA 447
 * ** ** ***** * ***** ***** ***** *****

EF026074_PVYO_USA_P3 TGTGATGATACCCTATTCAAGGCGGGTTTTTCAAGTTACAACACGAGCGT 497
AJ889867_PVYW_Alemanha_P3 TGTGATGATACCCTATTCAAGGCGGGTTTTTCAAGTTATAACACAAGCGT 497
AB270705_PVYN_Japao_P3 TGTGATGATACCCTATTCAAGGCGGGTTTTTCCAAGTTACAACACGAGCGT 497
EF026075_PVYNTN_USA_P3 TGTGATGATACCCTATTCAAGGCGGGTTTTTCCAAGTTACAACACGAGCGT 497
AY745492_PVYNO_Canada_P3 TGTGATGATACCCTATTCAAGGCGGGTTTTTCCAAGTTACAACACGAGCGT 497
EF026076_PVYNO-USA_P3 TGTGATGATACCCTATTCAAGGCGGGTTTTTCCAAGTTACAACACGAGCGT 473
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_P3 TGTGATGATACCCTATTCAAGGCGGGTTTTTCCAAGTTACAACACGAGCGT 498
AF522296_PVYN_Egito_P3 TGTGATGATACCCTATTCAAGGCGGGTTTTTCCAAGTTACAACACGAGCGT 500
AJ166866_PVYNTN_Canada_P3 TGTGATGATACGTTGTTTAAAGCAGGTTTTTTCACATTACAACATGAGTGT 496
NBR_P3 TGTGATGATACGTTGTTTAAAGCAGGTTTTTTCACATTACAACACGAGCGT 497
***** * * * * ** * * * * * * * * * * * * * * * * * *

EF026074_PVYO_USA_P3 CGTACAGATTATGGAAAAAAATTATCTAAATCTCTTGAACGATGCTTGGA 547
AJ889867_PVYW_Alemanha_P3 CGTACAGATTATGGAAAAAAATTATCTAAATCTCTTGGACGATGCTTGGA 547
AB270705_PVYN_Japao_P3 CGTACAGATCATGGAAAAAAATTATCTAAATCTCTTGAACGATGCTTGGA 547
EF026075_PVYNTN_USA_P3 CGTACAGATCATGGAAAAAAATTATCTAAATCTCTTGAACGATGCTTGGA 547
AY745492_PVYNO_Canada_P3 CGTACAGATCATGGAAAAAAATTATCTAAATCTCTTGAACGATGCTTGGA 547
EF026076_PVYNO-USA_P3 CGTACAGATCATGGAAAAAAATTATCTAAATCTCTTGAACGATGCTTGGA 523
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_P3 CGTACAGATCATGGAAAAAAATTATCTAAATCTCTTGAACGATGCTTGGA 548
AF522296_PVYN_Egito_P3 CGTACAGATTATGGAAAAAAATTATCTAAATCTCTTGAACGATGCTTGGA 550
AJ166866_PVYNTN_Canada_P3 CGTGCAGATTATGGAAAAAAATTATCTAAGCCTCTTGGACGATGCATGGA 546
NBR_P3 CGTACAGATCATGGAAAAAAATTATCTAAATCTCTTGAACGATGCTTGGA 547
*** *

EF026074_PVYO_USA_P3 AAGATTTAACTTGGCGGGAAAAAATTATCCGCAACATGGTACTCATAACAGA 597
AJ889867_PVYW_Alemanha_P3 AAGATTTAACTTGGCGGGAAAAAATTATCCGCAACATGGTACTCATAACAGA 597
AB270705_PVYN_Japao_P3 AAGATTTAACTTGGCGGGAAAAAATTATCCGCAACATGGTACTCATAACAGA 597
EF026075_PVYNTN_USA_P3 AAGATTTAACTTGGCGGGAAAAAATTATCCGCAACATGGTACTCATAACAGA 597
AY745492_PVYNO_Canada_P3 AAGATTTAACTTGGCGGGAAAAAATTATCCGCAACATGGTACTCATAACAGA 597
EF026076_PVYNO-USA_P3 AAGATTTAACTTGGCGGGAAAAAATTATCCGCAACATGGTACTCATAACAGA 573
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_P3 AAGATTTAACTTGGCGGGAAAAAATTATCCGCAACATGGTACTCATAACAGA 598
AF522296_PVYN_Egito_P3 AAGATTTAACTTGGCGGAGAAAA-TTATCCGCAACATGGTACTCATAACAGA 599
AJ166866_PVYNTN_Canada_P3 AAGATTTAACCTGGCGGAGAAAAATTATCCGCAACATGGCACTCATAACAAA 596
NBR_P3 AAGATTTAACCTGGCGGGAAAAATTATCCGCAACATGGCACTCATAACAAA 597
***** *

EF026074_PVYO_USA_P3 GCAAAACGCTCTATC-ACTCGGTACATAAAACCCACAGGAAGGGCAGATT 646

AJ889867_PVYW_Alemanha_P3 GCAAAACGCTCTATC-ACTCGGTACATAAAAACCCACAGGAAGGGCAGATT 646
 AB270705_PVYN_Japao_P3 GCAAAACGCTCTATC-ACTCGGTACATAAAAACCCACAGGAAGGGCAGATT 646
 EF026075_PVYNTN_USA_P3 GCAAAACGCTCTATC-ACTCGGTACATAAAAACCCACAGGAAGGGCAGATT 646
 AY745492_PVYNO_Canada_P3 GCAAAACGCTCTATC-ACTCGGTACATAAAAACCCACAGGAAGGGCAGATT 646
 EF026076_PVYNO-USA_P3 GCAAAACGCTCTATC-ACTCGGTACATAAAAACCCACAGGAAGGGCAGATT 622
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_P3 GCAAAACGCTCTATC-ACTCGGTACATAAAAACCCACAGGAAGGGCAGATT 647
 AF522296_PVYN_Egito_P3 GCAAAACGCTCTATCCACTCGGTACATAAAAACCCACAGAAAAGGCAGATT 649
 AJ166866_PVYNTN_Canada_P3 GCAAAGCGCTCTATC-ACTCAGTTCATAAAAACCCATAGGCAAAGCAGATT 645
 NBR_P3 GCAAAGCGCTCTATC-ACTCAGTTCATAAAAACCCATAGGCAAAGCAGATT 646
 ***** ** * *****

EF026074_PVYO_USA_P3 TGAAAGGGTTATACAACATATCACCACAAGCATTCTTGGGCCGAAGCGCC 696
 AJ889867_PVYW_Alemanha_P3 TGAAAGGGTTATACAACATATCACCACAAGCATTCTTGGGCCGAGGCGCC 696
 AB270705_PVYN_Japao_P3 TGAAAGGGTTATACAACATATCACCACAAGCATTCTTGGGCCGAGGCGCC 696
 EF026075_PVYNTN_USA_P3 TGAAAGGGTTATACAACATATCACCACAAGCATTCTTGGGCCGAGGCGCC 696
 AY745492_PVYNO_Canada_P3 TGAAAGGGTTATACAACATATCACCACAAGCATTCTTGGGCCGAGGCGCC 696
 EF026076_PVYNO-USA_P3 TGAAAGGGTTATACAACATATCACCACAAGCATTCTTGGGCCGAGGCGCC 672
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_P3 TGAAAGGGTTATACAACATATCACCACAAGCATTCTTGGGCCGAGGCGCC 697
 AF522296_PVYN_Egito_P3 TGAAAGGGTTATACAACATATCACCACAAGCGTTCTTGGGCCGAAGCGCC 699
 AJ166866_PVYNTN_Canada_P3 TAAAAGGGTTGTACAACATATCACCGCAAGCATTCTTGGGTCAGGGCGTA 695
 NBR_P3 TAAAAGGGTTGTACAACATATCACCGCAAGCATTCTTGGGTCAGGGCGTA 696
 * ***** ** * *****

EF026074_PVYO_USA_P3 CAGGTGGTCAAAGGTACTGCCTCAGGATTGAGTGAGCGA---TTTAATAA 743
 AJ889867_PVYW_Alemanha_P3 CAGGTGGTCAAAGGCACTGCCTCAGGATTGAGCGAGCGA---TTTAATAA 743
 AB270705_PVYN_Japao_P3 CAGGTGGTCAAAGGCACTGCCTCAGGATTGAGTGAGCGA---TTTAATAA 743
 EF026075_PVYNTN_USA_P3 CAGGTGGTCAAAGGCACTGCCTCAGGATTGAGCGAGCGA---TTTAATAA 743
 AY745492_PVYNO_Canada_P3 CAGGTGGTCAAAGGCACTGCCTCAGGATTGAGCGAGCGA---TTTAATAA 743
 EF026076_PVYNO-USA_P3 CAGGTGGTCAAAGGCACTGCCTCAGGATTGAGCGAGCGA---TTTAATAA 719
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_P3 CAGGTGGTCAAAGGCACTGCCTCAGGATTGAGCGAGCGA---TTTAATAA 744
 AF522296_PVYN_Egito_P3 CAGGTGGTCAAAGGCACTGCCTCAGGATTGAGCGAGCGA---TTTAATAA 746
 AJ166866_PVYNTN_Canada_P3 CAGAGAGTCAAAGGCACCGCCTCAGGGTTGAATGAGCGA---CTCAATAA 742
 NBR_P3 CAGAGAGTCAAAGGCACCGCCTCAGGGTTGAATGAGCGAGCGTTTAATAA 746
 *** ***** ** * *****

EF026074_PVYO_USA_P3 TTATTTCAATACTAAGTGTGTAATATTTTCATCCTTTTTTCATTCGTAGAA 793
 AJ889867_PVYW_Alemanha_P3 TTATTTCAATACTAAGTGTGTAATATTTTCATCCTTTTTTCATTCGTAGAA 793

AB270705_PVYN_Japao_P3 TTATTTCAATACTAAGTGTGTAAATATTTTCATCCTTTTTTCATTCGTAGAA 793
 EF026075_PVYNTN_USA_P3 TTATTTCAATACTAAGTGTGTGAATATTTTCATCCTTTTTTCATTCGTAGAA 793
 AY745492_PVYNO_Canada_P3 TTATTTCAATACTAAGTGTGTAAATATTTTCATCCTTTTTTCATTCGTAGAA 793
 EF026076_PVYNO-USA_P3 TTATTTCAATACTAAGTGTGTAAATATTTTCATCCTTTTTTCATTCGTAGAA 769
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_P3 TTATTTCAATACTAAGTGTGTAAATATTTTCATCCTTTTTTCATTCGTAGAA 794
 AF522296_PVYN_Egito_P3 TTATTTCAATACTAAGTGTGTAAATATTTTCATCCTTTTTTCATTCGTAGAA 796
 AJ166866_PVYNTN_Canada_P3 TTATATTAATACTAAGTGTGTAAATATTTTCATCCTTTTTTCATTCGTAGAA 792
 NBR_P3 TTATATCAATACTAAGTGTGTAAATATTTTCATCCTTTTTTCATTCGTAGAA 796

EF026074_PVYO_USA_P3 TCTTTAGGCGTTTGCCAACCTTTTCGTCACCTTTTGTTAACTCATTATTAGTT 843
 AJ889867_PVYW_Alemanha_P3 TCTTTAGGCGTTTGCCAACCTTTTCGTCACCTTTTGTTAACTCATTATTAGTT 843
 AB270705_PVYN_Japao_P3 TCTTTAGGCGTTTGCCAACCTTTTCGTCACCTTTTGTTAACTCATTATTAGTT 843
 EF026075_PVYNTN_USA_P3 TCTTTAGGCGTTTGCCAACCTTTTCGTCACCTTTTGTTAACTCATTATTAGTT 843
 AY745492_PVYNO_Canada_P3 TCTTTAGGCGTTTGCCAACCTTTTCGTCACCTTTTGTTAACTCATTATTAGTT 843
 EF026076_PVYNO-USA_P3 TCTTTAGGCGTTTGCCAACCTTTTCGTCACCTTTTGTTAACTCATTATTAGTT 819
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_P3 TCTTTAGGCGTTTGCCAACCTTTTCGTCACCTTTTGTTAACTCATTATTAGTT 844
 AF522296_PVYN_Egito_P3 TCTTTAGGCGTTTGCCAACCTTTTCGTCACCTTTTGTTAACTCATTATTAGTT 846
 AJ166866_PVYNTN_Canada_P3 TTTTCCGGCGCTTGCCAACCTTTTGTAACCTTTTCATTAATTCATTATTAGTC 842
 NBR_P3 TTTTCCGGCGCTTGCCAACCTTTTGTAACCTTTTCATTAATTCATTATTAGTT 846
 * ** **** ***** ** ** ***** **** *****

EF026074_PVYO_USA_P3 ATTAGTATGTAACTAGCGTAGTGGCAGTGTGTCCAGGCAATAATTTTAGA 893
 AJ889867_PVYW_Alemanha_P3 ATTAGTATGTAACTAGCGTAGTGGCAGTGTGTCCAGGCAATAATTTTAGA 893
 AB270705_PVYN_Japao_P3 ATTAGTATGTAACTAGCGTAGTGGCAGTGTGTCCAGGCAATAATTTTAGA 893
 EF026075_PVYNTN_USA_P3 ATTAGTATGTAACTAGCGTAGTGGCAGTGTGTCCAGGCAATAATTTTAGA 893
 AY745492_PVYNO_Canada_P3 ATTAGTATGTAACTAGCGTAGTGGCAGTGTGTCCAGGCAATAATTTTAGA 893
 EF026076_PVYNO-USA_P3 ATTAGTATGTAACTAGCGTAGTGGCAGTGTGTCCAGGCAATAATTTTAGA 869
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_P3 ATTAGTATGTAACTAGCGTAGTAGCAGTGTGTCCAGGCAATAATTTTAGA 894
 AF522296_PVYN_Egito_P3 ATTAGTATGTAACTAGCGTAGTGGCAGTGTGTCCAGGCAATAATTTTAGA 896
 AJ166866_PVYNTN_Canada_P3 ATTAGTATGCTAAGTGTAGTAGCAGTGTGTCAAGCAATAATTCCTAGA 892
 NBR_P3 ATTAGTATGCTAAGTGTAGTAGCAGTGTGTCAAGCAATAATTCCTAGA 896
 ***** **** ** ***** ***** ** ***** ****

EF026074_PVYO_USA_P3 TCAGAGGAAATATAGGAGAGAAATCGAGTTGATGCAGATAGAGAAGAATG 943
 AJ889867_PVYW_Alemanha_P3 TCAGAGGAAATATAGGAGAGAAATCGAGTTGATGCAGATAGAGAAGAATG 943
 AB270705_PVYN_Japao_P3 TCAGAGGAAATATAGGAGAGAAATCGAGTTGATGCAGATAGAGAAGAATG 943

EF026075_PVYNTN_USA_P3 TCAGAGGAAGTATAGGAGAGAAATCGAGTTGATGCAGATAGAGAAGAATG 943
 AY745492_PVYNO_Canada_P3 TCAGAGGAAGTATAGGAGAGAAATCGAGTTGATGCAGATAGAGAAGAATG 943
 EF026076_PVYNO-USA_P3 TCAGAGGAAGTATAGGAGAGAAATCGAGTTGATGCAGATAGAGAAGAATG 919
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_P3 TCAGAGGAAGTATAGGAGAGAAATCGAGTTGATGCAGATAGAGAAGAATG 944
 AF522296_PVYN_Egito_P3 TCAGAGGAAGTATAGGAGAGAAATCGAGTTGATGCAGATAGAGAAGAATG 915
 AJ166866_PVYNTN_Canada_P3 TCAAAGGAAGTATAGAAAAGGAAATTGAGCTGATGCAGATTGAGAAGAATG 942
 NBR_P3 TCAAAGGAAGTATAGAAAAGGAAATTGAGTTGATGCAGATTGAGAAGAATG 946
 *** ***** ***** *

EF026074_PVYO_USA_P3 AGATTGTCTGCATGGAGCTATATGCAAGTTTACAGCGCAAACCTTGAACGC 993
 AJ889867_PVYW_Alemanha_P3 AGATCGTCTGCATGGAGCTATATGCAAGTTTACAGCGCAAACCTTGAACGC 993
 AB270705_PVYN_Japao_P3 AGATCGTCTGCATGGAGCTATATGCAAGTTTACAGCGCAAACCTTGAACGC 993
 EF026075_PVYNTN_USA_P3 AGATCGTCTGCATGGAGCTATATGCAAGTTTACAGCGCAAACCTTGAACGC 993
 AY745492_PVYNO_Canada_P3 AGATCGTCTGCATGGAGCTATATGCGAGTTTACAGCGCAAACCTTGAACGC 993
 EF026076_PVYNO-USA_P3 AGATCGTCTGCATGGAGCTATATGCGAGTTTACAGCGCAAACCTTGAACGC 969
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_P3 AGATCGTCTGCATGGAGCTATATGCAAGTTTACAGCGCAAACCTTGAACGC 994
 AF522296_PVYN_Egito_P3 -----
 AJ166866_PVYNTN_Canada_P3 AAATTGTTTGTATGGAGTTGTATGCGAGTCTGCAGCGCAAACCTTGAACGC 992
 NBR_P3 AAATTGTTTGTATGGAGTTGTATGCGAGTCTGCAGCGCAAACCTTGAACGC 996

EF026074_PVYO_USA_P3 GATTTTCACATGGGATGAGTACATTGAGTATTTGAAATCAGTAAACCCTCA 1043
 AJ889867_PVYW_Alemanha_P3 GATTTTCACATGGGATGAGTATATTGAGTATTTGAAGTCAGTAAACCCTCA 1043
 AB270705_PVYN_Japao_P3 GATTTTCACATGGGATGAGTACATTGAGTATTTGAAGTCAGTAAACCCTCA 1043
 EF026075_PVYNTN_USA_P3 GATTTTCACATGGGATGAGTACATTGAGTATTTGAAGTCAGTAAACCCTCA 1043
 AY745492_PVYNO_Canada_P3 GATTTTCACATGGGATGAGTACATTGAGTATTTGAAGTCAGTAAACCCTCA 1043
 EF026076_PVYNO-USA_P3 GATTTTCACATGGGATGAGTACATTGAGTATTTGAAGTCAGTAAACCCTCA 1019
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_P3 GATTTTCACATGGGATGAGTATATTGAGTATTTGAAGTCAGTAAACCCTCA 1044
 AF522296_PVYN_Egito_P3 -----
 AJ166866_PVYNTN_Canada_P3 GAATTCACATGGGATGAATATATGGAATATTTGAAATCTGTGAATCCCCA 1042
 NBR_P3 GAATTCACATGGGATGAATATATGGAATATTTGAAATCTGTGAATCCCCA 1046

EF026074_PVYO_USA_P3 GATAGTTCAGTTTGCTCAAGCGCAGATGGAAGAATATGATGTGCGACACC 1093
 AJ889867_PVYW_Alemanha_P3 GATAGTTCAGTTTGCCCAAGCGCAGATGGAAGAATATGATGTGCGACACC 1093
 AB270705_PVYN_Japao_P3 GATAGTTCAGTTTGCTCAAGCGCAGATGGAAGAATATGATGTGCGACACC 1093
 EF026075_PVYNTN_USA_P3 GATAGTTCAGTTTGCTCAAGCGCAGATGGAAGAATATGATGTGCGACACC 1093

AY745492_PVYNO_Canada_P3	GATAGTTCAGTTTGGCTCAAGCGCAGATGGAAGAATATGATGTGCGACACC	1093
EF026076_PVYNO-USA_P3	GATAGTTCAGTTTGGCTCAAGCGCAGATGGAAGAATATGATGTGCGACACC	1069
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_P3	GATAGTTCAGTTTGGCTCAAGCGCAGATGGAAGAATATGATGTGCGACACC	1094
AF522296_PVYN_Egito_P3	-----	
AJ166866_PVYNTN_Canada_P3	GATAGTTCAATTCGCGCAAGCTCAAATGGAAGAATATAATGTGCGGCATC	1092
NBR_P3	GATAGTTCAATTCGCGCAAGCTCAAATGGAAGAATATAATGTGCGACATC	1096

EF026074_PVYO_USA_P3	AG	1095
AJ889867_PVYW_Alemanha_P3	AG	1095
AB270705_PVYN_Japao_P3	AG	1095
EF026075_PVYNTN_USA_P3	AG	1095
AY745492_PVYNO_Canada_P3	AG	1095
EF026076_PVYNO-USA_P3	AG	1071
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_P3	AG	1096
AF522296_PVYN_Egito_P3	--	
AJ166866_PVYNTN_Canada_P3	AG	1094
NBR_P3	AG	1098

CLUSTAL 2.0.8 multiple sequence alignment

```
ITA_6K1          CGTTCACACCAGGTGTTAAAAATTTGGAACAA-GTGGTAGCATTATGG 49
VGS_6K1          CGTTCACACCAGGTGTTAAAAATTTGGAACAA-GTGGTAGCATTATGG 49
EF026075_PVYNTN_USA_6K1 CGTTCACACCAGGTGTTAAAAATTTGGAACAA-GTGGTAGCATTATGG 49
EF026076_PVYNO-USA_6K1 CGTTCACACCAGGTGTTAAAAATTTGGAACAA-GTGGTAGCATTATGG 49
AY745492_PVYNO_Canada_6K1 CGTTCACACCAGGTGTTAAAAATTTGGAACAA-GTGGTAGCATTATGG 49
AB270705_PVYN_Japao_6K1 CGTTCACACCAGGTGTTAAAAATTTGGAACAA-GTGGTAGCATTATGG 49
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_6K1 CGTTCACACCAGGTGTTAAAAATTTGGAACAA-GTGGTAGCATTATGG 49
AJ889867_PVYW_Alemanha_6K1 CGTTCACACCAGGTGTTAAAAATTTGGAACAA-GTGGTAGCATTATGG 49
OBR_6K1          CGTTCACACCAGGTGTTAAAAATTTGGAACAA-GTGGTAGCATTATGG 49
EF026074_PVYO_USA_6K1   CGTTCACACCAGGTGTTAAAAATTTGGAACAA-GTGGTAGCATTATGG 49
AJ166866_PVYNTN_Canada_6K1 CGCTCACACCAGGTGTTAAGAATTTAGAGCAG-GTGGTAGCATTATAA 49
AF522296_PVYN_Egito_6K1 ----GAAATCGAGTTGATGCAGATAGAGAAGAATGAGATTGTCTGCATGG 46
                    * * ** ** * ** * * * * * **
```

```
ITA_6K1          CTTTAGTCATCATGGTGTTCGATGCTGAAAGGA--GTGATTGCGTGTTC 97
VGS_6K1          CTTTAGTCATCATGGTGTTCGATGCTGAAAGGA--GTGATTGCGTGTTC 97
EF026075_PVYNTN_USA_6K1 CTTTAGTCATCATGGTGTTCGATGCTGAAAGGA--GTGATTGCGTGTTC 97
EF026076_PVYNO-USA_6K1 CTTTAGTCATCATGGTGTTCGATGCTGAAAGGA--GTGATTGCGTGTTC 97
AY745492_PVYNO_Canada_6K1 CTTTAGTCATCATGGTGTTCGATGCTGAAAGGA--GTGATTGCGTGTTC 97
AB270705_PVYN_Japao_6K1 CTTTAGTCATCATGGTGTTCGATGCTGAAAGGA--GTGATTGCGTGTTC 97
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_6K1 CTTTAGTCATCATGGTGTTCGATGCTGAAAGGA--GTGATTGCGTGTTC 97
AJ889867_PVYW_Alemanha_6K1 CTTTAGTCATCATGGTGTTCGATGCTGAAAGGA--GTGATTGCGTGTTC 97
OBR_6K1          CTTTAGTCACCATGGTGTTCGATGCTGAAAGGA--GTGATTGCGTGTTC 97
EF026074_PVYO_USA_6K1   CTTTAGTCATTATGGTGTTCGATGCTGAAAGGA--GTGATTGCGTGTTC 97
AJ166866_PVYNTN_Canada_6K1 CTCTAATTATCATGATGTTTATGATGCTGAAAGGA--GCGACTGTGTATTTA 97
AF522296_PVYN_Egito_6K1 AGCTA--TATGCAAGTTTACAGCGCAAACCTGAACGCGATTTACATGGG 94
                    ** * ** * ** * ** * ** *
```

```
ITA_6K1          AACTCTCAATAA--ATTTAAGGGTGTCTTTTCTCA-CTGGACCATGAA 144
VGS_6K1          AACTCTCAATAA--ATTTAAGGGTGTCTTTTCTCA-CTGGACCATGAA 144
EF026075_PVYNTN_USA_6K1 AACTCTCAATAA--ATTTAAGGGTGTCTTTTCTCA-CTGGACCATGAA 144
EF026076_PVYNO-USA_6K1 AACTCTCAATAA--ATTTAAGGGTGTCTTTTCTCA-CTGGACCATGAA 144
AY745492_PVYNO_Canada_6K1 AACTCTCAATAA--ATTTAAGGGTGTCTTTTCTCA-CTGGACCATGAA 144
AB270705_PVYN_Japao_6K1 AACTCTCAATAA--ATTTAAGGGTGTCTTTTCTCA-CTGGACCATGAA 144
```

AJ889866_PVYNTN_Alemanha_6K1	AAACTCTCAATAA--ATTCAAGGGTGTCCCTTTCCTCA-CTGGACCATGAA	144
AJ889867_PVYW_Alemanha_6K1	AAACTCTCAATAA--ATTCAAGGGTGTCCCTTTCCTCA-CTGGACCATGAA	144
OBR_6K1	AAACTCTCAATAA--ATTTAAGGGTGTCCCTTTCCTCA-CTGGATCATGAA	144
EF026074_PVYO_USA_6K1	AAACTCTCAATAA--ATTTAAGGGTGTCCCTTTCCTCA-ATGGACTATGAA	144
AJ166866_PVYNTN_Canada_6K1	AGACTCTCAACAA--ATTCAAGGGCATCGTTTCTTCA-ATGGATCATGAA	144
AF522296_PVYN_Egito_6K1	ATGAGTACATTGAGTATTTGAAGTCAGTAAACCCTCAGATAGTTCAGTTT	144
	* ** * *** * * * *** * * *	

ITA_6K1	GTTAGACATCAG	156
VGS_6K1	GTTAGACATCAG	156
EF026075_PVYNTN_USA_6K1	GTTAGACATCAG	156
EF026076_PVYNO_USA_6K1	GTTAGACATCAG	156
AY745492_PVYNO_Canada_6K1	GTTAGACATCAG	156
AB270705_PVYN_Japao_6K1	GTTAGACATCAG	156
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_6K1	GTTAGACATCAG	156
AJ889867_PVYW_Alemanha_6K1	GTTAGACATCAG	156
OBR_6K1	GTTAGACATCAG	156
EF026074_PVYO_USA_6K1	GTTAGACATCAG	156
AJ166866_PVYNTN_Canada_6K1	GTTAGACACCAG	156
AF522296_PVYN_Egito_6K1	GCTCAAGCGCAG	156
	* * * ***	

CLUSTAL 2.0.8 multiple sequence alignment

```
AB270705_PVYN_Japao_CI -----  
AJ889867_PVYW_Alemanha_CI -----  
EF026075_PVYNTN_USA_CI -----  
AF522296_PVYN_Egito_CI ATGGAAGAATATGATGTGCGACACCAGCGTTCACACCAGTTGTTAAAAA 50  
EF026076_PVYNO-USA_CI -----  
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CI -----  
EF026074_PVYO_USA_CI -----  
AY745492_PVYNO_Canada_CI -----  
AJ166866_PVYNTN_Canada_CI -----  
NBR_CI -----
```

```
AB270705_PVYN_Japao_CI -----  
AJ889867_PVYW_Alemanha_CI -----  
EF026075_PVYNTN_USA_CI -----  
AF522296_PVYN_Egito_CI TTTGGAACAAGTGGTAGCATTTATGGCTTTAGTCATCATGGTGTGTTGATG 100  
EF026076_PVYNO-USA_CI -----  
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CI -----  
EF026074_PVYO_USA_CI -----  
AY745492_PVYNO_Canada_CI -----  
AJ166866_PVYNTN_Canada_CI -----  
NBR_CI -----
```

```
AB270705_PVYN_Japao_CI -----  
AJ889867_PVYW_Alemanha_CI -----  
EF026075_PVYNTN_USA_CI -----  
AF522296_PVYN_Egito_CI CTGAAAGGAGTGATTGCGTGTTCAAACCTCTCAATAAATTTAAGGGTGTC 150  
EF026076_PVYNO-USA_CI -----  
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CI -----  
EF026074_PVYO_USA_CI -----  
AY745492_PVYNO_Canada_CI -----  
AJ166866_PVYNTN_Canada_CI -----  
NBR_CI -----
```

```

AB270705_PVYN_Japao_CI -----TCCTTAGACGATGTGAT 17
AJ889867_PVYW_Alemanha_CI -----TCCTTAGACGATGTGAT 17
EF026075_PVYNTN_USA_CI -----TCCTTAGACGATGTGAT 17
AF522296_PVYN_Egito_CI CTTTCCTCACTGGATTATGAAGTTAGACATCAGTCCTTAGACGATGTGAT 200
EF026076_PVYNO-USA_CI -----TCCTTAGACGATGTGAT 17
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CI -----TCCTTAGACGATGTGAT 17
EF026074_PVYO_USA_CI -----TCCTTAGACGATGTGAT 17
AY745492_PVYNO_Canada_CI -----TCCTTAGACGATGTGAT 17
AJ166866_PVYNTN_Canada_CI -----TCCTTGGATGATGTAAT 17
NBR_CI -----TCCTTGGATGATGTAAT 17
***** ** ***** **

```

```

AB270705_PVYN_Japao_CI CAAGAATTTTGATGAGAGGAATGAGACTATTGATTTTGAATTGAGTGAGG 67
AJ889867_PVYW_Alemanha_CI CAAGAATTTTGATGAGAGGAATGAGACTATTGATTTTGAATTGAGTGAGG 67
EF026075_PVYNTN_USA_CI CAAGAATTTTGATGAGAGGAATGAGACTATTGATTTTGAATTGAGTGAGG 67
AF522296_PVYN_Egito_CI CAAGAATTTTGATGAGAGGAATGAGATTATTGATTTTGAATTGAGTGAGG 250
EF026076_PVYNO-USA_CI CAAGAATTTTGATGAGAGGAATGAGATTATTGATTTTGAATTGAGTGAGG 67
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CI CAAGAATTTTGATGAGAGGAATGAGACTATTGATTTTGAATTGAGTGAGG 67
EF026074_PVYO_USA_CI CAAGAATTTTGATGAGAGGAATGAGATTATTGATTTTGAATTGAGTGAGG 67
AY745492_PVYNO_Canada_CI CAAGAATTTTGATGAGAGGAATGAGATTATTGATTTTGAATTGAGTGAGG 67
AJ166866_PVYNTN_Canada_CI CAAGAATTTTCGATGAAAGGAACGAAGTTATTGATTTTGAATTGAGTGAGG 67
NBR_CI CAAGAATTTTCGATGAAAGGAACGAAGTTATTGATTTTGAATTGAGTGAGG 67
***** ***** ***** ** ***** ***** * * *****

```

```

AB270705_PVYN_Japao_CI ACACAATTCGAACATCATCAGTGCTAGATACAAAGTTTAGTGATTGGTGG 117
AJ889867_PVYW_Alemanha_CI ACACAATTCGAACATCATCAGTGCTAGATACAAAGTTTAGTGATTGGTGG 117
EF026075_PVYNTN_USA_CI ACACAATTCGAACATCATCAGTGCTAGATACAAAGTTTAGTGATTGGTGG 117
AF522296_PVYN_Egito_CI ACACAATTCGAACATCATCAGTGCTAGATACAAAGTTTAGTGATTGGTGG 300
EF026076_PVYNO-USA_CI ACACAATTCGAACATCATCAGTGCTAGATACAAAGTTTAGTGATTGGTGG 117
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CI ACACAATTCGAACATCATCAGTGCTAGATACAAAGTTTAGTGATTGGTGG 117
EF026074_PVYO_USA_CI ACACAATTCGAACATCATCAGTGCTAGATACAAAGTTTAGTGATTGGTGG 117
AY745492_PVYNO_Canada_CI ACACAATTCGAACATCATCAGTGCTAGATACAAAGTTTAGTGATTGGTGG 117
AJ166866_PVYNTN_Canada_CI ATACAATTAACATCATCAGTGCTAGATACAAAGTTTAGTGATTGGTGG 117
NBR_CI ATACAATTAACATCATCAGTGCTAGATACAAAGTTTAGTGATTGGTGG 117
* ***** *** ***** * * * * ***** ** *****

```

AB270705_PVYN_Japao_CI GACCGACAAATCCAGATGGGTCATACACTTCCACATTACAGAACCGAGGG 167
AJ889867_PVYW_Alemanha_CI GACCGACAAATCCAGATGGGACATACACTTCCACATTACAGAACCGAGGG 167
EF026075_PVYNTN_USA_CI GACCGACAAATCCAGATGGGACATACACTTCCACATTACAGAACCGAGGG 167
AF522296_PVYN_Egito_CI GATCGACAAATCCAGATGGGACATACACTTCCACATTACAGAACCGAGGG 350
EF026076_PVYNO-USA_CI GACCGACAAATCCAGATGGGACATACACTTCCACATTACAGAACCGAGGG 167
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CI GACCGACAAATCCAGATGGGACATACACTTCCACATTACAGAACCGAGGG 167
EF026074_PVYO_USA_CI GACCGACAAATCCAGATGGGACATACACTTCCACATTACAGAACCGAGGG 167
AY745492_PVYNO_Canada_CI GACCGACAAATCCAGATGGGACATACACTTCCACATTACAGAACCGAGGG 167
AJ166866_PVYNTN_Canada_CI GATCGGCAAATCCAAATGGGACACACACTTCCCCACTATAGAAGCTGAGGG 167
NBR_CI GATCGGCAAATCCAAATGGGACACACACTTCCCCATTATAGAAGCTGAGGG 167
** ** ***** ** ** ***** ** ** ***** *****

AB270705_PVYN_Japao_CI GCACCTTCATGGAATTCACAAGAGCAACTGCTGTCCAAGTGGCTAATGATA 217
AJ889867_PVYW_Alemanha_CI GTATTTTCATGGAATTCACAAGAGCAACTGCTGTCCAAGTGGCTAATGATA 217
EF026075_PVYNTN_USA_CI GCACCTTCATGGAATTCACAAGAGCAACTGCTGTCCAAGTGGCTAATGATA 217
AF522296_PVYN_Egito_CI GCACCTTCATGGAATTTACAAGAGCAACTGCTGTCCAAGTGGCTAATGACA 400
EF026076_PVYNO-USA_CI GCACCTTCATGGAATTCACAAGAGCAACTGCTGTCCAAGTGGCTAATGACA 217
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CI GTATTTTCATGGAATTCACAAGAGCAACTGCTGTCCAAGTGGCTAATGATA 217
EF026074_PVYO_USA_CI GCACCTTCATGGAATTCACAAGAGCAACTGCTGTCCAAGTGGCTAATGACA 217
AY745492_PVYNO_Canada_CI GCACCTTCATGGAATTCACAAGAGCAACTGCTGTCCAAGTGGCTAATGACA 217
AJ166866_PVYNTN_Canada_CI ACACCTTCATGGAATTCACAAGGGCAACTGCTGTGCAAGTGGCCAATGACA 217
NBR_CI ACACCTTCATGGAATTCACAAGGGCAACTGCTGTGCAAGTGGCCAACGACA 217
* ***** ***** ***** ***** ** ** *

AB270705_PVYN_Japao_CI TCGCTCATAGCGAACACCTAGACTTTTCTAGTAAGGGGAGCTGTTGGGTCT 267
AJ889867_PVYW_Alemanha_CI TCGCCCATAGCGAACACCTAGACTTCCTAGTAAGGGGAGCTGTTGGGTCT 267
EF026075_PVYNTN_USA_CI TCGCCCATAGCGAACACCTAGACTTTTCTAGTAAGGGGAGCTGTTGGGTCT 267
AF522296_PVYN_Egito_CI TTGCCCATAGCGAACACCTAGACTTTTTAGTACGGGGAGCTGTTGGGTCT 450
EF026076_PVYNO-USA_CI TTGCCCATAGCGAACACCTAGACTTTTCTAGTAAGGGGAGCTGTTGGGTCT 267
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CI TCGCCCATAGCGAACACCTAGACTTCCTAGTAAGGGGAGCTGTTGGGTCT 267
EF026074_PVYO_USA_CI TTGCCCATAGCGAACACCTAGACTTTTCTAGTAAGGGGAGCTGTTGGGTCT 267
AY745492_PVYNO_Canada_CI TTGCCCATAGCGAACACCTAGACTTTTCTAGTAAGGGGAGCTGTTGGGTCT 267
AJ166866_PVYNTN_Canada_CI TCGCACATAGTGAGCACCTAGATTTTCTAGTGAGGGGAGCTGTTGGGTCT 267
NBR_CI TCGCGCATAGTGAGCACCTAGACTTTTCTAGTGAGGGGAGCTGTTGGGTCT 267
* ** ***** ** ***** ** ***** *****

AB270705_PVYN_Japao_CI GGAAAGTCAACTGGGTTGCCTGTTTCATCTTAGTGTAGCCGGATCTGTGCT 317
AJ889867_PVYW_Alemanha_CI GGAAAGTCAACTGGGTTGCCTGTTTCATCTTAGTGTAGCCGGATCTGTGCT 317
EF026075_PVYNTN_USA_CI GGAAAGTCAACTGGGTTGCCTGTTTCATCTTAGTGTAGCTGGATCTGTGCT 317
AF522296_PVYN_Egito_CI GGAAAGTCAACTGGGTTGCCTGTTTCATCTTAGTGTGGCCGGATCTGTGCT 500
EF026076_PVYNO-USA_CI GGAAAGTCAACTGGGTTGCCTGTTTCATCTTAGTGTAGCCGGATCTGTGCT 317
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CI GGAAAGTCAACTGGGTTGCCTGTTTCATCTTAGTGTAGCCGGATCTGTGCT 317
EF026074_PVYO_USA_CI GGAAAGTCAACTGGGTTACCTGTTTCATCTTAGTGTAGCCGGATCTGTGCT 317
AY745492_PVYNO_Canada_CI GGAAAGTCAACTGGGTTGCCTGTTTCATCTTAGTGTAGCCGGATCTGTGCT 317
AJ166866_PVYNTN_Canada_CI GGAAAATCTACTGGACTGCCGTTTCATCTCAGTGCAGCTGGATCCGTGCT 317
NBR_CI GGAAAATCTACTGGACTGCCTGTCCATCTCAGTGCAGCTGGATCCGTGCT 317
***** ** ***** * ** ** ***** ***** ** ***** *****

AB270705_PVYN_Japao_CI TTTAATTGAACCAACGCGACCCTAGCGGAGAACGTTTTTCAAACAGCTAT 367
AJ889867_PVYW_Alemanha_CI TTTAATTGAACCAACGCGACCCTAGCGGAGAACGTTTTTCAAACAGCTGT 367
EF026075_PVYNTN_USA_CI TTTAATTGAACCAACGCGACCCTAGCGGAGAACGTTTTTCAAACAGCTAT 367
AF522296_PVYN_Egito_CI TTTAATTGAACCAACGCGACCCTAGCGGAGAACGTTTTTCAAACAGCTAT 550
EF026076_PVYNO-USA_CI TTTAATTGAACCAACGCGACCCTAGCGGAGAACGTTTTTCAAACAGCTAT 367
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CI TTTAATTGAACCAACGCGACCCTAGCGGAGAACGTTTTTCAAACAGCTGT 367
EF026074_PVYO_USA_CI TTTAATTGAACCAACGCGACCCTAGCGGAGAACGTTTTTCAAACAGCTAT 367
AY745492_PVYNO_Canada_CI TTTAATTGAACCAACGCGACCCTAGCGGAGAACGTTTTTCAAACAGCTAT 367
AJ166866_PVYNTN_Canada_CI TTTGATAGAACCAACTCGACCCTTGCAGAAAACGTGTTCAAGCAGTTAT 367
NBR_CI TTTGATAGAACCAACTCGACCCTTGCAGAAAACGTGTTCAAGCAATTGT 367
*** ** ***** ***** ** ** ***** ***** ** * *

AB270705_PVYN_Japao_CI CTAGTGAACCATTCTTCAAGAAGCCAACACTGCGTATGCGTGGAAATAGT 417
AJ889867_PVYW_Alemanha_CI CTAGTGAACCATTCTTCAAGAAGCCAACACTGCGTATGCGTGGAAATAGT 417
EF026075_PVYNTN_USA_CI CTAGTGAACCATTCTTCAAGAAGCCAACACTGCGTATGCGTGGAAATAGT 417
AF522296_PVYN_Egito_CI CTAGTGAACCATTCTTCAAGAAGCCAACACTGCGTATGCGTGGAAATAGT 600
EF026076_PVYNO-USA_CI CTAGTGAACCATTCTTCAAGAAGCCAACACTGCGTATGCGTGGAAATAGT 417
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CI CTAGTGAACCATTCTTCAAGAAGCCAACACTGCGTATGCGTGGAAATAGT 417
EF026074_PVYO_USA_CI CTAGTGAACCATTCTTCAAGAAGCCAACACTGCGTATGCGTGGAAATAGT 417
AY745492_PVYNO_Canada_CI CTAGTGAACCATTTTTCAAGAAGCCAACACTGCGTATGCGTGGAAATAGT 417
AJ166866_PVYNTN_Canada_CI CCAGTGAACCGTTTTTCAAGAAGCCAACACTGCGCATGCGAGGAAATAGT 417
NBR_CI CCAGTGAACCGTTTTTCAAGAAGCCAACACTGCGCATGCGAGGAAATAGT 417
* ***** ** ***** ***** ***** ***** *****

AB270705_PVYN_Japao_CI ATATTTGGCTCTTCTCCAATCTCCGTCATGACTAGCGGATTTGCTCTACA 467

AJ889867_PVYW_Alemanha_CI	ATATTTGGCTCTTCTCCAATCTCCGTCATGACTAGCGGATTTGCGCTACA	467
EF026075_PVYNTN_USA_CI	ATATTTGGCTCTTCTCCAATCTCCGTCATGACTAGCGGATTTGCGCTACA	467
AF522296_PVYN_Egito_CI	ATATTTGGCTCTTCTCCAATCTCCGTCATGACTAGCGGATTTGCGCTACA	650
EF026076_PVYNO-USA_CI	ATATTTGGCTCTTCTCCAATCTCCGTCATGACTAGCGGATTTGCGCTACA	467
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CI	ATATTTGGCTCTTCTCCAATCTCCGTCATGACTAGCGGATTTGCGCTACA	467
EF026074_PVYO_USA_CI	ATATTTGGCTCTTCTCCAATCTCCGTCATGACTAGCGGATTTGCGCTACA	467
AY745492_PVYNO_Canada_CI	ATATTTGGCTCTTCTCCAATCTCCGTCATGACTAGCGGATTTGCGCTACA	467
AJ166866_PVYNTN_Canada_CI	GTGTTTGGTTCCCTCTCCAATTTCCATCATGACTAGCGGCTTTGCGTTGCA	467
NBR_CI	GTGTTTGGTTCCCTCTCCAATCTCCATTATGACTAGCGGCTTTGCGTTGCA	467
	* ***** ** ***** ** * ***** ***** ***** * **	

AB270705_PVYN_Japao_CI	CTACTTCGCCAATAATCGCTCTCAATTAGCTCAGTTCAACTTTGTGATAT	517
AJ889867_PVYW_Alemanha_CI	CTACTTCGCCAATAATCGCTCTCAATTAGCTCAGTTCAACTTTGTGATAT	517
EF026075_PVYNTN_USA_CI	CTACTTCGCCAATAATCGCTCTCAATTAGCTCAGTTCAACTTTGTGATAT	517
AF522296_PVYN_Egito_CI	CTACTTCGCCAATAATCGCTCTCAATTAGCTCAGTTCAACTTTGTGATAT	700
EF026076_PVYNO-USA_CI	CTACTTCGCCAATAATCGCTCTCAATTAGCTCAGTTCAACTTTGTGATAT	517
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CI	CTACTTCGCCAATAATCGCTCTCAATTAGCTCAGTTCAACTTTGTGATAT	517
EF026074_PVYO_USA_CI	CTACTTCGCCAATAATCGCTCTCAATTAGCTCAGTTCAACTTTGTGATAT	517
AY745492_PVYNO_Canada_CI	CTACTTCGCCAATAATCGCTCTCAATTAGCTCAGTTCAACTTTGTGATAT	517
AJ166866_PVYNTN_Canada_CI	CTACTATGCTAATAATCGCTCTCAGCTAACTCAGTTTAAATTTTATAATTT	517
NBR_CI	CTACTATGCTAATAATCGCTTTTCAAGTTAACTCAGTTTAAATTTTATAATTT	517
	***** ** ***** ***** ** * ***** ***** ***** * ** *	

AB270705_PVYN_Japao_CI	TTGATGAGTGCCATGTTCTGGATCCTTCCGCAATGGCGTTCCGCAGTCTG	567
AJ889867_PVYW_Alemanha_CI	TTGATGAGTGCCATGTTCTGGATCCTTCCGCAATGGCGTTCCGCAGTCTG	567
EF026075_PVYNTN_USA_CI	TTGATGAGTGCCATGTTCTGGATCCTTCCGCAATGGCGTTCCGCAGTCTG	567
AF522296_PVYN_Egito_CI	TTGATGAGTGTCATGTTCTGGATCCTTCCGCGATGGCGTTCCGCAGTCTG	750
EF026076_PVYNO-USA_CI	TTGATGAGTGCCATGTTCTGGATCCTTCCGCAATGGCGTTCCGCAGTCTG	567
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CI	TTGATGAGTGCCATGTTCTGGATCCTTCCGCAATGGCGTTCCGCAGTCTG	567
EF026074_PVYO_USA_CI	TTGATGAGTGCCATGTTCTGGATCCTTCCGCAATGGCGTTCCGCAGTCTG	567
AY745492_PVYNO_Canada_CI	TTGATGAGTGCCATGTTCTGGATCCTTCCGCAATGGCGTTCCGCAGTCTG	567
AJ166866_PVYNTN_Canada_CI	TTGATGAATGTCATGTTCTAGATCCTTCTGCAATGGCATTTCGTAGCTTG	567
NBR_CI	TTGATGAATGTCATGTTTTAGATCCTTCTGCAATGGCATTTCGTAGCTTG	567
	***** ** ***** * ***** ** ***** ** ** ** ** ** ** ** ** ** ** ** ** *	

AB270705_PVYN_Japao_CI	CTGAGTGTATTATCATCAAGCATGCAAAGTGTTAAAAGTGTGAGTACTCC	617
AJ889867_PVYW_Alemanha_CI	CTGAGTGTATTATCATCAAGCATGCAAAGTATTAAAAGTGTGAGTACTCC	617

EF026075_PVYNTN_USA_CI CTGAGTGTTTATCATCAAGCATGCAAAGTATTTAAAAGTGTTCAGCTACTCC 617
 AF522296_PVYN_Egito_CI CTGAGTGTTTATCATCAAGCATGCAAAGTATTTAAAAGTGTTCAGCTACTCC 800
 EF026076_PVYNO-USA_CI CTGAGTGTTTATCATCAAGCATGCAAAGTATTTAAAAGTGTTCAGCTACTCC 617
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CI CTGAGTGTTTATCATCAAGCATGCAAAGTATTTAAAAGTGTTCAGCTACTCC 617
 EF026074_PVYO_USA_CI CTGAGTGTTTATCATCAAGCATGCAAAGTATTTAAAAGTGTTCAGCTACTCC 617
 AY745492_PVYNO_Canada_CI CTGAGTGTTTATCATCAAGCATGCAAAGTATTTAAAAGTGTTCAGCTACTCC 617
 AJ166866_PVYNTN_Canada_CI TTAAGTGTGTATCACCAAACATGCAAAGTGTTAAAGGTATCAGCCACTCC 617
 NBR_CI CTAAGTGTGTATCACCAAACATGCAAAGTGTTAAAGGTGTTCAGCCACTCC 617
 * * * * *

AB270705_PVYN_Japao_CI AGTGGGAAGAGAGGTTGAATTTACAACACAGCAACCAGTCAAGTTAATAG 667
 AJ889867_PVYW_Alemanha_CI AGTGGGAAGAGAGGTTGAATTTACAACACAGCAACCAGTCAAGTTAATAG 667
 EF026075_PVYNTN_USA_CI AGTGGGAAGAGAGGTTGAATTTACAACACAGCAACCAGTCAAGTTAATAG 667
 AF522296_PVYN_Egito_CI AGTGGGAAGAGAGGTTGAATTTACAACACAGCAACCAGTCAAGTTAATAG 850
 EF026076_PVYNO-USA_CI AGTGGGAAGAGAGGTT----- 633
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CI AGTGGGAAGAGAGGTTGAATTTACAACACAGCAACCAGTCAAGTTAATAG 667
 EF026074_PVYO_USA_CI AGTGGGAAGAGAGGTTGAATTTACAACACAGCAACCAGTCAAGTTAATAG 667
 AY745492_PVYNO_Canada_CI AGTGGGAAGAGAGGTTGAATTTACAACACAGCAACCAGTCAAGTTAATAG 667
 AJ166866_PVYNTN_Canada_CI AGTGGGAAGGGAGGTCGAGTTCACAACACAACAACCAGTTAAATTGGTGG 667
 NBR_CI AGTGGGAAGGGAGGTCGAGTTCACAACACAACAACCAGTTAAATTGGTGG 667
 * * * * *

AB270705_PVYN_Japao_CI TGGAGGACACACTGTCTTTCCAATCATTGTTGATGCACAAGGTTCTAAA 717
 AJ889867_PVYW_Alemanha_CI TGGAGGACACACTGTCTTTCCAATCATTGTTGATGCACAAGGTTCTAAA 717
 EF026075_PVYNTN_USA_CI TGGAGGACACACTGTCTTTCCAATCATTGTTGATGCACAAGGTTCTAAA 717
 AF522296_PVYN_Egito_CI TGGAGGACACACTGTCTTTCCAATCATTGTTGATGCACAAGGTTCTAAA 900
 EF026076_PVYNO-USA_CI -----TTTGTGATGCACAAGGTTCTAAA 657
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CI TGGAGGACACACTGTCTTTCCAATCATTGTTGATGCACAAGGTTCTAAA 717
 EF026074_PVYO_USA_CI TGGAGGACACACTGTCTTTCCAATCATTGTTGATGCACAAGGTTCTAAA 717
 AY745492_PVYNO_Canada_CI TGGAGGACACACTGTCTTTCCAATCATTGTTGATGCACAAGGTTCTAAA 717
 AJ166866_PVYNTN_Canada_CI TTGAGGATACACTTTCATTCCAATCTTTTGTGATGCGCAAGGCTCAAAA 717
 NBR_CI TTGAGGATACACTTTCATTCCAATCTTTTGTGATGCGCAAGGCTCAAAA 717
 * * * * *

AB270705_PVYN_Japao_CI ACTAATGCTGACGTTGTTTCAGTTTGGTTCAAACGTACTTGTGTACGTGTC 767
 AJ889867_PVYW_Alemanha_CI ACTAATGCTGATGTTGTTTCAGTTTGGTTCAAACGTACTTGTGTACGTGTC 767
 EF026075_PVYNTN_USA_CI ACTAATGCTGATGTTGTTTCAGTTTGGTTCAAACGTACTTGTGTACGTGTC 767

AF522296_PVYN_Egito_CI ACTAATGCTGATGTTGTTTCAGTTTGGTTCAAACGTACTTGTGTACGTGTC 950
 EF026076_PVYNO-USA_CI ACTAATGCTGATGTTGTTTCAGTTTGGTTCAAACGTACTTGTGTACGTGTC 707
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CI ACTAATGCTGATGTTGTTTCAGTTTGGTTCAAACGTACTTGTGTACGTGTC 767
 EF026074_PVYO_USA_CI ACTAATGCTGATGTTGTTTCAGTTTGGTTCAAACGTACTTGTGTACGTGTC 767
 AY745492_PVYNO_Canada_CI ACTAATGCTGATGTTGTTTCAGTTTGGTTCAAACGTACTTGTGTACGTGTC 767
 AJ166866_PVYNTN_Canada_CI ACCAATGCCGACGTTGTTTCAGCATGGTTCGAACATACTCGTGTATGTGTC 767
 NBR_CI ACCAATGCCGACGTTGTTTCAGCATGGTTCGAACATACTCGTGTATGTGTC 767

** ***** ** ***** ***** ** * ***** *****

AB270705_PVYN_Japao_CI GAGCTACAATGAAGTTGACACCTTGGCTAAGCTCCTAACAGACAAGAATA 817
 AJ889867_PVYW_Alemanha_CI GAGCTACAATGAAGTTGACACCTTGGCTAAGCTCCTAACAGACAAGAATA 817
 EF026075_PVYNTN_USA_CI GAGCTACAATGAAGTTGACACCTTGGCTAAGCTCCTAACAGACAAGAATA 817
 AF522296_PVYN_Egito_CI GAGCTACAATGAAGTTGACACCTTGGCCAAGCTCCTAACAGACAAGAATA 1000
 EF026076_PVYNO-USA_CI GAGCTACAATGAAGTTGATACCTTGGCTAAGCTCCTAACAGACAAGAATA 757
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CI GAGCTACAATGAAGTTGACACCTTGGCTAAGCTCCTAACAGACAAGAATA 817
 EF026074_PVYO_USA_CI GAGCTACAATGAAGTTGATACCTTGGCTAAGCTCCTAACAGACAAGAATA 817
 AY745492_PVYNO_Canada_CI GAGCTACAATGAAGTTGATACCTTGGCTAAGCTCCTAACAGACAAGAATA 817
 AJ166866_PVYNTN_Canada_CI GAGTTACAATGAAGTTGGATACATTAGCCAAGCTTCTAACGGATAGGAATA 817
 NBR_CI GAGTTACAATGAAGTTGGATACATTAGCCAAGCTTCTAACGGATAGGAATA 817

*** ***** ** * * * * * ***** ***** * * *****

AB270705_PVYN_Japao_CI TGATGGTCACAAAGGTTGATGGCAGAACAATGAAGCACGGTTGCCTAGAA 867
 AJ889867_PVYW_Alemanha_CI TGATGGTCACAAAGGTTGATGGCAGAACAATGAAGCACGGTTGCCTAGAA 867
 EF026075_PVYNTN_USA_CI TGATGGTCACAAAGGTTGATGGCAGAACAATGAAGCACGGTTGCCTAGAA 867
 AF522296_PVYN_Egito_CI TGATGGTCACAAAGGTTGATGGCAGAACAATGAAGCACGGTTGCCTAGAA 1050
 EF026076_PVYNO-USA_CI TGATGGTCACAAAGGTTGATGGCAGAACAATGAAGCACGGTTGCCTAGAA 807
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CI TGATGGTCACAAAGGTTGATGGCAGAACAATGAAGCACGGTTGCCTAGAA 867
 EF026074_PVYO_USA_CI TGATGGTCACAAAGGTTGATGGCAGAACAATGAAGCACGGTTGCCTAGAA 867
 AY745492_PVYNO_Canada_CI TGATGGTCACAAAGGTTGATGGCAGAACAATGAAGCACGGTTGCCTAGAA 867
 AJ166866_PVYNTN_Canada_CI TGGTTGTCTCAAAAGTTGATGGCAGAACAATGAAGCACGGATGCTTAGAA 867
 NBR_CI TGGTAGTCTCAAAAGTTGATGGCAGAACAATGAAGCACGGATGCTTAGAA 867

** * ** * * * * ***** ***** ***** *****

AB270705_PVYN_Japao_CI ATTGTCACAAAAGGAACCAGTGCGAGACCACATTTTGTGTAGCAACCAA 917
 AJ889867_PVYW_Alemanha_CI ATTGTCACAAAAGGAACCAGTGCGAGACCACATTTTGTGTAGCAACCAA 917
 EF026075_PVYNTN_USA_CI ATTGTCACAAAAGGAACCAGTGCGAGACCACATTTTGTGTAGCAACCAA 917
 AF522296_PVYN_Egito_CI ATTGTCACAAAAGGAACCAGTGCGAGACCACATTTTGTGTAGCAACCAA 1100

EF026076_PVYNO-USA_CI	ATTGTCACAAAAGGAACCAGTGCGAGACCACATTT-----	842
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CI	ATTGTCACAAAAGGAACCAGTGCGAGACCACATTTTGTGTAGCAACCAA	917
EF026074_PVYO_USA_CI	ATTGTCACAAAAGGAACCAGTGCGAGACCACATTTTGTGTAGCAACCAA	917
AY745492_PVYNO_Canada_CI	ATTGTCACAAAAGGAACCAGTGCGAGACCACATTTTGTGTAGCAACCAA	917
AJ166866_PVYNTN_Canada_CI	ATTGTAACGAAAGGGACTAGTGCAAAGCCACATTTTGTTCGTAGCAACTAA	917
NBR_CI	ATTGTAACGAAAGGTACTAGTGCAAAGCCACATTTTGTTCGTAGCAACTAA	917
	***** ** ***** ** ***** * *****	
AB270705_PVYN_Japao_CI	CATAATTGAGAATGGAGTGACTTTGGACATAGACGTGGTTGTAGATTTTG	967
AJ889867_PVYW_Alemanha_CI	CATAATTGAGAATGGAGTGACTTTGGACATAGACGTGGTTGTAGATTTTG	967
EF026075_PVYNTN_USA_CI	CATAATTGAGAATGGAGTGACTTTGGACATAGACGTGGTTGTAGATTTTG	967
AF522296_PVYN_Egito_CI	CATAATTGAGAATGGAGTGACTTTGGACATAGACGTGGTTGTGGACTTTG	1150
EF026076_PVYNO-USA_CI	-----	
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CI	CATAATTGAGAATGGAGTGACTTTGGACATAGACGTGGTTGTAGATTTTG	967
EF026074_PVYO_USA_CI	CATAATTGAGAATGGAGTGACTTTGGACATAGACGTGGTTGTAGATTTTG	967
AY745492_PVYNO_Canada_CI	CATAATTGAGAATGGAGTGACTTTGGACATAGACGTGGTTGTAGATTTTG	967
AJ166866_PVYNTN_Canada_CI	CATTATTGAAAATGGAGTAACTTTAGATATAGATGTAGTTGTAGATTTTG	967
NBR_CI	CATTATTGAAAATGGAGTAACTTTAGATATAGATGTAGTTGTAGATTTTG	967
AB270705_PVYN_Japao_CI	GGTTAAAAGTCTCACCGTTCCTTGGACATAGACAATAGGAGCATTGCTTAC	1017
AJ889867_PVYW_Alemanha_CI	GGTTGAAAGTCTCACCGTTCCTTGGACATTGACAATAGGAGCATTGCTTAC	1017
EF026075_PVYNTN_USA_CI	GGTTGAAAGTCTCACCGTTCCTTGGATATTGACAATAGGAGCATTGCTTAC	1017
AF522296_PVYN_Egito_CI	GGTTGAAAGTCTCACCGTTCCTTGGACATTGACAATAGGAGCATTGCTTAC	1200
EF026076_PVYNO-USA_CI	-----	
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CI	GGTTGAAAGTCTCACCGTTCCTTGGACATTGACAATAGGAGCATTGCTTAC	1017
EF026074_PVYO_USA_CI	GGTTAAAAGTCTCACCGTTCCTTGGACATTGACAATAGGAGCATTGCTTAC	1017
AY745492_PVYNO_Canada_CI	GGTTGAAAGTCTCACCGTTCCTTGGACATTGACAATAGGAGCATTGCTTAC	1017
AJ166866_PVYNTN_Canada_CI	GGCTTAAAGTCTCACCGTTTTTGTAGATATTGACAATAGGAGCATTGCATAC	1017
NBR_CI	GGCTTAAAGTCTCACCGTTTTTGTAGATATTGACAATAGGAGCATTGCATAC	1017
AB270705_PVYN_Japao_CI	AATAAGGTGAGTGTTAGCTATGGTGAGAGAATTCAAAGGCTGGGTCGTGT	1067
AJ889867_PVYW_Alemanha_CI	AATAAGGTGAGTGTTAGCTATGGTGAGAGAATTCAAAGGCTGGGTCGTGT	1067
EF026075_PVYNTN_USA_CI	AATAAGGTGAGTGTTAGCTATGGTGAGAGAATTCAAAGGTTGGGTCGTGT	1067
AF522296_PVYN_Egito_CI	AATAAGGTGAGTGTTAGCTATGGTGAGAGAATTCAAAGGCTGGGTCGTGT	1250
EF026076_PVYNO-USA_CI	-----	

AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CI AATAAGGTGAGTGTAGCTATGGTGAGAGAATTCAAAGGCTGGGTCTGT 1067
 EF026074_PVYO_USA_CI AATAAGGTGAGTGTAGCTATGGTGAGAGAATTCAAAGGCTGGGTCTGT 1067
 AY745492_PVYNO_Canada_CI AATAAGGTGAGTGTAGCTATGGTGAGAGAATTCAAAGGCTGGGTCTGT 1067
 AJ166866_PVYNTN_Canada_CI AATAAGATTAGTGTAGCTATGGAGAAAAGAATTCAGAGGTTGGGTCTGT 1067
 NBR_CI AATAAGATTAGTGTAGCTATGGAGAAAAGAATTCAGAGGTTGGGCCGTGT 1067

AB270705_PVYN_Japao_CI TGGACGCTTCAAGAAAGGAGTAGCATTGCGCATTGGACACACTGAGAAGG 1117
 AJ889867_PVYW_Alemanha_CI TGGACGCTTCAAGAAAAG----- 1084
 EF026075_PVYNTN_USA_CI TGGACGCTTCAAGAAAGGAGTAGCATTGCGCATTGGACACACTGAGAAGG 1117
 AF522296_PVYN_Egito_CI TGGACGCTTCAAGAAAGGAGTAGCATTGCGCATTGGACACACTGAAAAGG 1300
 EF026076_PVYNO-USA_CI -----
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CI TGGACGCTTCAAGAAAGGAGTAGCATTGCGCATTGGACACACTGAGAAGG 1117
 EF026074_PVYO_USA_CI TGGACGCTTCAAGAAAGGAGTAGCATTGCGCATTGGACACACTGAGAAGG 1117
 AY745492_PVYNO_Canada_CI TGGACGCTTCAAGAAAGGAGTAGCATTGCGCATTGGACACACTGAGAAGG 1117
 AJ166866_PVYNTN_Canada_CI TGGGCGCTTTAAGAAGGGAGTGGCATTGCGTATTGGGCACACCGAAAAGG 1117
 NBR_CI TGGGCGCTTTAAGAAGGGAGTGGCATTGCGAATTGGACGCACTGAGAAGG 1117

AB270705_PVYN_Japao_CI GAATTATTGAAATTCCAAGCATGATCGCTACAGAGGCGGCTCTTGCTTGC 1167
 AJ889867_PVYW_Alemanha_CI -----CTACAGAGGCGGCTCTTGCTTGC 1107
 EF026075_PVYNTN_USA_CI GAATTATTGAAATTCCAAGCATGATCGCTACAGAGGCGGCTCTTGCTTGC 1167
 AF522296_PVYN_Egito_CI GAATTATTGAAATTCCAAGCATGGTTCGCTACTGAGGCGGCTCTTGCTTGC 1350
 EF026076_PVYNO-USA_CI -----
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CI GAATTATTGAAATTCCAAGCATGATCGCTACAGAGGCGGCTCTTGCTTGC 1167
 EF026074_PVYO_USA_CI GAATTATTGAAATTCCAAGCATGATCGCTACAGAGGCGGCTCTTGCTTGC 1167
 AY745492_PVYNO_Canada_CI GAATTATTGAAATTCCAAGCATGATCGCTACAGAGGCGGCTCTTGCTTGC 1167
 AJ166866_PVYNTN_Canada_CI GAATTATTGAGATTCCAAGTATGATTGCTAGTGAAGCTGCGCTTGCGTGC 1167
 NBR_CI GAATTATTGAAATTCCAAGCATGATCGCTACAGAGGCGGCTCTTGCTTGC 1167

AB270705_PVYN_Japao_CI TTTGCATATAACTTGCCAGTGTGATGACAGGAGGCGTCTCAACTAGTCTGAT 1217
 AJ889867_PVYW_Alemanha_CI TTTGCATATAACTTGCCAGTGTGATGACAGGAGGCGTCTCAACTAGTCTGAT 1157
 EF026075_PVYNTN_USA_CI TTTGCATATAACTTGCCAGTGTGATGACAGGAGGCGTCTCAACTAGTCTGAT 1217
 AF522296_PVYN_Egito_CI TTTGCATATAACTTGCCAGTGTGATGACAGGAGGCGTCTCAACTAGTCTGAT 1400
 EF026076_PVYNO-USA_CI -----
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CI TTTGCATATAACTTGCCAGTGTGATGACAGGAGGCGTCTCAACTAGTCTGAT 1217

EF026074_PVYO_USA_CI TTTGCATATAACTTACCAGTGATGACAGGAGGCGTCTCAACTAGTCTGAT 1217
AY745492_PVYNO_Canada_CI TTTGCATATAACTTGCCAGTGATGACAGGAGGCGTCTCAACTAGTCTGAT 1217
AJ166866_PVYNTN_Canada_CI TTTGCATACAATTTGCCAGTAATGACAGGGGGTGTTCACACTAGCCTCAT 1217
NBR_CI TTTGCATATAACTTGCCAGTGATGACAGGAGGCGTCTCAACTAGTCTGAT 1217

AB270705_PVYN_Japao_CI TGGCAATTGTACTGTGCGCCAAGTTAAAACAATGCAGCAATTTGAATTGA 1267
AJ889867_PVYW_Alemanha_CI TGGCAATTGTACTGTGCGCCAAGTTAAAACAATGCAGCAATTTGAATTGA 1207
EF026075_PVYNTN_USA_CI TGGCAATTGCACTGTGCGCCAAGTTAAAACAATGCAGCAATTTGAATTGA 1267
AF522296_PVYN_Egito_CI TGGCAATTGTACTGTGCGCCAGTTAAAACAATGCAGCAATTTGAATTGA 1450
EF026076_PVYNO-USA_CI -----
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CI TGGCAATTGTACTGTGCGCCAAGTTAAAACAATGCAGCAATTTGAATTGA 1267
EF026074_PVYO_USA_CI TGGCAATTGTACTGTGCGCCAAGTTAAAACAATGCAGCAATTTGAATTGA 1267
AY745492_PVYNO_Canada_CI TGGCAATTGTACTGTGCGCCAAGTTAAAACAATGCAGCAATTTGAATTGA 1267
AJ166866_PVYNTN_Canada_CI TGGCAATTGTACTGTTCGTCAAAGTCAAACTATGCAACAATTTGAGCTGA 1267
NBR_CI TGGCAATTGTACTGTGCGCCAAGTTAAAACAATGCAGCAATTTGAATTGA 1267

AB270705_PVYN_Japao_CI GTCCCTTCTTTATCCAGAATTTTCGTTGCCACGATGGATCAATGCATCCT 1317
AJ889867_PVYW_Alemanha_CI GTCCCTTCTTTATCCAGAATTTTCGTTGCCACGATGGATCAATGCATCCT 1257
EF026075_PVYNTN_USA_CI GTCCCTTCTTTATCCAGAATTTTCGTTGCCACGATGGATCAATGCATCCT 1317
AF522296_PVYN_Egito_CI GTCCCTTCTTTATCCAGAATTTTCGTTGCTCATGATGGATCAATGCATCCT 1500
EF026076_PVYNO-USA_CI -----
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CI GTCCCTTCTTTATCCAGAATTTTCGTTGCCACGATGGATCAATGCATCCT 1317
EF026074_PVYO_USA_CI GTCCCTTCTTTATCCAGAATTTTCGTTGCCATGATGGATCAATGCATCCT 1317
AY745492_PVYNO_Canada_CI GTCCCTTCTTTATCCAGAATTTTCGTTGCCATGATGGATCAATGCATCCT 1317
AJ166866_PVYNTN_Canada_CI GTCCATTCTTTATACAAAATTTTGTGGCCATGATGGATCAATGCATCCA 1317
NBR_CI GTCCCTTCTTTATCCAGAATTTTCGTTGCCACGATGGATCAATGCATCCT 1317

AB270705_PVYN_Japao_CI GTCATACATGACATTCTTAAAAAGTATAAACTTCGAGATTGTATGACACC 1367
AJ889867_PVYW_Alemanha_CI GTCATACATGACATTCTTAAAAAGTATAAACTTCGAGATTGTATGACACC 1307
EF026075_PVYNTN_USA_CI GTCATACATGACATTCTTAAAAAGTATAAACTTCGAGATTGTATGACACC 1367
AF522296_PVYN_Egito_CI GTCATACATGACATTCTTAAAAAGTATAAACTTCGAGATTGTATGACGCC 1550
EF026076_PVYNO-USA_CI -----
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CI GTCATACATGACATTCTTAAAAAGTATAAACTTCGAGATTGTATGACACC 1367
EF026074_PVYO_USA_CI GTCATACATGACATTCTTAAAAAGTATAAACTTCGAGATTGTATGACACC 1367

AY745492_PVYNO_Canada_CI GTCATACATGACATTCTTAAAAAGTATAAACTTCGAGATTGTATGACACC 1367
AJ166866_PVYNTN_Canada_CI GTCATACATGACATTCTTAAAGAAGTATAAACTGCGAGATTGTATGACGCC 1367
NBR_CI GTCATACATGACATTCTTAAAAAGTATAAACTTCGAGATTGTATGACACC 1367

AB270705_PVYN_Japao_CI TTTGTGCGATCAGTCTATAACCATACAGGGCATCGAGCACTTGGTTATCGG 1417
AJ889867_PVYW_Alemanha_CI TTTGTGCGATCAGTCTATAACCATACAGGGCATCGAGCACTTGGTTATCGG 1357
EF026075_PVYNTN_USA_CI TTTGTGCGATCAGTCTATAACCATACAGGGCATCGAGCACTTGGTTATCGG 1417
AF522296_PVYN_Egito_CI TTTGTGCGATCAGTCTATAACCATACAGGGCATCGAGTACTTGGTTATCGG 1600
EF026076_PVYNO-USA_CI -----
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CI TTTGTGCGATCAGTCTATAACCATACAGGGCATCGAGCACTTGGTTATCGG 1417
EF026074_PVYO_USA_CI TTTGTGCGATCAGTCTATAACCATACAGGGCATCGAGCACTTGGTTATCGG 1417
AY745492_PVYNO_Canada_CI TTTGTGCGATCAGTCTATAACCATACAGGGCATCGAGCACTTGGTTATCGG 1417
AJ166866_PVYNTN_Canada_CI CTTGTGTGATCAATCCATACCTTACAGAGCCTCAAGCACTTGGTTGTCTG 1417
NBR_CI TTTGTGCGATCAGTCTATAACCATACAGGGCATCGAGCACTTGGTTATCGG 1417

AB270705_PVYN_Japao_CI TTAGTGAATATGAGCGACTTGGAGTGGCCTTAGAAAATTCCAAAGCAAGTC 1467
AJ889867_PVYW_Alemanha_CI TTAGTGAATATGAGCGACTTGGAGTGGCCTTAGAAAATTCCAAAGCAAGTC 1407
EF026075_PVYNTN_USA_CI TTAGTGAATATGAGCGACTTGGAGTGGCCTTAGAAAATTCCAAAGCAAGTC 1467
AF522296_PVYN_Egito_CI TTAGTGAATATGAGCGACTTGGAGTGGCCTTAGAAAATTCCAAAGCAAGTC 1650
EF026076_PVYNO-USA_CI -----
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CI TTAGTGAATATGAGCGACTTGGAGTGGCCTTAGAAAATTCCAAAGCAAGTC 1467
EF026074_PVYO_USA_CI TTAGTGAATATGAGCGACTTGGAGTGGCCTTAGAAAATTCCAAAGCAAGCC 1467
AY745492_PVYNO_Canada_CI TTAGTGAATATGAGCGACTTGGAGTGGCCTTAGAAAATTCCAAAGCAAGTC 1467
AJ166866_PVYNTN_Canada_CI TTGGTGAGTACGAACGACTCGGAGTGGTTTTGGACATTCCAAAACAGATC 1467
NBR_CI TTAGTGAATATGAGCGACTTGGAGTGGCCTTAGAAAATTCCAAAGCAAGTC 1467

AB270705_PVYN_Japao_CI AAAATTGCATTCCATATCAAAGAGATCCCTCCTAAGCTCCACGAAATGCT 1517
AJ889867_PVYW_Alemanha_CI AAAATTGCATTCCATATCAAAGAGATCCCTCCTAAGCTCCACGAAATGCT 1457
EF026075_PVYNTN_USA_CI AAAATTGCATTCCATATCAAAGAGATCCCTCCTAAGCTCCACGAAATGCT 1517
AF522296_PVYN_Egito_CI AAAATTGCATTCCATATCAAAGAGATCCCTCCTAAGCTCCACGAAATGCT 1700
EF026076_PVYNO-USA_CI -----
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CI AAAATTGCATTCCATATCAAAGAGATCCCTCCTAAGCTCCACGAAATGCT 1517
EF026074_PVYO_USA_CI AAAATTGCATTCCATATCAAAGAGATCCCTCCTAAGCTCCACGAAATGCT 1517
AY745492_PVYNO_Canada_CI AAAATTGCATTCCATATCAAAGAGATCCCTCCTAAGCTCCACGAAATGCT 1517

AJ166866_PVYNTN_Canada_CI NBR_CI	AAGATTGCATTCCACATCAAGGACATCCCTTCTAAGTTGCATGAAATGCT 1517 AAAATCGCATTCCATATCAAAGAGATCCCTCCTAAGCTCCACGAAATGCT 1517
AB270705_PVYN_Japao_CI AJ889867_PVYW_Alemanha_CI EF026075_PVYNTN_USA_CI AF522296_PVYN_Egito_CI EF026076_PVYNO-USA_CI AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CI EF026074_PVYO_USA_CI AY745492_PVYNO_Canada_CI AJ166866_PVYNTN_Canada_CI NBR_CI	TTGGGAAACGGTTGTCAAGTACAAAGACGTTTGCTTATTTCCAAGCATT 1567 TTGGGAAACGGTTGTCAAGTACAAAGACGTTTGCTTATTTCCAAGCATT 1507 TTGGGAAACGGTTGTCAAGTACAAAGACGTTTGCTTATTTCCAAGCATT 1567 TTGGGAAACGGTTGTCAAGTACAAAGACGTTTGCTTATTTCCAAGCATT 1750 ----- TTGGGAAACGGTTGTCAAGTACAAAGACGTTTGCTTATTTCCAAGCATT 1567 TTGGGAAACGGTTGTCAAGTACAAAGACGTTTGCTTATTTCCAAGCATT 1567 TTGGGAAACGGTTGTCAAGTACAAAGACGTTTGCTTATTTCCAAGCATT 1567 TTGGGAAACAGTTATTAATAACAAGGATGTGTGTTTGTTCAGTATT 1567 TTGGGAAACGGTTGTGAGTACAAAGACGTTTGCTTATTTCCAAGCATT 1567
AB270705_PVYN_Japao_CI AJ889867_PVYW_Alemanha_CI EF026075_PVYNTN_USA_CI AF522296_PVYN_Egito_CI EF026076_PVYNO-USA_CI AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CI EF026074_PVYO_USA_CI AY745492_PVYNO_Canada_CI AJ166866_PVYNTN_Canada_CI NBR_CI	GAGCATCGTCCATCAGCAAAATCGCATAACACATTGCGTACAGACCTCTTC 1617 GAGCATCGTCCATCAGCAAAATCGCATAACACATTGCGTACAGACCTCTTC 1557 GAGCATCGTCCATCAGCAAAATCGCATAACACATTGCGTACAGACCTCTTC 1617 GAGCATCGTCCATCAGCAAAATCGCATAACACATTGCGTACAGATCTCTTC 1800 ----- GAGCATCGTCCATCAGCAAAATCGCATAACACATTGCGTACAGACCTCTTC 1617 GAGCATCGTCCATCAGCAAAATCGCATAACACATTGCGTACAGACCTCTTC 1617 GAGCATCGTCCATCAGCAAAATCGCATAACACATTGCGTACAGACCTCTTC 1617 GGGCTTCATCCATTAGCAAAATCGCATAACACACTGCGCACTGATCTTTTT 1617 GAGCATCGTCCATCAGCAAAATCGCATAACACATTGCGTACAGACCTCTTC 1617
AB270705_PVYN_Japao_CI AJ889867_PVYW_Alemanha_CI EF026075_PVYNTN_USA_CI AF522296_PVYN_Egito_CI EF026076_PVYNO-USA_CI AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CI EF026074_PVYO_USA_CI AY745492_PVYNO_Canada_CI AJ166866_PVYNTN_Canada_CI	GCCATCCCAAGAACTCTAATATTGGTGGAGAGACTGCTTGAAGAGGAGCG 1667 GCCATCCCAAGAACTCATATATTGGTGGAGAGACTGCTTGAAGAGGAGCG 1607 GCCATCCCAAGAACTCTAATATTGGTAGAGAGACTGCTTGAAGAGGAGCG 1667 GCCATCCCAAGAACTCTAATATTGGTGGAGAGATTGCTTGAAGAGGAGCG 1850 ----- GCCATCCCAAGAACTCATATATTGGTGGAGAGACTGCTTGAAGAGGAGCG 1667 GCCATCCCAAGAACTCTAATATTGGTGGAGAGACTGCTTGAAGAGGAGCG 1667 GCCATCCCAAGAACTCTAATATTGGTGGAGAGACTGCTTGAAGAGGAGCG 1667 GCAATCCCAGAACCCCTAATTCAGTTGAAAGATTGCTCGAGGAGGAACG 1667

NBR_CI	GCCATCCCAAGAACTCTAATATTGGTGGAGAGACTGCTTGAAGAGGAGCG	1667
AB270705_PVYN_Japao_CI	AGTGAAGCAGAGCCAATTCAGAAGTCTCATCGACGAAGGATGCTCAAGCA	1717
AJ889867_PVYW_Alemanha_CI	ATTGAAGCAGAGCCAAT-----	1624
EF026075_PVYNTN_USA_CI	AGTGAAGCAGAGCCAATTCAGAAGTCTCATCGACGAAGGATGCTCAAGCA	1717
AF522296_PVYN_Egito_CI	AGTGAAGCAGAGCCAAT-----	1867
EF026076_PVYNO-USA_CI	-----	
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CI	ATTGAAGCAGAGCCAAT-----	1684
EF026074_PVYO_USA_CI	AGTGAAGCAGAGCCAAT-----	1684
AY745492_PVYNO_Canada_CI	AGTGAAGCAGAGCCAAT-----	1684
AJ166866_PVYNTN_Canada_CI	AGTGAAACAGAGCCAATTTAGAAAGTTTCATTGATGAAGGATGCTCAAGTA	1717
NBR_CI	AGTGAAGCAGAGCCAATTCAGAAGTCTCATTGACGAAGGATGCTCAAGCA	1717
AB270705_PVYN_Japao_CI	TGTTTTCAATTGTCAACTTGACAAACACTCTCAGAGCTAGATATGCAAAA	1767
AJ889867_PVYW_Alemanha_CI	-----CTCTCAGAGCTAGATATGCAAAA	1647
EF026075_PVYNTN_USA_CI	TGTTTTCAATTGTCAACTTGACAAACACTCTCAGAGCTAGATATGCAAAA	1767
AF522296_PVYN_Egito_CI	-----TCAGAAGTCTCATCGATGAAG	1888
EF026076_PVYNO-USA_CI	-----	
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CI	-----TCAGAAGTCTCATCGACGAAG	1705
EF026074_PVYO_USA_CI	-----TCAGAAGTCTCATCGATGAAG	1705
AY745492_PVYNO_Canada_CI	-----TCAGAAGTCTCATCGACGAAG	1705
AJ166866_PVYNTN_Canada_CI	TGTTTTCAATTGTTAATTTAACAAACACTCTTAGAGCTAGATATGCAAAG	1767
NBR_CI	TGTTTTCAATTGTGCGACTTGACAAACACTCTCAGAGCTAGATATGCAAAA	1767
AB270705_PVYN_Japao_CI	GATTACACCGCAGAGAATATACAAAAACTTGAGAAAAGTGAGAAGTCAATT	1817
AJ889867_PVYW_Alemanha_CI	GATTACACCGCAGAGAATATACAAAGACTTGAGAAAAGTGAGAAGTCAATT	1697
EF026075_PVYNTN_USA_CI	GATTACACCGCAGAGAATATACAAAAACTTGAGAAAAGTGAGAAGTCAATT	1817
AF522296_PVYN_Egito_CI	GGTGCTCAAGCATG-----	1902
EF026076_PVYNO-USA_CI	-----	
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CI	GATGCTCAAGCATGTTTTCAATTGTCAACTTGACAAACACTCTCAGAGCT	1755
EF026074_PVYO_USA_CI	GATGCTCAAGCATGTTTTCAATTGTCAACCTGACAAACACTCTCAGAGCT	1755
AY745492_PVYNO_Canada_CI	GATGCTCAAGCATGTTTTCAATTGTCAACTTGACAAACACTCTCAGAGCT	1755
AJ166866_PVYNTN_Canada_CI	GATTACACTGCAGAAAACATACAGAAGCTCGAGAAAAGTGAGGAGTCAGTT	1817
NBR_CI	GATTACACCGCAGAGAATATACAAAAACTTGAGAAAAGTGAGAAGTCAATT	1817

AB270705_PVYN_Japao_CI	GAAAGAATTCTCAAATTTGGATGGTTCTGCATGTGAGGAAAATTTAATAA	1867
AJ889867_PVYW_Alemanha_CI	GAAAGAATTCTCAAATTTGGATGGTTCTGCATGTGAGGAAAATTTAATAA	1747
EF026075_PVYNTN_USA_CI	GAAAGAATTCTCAAATTTGGATGGTTCTGCATGTGAGGAAAATTTAATAA	1867
AF522296_PVYN_Egito_CI	-----	
EF026076_PVYNO-USA_CI	-----	
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CI	AGATATGCAAAAAGATTACACCGCAGAGAATATACAAAAGACTTGAGAAAAG-	1804
EF026074_PVYO_USA_CI	AGATATGCAAAAAGATTACACCGCAGAGAACATACAAAAACTTGAGAAAAGT	1805
AY745492_PVYNO_Canada_CI	AGATATGCAAAAAGATTACACCGCAGAGAACATACAAAAACTTGAGAAAAGT	1805
AJ166866_PVYNTN_Canada_CI	AAAGGAGTTCTCAAATTTAAATGGCTCTGCATGCGAGGAGAACTTAATGA	1867
NBR_CI	GAAAGAATTCTCAAATTTGGATGGTTCTGCATGTGAGGAAAATTTAATAA	1867

AB270705_PVYN_Japao_CI	AGAGGTATGAGTCTTTGCAGTTCGTTTCATCACCAA-----	1902
AJ889867_PVYW_Alemanha_CI	AGAGGTACGAGTCTTTGCAGTTCGTTTCATCACCAA-----	1782
EF026075_PVYNTN_USA_CI	AGAGGTATGAGTCTTTGCAGTTCGTTTCATCACCAA-----	1902
AF522296_PVYN_Egito_CI	-----	
EF026076_PVYNO-USA_CI	-----	
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CI	-----	
EF026074_PVYO_USA_CI	GAGAAGTCAATTGAAAGAATTCTCAAATTTGGATGGTTCTGCATGTGAGG	1855
AY745492_PVYNO_Canada_CI	GAGAAGTCAATTGAAAGAATTCTCAAATTTGGATGGTTCTGCATGTGAGG	1855
AJ166866_PVYNTN_Canada_CI	AGAGGTATGAATCTCTACAGTTTGTGCATCATCAA-----	1902
NBR_CI	AGAGGTATGAGTCTTTGCAGTTCGTTTCATCACCAA-----	1902

AB270705_PVYN_Japao_CI	-----	
AJ889867_PVYW_Alemanha_CI	-----	
EF026075_PVYNTN_USA_CI	-----	
AF522296_PVYN_Egito_CI	-----	
EF026076_PVYNO-USA_CI	-----	
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CI	-----	
EF026074_PVYO_USA_CI	AAAATTTAATAAAGAGGTATGAGTCTTTGCAGTTCGTTTCATCACCAA	1902
AY745492_PVYNO_Canada_CI	AAAATTTAATAAAGAGGTATGAGTCTTTGCAGTTCGTTTCATCACCAA	1902
AJ166866_PVYNTN_Canada_CI	-----	
NBR_CI	-----	

CLUSTAL 2.0.8 multiple sequence alignment

```

AY745492_PVYNO_Canada_6K2      ---GCTGCGACGTCACCTTGCAAAGGATCTCAAGTTGAAGGGGACTTGGAA 47
EF026076_PVYNO-USA_6K2        ---GCTGCGACGTCACCTTGCAAAGGATCTCAAGTTGAAGGGGACTTGGAA 47
EF026074_PVYO_USA_6K2         ---GCTGCGACGTCACCTTGCAAAGGATCTCAAGTTAAAGGGGACTTGGAA 47
AB270705_PVYN_Japao_6K2       ---GCTGCGACGTCACCTTGCAAAGGATCTCAAGTTGAAGGGGACCTGGAA 47
OBR_6K2                        ---GCTGCGACGTCACCTTGCAAAGGATCTCAAGTTGAAGGGGACTTGGAA 47
ITA_6K2                         ---GCTGCGACATCACTTGCAAAGGATCTCAAGTTGAAGGGGACTTGGAA 47
NBR_6K2                         ---GCTGCGACATCACTTGCAAAGGATCTCAAGTTGAAGGGGACTTGGAA 47
EF026075_PVYNTN_USA_6K2       ---GCCGCGACGTCACCTTGCAAAGGATCTCAAGTTGAAGGGGACTTGGAA 47
VGS_6K2                         -----GCAAAGGATCTCAAGTTGAAGGGGACTTGGAA 32
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_6K2  ---GCTACGACGTCACCTTGCAAAGGATCTCAAGTTGAAGGGGACTTGGAA 47
AJ889867_PVYW_Alemanha_6K2    ---GCTACGACGTCACCTTGCAAAGGATCTCAAGTTGAAGGGGACTTGGAA 47
AJ166866_PVYNTN_Canada_6K2    ---GCAACAACCTTCACTCGCAAAGGATTTGAAGTTGAAAGGAGTTTGGAA 47
AF522296_PVYN_Egito_6K2       TTTTCAATTGTAACTTAACCAACACTCTCAGA--GCTAGATATGCAAAA 48
                                   *  **   *  *  *           *           **

```

```

AY745492_PVYNO_Canada_6K2      GAAGTCATTAGTGGCCAAAGACTTGATCAT-AGCAGGCGCTGTTGCAATT 96
EF026076_PVYNO-USA_6K2        GAAGTCATTAGTGGCCAAAGACTTGATCAT-AGCAGGCGCTGTTGCAATT 96
EF026074_PVYO_USA_6K2         GAAGTCATTAGTGGCCAAAGACTTGATCAT-AGCAGGCGCTGTTGCAATT 96
AB270705_PVYN_Japao_6K2       GAAGTCATTAGTGGCCAAAGACTTGATCAT-AGCAGGCGCTGTTGCAATT 96
OBR_6K2                        GAAGTCATTAGTGGCTAAAGACTTGATCAT-AGCAGGCGCTGTTGCAATT 96
ITA_6K2                         GAAGTCATTAGTGGCCAAAGACTTGATCAT-AGCAGGCGCTGTTGCAATT 96
NBR_6K2                         GAAGTCATTAGTGGCCAAAGACTTGATCAT-AGCAGGCGCTGTTGCAATT 96
EF026075_PVYNTN_USA_6K2       GAAGTCATTAGTGGCCAAAGACTTGATCAT-AGCAGGCGCTGTTGCAATT 96
VGS_6K2                         GAAGTCATTAGTGGCCAAAGATTTGATCAT-AGCAGGCGCTGTTGCAATT 81
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_6K2  GAAGTCATTAGTGGCCAAAGACTTGATCAT-AGCAGGCGCTGTTGCAATT 96
AJ889867_PVYW_Alemanha_6K2    GAAGTCATTAGTGGCCAAAGACTTGATCAT-AGCAGGCGCTGTTGCAATT 96
AJ166866_PVYNTN_Canada_6K2    GAAGTCACTAGTTGTGCAGGACCTAATTAT-AGCGGGTGCCGTTGCTATC 96
AF522296_PVYN_Egito_6K2       GATTACCCGCAGAGAACATACAAAACCTTGAGAAGGTGAGAAGTCAACT 98
**   **                               *   *   *  **  ** *   *  *

```

```

AY745492_PVYNO_Canada_6K2      GGTGGAATAGGACTCATATATAGTTGGTTCACACAATCAGTTGAGACTGT 146
EF026076_PVYNO-USA_6K2        GGTGGAATAGGACTCATATATAGTTGGTTCACACAATCAGTTGAGACTGT 146
EF026074_PVYO_USA_6K2         GGTGGAATAGGACTCATATATAGTTGGTTCACACAATCAGTTGAGACTGT 146
AB270705_PVYN_Japao_6K2       GGTGGAATAGGACTCATATATAGTTGGTTCACACAATCAGTTGAGACTGT 146

```

OBR_6K2	GGTGGGAATAGGACTCATATATAGTTGGTTCACACAATCAGTTGAGACTGT	146
ITA_6K2	GGTGGGAATAGGACTCATATATAGTTGGTTCACACAATCAGTTGAGACTGT	146
NBR_6K2	GGTGGGAATAGGACTCATATATAGTTGGTTCACACAATCAGTTGAGACTGT	146
EF026075_PVYNTN_USA_6K2	GGTGGGAATAGGACTCATATATAGTTGGTTCACACAATCAGTTGAGACTGT	146
VGS_6K2	GGTGGGAATAGGACTCATATATAGTTGGTTCACACAATCAGTTGAGGCTGT	131
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_6K2	GGTGGTATAGGGCTCATATATAGTTGGTTCACACAATCAGTTGAGACTGT	146
AJ889867_PVYW_Alemanha_6K2	GGTGGTATAGGGCTCATATATAGTTGGTTCACACAATCAGTTGAGACTGT	146
AJ166866_PVYNTN_Canada_6K2	GGTGGGAATAGGGCTTATCTATAGTTGGTTTACTCAATCAGTTGAAACTGT	146
AF522296_PVYN_Egito_6K2	AAAAGAAT---TCTCAAATTTGGATGGTTCTGCATGTGAG--GAGAATTT	143
	* ** ** * * * * * * * * * ** * * * *	

AY745492_PVYNO_Canada_6K2	GTCTCACCAA---	156
EF026076_PVYNO-USA_6K2	GTCTCACCAA---	156
EF026074_PVYO_USA_6K2	GTCTCACCAA---	156
AB270705_PVYN_Japao_6K2	GTCTCACCAA---	156
OBR_6K2	GTCTCACCAA---	156
ITA_6K2	GTCTCACCAA---	156
NBR_6K2	GTCTCACCAA---	156
EF026075_PVYNTN_USA_6K2	GTCTCACCAA---	156
VGS_6K2	GTCTCACCAAG--	142
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_6K2	GTCTCACCAA---	156
AJ889867_PVYW_Alemanha_6K2	GTCTCACCAA---	156
AJ166866_PVYNTN_Canada_6K2	GTCTCACCAG---	156
AF522296_PVYN_Egito_6K2	AATAAAGAGGTAT	156
	*	

CLUSTAL 2.0.8 multiple sequence alignment

```
NBR_VPg -----  
ITA_VPg -----  
EF026075_PVYNTN_USA_VPg -----  
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_VPg -----  
AJ889867_PVYW_Alemanha_VPg -----  
AJ166866_PVYNTN_Canada_VPg -----  
VGS_VPg -----  
AB270705_PVYN_Japao_VPg -----  
AY745492_PVYNO_Canada_VPg -----  
EF026074_PVYO_USA_VPg -----  
OBR_VPg -----  
AF522296_PVYN_Egito_VPg GAGTCGTTGCAGTTCGTTTCATCACCAAGCTGCGACGTCCTTGCAAAGGA 50  
EF026076_PVYNO-USA_VPg GAGTCGTTGCAGTTCGTTTCATCACCAAGCTGCGACGTCCTTGCAAAGGA 50
```

```
NBR_VPg -----  
ITA_VPg -----  
EF026075_PVYNTN_USA_VPg -----  
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_VPg -----  
AJ889867_PVYW_Alemanha_VPg -----  
AJ166866_PVYNTN_Canada_VPg -----  
VGS_VPg -----  
AB270705_PVYN_Japao_VPg -----  
AY745492_PVYNO_Canada_VPg -----  
EF026074_PVYO_USA_VPg -----  
OBR_VPg -----  
AF522296_PVYN_Egito_VPg TCTCAAGTTGAAGGGGATTTGGAACAAGTCATTAGTGGCTAAAGACTTGA 100  
EF026076_PVYNO-USA_VPg TCTCAAGTTGAAGGGGATTTGGAACAAGTCATTAGTGGCTAAAGACTTGA 100
```

```
NBR_VPg -----  
ITA_VPg -----  
EF026075_PVYNTN_USA_VPg -----  
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_VPg -----
```

```

AJ889867_PVYW_Alemanha_VPg -----
AJ166866_PVYNTN_Canada_VPg -----
VGS_VPg -----
AB270705_PVYN_Japao_VPg -----
AY745492_PVYNO_Canada_VPg -----
EF026074_PVYO_USA_VPg -----
OBR_VPg -----
AF522296_PVYN_Egito_VPg TCATAGCAGGCGCTGTTGCAATTGGTGGAAATAGGACTCATATATAGTTGG 150
EF026076_PVYNO-USA_VPg TCATAGCAGGCGCTGTTGCAATTGGTGGAAATAGGACTCATATATAGTTGG 150

```

```

NBR_VPg -----GGGAAAAATAAATCCAA 17
ITA_VPg -----GGGAAAAATAAATCCAA 17
EF026075_PVYNTN_USA_VPg -----GGGAAAAATAAATCCAA 17
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_VPg -----GGGAAAAATAAATCCAA 17
AJ889867_PVYW_Alemanha_VPg -----GGGAAAAATAAATCCAA 17
AJ166866_PVYNTN_Canada_VPg -----GGCAAGAACAAATCCAA 17
VGS_VPg -----GGAAAAATAAATCCAA 16
AB270705_PVYN_Japao_VPg -----GGGAAAATAAATCCAA 17
AY745492_PVYNO_Canada_VPg -----GGGAAAAATAAATCCAA 17
EF026074_PVYO_USA_VPg -----GGGAAAAATAAATCCAA 17
OBR_VPg -----GGGAAAAATAAATCCAA 17
AF522296_PVYN_Egito_VPg TTCACACAATCAGTTGAGACTGTGTCTCATCAAGGGAAAAATAAATCCAA 200
EF026076_PVYNO-USA_VPg TTCACACAATCAGTTGAGACTGTGTCTCATCAAGGGAAAAATAAATCCAA 200
* * * * *

```

```

NBR_VPg AAGAATTCAAGCCTTGAAGTTTCGCCATGCTCGTGACAAAAGGGCTGGCT 67
ITA_VPg AAGAATTCAAGCCTTGAAGTTTCGCCATGCTCGTGACAAAAGGGCTGGCT 67
EF026075_PVYNTN_USA_VPg AAGAATTCAAGCCTTGAAGTTTCGCCATGCTCGTGACAAAAGGGCTGGCT 67
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_VPg AAGAATTCAAGCCTTGAAGTTTCGCCATGCTCGTGACAAAAGGGCTGGCT 67
AJ889867_PVYW_Alemanha_VPg AAGAATTCAAGCCTTGAAGTTTCGCCATGCTCGTGACAAAAGGGCTGGCT 67
AJ166866_PVYNTN_Canada_VPg AAGAATTCAAGCATTGAAGTTTCGACATGCCCGCGATAAGAGGGCTGGCT 67
VGS_VPg AAGAATTCAAGCCTTGAAGTTTCGCCATGCTCGTGACAAAAGGGCTGGCT 66
AB270705_PVYN_Japao_VPg AAGAATTCAAGCCTTGAAGTTTCGCCATGCTCGTGACAAAAGGGCTGGCT 67
AY745492_PVYNO_Canada_VPg AAGAATTCAAGCCTTGAAGTTTCGCCATGCTCGTGACAAAAGGGCTGGCT 67
EF026074_PVYO_USA_VPg AAGAATTCAAGCCTTGAAGTTTCGCCATGCTCGTGACAAAAGGGCTGGCT 67
OBR_VPg AAGAATCCAAGCCTTGAAGTTTCGTCATGCTCGTGACAAAAGGGCTGGCT 67

```

```

AF522296_PVYN_Egito_VPg      AAGAATCCAAGCCTTGAAGTTTCGCCATGCTCGTGACAAAAGGGCTGGCT 250
EF026076_PVYNO-USA_VPg      AAGAATCCAAGCCTTGAAGTTTCGCCATGCTCGTGACAAAAGGGCTGGCT 250
***** ***** ***** ** ** ** *****

NBR_VPg                      TTGAAATTGACAACAATGATGACACAATAGAGGAATTCTTTGGATCTGCA 117
ITA_VPg                      TTGAAATTGACAACAATGATGACACAATAGAGGAATTCTTTGGATCTGCA 117
EF026075_PVYNTN_USA_VPg    TTGAAATTGACAACAATGATGACACAATAGAGGAATTCTTTGGATCTGCA 117
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_VPg  TTGAAATTGACAACAATGATGACACAATAGAGGAATTCTTTGGATCTGCA 117
AJ889867_PVYW_Alemanha_VPg  TTGAAATTGACAACAATGATGACACAATAGAGGAATTCTTTGGATCTGCA 117
AJ166866_PVYNTN_Canada_VPg  TTGAAATTGATAACAATGATGATACAATAGAAGAATTCTTTGGATCTGCA 117
VGS_VPg                      TTGAAATTGACAACAATGATGACACAATAGAGGAATTCTTTGGATCTGCA 116
AB270705_PVYN_Japao_VPg    TTGAAATTGACAACAATGATGACACAATAGAGGAATTCTTTGGATCTGCA 117
AY745492_PVYNO_Canada_VPg  TTGAAATTGACAACAATGATGACACAATAGAGGAATTCTTTGGATCTGCA 117
EF026074_PVYO_USA_VPg     TTGAAATTGACAACAATGATGACACAATAGAGGAATTCTTTGGATCTGCA 117
OBR_VPg                      TTGAAATTGACAACAATGATGACACAATAGAGGAATTCTTTGGATCTGCA 117
AF522296_PVYN_Egito_VPg    TTGAAATTGACAACAATGATGACACAATAGAGGAATTCTTCGGATCTGCA 300
EF026076_PVYNO-USA_VPg    TTGAAATTGACAACAATGATGACACAATAGAGGAATTCTTCGGATCTGCA 300
***** ***** ***** ***** *****

NBR_VPg                      TACAGGAAGAAGGGAAAAGGGTAAAGGCACCCTGTTGGTATGGGCAAGTC 167
ITA_VPg                      TACAGGAAGAAGGGAAAAGGGTAAAGGCACCCTGTTGGTATGGGCAAGTC 167
EF026075_PVYNTN_USA_VPg    TACAGGAAGAAGGGAAAAGGGTAAAGGCACCCTGTTGGTATGGGCAAGTC 167
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_VPg  TACAGGAAGAAGGGAAAAGGGTAAAGGCACCCTGTTGGTATGGGCAAGTC 167
AJ889867_PVYW_Alemanha_VPg  TACAGGAAGAAGGGAAAAGGGTAAAGGCACCCTGTTGGTATGGGCAAGTC 167
AJ166866_PVYNTN_Canada_VPg  TACAGGAAGAAGGGAAAAGGGTAAAGGCACCCTGTTGGTATGGGCAAAATC 167
VGS_VPg                      TACAGGAAGAAGGGAAAAGGGTAAAGGCACCCTGTTGGTATGGGCAAGTC 166
AB270705_PVYN_Japao_VPg    TACAGGAAAAAGGGAAAAGGGTAAAGGCACCCTGTTGGTATGGGTAAGTC 167
AY745492_PVYNO_Canada_VPg  TACAGGAAAAAGGGAAAAGGGTAAAGGTACCACAGTTGGTATGGGCAAGTC 167
EF026074_PVYO_USA_VPg     TACAGGAAAAAGGGAAAAGGGTAAAGGTACCACAGTTGGTATGGGCAAGTC 167
OBR_VPg                      TACAGGAAAAAGGGAAAAGGGTAAAGGCACCACAGTTGGTATGGGTAAGTC 167
AF522296_PVYN_Egito_VPg    TACAGGAAAAAGGGAAAAGGGTAAAGGTACCACAGTTGGTATGGGTAAGTC 350
EF026076_PVYNO-USA_VPg    TACAGGAAAAAGGGAAAAGGGTAAAGGTACCACAGTTGGTATGGGTAAGTC 350
***** ***** ***** **** ***** ** **

NBR_VPg                      AAGCAGGAGGTTTGTTAATATGTATGGATTTGACCCAACAGAATATTCAT 217
ITA_VPg                      AAGCAGGAGGTTTGTTAATATGTATGGATTTGACCCAACAGAATATTCAT 217
EF026075_PVYNTN_USA_VPg    AAGCAGGAGGTTTGTTAATATGTATGGATTTGACCCAACAGAATATTCAT 217

```

AJ889866_PVYNTN_Alemanha_VPg AAGCAGGAGGTTTGTTAATATGTATGGATTTGACCCAACAGAATATTCAT 217
 AJ889867_PVYW_Alemanha_VPg AAGCAGGAGGTTTGTTAATATGTATGGATTTGACCCAACAGAATATTCAT 217
 AJ166866_PVYNTN_Canada_VPg AAGCAGGAGGTTTGTTAATATGTATGGATTCGACCCAACAGAATATTCAT 217
 VGS_VPg AAGCAGGAGGTTTATTAATATGTATGGATTTGACCCAACAGAATATTCAT 216
 AB270705_PVYN_Japao_VPg AAGCAGGAGGTTTGTTAACATGTATGGATTTGACCCAACAGAATATTCAT 217
 AY745492_PVYNO_Canada_VPg AAGCAGGAGATTCATCAACATGTATGGGTTTGATCCAACAGAGTACTCAT 217
 EF026074_PVYO_USA_VPg AAGCAGGAGGTTTCATCAACATGTATGGGTTTGATCCAACAGAGTACTCAT 217
 OBR_VPg AAGCAGGAGGTTTCATCAACATGTATGGGTTTGATCCAACAGAGTACTCAT 217
 AF522296_PVYN_Egito_VPg AAGCAGGAGGTTTCATCAACATGTATGGGTTTGATCCAACAGAGTACTCAT 400
 EF026076_PVYNO-USA_VPg AAGCAGGAGGTTTCATCAACATGTATGGGTTTGATCCAACAGAGTACTCAT 400
 ***** ** * ** ***** ** ** ***** ** ****

NBR_VPg TCATCCAGTTCGTTGATCCGCTCACTGGAGCTCAAATTGAAGAGAACGTC 267
 ITA_VPg TCATCCAGTTCGTTGATCCGCTCACTGGAGCTCAAATTGAAGAGAACGTC 267
 EF026075_PVYNTN_USA_VPg TTATCCAGTTCGTTGATCCGCTCACTGGAGCTCAAATTGAAGAGAACGTC 267
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_VPg TCATCCAGTTCGTTGATCCGCTCACTGGAGCTCAAATTGAAGAGAACGTC 267
 AJ889867_PVYW_Alemanha_VPg TCATCCAGTTCGTTGATCCGCTCACTGGAGCTCAAATTGAAGAGAACGTC 267
 AJ166866_PVYNTN_Canada_VPg TCATCCAGTTCGTTGATCCGCTCACTGGAGCTCAAATTGAAGAGAACGTC 267
 VGS_VPg TCATCCAGTTCGTTGATCCGCTCACTGGAGCTCAAATTGAAGAGAACGTT 266
 AB270705_PVYN_Japao_VPg TCATCCAGTTCGTTGATCCGCTCACTGGAGCTCAAATTGAAGAGAACGTC 267
 AY745492_PVYNO_Canada_VPg TCATCCAATTCGTTGATCCACTCACTGGGGCGCAAATAGAAGAGAATGTC 267
 EF026074_PVYO_USA_VPg TCATCCAATTCGTTGATCCACTCACTGGGGCGCAAATAGAAGAGAATGTC 267
 OBR_VPg TCATCCAATTCGTTGATCCACTCACTGGGGCGCAAATAGAAGAAAATGTC 267
 AF522296_PVYN_Egito_VPg TCATCCAATTCGTTGATCCACTCACTGGGGCGCAAATAGAAGAAAATGTC 450
 EF026076_PVYNO-USA_VPg TCATCCAATTCGTTGATCCACTCACTGGGGCGCAAATAGAAGAAAATGTC 450
 * ***** ***** ***** ***** ***** ** **

NBR_VPg TATGCTGATATTAGAGACATCCGAGAGCGCTTTAGTGATGTCCGCAAGAA 317
 ITA_VPg TATGCTGATATTAGAGACATCCGAGAGCGCTTTAGTGATGTCCGCAAGAA 317
 EF026075_PVYNTN_USA_VPg TATGCTGATATTAGAGACATCCAAGAGCGCTTTAGTGATGTCCGCAAGAA 317
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_VPg TATGCTGATATTAGAGACATCCAAGAGCGCTTTAGTGATGTCCGCAAGAA 317
 AJ889867_PVYW_Alemanha_VPg TATGCTGATATTAGAGACATCCAAGAGCGCTTTAGTGATGTCCGCAAGAA 317
 AJ166866_PVYNTN_Canada_VPg TATGCTGATATTAGAGACATCCAAGAGCGCTTTAGTGATGTCCGCAAGAA 317
 VGS_VPg TATGCTGATATTAGAGACATCCAAGAGCGCTTTAGTGATGTCCGCAAGAA 316
 AB270705_PVYN_Japao_VPg TATGCTGATATTAGAGACATCCAAGAGCGCTTTAGTGATGTCCGCAAGAA 317
 AY745492_PVYNO_Canada_VPg TATGCTGACATTAGAGATATTCAAGAGAGATTTAGTGAAGTGCGAAAAGAA 317
 EF026074_PVYO_USA_VPg TATGCTGACATTAGAGATATTCAAGAGAGATTTAGTGAAGTGCGAAAAGAA 317

OBR_VPg TATGCTGACATTAGAGATATTCAAGAGAGATTTAGTGAAGTGCAGAAAGAA 317
 AF522296_PVYN_Egito_VPg TATGCTGACATTAGAGATATTCAAGAGAGATTTAGTGAAGTGCAGAAAGAA 500
 EF026076_PVYNO-USA_VPg TATGCTGACATTAGAGATATTCAAGAGAGATTTAGTGAAGTGCAGAAAGAA 500
 ***** ** * ***** ** ** * **

NBR_VPg AATGGTAGAGGATGATGAAATCGAATTGCAAGCATTGGGCAGCAACACAA 367
 ITA_VPg AATGGTAGAGGATGATGAAATCGAATTGCAAGCATTGGGCAGCAACACAA 367
 EF026075_PVYNTN_USA_VPg AATGGTAGAGGATGATGAAATCGAATTGCAAGCATTGGGCAGCAACACAA 367
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_VPg AATGGTTGAGGATGATGAAATCGAATTGCAAGCATTGGGCAGCAACACAA 367
 AJ889867_PVYW_Alemanha_VPg AATGGTTGAGGATGATGAAATCGAATTGCAAGCATTGGGCAGCAACACAA 367
 AJ166866_PVYNTN_Canada_VPg AATGGTAGAGGATGATGAAATCGAATTGCAAGCATTGAGCAGCAACACAA 367
 VGS_VPg AATGGTAAAGGATGATGAAATCGAATTGCAAGCATTGGGCAGCAACACAA 366
 AB270705_PVYN_Japao_VPg AATGGTAGAGGATGATGAAATCGAATTGCAAGCATTGGGCAGCAACACAA 367
 AY745492_PVYNO_Canada_VPg AATGGTTGAGAATGATGACATTGAAATGCAAGCCTTGGGCAGTAACACGA 367
 EF026074_PVYO_USA_VPg AATGGTTGAGAATGATGACATTGAAATGCAAGCCTTGGGTAGTAACACGA 367
 OBR_VPg AATGGTTGAGAATGATGACATTGAAATGCAAGCCTTGGGTAGTAACACGA 367
 AF522296_PVYN_Egito_VPg AATGGTTGAGAATGATGACATTGAAATGCAAGCCTTGGGTAGTAACACGA 550
 EF026076_PVYNO-USA_VPg AATGGTTGAGAATGATGACATTGAAATGCAAGCCTTGGGTAGTAACACGA 550
 ***** ** ***** ** ** ***** ** * * ***** *

NBR_VPg CCATTCATGCTTACTTCAGGAAAGATTGGTCTGACAAGGCTCTAAAAATT 417
 ITA_VPg CCATTCATGCTTACTTCAGGAAAGATTGGTCTGACAAGGCTCTAAAAATT 417
 EF026075_PVYNTN_USA_VPg CCATTCATGCTTACTTCAGGAAAGATTGGTCTGACAAGGCTCTAAAAATT 417
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_VPg CCATTCATGCTTACTTCAGGAAAGATTGGTCTGACAAGGCTCTAAAAATT 417
 AJ889867_PVYW_Alemanha_VPg CCATTCATGCTTACTTCAGGAAAGATTGGTCTGACAAGGCTCTAAAAATT 417
 AJ166866_PVYNTN_Canada_VPg ACATTCATGCTTACTTCAGGAAAGATTGGTCTGACAAGGCTCTAAAAGTT 417
 VGS_VPg CCATTCATGCTTACTTCAGGAAAGATTGGTCTGACAAGGCTCTAAAAATT 416
 AB270705_PVYN_Japao_VPg CCATTCATGCTTACTTCAGGAAAGATTGGTCTGACAAGGCTCTAAAAATT 417
 AY745492_PVYNO_Canada_VPg CCATACATGCATACTTCAGGAAAGATTGGTCTGACAAAGCTTTGAAGATT 417
 EF026074_PVYO_USA_VPg CCATACATGCATACTTTAGGAAAGATTGGTCTGACAAAGCTTTGAAGATT 417
 OBR_VPg CCATACATGCATACTTCAGGAAAGATTGGTCTGACAAAGCTTTGAAGATT 417
 AF522296_PVYN_Egito_VPg CCATACATGCATAC----- 564
 EF026076_PVYNO-USA_VPg CCATACATGCATAC----- 564
 *** ***** ***

NBR_VPg GATTTGATGCCACACAACCCACTCAAAATCTGTGATAAATCGAATGGCAT 467
 ITA_VPg GATTTGATGCCACACAACCCACTCAAAATCTGTGATAAATCGAATGGCAT 467

EF026075_PVYNTN_USA_VPg	GATTTGATGCCACACAACCCACTCAAAATCTGTGATAAAATCGAATGGCAT	467
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_VPg	GATTTGATGCCACACAACCCACTCAAAATCTGTGATAAAATCGAATGGCAT	467
AJ889867_PVYW_Alemanha_VPg	GATTTGATGCCACACAACCCACTCAAAATCTGTGATAAAATCGAATGGCAT	467
AJ166866_PVYNTN_Canada_VPg	GATTTGATGCCACACAACCCACTCAAAATCTGCGATAAAATCGAATGGCAT	467
VGS_VPg	GATTTGATGCCACACAACCCACTCAAAATCTGTGATAAAATCGAATGGCAT	466
AB270705_PVYN_Japao_VPg	GATTTGATGCCACACAACCCACTCAAAATCTGTGATAAAATCGAATGGCAT	467
AY745492_PVYNO_Canada_VPg	GATTTAATGCCACATAATCCACTCAAAGTTTGTGACAAGACAAATGGCAT	467
EF026074_PVYO_USA_VPg	GATTTAATGCCACATAATCCACTCAAAGTTTGTGACAAGACAAATGGCAT	467
OBR_VPg	GATTTAATGCCACATAACCCACTCAAAGTTTGTGACAAAACAAATGGCAT	467
AF522296_PVYN_Egito_VPg	-----	
EF026076_PVYNO-USA_VPg	-----	

NBR_VPg	TGCTAAGTTTCCTGAAAGAGAACTTGAGTTGAGGCAAACCTGGGCCAGCAA	517
ITA_VPg	TGCTAAGTTTCCTGAAAGAGAACTTGAGTTGAGGCAAACCTGGGCCAGCAA	517
EF026075_PVYNTN_USA_VPg	TGCTAAGTTTCCTGAAAGAGAACTTGAGTTGAGGCAAACCTGGGCCAGCAA	517
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_VPg	TGCTAAGTTTCCTGAAAGAGAACTTGAGTTGAGGCAAACCTGGGCCAGCAA	517
AJ889867_PVYW_Alemanha_VPg	TGCTAAGTTTCCTGAAAGAGAACTTGAGTTGAGGCAAACCTGGGCCAGCAA	517
AJ166866_PVYNTN_Canada_VPg	TGCTAAGTTTCCTGAAAGAGAATTTGAGTTGAGGCAAACCTGGGCCAGCAA	517
VGS_VPg	TGCTAAGTTTCCTGAAAGAGAACTTGAGTTGAGACAAACCTGGGCCAGCAA	516
AB270705_PVYN_Japao_VPg	TGCTAAGTTTCCTGAAAGAGAACTTGAGTTGAGGCAAACCTGGGCCAGCAA	517
AY745492_PVYNO_Canada_VPg	TGCCAAATTTCTGAGAGAGAGCTCGAACTAAGGCAGACTGGGCCAGCTG	517
EF026074_PVYO_USA_VPg	TGCCAAATTTCTGAGAGAGAGCTCGAACTAAGGCAGACTGGGCCAGCTG	517
OBR_VPg	TGCCAAATTTCTGAAAGAGAGCTCGAACTAAGGCAGACTGGGCCAGCTG	517
AF522296_PVYN_Egito_VPg	-----	
EF026076_PVYNO-USA_VPg	-----	

NBR_VPg	TAGAGGTTGATGTGAAAGACATTCCAAAACAGGAAGTGGAGCATGAA---	564
ITA_VPg	TAGAGGTTGATGTGAAAGACATTCCAAAACAGGAAGTGGAGCATGAA---	564
EF026075_PVYNTN_USA_VPg	TAGAGGTTGATGTGAAAGACATTCCAAAACAGGAAGT-----	554
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_VPg	TAGAGGTTGATGTGAAAGACATTCCAAAACAGGAAGTGGAGCATGAA---	564
AJ889867_PVYW_Alemanha_VPg	TAGAGGTTGATGTGAAAGACATTCCAAAACAGGAAGTGGAGCATGAAGCC	567
AJ166866_PVYNTN_Canada_VPg	TAGAGGTGGATGTGAAAGACATTCCAAAACAGGAAGTGGAGCATGAA---	564
VGS_VPg	TAGAGGTTGATGTGAAAGACATTCCAAAGCAGGAAGTGGAGCATGAA---	563
AB270705_PVYN_Japao_VPg	TAGAGGTTGATGTGAAAGACATTCCAAAACAGGAAGTGGAGCATGAA---	564
AY745492_PVYNO_Canada_VPg	TAGAAGTCGACGTGAAGGACATACCAGCACAGGAAGTGGAGCATGAA---	564

EF026074_PVYO_USA_VPg	TAGAAGTCGATGTGAAGGACATAACCAGCACAGGAAGTGGAGCATGAA----	564
OBR_VPg	TAGAAGTCGACGTGAAGGACATAACCAGCACAGGAGGTGGAGCATGAA----	564
AF522296_PVYN_Egito_VPg	-----	
EF026076_PVYNO-USA_VPg	-----	

NBR_VPg	-----	
ITA_VPg	-----	
EF026075_PVYNTN_USA_VPg	-----	
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_VPg	-----	
AJ889867_PVYW_Alemanha_VPg	AAATCAC	574
AJ166866_PVYNTN_Canada_VPg	-----	
VGS_VPg	-----	
AB270705_PVYN_Japao_VPg	-----	
AY745492_PVYNO_Canada_VPg	-----	
EF026074_PVYO_USA_VPg	-----	
OBR_VPg	-----	
AF522296_PVYN_Egito_VPg	-----	
EF026076_PVYNO-USA_VPg	-----	

CLUSTAL 2.0.8 multiple sequence alignment

```
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_NIa -----  
AJ889867_PVYW_Alemanha_NIa -----  
ITA_NIa -----  
EF026075_PVYNTN_USA_NIa -----  
VGS_NIa -----  
AJ166866_PVYNTN_Canada_NIa -----  
AB270705_PVYN_Japao_NIa -----  
AY745492_PVYNO_Canada_NIa -----  
EF026076_PVYNO-USA_NIa -----  
EF026074_PVYO_USA_NIa -----  
AF522296_PVYN_Egito_NIa      TTCAGGAAAGATTGGTGTGATAAAGCTTTGAAGATTGATTTAATGCCACA 50
```

```
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_NIa -----  
AJ889867_PVYW_Alemanha_NIa -----  
ITA_NIa -----  
EF026075_PVYNTN_USA_NIa -----  
VGS_NIa -----  
AJ166866_PVYNTN_Canada_NIa -----  
AB270705_PVYN_Japao_NIa -----  
AY745492_PVYNO_Canada_NIa -----  
EF026076_PVYNO-USA_NIa -----  
EF026074_PVYO_USA_NIa -----  
AF522296_PVYN_Egito_NIa      TAACCCACTCAAAGTTTGTGACAAAACAAATGGCATTGCCAAATTCCTG 100
```

```
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_NIa -----  
AJ889867_PVYW_Alemanha_NIa -----  
ITA_NIa -----  
EF026075_PVYNTN_USA_NIa -----  
VGS_NIa -----  
AJ166866_PVYNTN_Canada_NIa -----  
AB270705_PVYN_Japao_NIa -----  
AY745492_PVYNO_Canada_NIa -----
```

```

EF026076_PVYNO-USA_NIa -----
EF026074_PVYO_USA_NIa -----
AF522296_PVYN_Egito_NIa AGAGAGAGCTCGAACTAAGGCAGACTGGGCCAGCTGTAGAAGTCGATGTG 150

AJ889866_PVYNTN_Alemanha_NIa -----GCCAAATCACTCATGAG 17
AJ889867_PVYW_Alemanha_NIa -----TCATGAG 7
ITA_NIa -----GCCAAATCACTCATGAG 17
EF026075_PVYNTN_USA_NIa -----GGAGCATGAAGCCAAGTCACTCATGAG 27
VGS_NIa -----GCCAAATCACTCATGAG 17
AJ166866_PVYNTN_Canada_NIa -----GCCAAATCACTCATGAG 17
AB270705_PVYN_Japao_NIa -----GGAGCATGAAGCCAATCACTCATGAG 27
AY745492_PVYNO_Canada_NIa -----GCTAAATCACTCATGAG 17
EF026076_PVYNO-USA_NIa -----GCTAAATCACTCATGAG 17
EF026074_PVYO_USA_NIa -----GCTAAATCGTTCATGAG 17
AF522296_PVYN_Egito_NIa AAGGACATAACCAGCACAGGAGGTGGAGCATGAAGCTAAATCGTTCATGAG 200
                                     *****

AJ889866_PVYNTN_Alemanha_NIa AGGTTTAAGGGATTTCAATCCAATTGCTCAAACAGTTTGCAGAATAAAAAG 67
AJ889867_PVYW_Alemanha_NIa AGGTTTAAGGGATTTCAATCCAATTGCTCAAACAGTTTGCAGAATAAAAAG 57
ITA_NIa AGGTTTAAGGGATTTCAATCCAATTGCTCAAACAGTTTGCAGAGTAAAAG 67
EF026075_PVYNTN_USA_NIa AGGTTTAAGGGATTTCAATCCAATTGCTCAAACAGTTTGCAGAGTAAAAG 77
VGS_NIa AGGTTTAAGGGATTTCAATCCAATTGCTCAAACAGTTTGCAGAGTAAAAG 67
AJ166866_PVYNTN_Canada_NIa AGGTTTAAGGGATTTCAATCCAATTGCTCAAACAGTTTGCAGAGTAAAAG 67
AB270705_PVYN_Japao_NIa AGGTTTAAGGGATTTCAATCCAATTGCTCAAACAGTTTGCAGAGTAAAAG 77
AY745492_PVYNO_Canada_NIa AGGCTTGAGAGACTTCAACCCAATTGCCCAAACAGTTTGTAGGCTGAAAAG 67
EF026076_PVYNO-USA_NIa AGGCTTGAGAGACTTCAACCCAATTGCCCAAACAGTTTGTAGGCTGAAAAG 67
EF026074_PVYO_USA_NIa AGGCTTGAGAGACTTCAACCCAATTGCCCAAACAGTTTGTAGGCTGAAAAG 67
AF522296_PVYN_Egito_NIa AGGCTTGAGAGACTTCAACCCAATTGCCCAAACAGTTTGTAGGCTGAAAAG 250
*** ** ** ** ***** ***** ** * ***

AJ889866_PVYNTN_Alemanha_NIa TGTCTGTTGAATATGGAACGTCTGAAATGTATGGGTTCCGGTTTTGGTGCG 117
AJ889867_PVYW_Alemanha_NIa TGTCTGTTGAATATGGAACGTCTGAAATGTATGGGTTCCGGTTTTGGTGCG 107
ITA_NIa TGTCTATTGAATATGGAACGTCTGAAATGTATGGGTTCCGGTTTTGGTGCG 117
EF026075_PVYNTN_USA_NIa TGTCTGTTGAATATGGAACGTCTGAAATGTATGGGGTCCGGTTTTGGTGCG 127
VGS_NIa TGTCTGTTGAATATGGAACGTCTGAAATGTATGGGTTCCGGTTTTGGTGCG 117
AJ166866_PVYNTN_Canada_NIa TGTCTGTTGAATATGGAACGTCTGAAATGTATGGGTTCCGGTTTTGGTGCG 117

```

AB270705_PVYN_Japao_NIa	TGTCTGTTGAATATGGAACGTCTGAAATGTATGGGTTCCGGTTTTGGTGCG	127
AY745492_PVYNO_Canada_NIa	TATCTGTTGAATATGGGACATCAGAGATGTACGGTTTTGGATTTGGAGCA	117
EF026076_PVYNO-USA_NIa	TATCTGTTGAATATGGGACATCAGAGATGTACGGTTTTGGATTTGGAGCA	117
EF026074_PVYO_USA_NIa	TATCTGTTGAATATGGGACATCAGAGATGTACGGTTTTGGATTTGGAGCA	117
AF522296_PVYN_Egito_NIa	TATCTGTTGAATATGGGGCATCAGAGATGTACGGTTTTGGATTTGGAGCA	300
	* ** * ***** * ** * * ***** ** * ** * * ** *	
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_NIa	TATATTATAGTAAACCACCATCTATTCAAGAGTTTCAATGGATCCATGGA	167
AJ889867_PVYW_Alemanha_NIa	TATATTATAGTAAACCACCATCTATTCAAGAGTTTCAATGGATCCATGGA	157
ITA_NIa	TATATTATAGTAAACCACCATCTATTCAAGAGTTTCAATGGATCCATGGA	167
EF026075_PVYNTN_USA_NIa	TATATTATAGTAAACCACCATCTATTCAAGAGTTTCAATGGATCCATGGA	177
VGS_NIa	TATATTATAGTAAACCACCACCTATTCAAGAGTTTCAATGGATCCATGGA	167
AJ166866_PVYNTN_Canada_NIa	TATATTATAGTAAACCACCATCTATTCAAGAGTTTCAATGGATCCATGGA	167
AB270705_PVYN_Japao_NIa	TATATTATAGTAAACCACCATCTATTCAAGAGTTTCAATGGATCCATGGA	177
AY745492_PVYNO_Canada_NIa	TACATAATAGCGAACCACCATTTGTTTCAGGAGTTACAATGGTTCCATGGA	167
EF026076_PVYNO-USA_NIa	TACATAATAGCGAACCACCATTTGTTTCAGGAGTTACAATGGTTCCATGGA	167
EF026074_PVYO_USA_NIa	TACATAATAGCGAACCACCATTTGTTTCAGGAGTTACAATGGTTCCATGGA	167
AF522296_PVYN_Egito_NIa	TACATAGTAGCGAACCACCATTTATTTAGGAGTTACAATGGTTCCATGGA	350
	** * * ** * ***** * ** * ***** ***** *****	
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_NIa	AGTGCGATCAATGCATGGAACATTCAGAGTGAGGAATTTGCATAGCTTGA	217
AJ889867_PVYW_Alemanha_NIa	AGTGCGATCAATGCATGGAACATTCAGAGTGAGGAATTTGCATAGCTTGA	207
ITA_NIa	AGTGCGATCAATGCATGGAACATTCAGAGTGAAGAATTTGCATAGCTTGA	217
EF026075_PVYNTN_USA_NIa	AGTGCGATCAATGCATGGAACATTCAGAGTGAAGAATTTGCATAGCTTGA	227
VGS_NIa	AGTGCGATCAATGCATGGAACATTCAGAGTGAAGAATTTGCGTAGCTTGA	217
AJ166866_PVYNTN_Canada_NIa	AGTGCGATCAATGCATGGAACATTCAGAGTGAAGAATTTGCATAGCTTGA	217
AB270705_PVYN_Japao_NIa	AGTGCGATCAATGCATGGAACATTCAGAGTGAAGAATTTGCATAGCTTGA	227
AY745492_PVYNO_Canada_NIa	GGTGCGATCCATGCACGGTACATTCAGGGTGAAGAATCTACACAGTTTGA	217
EF026076_PVYNO-USA_NIa	GGTGCGATCCATGCACGGTACATTCAGGGTGAAGAATCTACACAGTTTGA	217
EF026074_PVYO_USA_NIa	GGTGCGATCCATGCACGGTACATTCAGGGTGAAGAATCTACACAGTTTGA	217
AF522296_PVYN_Egito_NIa	GGTGCAATCCATGCACGGTACATTCAGGGTGAAGAATCTACACAGTTTGA	400
	**** * * ***** ** ***** * * * * * * * * * * * *	
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_NIa	GCGTTTTACCGATCAAAGGCAGAGACGTTATTATCATAAAAGATGCCAAAG	267
AJ889867_PVYW_Alemanha_NIa	GCGTTTTACCGATCAAAGGCAGAGACGTTATTATCATAAAAGATGC-----	252
ITA_NIa	GCGTTTTACCGATCAAAGGCAGAGACATTATCATAAAAGATGCCAAAG	267
EF026075_PVYNTN_USA_NIa	GCGTTTTACCGATCAAAGGCAGAGACATTATCATAAAAGATGCCAAAG	277

VGS_NIa	GCGTTTTACCGATCAAAGGCAGAGACATTATCATCATAAAGATGCCAAAG	267
AJ166866_PVYNTN_Canada_NIa	GTGTTTTACCGATCAAAGGCAGAGACATTATCATCATAAAGGATGCCAAAG	267
AB270705_PVYN_Japao_NIa	GCGTTTTACCGATCAAAGGCAGAGACATTATCATCATAAAGATGCCAAAG	277
AY745492_PVYNO_Canada_NIa	GCGTTCTGCCAATTAAGGTAGGGATATCATCCTCATCAAAATGCCGAAA	267
EF026076_PVYNO-USA_NIa	GCGTTCTGCCAATTAAGGTAGGGATATCATCCTCATCAAAATGCCGAAA	267
EF026074_PVYO_USA_NIa	GCGTTCTGCCAATTAAGGTAGGGATATCATCCTCATCAAAATGCCGAAA	267
AF522296_PVYN_Egito_NIa	GCGTTCTGCCAATTAAGGTAGGGACATCATCCTCATCAAAATGCCGAAA	450
	* * * * *	
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_NIa	GATTTCCCTGTTTTCCACAAAAACTGCACTTCCGGGCTCCAGTGCAGAA	317
AJ889867_PVYW_Alemanha_NIa	-----	
ITA_NIa	GATTTCCCTGTTTTCCACAAAAACTACGCCTTCGAG--CTCAGTGCAGAA	315
EF026075_PVYNTN_USA_NIa	GATTTCCCTGTTTTCCACAAAAACTGCACTTCCGAGCTCCAGTGCAGAA	327
VGS_NIa	GATTTCCCTGTTTTCCACAAAAACTGCACTTCCGAGCTCCAGTGCAGAA	317
AJ166866_PVYNTN_Canada_NIa	GACTTCCCTGTTTTCCACAAAAACTGCACTTCCGAGCTCCAATACAAAA	317
AB270705_PVYN_Japao_NIa	GATTTCCCTGTTTTCCACAAAAACTGCACTTCCGAGCTCCAGTGCAGAA	327
AY745492_PVYNO_Canada_NIa	GATTTCCCTGTCTTTCCACAGAAATTGCATTTCCGAGCTCCTACACAGAA	317
EF026076_PVYNO-USA_NIa	GATTTCCCTGTCTTTCCACAGAAATTGCATTTCCGAGCTCCTACACAGAA	317
EF026074_PVYO_USA_NIa	GATTTCCCTGTCTTTCCACAGAAATTGCATTTCCGAGCTCCTACACAGAA	317
AF522296_PVYN_Egito_NIa	GATTTCCCTGTCTTTCCACAGAAATTGCATTTCCGAGCTCCTACACAGAA	500
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_NIa	TGAGAGGATTTGTTTGGTTGGAAC TAATTTTCAAGAGAAACATGCATCAT	367
AJ889867_PVYW_Alemanha_NIa	-----GGATTTGTTTGGTTGGAAC TAATTTTCAAGAGAAACATGCATCAT	297
ITA_NIa	TGAGAGGATTTGTTTGGTTGGAAC TAATTTTCAAGAAAAACATGCATCAT	365
EF026075_PVYNTN_USA_NIa	TGAGAGGATTTGTTTGGTTGGAAC TAATTTTCAAGAAAAACATGCATCAT	377
VGS_NIa	TGAGAGGATTTGTTTGGTTGGAAC TAATTTTCAAGAAAAACATGCATCAT	367
AJ166866_PVYNTN_Canada_NIa	TGAGAGGATTTGTTTGGTTGGAAC TAATTTTCAAGAAAAACATGCATCGT	367
AB270705_PVYN_Japao_NIa	TGAGAGGATTTGTTTGGTTGGAAC TAATTTTCAAGAAAAACATGCATCAT	377
AY745492_PVYNO_Canada_NIa	TGAAAGAGTTTGT TTTAGTTGGAACCAACTTTT CAGGAGAAGTATGCATCGT	367
EF026076_PVYNO-USA_NIa	TGAAAGAGTTTGT TTTAGTTGGAACCAACTTTT CAGGAGAAGTATGCATCGT	367
EF026074_PVYO_USA_NIa	TGAAAGAGTTTGT TTTAGTTGGAACCAACTTTT CAGGAGAAGTATGCATCGT	367
AF522296_PVYN_Egito_NIa	TGAAAGAATTTGT TTTAGTTGGAACCAACTTTT CCAAGAGAAGTATGCTTCGT	550
	* * * * *	
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_NIa	CAATCATCACAGAAACGAGTACTACATAACAATGTACCGGCAGCACTTTT	417
AJ889867_PVYW_Alemanha_NIa	CAATCATCACAGAAACGAGTACTACATAACAATGTACCGGCAGCACTTTT	347

ITA_NIa	CAATCATCACAGAAACGAGTACTACATAACAATGTACCGGGCAGCACTTTT	415
EF026075_PVYNTN_USA_NIa	CAATCATCACAGAAACGAGTACTACATAACAATGTACCGGGCA-----	419
VGS_NIa	CAATCATCACAGAAACGAGTACTACATAACAATGTACCGGGCAGCACTTTT	417
AJ166866_PVYNTN_Canada_NIa	CAATCATCACAGAAACGAGTACTACATAACAATGTGCCGGGCAGCACTTTT	417
AB270705_PVYN_Japao_NIa	CAATCATCACAGAAACGAGTACTACATAACAATGTACCGGGCAGCACTTTT	427
AY745492_PVYNO_Canada_NIa	CGATCATCACAGAAACAAGCACCACCTTACAATATAACCAGGCAGCACATT	417
EF026076_PVYNO_USA_NIa	CGATCATCACAGAAACAAGCACCACCTTACAATATAACCAGGCAGCACATT	417
EF026074_PVYO_USA_NIa	CGATCATCACAGAAACAAGCACCACCTTACAATATAACCAGGCAGCACATT	417
AF522296_PVYN_Egito_NIa	CGATCATCACAGAAACAAGCACTACTTACAATATAACCAGGCAGCACATT	600
	* ***** ** ** * ***** * ** ****	
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_NIa	TGGAAGCATTGGATTGAAACAAATGATGGGCATTGTGGATTACCAGTAGT	467
AJ889867_PVYW_Alemanha_NIa	TGGAAGCATTGGATTGAAACAAATGATGGGCATTGTGGATTACCAGTAGT	397
ITA_NIa	TGGAAGCATTGGATTGAAACAAATGATGGGCATTGCCGATTACCAGTAGT	465
EF026075_PVYNTN_USA_NIa	-----TTGTGGATTACCAGTAGT	437
VGS_NIa	TGGAAGCATTGGATTGAAACAAATGATGGGCATTGTGGATTACCAGTAGT	467
AJ166866_PVYNTN_Canada_NIa	TGGAAGCATTGGATTGAAACAAATGATGGGCATTGTGGATTACCAGTAGT	467
AB270705_PVYN_Japao_NIa	TGGAAGCATTGGATTGAAACAAATGATGGGCATTGTGGATTACCAGTAGT	477
AY745492_PVYNO_Canada_NIa	TGGAAGCATTGGATTGAAACAGATAATGGACATTGTGGACTGCCAGTGGT	467
EF026076_PVYNO_USA_NIa	TGGAAGCATTGGATTGAAACAGATAATGGACATTGTGGACTACCAGTGGT	467
EF026074_PVYO_USA_NIa	TGGAAGCATTGGATTGAAACAGATAATGGACATTGTGGATTACCAGTGGT	467
AF522296_PVYN_Egito_NIa	TGGAAGCATTGGATTGAAACAGATAATGGACATTGTGGACTACCAGTGGT	650
	*** ** * ***** **	
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_NIa	GAGTACAGCTGATGGATGTCTAGTTGGAATACGCAGCTTGGCGAATAATG	517
AJ889867_PVYW_Alemanha_NIa	GAGTACAGCTGATGGATGTCTAGTTGGAATACGCAGCTTGGCGAATAATG	447
ITA_NIa	GAGTACAGCTGATGGATGTCTAGTTGGAATACACAGCTTGGCGAATAATG	515
EF026075_PVYNTN_USA_NIa	GAGTACAGCTGATGGATGTCTAGTTGGAATACACAGCTTGGCGAATAATG	487
VGS_NIa	GAGTACAGCTGATGGATGTCTAGTTGGAATACATAGCTTGGCGAATAATG	517
AJ166866_PVYNTN_Canada_NIa	GAGTACAGCTGATGGATGTCTGGTTGGAATACACAGCTTGGCGAATAATG	517
AB270705_PVYN_Japao_NIa	GAGTACAGCTGATGGATGTCTAGTTGGAATACACAGCTTGGCGAATAATG	527
AY745492_PVYNO_Canada_NIa	GAGCACCACCGATGGATGTCTAGTCGGAATTCACAGTTTGGCAAACAACA	517
EF026076_PVYNO_USA_NIa	GAGCACCACCGATGGATGTCTAGTCGGAATTCACAGTTTGGCAAACAACA	517
EF026074_PVYO_USA_NIa	GAGCACCACCGATGGATGTCTAGTCGGAATTCACAGTTTGGCAAACAACA	517
AF522296_PVYN_Egito_NIa	GAGCACCACCGATGGATGTATAGTCGGAATTCACAGCTTGGCAAACAATG	700
	*** ** * ***** * ** ***** * ** ***** ** **	

AJ889866_PVYNTN_Alemanha_NIa	TGCAAACCACGAATTATTATTCAGCCTTTGATGAGGATTTTGAAAGTAAG	567
AJ889867_PVYW_Alemanha_NIa	TGCAAACCACGAATTATTATTCAGCCTTTGATGAGGATTTTGAAAGTAAG	497
ITA_NIa	TGCAAACCACGAATTATTATTCAGCCTTTGATGAGGATTTTGAAAGTAAG	565
EF026075_PVYNTN_USA_NIa	TGCAAACCACGAATTATTATTCAGCCTTTGATGAGGATTTTGAAAGTAAG	537
VGS_NIa	TGCAAACCACAAATTATTATTCAGCTTTTGGATGAGGATTTTGAAAGCAAG	567
AJ166866_PVYNTN_Canada_NIa	TGCAAACCACGAATTATTATTCAGCTTTTGGATGAGGATTTTGAAAGCAAG	567
AB270705_PVYN_Japao_NIa	-----	
AY745492_PVYNO_Canada_NIa	AACACACCACGAACTACTACTCAGCCTTCGATGAAGATTTTGAAAGCAAG	567
EF026076_PVYNO-USA_NIa	AACACACCACGAACTACTACTCAGCCTTCGATGAAGATTTTGAAAGCAAG	567
EF026074_PVYO_USA_NIa	AACACACCACGAACTACTACTCAGCCTTCGATGAAGATTTTGAAAGCAAG	567
AF522296_PVYN_Egito_NIa	CACACACCACGAACTACTACTCAGCCTGAAG-----	731

AJ889866_PVYNTN_Alemanha_NIa	TATCTCCGAACTAATGAGCATAATGAGTGGACCAAATCGTGGGTATATAA	617
AJ889867_PVYW_Alemanha_NIa	TATCTCCGAACTAATGAGCATAATGAGTGGACCAAATCGTGGGTATATAA	547
ITA_NIa	TATCTCCGAACTAATGAGCATAATGAGTGGACCAAATCGTGGGTATATAA	615
EF026075_PVYNTN_USA_NIa	TATCTCCGAACTAATGAGCATAATGAGTGGACCAAATCGTGGGTATATAA	587
VGS_NIa	TATCTTCGAACTAATGAGCACAATGAGTGGACCAAATCGTGGGTATATAA	617
AJ166866_PVYNTN_Canada_NIa	TATCTTCGAACTAATGAACACAATGAATGGACCAAATCGTGGGTATATAA	617
AB270705_PVYN_Japao_NIa	-----CTAATGAGCATAATGAGTGGACCAAATCGTGGGTATATAA	567
AY745492_PVYNO_Canada_NIa	TATCTCCGAACCAATGAGCACAATGAATGGGTCAAGTCTTGGATTTATAA	617
EF026076_PVYNO-USA_NIa	TATCTCCGAACCAATGAGCACAATGAATGGGTCAAGTCTTGGATTTATAA	617
EF026074_PVYO_USA_NIa	TATCTCCGAACCAATGAGCACAATGAATGGGTCAAGTCTTGGATTTATAA	617
AF522296_PVYN_Egito_NIa	-----	

AJ889866_PVYNTN_Alemanha_NIa	CCCAGATACTGTGTTGTGGGGTCCATTGAAGCTCAAGGAGAGTACCCCTA	667
AJ889867_PVYW_Alemanha_NIa	CCCAGATACTGTGTTGTGGGGTCCATTGAAGCTCAAGGAGAGTACCCCTA	597
ITA_NIa	CCCAGATACTGTGTTGTGGGGTCCATTGAAGCTCAAGGAGAGTACCCCTA	665
EF026075_PVYNTN_USA_NIa	CCCAGATACTGTGTTGTGGGGTCCATTGAAGCTCAAGGAGAGCACCCTA	637
VGS_NIa	CCCAGATACTGTGTTGTGGGGTCCATTGAAGCTCAAGGAAAGTACCCCTA	667
AJ166866_PVYNTN_Canada_NIa	CCCAGATACTGTGTTGTGGGGTCCATTGAAGCTCAAGGAGAGTACCCCTA	667
AB270705_PVYN_Japao_NIa	CCCAGATACTGTGTTGTGGGGTCCATTGAAGCTCAAGGAGAGTACCCCTA	617
AY745492_PVYNO_Canada_NIa	TCCAGACACAGTGTGTTGTGGGGCCCGTTGAACTTAAAGACAGCACTCCCA	667
EF026076_PVYNO-USA_NIa	TCCAGACACAGTGTGTTGTGGGGCCCGTTGAACTTAAAGACAGCACTCCCA	667
EF026074_PVYO_USA_NIa	TCCAGACACAGTGTGTTGTGGGGCCCGTTGAACTTAAAGACAGCACTCCCA	667
AF522296_PVYN_Egito_NIa	-----	

AJ889866_PVYNTN_Alemanha_NIa	AAGGCCTGTTTAAGACAACAAAACCTTGTACAGGATTTAATTGATCATGAT	717
AJ889867_PVYW_Alemanha_NIa	AAGGCCTGTTTAAGACAACAAAACCTTGTACAGGATTTAATTGATCATGAT	647
ITA_NIa	AAGGCCTGTTTAAGACAACAAAACCTTGTACAGGATTTAATTGATCATGAT	715
EF026075_PVYNTN_USA_NIa	AAGGCCTGTTTAAGACAACAAAACCTTGTACAGGATTTAATTGATCATGAT	687
VGS_NIa	AAGGCTTGTTTAAGACAACAAAACCTTGTACAGGATTTAATTGATCATGAT	717
AJ166866_PVYNTN_Canada_NIa	AAGGCTTGTTTAAGACAACAAAACCTTGTACAGGATTTAATTGATCATGAT	717
AB270705_PVYN_Japao_NIa	AAGGCCTGTTTAAGACAACAAAACCTTGTACAGGATTTAATTGATCATGAT	667
AY745492_PVYNO_Canada_NIa	AAGGATTATTCAAAAACAACAAAGCTTGTGCAAGATCTAATCGATCATGAT	717
EF026076_PVYNO_USA_NIa	AAGGATTATTCAAAAACAACAAAGCTTGTGCAAGATCTAATCGATCATGAT	717
EF026074_PVYO_USA_NIa	AAGGATTATTCAAAAACAACAAAGCTTGTGCAAGATCTAATCGATCATGAT	717
AF522296_PVYN_Egito_NIa	-----	

AJ889866_PVYNTN_Alemanha_NIa	GTTGTTGTAGAG---	729
AJ889867_PVYW_Alemanha_NIa	GTTGTTGTAGAG---	659
ITA_NIa	ATTGTTGTAGAG---	727
EF026075_PVYNTN_USA_NIa	GTTGTTGTAGAGCAA	702
VGS_NIa	GTTGTTGTAGAGCAA	732
AJ166866_PVYNTN_Canada_NIa	GTTGTTGTAGAGCAA	732
AB270705_PVYN_Japao_NIa	GTTGTTGTAGAGCAA	682
AY745492_PVYNO_Canada_NIa	GTAGTGGTGGAGCAA	732
EF026076_PVYNO_USA_NIa	GTAGTGGTGGAGCAA	732
EF026074_PVYO_USA_NIa	GTAGTGGTGGAGCAA	732
AF522296_PVYN_Egito_NIa	-----	

EF026074_PVYO_USA_NIb	GAGAGTGTGCGACTTCAAAGAATTCCTGACTGTGGATGCAGAAGCAGAG	127
AY745492>AY745492_PVYNO_Canada	GAGAGTGTGCGACTTCAAAGAATTCCTGACTGTGGATGCAGAAGCAGAG	147
OBR_NIb	GAGAGTGCCGACTTCAAAGAATTCCTGACTGTGGATGCAGAGGCAGAG	127
	* * * * *	
AF522296_PVYN_Egito_NIb	GCTTTCTTCAGGCCTTTGATGGATGCTTATGGGAAGAGCTTGTTAAATAG	197
AB270705_PVYN_Japao_NIb	GCTTTCTTCAGGCCTTTGATGGATGCTTATGGGAAGAGCTTGTTAAATAG	187
EF026075_PVYNTN_USA_NIb	GCTTTCTTCAGGCCTTTGATGGATGCTTATGGGAAGAGCTTGTTAAATAG	197
ITA_NIb	GCTTTATTTCAGGCCTTTAATGGATGCTTATGGGAAGAGCTTGTTAAATAG	200
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_NIb	GCTTTCTTCAGGCCTTTGATGGATGCTTATGGGAAGAGCTTGTTAAATAG	200
AJ889867_PVYW_Alemanha_NIb	GCTTTCTTCAGGCCTTTGATGGATGCTTATGGGAAGAGCTTGTTAAATAG	197
AJ166866_PVYNTN_Canada_NIb	GCTTTCTTCAGGCCTTTGATGGATGCTTATGGGAAGAGCTTATTTAAATAG	197
EF026076_PVYNO-USA_NIb	GCATTCTTCAGGCCTTTGATGGATGCGTATGGGAAAAGTTTGC TGAATAG	197
EF026074_PVYO_USA_NIb	GCATTCTTCAGGCCTTTGATGGATGCGTATGGGAAAAGCTTGCTGAATAG	177
AY745492>AY745492_PVYNO_Canada	GCATTCTTCAGGCCTTTGATGGATGCGTATGGGAAAAGCTTGCTGAATAG	197
OBR_NIb	GCATTCTTCAGGCCTTTGATGGATGCGTATGGGAAAAGCTTGCTAAATAG	177
	** ** * * * * *	
AF522296_PVYN_Egito_NIb	AGAAGCATATATAAAGGACATAATGAAATACTCAAAGCCTATTGATGTTG	247
AB270705_PVYN_Japao_NIb	AGAAGCATATATAAAGGACATAATGAAATACTCAAAGCCTATTGATGTTG	237
EF026075_PVYNTN_USA_NIb	AGAAGCATATATAAAGGACATAATGAAATACTCAAAGCCTATTGATGTTG	247
ITA_NIb	AGAAGCATATATAAAGGACATAATGAAATACTCAAAGCCTATTGATGTTG	250
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_NIb	AGAAGCATATATAAAGGACATAATGAAATACTCAAAGCCTATTGATGTTG	250
AJ889867_PVYW_Alemanha_NIb	AGAAGCATATATAAAGGACATAATGAAATACTCAAAGCCTATTGATGTTG	247
AJ166866_PVYNTN_Canada_NIb	AGAAGCATATATAAAGGACATAATGAAATACTCAAAGCCTATTGATGTTG	247
EF026076_PVYNO-USA_NIb	AGATGCATACATCAAGGACATAATGAAGTATTCAAACCTATAGATGTTG	247
EF026074_PVYO_USA_NIb	AGATGCATACATCAAGGACATAATGAAGTATTCAAACCTATAGATGTTG	227
AY745492>AY745492_PVYNO_Canada	AGATGCATACATCAAGGACATAATGAAGTATTCAAACCTATAGATGTTG	247
OBR_NIb	AGATGCGTACATCAAGGACATAATGAAGTATTCAAACCTATTGATGTTG	227
	*** ** * * * * *	
AF522296_PVYN_Egito_NIb	GAATAGTGGACTGCGATGCTTTTGAAGAGGCTATCAATAGGGTTATCATT	297
AB270705_PVYN_Japao_NIb	GAATAGTGGACTGCGATGCTTTTGAAGAGGCTATCAATAGGGTTATCATT	287
EF026075_PVYNTN_USA_NIb	GAACAGTAGACTGTGATGCTTTTGAAGAGGCTATCAATAGGGTTATCATT	297
ITA_NIb	GAACAGTAGACTGTGATGCTTTTGAAGAGGCTATCAATAGGGTTATCATT	300
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_NIb	GAACAGTGGACTGTGATGCTTTTGAAGAGGCTATCAATAGGGTTATCATT	300
AJ889867_PVYW_Alemanha_NIb	GAACAGTGGACTGTGATGCTTTTGAAGAGGCTATCAATAGGGTTATCATT	297

AJ166866_PVYNTN_Canada_NIb	GAATAGTAGACTGCGATGCTTTTGAAGAGGCTATCAATAGGGTTATCATT	297
EF026076_PVYNO-USA_NIb	GTATCGTGGACTGTGATGCATTTGAGGAAGCCATCAATAGGGTTATCATC	297
EF026074_PVYO_USA_NIb	GTATCGTGGACTGTGATGCATTTGAGGAAGCCATCAATAGGGTTATCATC	277
AY745492>AY745492_PVYNO_Canada	GTATCGTGGACTGTGATGCATTTGAGGAAGCCATCAATAGGGCTATCATC	297
OBR_NIb	GTATCGTGGACTGTGATGCATTTGAGGAAGCCATCAATAGGGTTATCATC	277
	* * ** ***** ***** ***** ** ** ***** *****	
AF522296_PVYN_Egito_NIb	TATCTGCAAGTGCATGGCTTCCAGAAATGCAATTACATCACCGATGAACA	347
AB270705_PVYN_Japao_NIb	TATCTGCAAGTGCATGGCTTCCAGAAATGCAATTACATCACCGATGAACA	337
EF026075_PVYNTN_USA_NIb	TATCTGCAAGTGCATGGCTTCCAGAAATGCAATTACATCACCGATGAGCA	347
ITA_NIb	TATCTGCAAGTGCATGGCTTCCAGAAATGCAATTACATCACCGATGAGCA	350
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_NIb	TATCTGCAAGTGCATGGCTTCCAGAAATGCAATTACATCACCGATGAGCA	350
AJ889867_PVYW_Alemanha_NIb	TATCTGCAAGTGCATGGCTTCCAGAAATGCAATTACATCACCGATGAGCA	347
AJ166866_PVYNTN_Canada_NIb	TATCTGCAAGTGCATGGTTTCCAGAAATGCAACTACATCACCGATGAGCA	347
EF026076_PVYNO-USA_NIb	TACCTGCAAGTGCACGGCTTCAAGAAGTGCGCATACGTCCTGACGAGCA	347
EF026074_PVYO_USA_NIb	TACCTGCAAGTGCACGGCTTCAAGAAGTGCGCATACGTCCTGACGAGCA	327
AY745492>AY745492_PVYNO_Canada	TACCTGCAAGTGCACGGCTTCAAGAAGTGCGCATACGTCCTGACGAGCA	347
OBR_NIb	TACCTGCAAGTGCACGGCTTCAAGAAGTGTGCATATGTCTGACGAGCA	327
	** ***** ** ** * ** * ** * ** * ** * ** * **	
AF522296_PVYN_Egito_NIb	GGAAATTTTCAAAGCTCTCAATATGAAAGCTGCTGTCTCGGAGCTATGTATG	397
AB270705_PVYN_Japao_NIb	GGAAATTTTCAAAGCTCTCAATATGAAAGCTGCTGTCTCGGAGCTATGTATG	387
EF026075_PVYNTN_USA_NIb	GGAAATTTTCAAAGCTCTCAATATGAAAGCTGCTGTCTCGGAGCTATGTATG	397
ITA_NIb	GGAAATTTTCAA-GCTCTCAAAGCGCTCACTGCTGTCTCGGAGCTATGTATG	399
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_NIb	GGAAATTTTCAAAGCTCTCAATATGAAAGCTGCCGTCGGAGCTATGTATG	400
AJ889867_PVYW_Alemanha_NIb	GGAAATTTTCAAAGCTCTCAATATGAAAGCTGCCGTCGGAGCTATGTATG	397
AJ166866_PVYNTN_Canada_NIb	GGAAATTTTCAAAGCTCTCAATATGAAAGCTGCTGTCTCGGAGCTATGTATG	397
EF026076_PVYNO-USA_NIb	AGAAATTTTCAAAGCGCTCAACATGAAAGCTGCAGTCCGAGCCATGTATG	397
EF026074_PVYO_USA_NIb	AGAAATTTTCAAAGCGCTCAACATGAAAGCTGCAGTTGGAGCCATGTATG	377
AY745492>AY745492_PVYNO_Canada	AGAAATTTTCAAAGCGCTCAACATGAAAGCTGCAGTCCGAGCCATGTATG	397
OBR_NIb	AGAAATTTTCAAAGCGCTCAACATGAAAGCTGCAGTCCGAGCCATGTATG	377
	***** ** ***** * ***** ***** *****	
AF522296_PVYN_Egito_NIb	GAGGCAAGAAGAAAGACTACTTCGAGCATTTTACTGAGGCGGATAAAAGAG	447
AB270705_PVYN_Japao_NIb	GAGGCAAGAAGAAAGACTACTTCGAGCATTTTACTGAGGCGGATAAAAGAG	437
EF026075_PVYNTN_USA_NIb	GAGGCAAGAAGAAAGACTACTTCGAGCATTTTACTGAGGCGGATAAAAGAG	447
ITA_NIb	GAGGCAAGAAGAAAGACTACTTCGAGCATTTTACTGAGGCGGATAAAAGAG	449

AJ889866_PVYNTN_Alemanha_NIb GAGGCAAGAAGAAAGACTACTTCGAGCATTCTTACTGAGGCGGATAAAAGAG 450
 AJ889867_PVYW_Alemanha_NIb GAGGCAAGAAGAAAGACTACTTCGAGCATTCTTACTGAGGCGGATAAAAGAG 447
 AJ166866_PVYNTN_Canada_NIb GAGGCAAGAAGAAAGACTACTTTGAGCATTCTTACTGAGGCGGATAAAAGAG 447
 EF026076_PVYNO-USA_NIb GTGGCAAAAAGAAAGACTATTTTGTGAGCATTCTACTGATGCAGATAAAGGAA 447
 EF026074_PVYO_USA_NIb GTGGCAAAAAGAAAGACTATTTTGTGAGCATTCTACTGATGCAGATAAAGGAA 427
 AY745492>AY745492_PVYNO_Canada GTGGCAAAAAGAAAGACTATTTTGTGAGCATTCTACTGATGCAGATAAAGGAA 447
 OBR_NIb GTGGCAAAAAGAAAGACTATTTTGTGAGCATTCTACTGATGCAGATAAAGGAA 427

* * * * *

AF522296_PVYN_Egito_NIb GAAATTGTTATGCAAAGTTGCCTTCGATTGTACAAGGGCTCGCTTGGCAT 497
 AB270705_PVYN_Japao_NIb GAAATTGTTATGCAAAGTTGCCTTCGATTGTACAAGGGCTCGCTTGGCAT 487
 EF026075_PVYNTN_USA_NIb GAAATTGTTATGCAAAGTTGCCTTCGATTGTACAAGGGCTCGCTTGGCAT 497
 ITA_NIb GAAATTGTTATGCAAAGTTGCCTTCGATTGTACAAGGGCTCGCTTGGCAT 499
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_NIb GAAATTGTTATGCAAAGTTGCCTTCGATTGTACAAGGGCTCGCTTGGCAT 500
 AJ889867_PVYW_Alemanha_NIb GAAATTGTTATGCAAAGTTGCCTTCGATTGTACAAGGGCTCGCTTGGCAT 497
 AJ166866_PVYNTN_Canada_NIb GAAATTGTTATGCAAAGTTGCCTTCGATTGTACAAGGGCTCGCTTGGTAT 497
 EF026076_PVYNO-USA_NIb GAAATAGTCATGCAAAGCTGTCTGCGATTGTATAAAGGCTTGCTTGGCAT 497
 EF026074_PVYO_USA_NIb GAAATAGTCATGCAAAGCTGTCTGCGATTGTATAAAGGCTTGCTTGGCAT 477
 AY745492>AY745492_PVYNO_Canada GAAATAGTCATGCAAAGCTGTCTGCGATTGTATAAAGGCTTGCTTGGCAT 497
 OBR_NIb GAAATAGTCATGCAAAGCTGTTTTCGATTGTATAAAGGCTTGCTTGGCAT 477

* * * * *

AF522296_PVYN_Egito_NIb ATGGAATGGATCATTGAAAGCAGAACTTCGGTGCAAAGAGAAGATACTTG 547
 AB270705_PVYN_Japao_NIb ATGGAATGGATCATTGAAAGCAGAACTTCGGTGCAAAGAGAAGATACTTG 537
 EF026075_PVYNTN_USA_NIb ATGGAATGGATCATTGAAAGCAGAACTTCGGTGCAAAGAGAAGATACTTG 547
 ITA_NIb ATGGAATGGATCATTGAAAGCAGAACTTCGGTGCAAAGAGAAGATACTTG 549
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_NIb ATGGAATGGATCATTGAAAGCAGAACTTCGGTGCAAAGAGAAGATACTTG 550
 AJ889867_PVYW_Alemanha_NIb ATGGAATGGATCATTGAAAGCAGAACTTCGGTGCAAAGAGAAGATACTTG 547
 AJ166866_PVYNTN_Canada_NIb ATGGAATGGATCATTGAAAGCAGAACTTCGGTGCAAAGAGAAGATACTTG 547
 EF026076_PVYNO-USA_NIb TTGGAATGGATCATTGAAGGCAGAGCTCCGGTGTAAGGAAAAGATACTTG 547
 EF026074_PVYO_USA_NIb TTGGAATGGATCATTGAAGGCAGAGCTCCGGTGTAAGGAAAAGATACTTG 527
 AY745492>AY745492_PVYNO_Canada TTGGAATGGATCATTGAAGGCAGAGCTCCGGTGTAAGGAAAAGATACTTG 547
 OBR_NIb TTGGAACGGATCATTGAAGGCAGAGCTCCGGTGTAAGGAGAAGATACTTG 527

* * * * *

AF522296_PVYN_Egito_NIb CAAATAAGACAAGGACATTCTACTGCTGCACCTTTAGATACTCTACTGGGT 597
 AB270705_PVYN_Japao_NIb CAAATAAGACAAGGACATTCTACTGCTGCACCTTTAGATACTCTACTGGGT 587

```

EF026075_PVYNTN_USA_NIb      CAAATAAGACAAGGACATTCCTGCTGCACCTTTAGATACTCTACTGGGT 597
ITA_NIb                        CAAATAAGACAAGGACATTCCTGCTGCACCTTTAGATACTCTACTGGGT 599
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_NIb CAAATAAGACAAGGACATTCCTGCTGCACCTTTAGATACTCTACTGGGT 600
AJ889867_PVYW_Alemanha_NIb    CAAATAAGACAAGGACATTCCTGCTGCACCTTTAGATACTCTACTGGGT 597
AJ166866_PVYNTN_Canada_NIb    CAAATAAGACAAGGACATTCCTGCTGCACCTTTAGATACTCTACTGGGT 597
EF026076_PVYNO-USA_NIb        CAAATAAGACGAGGACATTCCTGCTGCACCTTTAGACACTTTGCTGGGT 597
EF026074_PVYO_USA_NIb         CAAATAAGACGAGGACATTCCTGCTGCACCTTTAGACACTTTGCTGGGT 577
AY745492>AY745492_PVYNO_Canada CAAATAAGACGAGGACATTCCTGCTGCACCTTTAGACACTTTGCTGGGT 597
OBR_NIb                        CAAATAAGACGAGGACATTCCTGCTGCACCTCTAGACACTTTGCTGGGT 577
***** ***** ***** ***** ***** ***** ***** ***** *****

AF522296_PVYN_Egito_NIb       GGAAAGGTGTGCGTTGATGATTTTAATAATCAATTCTACTCGAAGAACAT 647
AB270705_PVYN_Japao_NIb       GGAAAGGTGTGCGTTGATGATTTTAATAATCAATTCTACTCGAAGAACAT 637
EF026075_PVYNTN_USA_NIb       GGAAAGGTGTGCGTTGATGATTTTAATAATCAATTCTACTCGAAGAACAT 647
ITA_NIb                        GGAAAGGTGTGCGTTGATGATTTTAATAATCAATTCTACTCGAAGAACAT 649
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_NIb GGAAAGGTGTGCGTTGATGATTTTAATAATCAATTCTACTCGAAGAACAT 650
AJ889867_PVYW_Alemanha_NIb    GGAAAGGTGTGCGTTGATGATTTTAATAATCAATTCTACTCGAAGAACAT 647
AJ166866_PVYNTN_Canada_NIb    GGAAAGGTGTGCGTTGATGATTTTAATAATCAATTCTACTCAAAGAACAT 647
EF026076_PVYNO-USA_NIb        GGTAAAGTGTGTGTTGATGACTTCAATAATCAATTTTATTCAAAGAATAT 647
EF026074_PVYO_USA_NIb         GGTAAAGTGTGTGTTGATGATTTCAATAATCAATTTTATTCAAAGAATAT 627
AY745492>AY745492_PVYNO_Canada GGTAAAGTGTGTGTTGATGACTTCAATAATCAATTTTATTCAAAGAATAT 647
OBR_NIb                        GGTAAAGTGTGTGTTGATGACTTCAATAATCAATTTTATTCAAAGAATAT 627
** ** ***** ***** ** ***** ***** ** ** ***** **

AF522296_PVYN_Egito_NIb       TGAATGCTGCTGGACTGTTGGAATGACTAAGTTTTATGGAGG-TTGGGAC 696
AB270705_PVYN_Japao_NIb       TGAATGCTGCTGGACTGTTGGAATGACTAAGTTTTATGGAGG-TTGGGAC 686
EF026075_PVYNTN_USA_NIb       TGAATGCTGCTGGACTGTTGGAATGACTAAGTTTTATGGAGG-TTGGGAC 696
ITA_NIb                        TGAATGCTGCTGGACTGTTGGAATGACTAAGTTTTATGGAGGGTTGGGAC 699
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_NIb TGAATGCTGCTGGACTGTTGGAATGACTAAGTTTTATGGAGG-TTGGGAC 699
AJ889867_PVYW_Alemanha_NIb    TGAATGCTGCTGGACTGTTGGAATGACTAAGTTTTATGGAGG-TTGGGAC 696
AJ166866_PVYNTN_Canada_NIb    TGAATGCTGCTGGACTGTTGGAATGACTAAGTTTTATGGAGG-TTGGGAC 696
EF026076_PVYNO-USA_NIb        TGAATGCTGTTGGACGGTTGGGATGACTAAGTTTTATGGTGG-TTGGGAT 696
EF026074_PVYO_USA_NIb         TGAATGCTGTTGGACGGTTGGGATGACTAAGTTTTATGGTGG-TTGGGAT 676
AY745492>AY745492_PVYNO_Canada TGAATGCTGTTGGACGGTTGGGATGACTAAGTTTTATGGTGG-TTGGGAT 696
OBR_NIb                        TGAATGCTGTTGGACAGTTGGGATGACTAAGTTTTATGGTGG-TTGGGAT 676
***** ***** ***** ***** ***** ***** ***** ***** *****

```


*** ***** ***** ***** ***** ***** ***** **

AF522296_PVYN_Egito_NIb CGCAATTTGTACACAGAAATAATTTACACACCAATCTCAACTCCAGATGG 896
AB270705_PVYN_Japao_NIb CGCAATTTGTACACAGAAATAATTTACACACCAATCTCAACTCCAGATGG 886
EF026075_PVYNTN_USA_NIb CGCAATTTGTACACAGAAATAATTTACACACCAATCTCAACTCCAGATGG 896
ITA_NIb CGCAATTTGTACACAGAAATAATTTACATAACCAATCTCAACTCCAGACGG 899
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_NIb CGCAATTTGTACACAGAAATAATTTACACACCAATCTCAACTCCAGATGG 899
AJ889867_PVYW_Alemanha_NIb CGCAATTTGTACACAGAAATAATTTACACACCAATCTCAACTCCAGATGG 896
AJ166866_PVYNTN_Canada_NIb CGCAATTTGTACACAGAAATAATTTACACACCAATCTCAACTCCAGATGG 896
EF026076_PVYNO-USA_NIb CGCAATTTATACACTGAGATTGTTTACACACCTATTTCAACTCCAGATGG 896
EF026074_PVYO_USA_NIb CGCAATTTATACACTGAGATTGTTTACACACCTATTTCAACTCCAGATGG 876
AY745492>AY745492_PVYNO_Canada CGCAATTTGTACACTGAGATTGTTTACACACCTATTTCAACTCCAGATGG 896
OBR_NIb CGCAATTTATACACTGAGATTGTTTACACACCTATTTCAACTCCAGATGG 876

***** ***** ** ** ***** ** ** ***** ***** **

AF522296_PVYN_Egito_NIb AACCAATTGTCAAGAAGTTT TAGAGGTAATAATAGCGGTCAACCTTCTACCG 946
AB270705_PVYN_Japao_NIb AACCAATTGTCAAGAAGTTT TAGAGGTAATAATAGCGGTCAACCTTCTACCG 936
EF026075_PVYNTN_USA_NIb AACCAATTGTCAAGAAGTTT TAGAGGTAATAATAGCGGTCAACCTTCTACCG 946
ITA_NIb AACCAATTGTCAAGAAGTTT TAGAGGTAATAATAGCGGTCAACCTTCTACCG 949
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_NIb AACCAATTGTCAAGAAGTTT TAGAGGTAATAATAGCGGTCAACCTTCTACCG 949
AJ889867_PVYW_Alemanha_NIb AACCAATTGTCAAGAAGTTT TAGAGGTAATAATAGCGGTCAACCTTCTACCG 946
AJ166866_PVYNTN_Canada_NIb AACCAATTGTCAAGAAGTTT TAGAGGTAATAATAGCGGTCAACCTTCTACCG 946
EF026076_PVYNO-USA_NIb AACCAATTGTTAAGAAGTTT CAGAGGAAATAACAGTGGTCAGCCTTCTACTG 946
EF026074_PVYO_USA_NIb AACCAATTGTTAAGAAGTTT CAGAGGAAATAACAGTGGTCAGCCTTCTACTG 926
AY745492>AY745492_PVYNO_Canada AACCAATTGTTAAGAAGTTT TAGAGGAAATAACAGTGGTCAGCCTTCTACTG 946
OBR_NIb AACCAATTGTCAAGAAGTTT CAGAGGAAATAACAGTGGTCAGCCTTCTACTG 926

***** ***** ***** ***** ** ***** ***** *

AF522296_PVYN_Egito_NIb TTGTGGATAATTCTCTCATGGTTGTCCTTGCTATGCATTACGCTCTCATT 996
AB270705_PVYN_Japao_NIb TTGTGGATAATTCTCTCATGGTTGTCCTTGCTATGCATTACGCTCTCATT 986
EF026075_PVYNTN_USA_NIb TTGTGGATAATTCTCTCATGGTTGTCCTTGCCATGCATTACGCTCTCATT 996
ITA_NIb TTGTGGATAATTCTCTCATGGTTGTCCTTGCTATGCATTACGCTCTCATT 999
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_NIb TTGTGGATAATTCTCTCATGGTTGTCCTTGCTATGCATTACGCTCTCATT 999
AJ889867_PVYW_Alemanha_NIb TTGTGGATAATTCTCTCATGGTTGTCCTTGCTATGCATTACGCTCTCATT 996
AJ166866_PVYNTN_Canada_NIb TTGTGGATAATTCTCTCATGGTTGTCCTTGCTATGCATTACGCTCTCATT 996
EF026076_PVYNO-USA_NIb TTGTGGACAACCTCTTATGGTCATCCTTGCCATGCACTATGCTCTCATC 996
EF026074_PVYO_USA_NIb TTGTGGACAACCTCTTATGGTCATCCTTGCCATGCACTATGCTCTCATC 976

AY745492>AY745492_PVYNO_Canada OBR_NIb	TTGTGGACAACCTCTCTTATGGTCGTCCTTGCCATGCACTATGCTCTCATC 996 TTGTGGACAACCTCTCTTATGGTCGTCCTTGCCATGCACTATGCTTTTCATC 976 ***** ** ***** ***** ***** ***** ** ** *
AF522296_PVYN_Egito_NIb AB270705_PVYN_Japao_NIb EF026075_PVYNTN_USA_NIb ITA_NIb AJ889866_PVYNTN_Alemanha_NIb AJ889867_PVYW_Alemanha_NIb AJ166866_PVYNTN_Canada_NIb EF026076_PVYNO-USA_NIb EF026074_PVYO_USA_NIb AY745492>AY745492_PVYNO_Canada OBR_NIb	AAGGAGTGC GTT GAG TTT GAAGAAATCGACAGCACGTGTGTATTCTTTGT 1046 AAGGAGTGC GTT GAG TTT GAAGAAATCGACAGCACGTGTGTATTCTTTGT 1036 AAGGAGTGC GTT GAG TTT GAAGAAATCGACAGCACGTGTGTATTCTTTGT 1046 AAGGAGTGC GTT GAG TTT GAAGAAATCGACAGCACGTGTGTATTCTTTGT 1049 AAGGAGTGC GTT GAG TTT GAAGAAATCGACAGCACGTGTGTATTCTTTGT 1049 AAGGAGTGC GTT GAG TTT GAAGAAATCGACAGCACGTGTGTATTCTTTGT 1046 AAGGAGGGCGT T GAG TTT GAAGAAATCGACAGCACATGTGTATTCTTTGT 1046 AAAGAATGCATTGAGTTTGAAGAGATTGACAGCACGTGCGTATTCTTTGT 1046 AAAGAATGCATTGAGTTTGAAGAGATTGACAGCACGTGCGTATTCTTTGT 1026 AAAGAATGCATTGAGTTTGAAGAGATTGACAGCACGTGCGTATTCTTTGT 1046 AAAGAATGCATTGAATTTGAAGAGATTGACAGCACGTGCGTATTCTTTGT 1026 ** ** ** ***** ** ***** ** ** *****
AF522296_PVYN_Egito_NIb AB270705_PVYN_Japao_NIb EF026075_PVYNTN_USA_NIb ITA_NIb AJ889866_PVYNTN_Alemanha_NIb AJ889867_PVYW_Alemanha_NIb AJ166866_PVYNTN_Canada_NIb EF026076_PVYNO-USA_NIb EF026074_PVYO_USA_NIb AY745492>AY745492_PVYNO_Canada OBR_NIb	TAATGGTGATGACTTATTGATTGCTGTGAATCCGGAGAAAGAGAGCATT 1096 TAATGGTGATGACTTATTGATTGCTGTGAATCCGGAGAAAGAGAGCATT 1086 TAATGGTGATGACTTATTGATTGCTGTGAATCCGGAGAAAGAGAGCATT 1096 TAATGGTGATGACTTATTGATTGCTGTGAATCCGGAGAAAGAGAGCATT 1099 TAATGGTGATGACTTATTGATTGCTGTGAATCCGGAGAAAGAGAGCATT 1099 TAATGGTGATGACTTATTGATTGCTGTGAATCCGGAGAAAGAGAGCATT 1096 TAATGGTGATGACTTATTGATTGCTGTGAATCCGGAGAAAGAGAGTATT 1096 CAATGGTGATGATTTGCTGATTGCTGTGAATCCGGATAAAGAGGGCATT 1096 CAATGGTGATGATTTGCTGATTGCTGTGAATCCGGATAAAGAGGGCATT 1076 CAATGGTGATGATTTGCTGATTGCTGTGAATCCGGATAAAGAGGGCATT 1096 CAATGGTGATGATTTGCTGATTGCTGTGAATCCGGATAAAGAGGGCATT 1076 ***** ** *****
AF522296_PVYN_Egito_NIb AB270705_PVYN_Japao_NIb EF026075_PVYNTN_USA_NIb ITA_NIb AJ889866_PVYNTN_Alemanha_NIb AJ889867_PVYW_Alemanha_NIb AJ166866_PVYNTN_Canada_NIb	TCGATAGAATGTCACAACATTTCTCAGATCTTGGTTTGAACATGATTTT 1146 TCGATAGAATGTCACAACATTTCTCAGATCTTGGTTTGAACATGATTTT 1136 TCGATAGAATGTCACAACATTTCTCAGATCTTGGTTTGAACATGATTTT 1146 TCGATAGAATGTCACAACATTTCTCAGATCTTGGTTTGAACATGATTTT 1149 TCGATAAAATGTCACAACATTTCTCAGATCTTGGTTTGAACATGATTTT 1149 TCGATAAAATGTCACAACATTTCTCAGATCTTGGTTTGAACATGATTTT 1146 TCGATAAAATGTCACAACATTTCTCAGATCTTGGTTTGAACATGATTTT 1146

EF026076_PVYNO-USA_NIb TTTGACAGATTGTCACAACACTTCTCAGATCTTGGTTTGAATTATGATTTT 1146
EF026074_PVYO_USA_NIb TTTGACAGATTGTCACAACACTTCTCAGATCTTGGTTTGAATTATGATTTT 1126
AY745492>AY745492_PVYNO_Canada TTTGACAGATTGTCACAACACTTCTCAGATCTTGGTTTGAATTATGATTTT 1146
OBR_NIb TTTGACAGATTGTCACAACACTTCTCAGATCTTGGTTTAAATTATGATTTT 1126
* * * * * ***** * * * * *

AF522296_PVYN_Egito_NIb TCGTCGAGAACAAGAAGGAAGGAGGAATTGTGGTTCATGTCCCATAGAGG 1196
AB270705_PVYN_Japao_NIb TCGTCGAGAACAAGAAGGAAGGAGGAATTGTGGTTCATGTCCCATAGAGG 1186
EF026075_PVYNTN_USA_NIb TCGTCGAGAACAAGAAGGAAGGAGGAATTGTGGTTCATGTCCCATAGAGG 1196
ITA_NIb TCGTCGAGAACAAGAAGGAAGGAGGAATTGTGGTTCATGTCCCATAGAGG 1199
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_NIb TCGTCGAGAACAAGAAGGAAGGAGGAATTGTGGTTCATGTCCCATAGAGG 1199
AJ889867_PVYW_Alemanha_NIb TCGTCGAGAACAAGAAGGAAGGAGGAATTGTGGTTCATGTCCCATAGAGG 1196
AJ166866_PVYNTN_Canada_NIb TCATCGAGAACAAGAAGGAAGGAGGAATTGTGGTTCATGTCCCATAGAGG 1196
EF026076_PVYNO-USA_NIb TCGTCAAGAACAAGAAATAAGGAGGAGTTGTGGTTTATGTCTCATAGAGG 1196
EF026074_PVYO_USA_NIb TCGTCAAGAACAAGAAATAAGGAGGAGTTGTGGTTTATGTCTCATAGAGG 1176
AY745492>AY745492_PVYNO_Canada TCGTCAAGAACAAGAAATAAGGAGGAGTTGTGGTTTATGTCTCATAGAGG 1196
OBR_NIb TCGTCAAGAACAAGAAATAAGGAGGAGTTGTGGTTTATGTCCCATAGAGG 1176
** ** ***** * * * * *

AF522296_PVYN_Egito_NIb CCTGCTAATCGAGGGTATGTACGTGCCAAAGCTTGAAGAAGAGAGAATTG 1246
AB270705_PVYN_Japao_NIb CCTGCTAATCGAGGGTATGTACGTGCCAAAGCTTGAAGAAGAGAGAATTG 1236
EF026075_PVYNTN_USA_NIb CCTGCTAATAGAGGGTATGTACGTGCCAAAGCTTGAAGAAGAGAGAATTG 1246
ITA_NIb CCTGCTAATCGAGGGTATGTACGTGCCAAAGCTCGAAGAAGAGAGAATTG 1249
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_NIb CCTGCTAATCGAGGGTATGTACGTGCCAAAGCTTGAAGAAGAGAGAATTG 1249
AJ889867_PVYW_Alemanha_NIb CCTGCTAATCGAGGGTATGTACGTGCCAAAGCTTGAAGAAGAGAGAATTG 1246
AJ166866_PVYNTN_Canada_NIb CCTGCTAATCGAGGGCATGTACGTGCCAAAGCTTGAAGAAGAGAGAATTG 1246
EF026076_PVYNO-USA_NIb CCTACTGATTGAGGGCATGTACGTGCCGAAACTTGAAGAAGAAAGGATTG 1246
EF026074_PVYO_USA_NIb CCTACTGATTGAGGGCATGTACGTGCCGAAACTTGAAGAAGAAAGGATTG 1226
AY745492>AY745492_PVYNO_Canada CCTACTGATTGAGGGCATGTACGTGCCGAAACTTGAAGAAGAAAGGATTG 1246
OBR_NIb CCTACTGATTGAGGGCATGTACGTGCCGAAACTTGAAGAAGAAAGGATTG 1226
*** ** * * ***** * * * * *

AF522296_PVYN_Egito_NIb TATCCATTTTGAATGGGATAGAGCTGATCTGCCAGAGCACAGATTAGAA 1296
AB270705_PVYN_Japao_NIb TATCCATTTTGAATGGGATAGAGCTGATCTGCCAGAGCACAGATTAGAA 1286
EF026075_PVYNTN_USA_NIb TATCCATTTTGAATGGGATAGAGCTGATCTGCCAGAGCACAGATTAGAA 1296
ITA_NIb TATCCATTTTGAATGGGATAGAGCTGATCTGCCAGAGCACAGATTAGAA 1299
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_NIb TATCCATTTTGAATGGGATAGAGCTGATCTGCCAGAGCACAGATTAGAA 1299

AJ889867_PVYW_Alemanha_NIb TATCCATTTTGC AATGGGATAGAGCTGATCTGCCAGAGCACAGATTAGAA 1296
 AJ166866_PVYNTN_Canada_NIb TATCCATTCTGC AATGGGATAGAGCTGATCTGCCAGAGCACAGATTAGAA 1296
 EF026076_PVYNO-USA_NIb TGTCCATTCTCCA ATGGGACAGAGCAGACTTGGCTGAACATAGGCTTGAG 1296
 EF026074_PVYO_USA_NIb TGTCCATTCTCCA ATGGGACAGAGCAGACTTGGCTGAACACAGGCTTGAG 1276
 AY745492>AY745492_PVYNO_Canada TGTCCATTCTCCA ATGGGACAGAGCAGACTTGGCTGAACATAGGCTTGAG 1296
 OBR_NIb TGTCCATTCTCCA ATGGGACAGAGCGGACTTAGCTGAACACAGGCTTGAG 1276
 * * * * *

AF522296_PVYN_Egito_NIb GCGATTTGTGCAGCAATGATAGAATCCTGGGGTTATTTTGAGTTAACGCA 1346
 AB270705_PVYN_Japao_NIb GCGATTTGTGCAGCAATGATAGAATCCTGGGGTTATTTTGAGTTAACGCA 1336
 EF026075_PVYNTN_USA_NIb GCGATTTGTGCAGCAATGATAGAATCCTGGGGTTATTTTGAGTTAACGCA 1346
 ITA_NIb GCGATTTGTGCAGCAATGATAGAATCCTGGGGTTATTTTGAGTTAACGCA 1349
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_NIb GCGATTTGTGCAGCAATGATAGAATCCTGGGGTTATTTTGAGTTAACGCA 1349
 AJ889867_PVYW_Alemanha_NIb GCGATTTGTGCAGCAATGATAGAATCCTGGGGTTATTTTGAGTTAACGCA 1346
 AJ166866_PVYNTN_Canada_NIb GCGATTTGTGCAGCAATGATAGAATCCTGGGGTTATTTTGAGTTAACGCA 1346
 EF026076_PVYNO-USA_NIb GCGATTTGCGCAGCTATGATAGAGTCCTGGGGTTATTCTGAACTAACACA 1346
 EF026074_PVYO_USA_NIb GCGATTTGCGCAGCTATGATAGAGTCCTGGGGTTATTCTGAACTAACACA 1326
 AY745492>AY745492_PVYNO_Canada GCGATTTGCGCAGCTATGATAGAGTCCTGGGGTTATTCTGAACTAACACA 1346
 OBR_NIb GCGATTTGCGCAGCTATGATAGAGTCCTGGGGTTATTCTGAACTAACACA 1326
 * * * * *

AF522296_PVYN_Egito_NIb CCAAATCAGGAGATTCTACTCATGGTTGTTGCAACAGCAACCTTTTTCAA 1396
 AB270705_PVYN_Japao_NIb CCAAATCAGGAGATTCTACTCATGGTTGTTGCAACAGCAACCTTTTTCAA 1386
 EF026075_PVYNTN_USA_NIb CCAAATCAGGAGATTCTACTCATGGTTGTTGCAACAGCAACCTTTTTCAA 1396
 ITA_NIb CCAAATCAGGAGATTCTACTCATGGTTGTTGCAACAGCAACCTTTTTCAA 1399
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_NIb CCAAATCAGGAGATTCTACTCATGGTTGTTGCAACAGCAACCTTTTTCAA 1399
 AJ889867_PVYW_Alemanha_NIb CCAAATCAGGAGATTCTACTCATGGTTGTTGCAACAGCAACCTTTTTCAA 1396
 AJ166866_PVYNTN_Canada_NIb CCAAATCAGGAGATTCTACTCATGGTTGTTGCAACAGCAACCTTTTTCAA 1396
 EF026076_PVYNO-USA_NIb CCAAATCAGGAGATTCTACTCATGGTTATTGCAACAGCAACCCTTTGCAA 1396
 EF026074_PVYO_USA_NIb CCAAATCAGGAGATTCTACTCATGGTTATTGCAACAGCAACCCTTTGCAA 1376
 AY745492>AY745492_PVYNO_Canada CCAAATCAGGAGATTCTACTCATGGTTATTGCAACAGCAACCCTTTGCAA 1396
 OBR_NIb CCAAATCAGGAGATTCTACTCATGGTTATTGCAACAGCAACCTTTTTGCAA 1376
 * * * * *

AF522296_PVYN_Egito_NIb CGATAGCACAGGAAGGAAAAGCTCCATACATAGCGAGCATGGCACTGAAG 1446
 AB270705_PVYN_Japao_NIb CGATAGCACAGGAAGGAAAAGCTCCATACATAGCGAGCATGGCACTGAAG 1436
 EF026075_PVYNTN_USA_NIb CGATAGCACAGGAAGGAAAAGCTCCATACATAGCGAGCATGGCATTGAAG 1446

ITA_NIb CGATAGCACAGGAAGGAAAAGCTCCATACATAGCGAGCATGGCATTGAAG 1449
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_NIb CGATAGCGCAGGAAGGAAAAGCTCCATACATAGCGAGCATGGCATTGAAG 1449
 AJ889867_PVYW_Alemanha_NIb CGATAGCGCAGGAAGGAAAAGCTCCATACATAGCGAGCATGGCATTGAAG 1446
 AJ166866_PVYNTN_Canada_NIb CGATAGCGCAGGAAGGAAAAGCTCCATACATAGCGAGCATGGCATTGAAG 1446
 EF026076_PVYNO-USA_NIb CAATAGCGCAGGAAGGGAAGGCTCCTTATATAGCAAGCATGGCATTGAAG 1446
 EF026074_PVYO_USA_NIb CAATAGCGCAGGAAGGGAAGGCTCCTTATATAGCAAGCATGGCATTGAAG 1426
 AY745492>AY745492_PVYNO_Canada CAATAGCGCAGGAAGGGAGGGCTCCTTATATAGCAAGCATGGCATTGAAG 1446
 OBR_NIb CAATAGCGCAGGAAGGGAAGGCTCCTTATATAGCAAGCATGGCATTGAAG 1426
 * * * * *

AF522296_PVYN_Egito_NIb AAGCTGTACATGGATAGGACAGTAGATGAGGAGGAACTGAAGGCTTTTCAC 1496
 AB270705_PVYN_Japao_NIb AAGCTGTACATGGATAGGACAGTAGATGAGGAGGAACTGAAGGCTTTTCAC 1486
 EF026075_PVYNTN_USA_NIb AAGCTGTACATGAATAGGACAGTAGATGAGGAGGAACTGAAGGCTTTTCAC 1496
 ITA_NIb AAGCTGTACATGAATAGGACAGTAGATGAGGAGGAACTGAAGGCTTTTCAC 1499
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_NIb AAGCTGTACATGAATAGGACAGTAGATGAGGAGGAACTGAAGGCTTTTCAC 1499
 AJ889867_PVYW_Alemanha_NIb AAGCTGTACATGAATAGGACAGTAGATGAGGAGGAACTGAAGGCTTTTCAC 1496
 AJ166866_PVYNTN_Canada_NIb AAGCTGTACATGAATAGGACAGTAGATGAGGAGGAACTGAAGGCTTTTCAC 1496
 EF026076_PVYNO-USA_NIb AAATTGTATATGGATAGGGCTGTGGATGAGGAAGAGCTGAGAGCCTTCAC 1496
 EF026074_PVYO_USA_NIb AAATTGTATATGGATAGGGCTGTGGATGAGGAAGAGCTGAGAGCCTTCAC 1476
 AY745492>AY745492_PVYNO_Canada AAATTGTATATGGATAGGGCTGTGGATGAGGAAGAGCTGAGAGCCTTCAC 1496
 OBR_NIb AAATTGTATATGGATAGGACTGTGGATGAGGAAGAGCTAAGAGCCTTCAC 1476
 ** * * * * *

AF522296_PVYN_Egito_NIb TGAAATGATGGTTGCCTTGGATGATGAAC----- 1525
 AB270705_PVYN_Japao_NIb TGAAATGATGGTTGCCTTGGATGATGAAC TTGAGTGC GATACTTATGAAG 1536
 EF026075_PVYNTN_USA_NIb TGAAATGATGGTTGCCTTGGATGATGAAC TTGAGTGC GATACTTATGAAG 1546
 ITA_NIb TGAAATGATGGTTGCCTTGGATGATGAAC TTGAGTGC GATACTTATGAAG 1549
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_NIb TGAAATGATGGTTGCCTTGGATGATGAAC TTGAGTGC GATACTTATGAAG 1549
 AJ889867_PVYW_Alemanha_NIb TGAAATGATGGTTGCCTTGGATGATGAAC TTGAGTGC GATACTTATGAAG 1546
 AJ166866_PVYNTN_Canada_NIb TGAAATGATGGTTGCCTTGGATGATGAATTTGAGTGC GATGCTTATGAAG 1546
 EF026076_PVYNO-USA_NIb TGAAATGATGGTTCGATTAGACGATGAGTTTGAATTTGACTCTTATGAAG 1546
 EF026074_PVYO_USA_NIb TGAAATGATGGTTCGATTAGACGATGAGTTTGAATTTGACTCTTATGAAG 1526
 AY745492>AY745492_PVYNO_Canada TGAAATGATGGTTCGATTAGACGATGAGTTTGAATTTGACTCTTATGAAG 1546
 OBR_NIb TGAAATGATGGTTCGATTAGACGATGAGTTTGAATTTGACTCTTATGAAG 1526

AF522296_PVYN_Egito_NIb -----

AB270705_PVYN_Japao_NIb	TGCACCATCAA	1547
EF026075_PVYNTN_USA_NIb	TGCACCATCAA	1557
ITA_NIb	TGCACCATCAA	1560
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_NIb	TGCACCATCAA	1560
AJ889867_PVYW_Alemanha_NIb	TGCACCATCAA	1557
AJ166866_PVYNTN_Canada_NIb	TGCACCATCAA	1557
EF026076_PVYNO-USA_NIb	TATACCATCAA	1557
EF026074_PVYO_USA_NIb	TACACCATCAA	1537
AY745492>AY745492_PVYNO_Canada	TATACCATCAA	1557
OBR_NIb	TACACCATCAA	1537

CLUSTAL 2.0.8 multiple sequence alignment

```
EF026074_PVYO_USA_CP -----  
AJ889867_PVYW_Alemanha_CP -----  
AY745492_PVYNO_Canada_CP -----  
EF026076_PVYNO-USA_CP -----  
AB270705_PVYN_Japao_CP -----  
OBR_CP -----  
EF026075_PVYNTN_USA_CP -----  
ITA_CP -----  
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CP -----  
AJ166866_PVYNTN_Canada_CP -----  
NBR_CP -----GGAAACGCTCCATACAT 17  
AF522296_PVYN_Egito_CP CAACAGCAACCTTTTGCAACAATAGCGCAGGAAGGGAAGGCTCCTTATAT 50
```

```
EF026074_PVYO_USA_CP -----  
AJ889867_PVYW_Alemanha_CP -----  
AY745492_PVYNO_Canada_CP -----  
EF026076_PVYNO-USA_CP -----  
AB270705_PVYN_Japao_CP -----  
OBR_CP -----  
EF026075_PVYNTN_USA_CP -----  
ITA_CP -----  
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CP -----  
AJ166866_PVYNTN_Canada_CP -----  
NBR_CP -----AGCGAGCATGGCATTGAAGAAGCTGTACATGAATAGGACAGTAGATGAGG 67  
AF522296_PVYN_Egito_CP AGCAAGCATGGCACTAAGGAAACTGTATATGGATAGGGCTGTGGATGAGG 100
```

```
EF026074_PVYO_USA_CP -----  
AJ889867_PVYW_Alemanha_CP -----  
AY745492_PVYNO_Canada_CP -----  
EF026076_PVYNO-USA_CP -----  
AB270705_PVYN_Japao_CP -----  
OBR_CP -----
```

```

EF026075_PVYNTN_USA_CP -----
ITA_CP -----
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CP -----
AJ166866_PVYNTN_Canada_CP -----
NBR_CP AGGAACTGAAGGCTTTCAC T GAAATGATGGTTGCCTTGGATGATGAACTT 117
AF522296_PVYN_Egito_CP AAGAGCTAAGAGCCTTCACTGAAATGATGGTCGCATTAGATGATGAGTTT 150

```

```

EF026074_PVYO_USA_CP -----GCAAATGACACAATCGATGC 20
AJ889867_PVYW_Alemanha_CP -----GCAAATGACACAATCGATGC 20
AY745492_PVYNO_Canada_CP -----GCAAATGACACAATCGATGC 20
EF026076_PVYNO-USA_CP -----GCAAATGACACAATCGATGC 20
AB270705_PVYN_Japao_CP -----GGAAACGACACAATCGATGC 20
OBR_CP -----GCAAATGACACAATTGATGC 20
EF026075_PVYNTN_USA_CP -----GGAAATGACACAATCGATGC 20
ITA_CP -----GGAAATGACACAATCGATGC 20
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CP -----GGAAATGACACAATTGATGC 20
AJ166866_PVYNTN_Canada_CP -----GGAAATGACACAATCGATGC 20
NBR_CP GAGTGCGATACTTATGAAGTGCACCATCAAGGAAATGACACAATCGATGC 167
AF522296_PVYN_Egito_CP GAGCTTGACTCTTATGAAGTACACCATCAAGCAAATGACACAATTGATGC 200
* ** *

```

```

EF026074_PVYO_USA_CP AGGAGGAAGCAGCAAGAAAGATGCAAGACCGGAGCAAGGCAGCATCCAGT 70
AJ889867_PVYW_Alemanha_CP AGGAGGAAGCAGCAAGAAAGATGCAAGACCAGAGCAAGGCAGCATCCAGT 70
AY745492_PVYNO_Canada_CP AGGAGGAAGCAGCAAGAAAGATGCAAGACCAGAGCAAGGCAGCATCCAGT 70
EF026076_PVYNO-USA_CP AGGAGGAAGCAGCAAGAAAGATGCAAGACCAGAGCAAGGCAGCATCCAGT 70
AB270705_PVYN_Japao_CP AGGAGGAAGCAGCAAGAAAGATGCAAGACCAGAGCAAAGCAGCATTTCAGT 70
OBR_CP AGGAGGAAGCAACAAGAGAGATGCAAAAACCAGAGCAAGGCAGCATCCAGT 70
EF026075_PVYNTN_USA_CP AGGAGGAAGCACTAAGAAGGATGCAAAAACAAGAGCAAGGTAGCATTCAAC 70
ITA_CP AGGAGGAAGCACTAAGAAGGATGCAAAAACAAGAGCAAGGTATCATTCAAC 70
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CP AGGAGGAAGCACTAAGAAGGATGCAAAAACAAGAGCTAGGTAGCATTCAAC 70
AJ166866_PVYNTN_Canada_CP AGGAGGAAGCACTAAGAAGATGCAAAAACAAGAGCAAGGTAGCATTCAAC 70
NBR_CP AGGAGGAAGCACTAAGAAGGATGCAAAAACAAGAGCAAGGTATCATTCAAC 217
AF522296_PVYN_Egito_CP AGGAGGAAGCAACAAGAAAGATGCAAAAACCAGAGCAGGGCAGCATCCAGC 250
***** ** *

```

```

EF026074_PVYO_USA_CP CAAACCCGAACAAAGGAAAAGATAAGGATGTGAATGCTGGTACATCTGGG 120

```

AJ889867_PVYW_Alemanha_CP CAAACCCGAACAAAGGAAAAGATAAGGATGTGAATGCTGGTACATCTGGG 120
 AY745492_PVYNO_Canada_CP -----
 EF026076_PVYNO-USA_CP CAAACCCGAACAAAGGAAAAGATAAGGATGTGAATGCTGGTACATCTGGG 120
 AB270705_PVYN_Japao_CP CAAACCCGAACAAAGGAAAAGATAAGGATGTGAATGCTGGTACATCTGGG 120
 OBR_CP CAAACCCGAACAAAGGAAAAGATAAGGATGTTAATGCTGGCACATCTGGG 120
 EF026075_PVYNTN_USA_CP CAAATCTCAACAAGGAAAAGGAAAAGGACGTGAATGTTGGAACATCTGGA 120
 ITA_CP CAAATCTCAACAAGGAAAAGGAAAAGGACGTGAATGTTGGAACATCTGGA 120
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CP CAAATCTCAACAAGGAAAAGGAAAAGGACGTGAATGTTGGAACATCTGGA 120
 AJ166866_PVYNTN_Canada_CP CAAGTCTCAACAAGGAAAAGGAAAAGGACGTGAATGTTGGAACATCTGGA 120
 NBR_CP CAAATCTCAACAAGGAAAAGGAAAAGGACGTGAATGTTGGAACATCTGGA 267
 AF522296_PVYN_Egito_CP CAAACCCGAACAAAGGAAAAGGATAAGGATGTTAATGCAGGCACATCTGGG 300

EF026074_PVYO_USA_CP ACACATACTGTGCCGAGAATCAAGGCTATCACGTCCAAAATGAGAATGCC 170
 AJ889867_PVYW_Alemanha_CP ACACATACTGTGCCGAGAATCAAGGCTATCACGTCCAAAATGAGAATGCC 170
 AY745492_PVYNO_Canada_CP -----TGCCGAGAATCAAGGCTATCACGTCCAAAATGAGAATGCC 110
 EF026076_PVYNO-USA_CP ACACACACTGTGCCGAGAATCAAGGCTATCACGTCCAAAATGAGAATGCC 170
 AB270705_PVYN_Japao_CP ACACATACTGTGCCGAGAATCAAGGCTATCACGTCCAAAATGAGAATGCC 170
 OBR_CP ACACATACTGTGCCGAGAATCAAGGCTATCACGTCCAAAATGAGAATGCC 170
 EF026075_PVYNTN_USA_CP ACTCATACTGTGCCACGAATTTAAAGCTATCACGTCCAAAATGAGAATGCC 170
 ITA_CP ACTCATACTGTGCCACGAATTTAAAGCTATCACGTCCAAAATGAGAATGCC 170
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CP ACTCATACTGTGCCACGAATTTAAAGCTATCACGTCCAAAATGAGAATGCC 170
 AJ166866_PVYNTN_Canada_CP ACTCACACTGTGCCACGAATTTAAAGCTATCACGTCCAAAATGAGAATGCC 170
 NBR_CP ACTCATACTGTGCCACGAATTTAAAGCTATCACGTCCAAAATGAGAATGCC 317
 AF522296_PVYN_Egito_CP ACACATACTGTGCCGAGAATCAAGGCTATCACGTCCAAAATGAGAATGCC 350

**** * * * *

EF026074_PVYO_USA_CP CAAAAGCAAGGGAGCAACCGTGCTAAACCTAGAACACTTGCTTGAGTATG 220
 AJ889867_PVYW_Alemanha_CP CAAAAGCAAGGGAGCAACCGTGCTAAACCTAGAACACTTGCTTGAGTATG 220
 AY745492_PVYNO_Canada_CP CAAAAGCAAGGGAGCAACCGTGCTAAACCTAGAACACTTGCTTGAGTATG 160
 EF026076_PVYNO-USA_CP CAAAAGCAAGGGAGCAACCGTGCTAAACCTAGAACACTTGCTTGAGTATG 220
 AB270705_PVYN_Japao_CP CACAAGCAAGGGAGCAACCGTGCTAAACCTAGAACACTTGCTTGAGTATG 220
 OBR_CP CAAAAGCAAGGGAGCAACCGTGCTAAACCTAGAACATTTGCTTGAGTATG 220
 EF026075_PVYNTN_USA_CP CAAGAGTAAAGGTGCAACTGTACTAAATTTGAAACACTTACTCGAGTATG 220
 ITA_CP CAAGAGTAAAGGTGCAACTGTACTAAATTTGAAACACTTACTCGAGTATG 220
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CP CAAGAGTAAAGGTGCAACTGTACTAAATTTGAAACACTTACTCGAGTATG 220
 AJ166866_PVYNTN_Canada_CP CAGGAGTAAAGGTGCAACTGTACTAAATTTGAAACATTTACTCGAGTATG 220


```

NBR_CP                    CAAGAGTAAAGGTGCAACTGTACTAAATTTGGAACACTTACTCGAGTATG 367
AF522296_PVYN_Egito_CP  CACAAGCAAGGGAGCAACCGTGCTAAACTTAGAACATTTGCTTGAGTATG 400
**   ** ** ** ** **     ** ** **   *   ** ** **   ** ** **

EF026074_PVYO_USA_CP     CTCCACAACAAATTTGATATTTCAAATACTCGGGCAACTCAATCACAGTTT 270
AJ889867_PVYW_Alemanha_CP CTCCACAACAAATTTGATATTTCAAATACTCGGGCAACTCAATCACAGTTT 270
AY745492_PVYNO_Canada_CP CTCCACAACAAATTTGATATTTCAAATACTCGGGCAACTCAATCACAGTTT 210
EF026076_PVYNO-USA_CP    CTCCACAACAAATTTGATATTTCAAATACTCGGGCAACTCAATCACAGTTT 270
AB270705_PVYN_Japao_CP   CTCCACAACAAATTTGATATTTCAAATACTCGGGCGACTCAATCACAGTTT 270
OBR_CP                   CTCCACAACAAATTTGATATTTCAAATACTCGGGCAACTCAATCACAGTTT 270
EF026075_PVYNTN_USA_CP  CTCCACAGCAAATTTGACATCTCAAATACTCGAGCAACTCAATCACAGTTT 270
ITA_CP                   CTCCACAGCAAATTTGACATCTCAAATACTCGAGCAACTCAATCACAGTTT 270
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CP CTCCACAGCAAATTTGACATCTCAAATACTCGAGCAACTCAATCACAGTTT 270
AJ166866_PVYNTN_Canada_CP CTCCACAGCAAATTTGACATCTCAAATACTCGAGCAACTCAATCACAGTTT 270
NBR_CP                   CTCCACAGCAAATTTGACATCTCAAATACTCGAGCAACTCAATCACAGTTT 417
AF522296_PVYN_Egito_CP   CTCCACAACAAATTTGATATTTCAAATACTCGGGCAACTCAATCACAGTTT 450
***** ***** ** ***** ** *****

EF026074_PVYO_USA_CP     GATACGTGGTATGAGGCAGTGCGGATGGCATAACGACATAGGAGAAACTGA 320
AJ889867_PVYW_Alemanha_CP GATACGTGGTATGAGGCAGTGCGGATGGCATAACGACATAGGAGAAACTGA 320
AY745492_PVYNO_Canada_CP GATACGTGGTATGAGGCAGTGCGGATGGCATAACGACATAGGAGAAACTGA 260
EF026076_PVYNO-USA_CP    GATACGTGGTATGAGGCAGTGCGGATGGCATAACGACATAGGAGAAACTGA 320
AB270705_PVYN_Japao_CP   GATACGTGGTATGAGGCAGTGCGGATGGCATAACGACATAGGAGAAACTGA 320
OBR_CP                   GATACGTGGTATGAGGCAGTGCGGATGGCATAACGACATAGGAGAAACTGA 320
EF026075_PVYNTN_USA_CP  GATACGTGGTATGAAGCGGTACAACCTTGCATACGACATAGGAGAAACTGA 320
ITA_CP                   GATACGTGGTATGAAGCGGTACAACCTTGCATACGACATAGGAGAAACTGA 320
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CP GATACGTGGTATGAAGCGGTACAACCTTGCATACGGCATAGGAGAAACTGA 320
AJ166866_PVYNTN_Canada_CP GATACATGGTATGAAGCAGTACAACCTTGCATACGACATAGGAGAAACTGA 320
NBR_CP                   GATACGTGGTATGAAGCGGTACAACCTTGCATACGACATAGGAGAAACTGA 467
AF522296_PVYN_Egito_CP   GATACGTGGTATGAGGCAGTGCGGATGGCATAACGACATAGGAGAAACTGA 500
**** ***** ** ** *  * ***** *****

EF026074_PVYO_USA_CP     GATGCCAACTGTGATGAATGGGCTTATGGTTTGGTGCATTGAAAATGGAA 370
AJ889867_PVYW_Alemanha_CP GATGCCAACTGTGATGAATGGGCTTATGGTTTGGTGCATTGAAAATGGAA 370
AY745492_PVYNO_Canada_CP GATGCCAACTGTGATGAATGGGCTTATGGTTTGGTGCATTGAAAATGGAA 310
EF026076_PVYNO-USA_CP    GATGCCAACTGTGATGAATGGGCTTATGGTTTGGTGCATTGAAAATGGAA 370
AB270705_PVYN_Japao_CP   GATGCCAACTGTGATGAATGGGCTTATGGTTTGGTGCATTGAAAATGGAA 370

```

OBR_CP GATGCCAACTGTGATGAATGGGCTTATGGTTTGGTGCATTGAAAATGGAA 370
 EF026075_PVYNTN_USA_CP AATGCCAACTGTGATGAATGGGCTTATGGTTTGGTGCATTGAAAATGGAA 370
 ITA_CP AATGCCAACTGTGATGAATGGGCTTATGGTTTGGTGCATTGAAAATGGAA 370
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CP AATGCCAACTGTGATGAATGGGCTTATGGTTTGGTGCATTGAAAATGGAA 370
 AJ166866_PVYNTN_Canada_CP AATGCCAACTGTGATGAATGGGCTTATGGTTTGGTGCATTGAAAATGGAA 370
 NBR_CP AATGCCAACTGTGATGAATGGGCTTATGGTTTGGTGCATTGAAAATGGAA 517
 AF522296_PVYN_Egito_CP GATGCCAACTGTGATGAATGGGCTTATGGTTTGGTGCATTGAAAATGGAA 550

EF026074_PVYO_USA_CP CCTCGCCAAATGTCAACGGAGTTTGGGTTATGATGG-ATGGG-AATGAAC 418
 AJ889867_PVYW_Alemanha_CP CCTCGCCAAATGTCAACGGAGTTTGGGTTATGATGG-ATGGG-AATGAAC 418
 AY745492_PVYNO_Canada_CP CCTCGCCAAATGTCAACGGAGTTTGGGTTATGATGG-ATGGG-GATGAAC 358
 EF026076_PVYNO_USA_CP CCTCGCCAAATGTCAACGGAGTTTGGGTTATGATGG-ATGGG-GATGAAC 418
 AB270705_PVYN_Japao_CP CCTCGCCAAATGTCAACGGAGTTTGGGTTATGATGG-ATGGG-AATGAAC 418
 OBR_CP CCTCGCCAAATGTCAACGGAGTTTGGGTTATGATGG-ATGGG-AATGAAC 418
 EF026075_PVYNTN_USA_CP CCTCGCCAAACATCAACGGAGTTTGGGTTATGATGG-ATGGA-GATGAAC 418
 ITA_CP CCTCGCCAAACATCAACGGAGTTTGGGTTATGATGG-ATGGA-GATGAAC 420
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CP CCTCGCCAAACATCAACGGAGTTTGGGTTATGATGG-ATGGA-GATGAAC 418
 AJ166866_PVYNTN_Canada_CP CCTCGCCAAATATCAATGGAGTTTGGGTTATGATGG-ATGGA-GATGAAC 418
 NBR_CP CCTCGCCAAACATCAACGGAGTTTGGGTTATGATGG-ATGGA-GATGAAC 565
 AF522296_PVYN_Egito_CP CCTCGCCAAATGTCAACGGAGTTTGGGTTATGATGG-ATGGG-AATGAAC 598

***** **** ***** **** *****

EF026074_PVYO_USA_CP AAGTCGAGTACCC-GTTGAAACCAA--TCGTTGAGAATGC-AAAACCAAC 464
 AJ889867_PVYW_Alemanha_CP AAGTCGAGTACCC-GCTGAAACCAA--TCGTTGAGAATGC-AAAACCAAC 464
 AY745492_PVYNO_Canada_CP AAGTCGAGTACCC-GTTGAAACCAA--TCGTTGAGAATGC-AAAACCAAC 404
 EF026076_PVYNO_USA_CP AAGTCGAGTACCC-GTTGAAACCAA--TCGTTGAGAATGC-AAAACCAAC 464
 AB270705_PVYN_Japao_CP AAGTCGAGTACCC-GTTGAAACCAA--TCGTTGAGAATGC-AAAACCAAC 464
 OBR_CP AAGTTGAGTACCC-GTTGAAACCAA--TCGTTGAGAATGC-AAAACCAAC 464
 EF026075_PVYNTN_USA_CP AAGTCGAATACCC-ACTGAAACCAA--TCGTTGAGAATGC-AAAACCAAC 464
 ITA_CP AAGTCGAATACCCACTGAAACCAAATTCGTTGAGAATGCCAAAACCAAC 470
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CP AAGTCGAATACCC-ACTGAAACCAA--TCGTTGAGAATGC-AAAACCAAC 464
 AJ166866_PVYNTN_Canada_CP AAGTCGAATACCC-ACTGAAACCAA--TCGTTGAGAATGC-AAAACCAAC 464
 NBR_CP AAGTCGAATACCC-ACTGAAACCAA--TCGTTGAGAATGC-AAAACCAAC 611
 AF522296_PVYN_Egito_CP AAGTTGAGTACCC-GTTGAAACCAA--TCGTTGAGAATGC-AAAACCAAC 644

**** ** ***** ***** * ***** ** *

EF026074_PVYO_USA_CP	CCTTAGGC-AAATCATGGCACATTTCTCAGATGTTGCAGAAGCGTATATA	513
AJ889867_PVYW_Alemanha_CP	CCTTAGGC-AAATCATGGCACATTTCTCAGATGTTGCAGAAGCGTATATA	513
AY745492_PVYNO_Canada_CP	CCTTAGGC-AAATCATGGCACATTTCTCAGATGTTGCAGAAGCGTATATA	453
EF026076_PVYNO_USA_CP	CCTTAGGC-AAATCATGGCACATTTCTCAGATGTTGCAGAAGCGTATATA	513
AB270705_PVYN_Japao_CP	CCTTAGGC-AAATCATGGCACATTTCTCAGATGTTGCAGAAGCGTATATA	513
OBR_CP	CCTTAGGC-AAATCATGGCACATTTCTCAGATGTTGCAGAAGCGTATATA	513
EF026075_PVYNTN_USA_CP	ACTTAGGC-AAATCATGGCACATTTCTCAGATGTTGCAGAAGCGTATATA	513
ITA_CP	ACTTAGGCCAAATCATGGCACATTTCTCAGATGTTGCAGAAGCGTATATA	520
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CP	ACTTAGGC-AAATCATGGCACATTTCTCAGATGTTGCAGAAGCGTATATA	513
AJ166866_PVYNTN_Canada_CP	ACTTAGGC-AAATCATGGCACATTTCTCAGATGTTGCAGAAGCGTATATA	513
NBR_CP	ACTTAGGC-AAATCATGGCACATTTCTCAGATGTTGCAGAAGCGTATATA	660
AF522296_PVYN_Egito_CP	CCTTAGGC-AAATCATGGCACATTTCTCAGATGTTGCAGAAGCGTATATA	693

EF026074_PVYO_USA_CP	GAAATGCGCAACAAAAAGGAACCATATATGCCACGATATGGTTTAAATTCG	563
AJ889867_PVYW_Alemanha_CP	GAAATGCGCAACAAAAAGGAACCATATATGCCACGATATGGTTTAACTCG	563
AY745492_PVYNO_Canada_CP	GAAATGCGCAACAAAAAGGAACCATATATGCCACGATA-----	491
EF026076_PVYNO_USA_CP	GAAATGCGCAACAAAAAGGAACCATATATGCCACGATATGGTTTAAATTCG	563
AB270705_PVYN_Japao_CP	GAAATGCGCAACAAAAAGGAACCATATATGCCACGATATGGTTTAAATTCG	563
OBR_CP	GAAATGCGCAACAAAAAGGAACCATATATGCCACGATATGGTTTAAATTCG	563
EF026075_PVYNTN_USA_CP	GAAATGCGCAACAAAAAGGAACCATATATGCCACGATATGGTTTAGTTTCG	563
ITA_CP	GAAATGCGCAACAAAAAGGAACCATATATGCCACGATATGGTTTAGTTTCG	570
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CP	GAAATGCGCAACAAAAAGGAACCATATATGCCACGATATGGTTTAGTTTCG	563
AJ166866_PVYNTN_Canada_CP	GAAATGCGCAACAAAAAGGAACCATATATGCCACGATATGGTTTAGTTTCG	563
NBR_CP	GAAATGCGCAACAAAAAGGAACCATATATGCCACGATATGGTTTAGTTTCG	710
AF522296_PVYN_Egito_CP	GAAATGCGCAACAAAAAGGAACCATATATGCCACGATATGGTTTAAATTCG	743

EF026074_PVYO_USA_CP	AAATCTGCGGGATGTGGGTTTAGCGCGTTATGCCTTTGACTTTTATGAGG	613
AJ889867_PVYW_Alemanha_CP	AAATCTGCGGGATGTGGGTTTAGCGCGTTATGCCTTTGACTTTTATGAGG	613
AY745492_PVYNO_Canada_CP	-----GG	493
EF026076_PVYNO_USA_CP	AAATCTGCGGGATGTGGGTTTAGCGCGTTATGCCTTCGACTTTTATGAGG	613
AB270705_PVYN_Japao_CP	AAATCTGCGGGATGTGGGTTTAGCGCGTTATGCCTTTGACTTTTATGAGG	613
OBR_CP	GAATCTGCGGGATGTGGGTTTAGCGCGTTATGCCTTTGACTTTTATGAGG	613
EF026075_PVYNTN_USA_CP	TAATCTGCGCGATGGAAGTTTGGCTCGCTATGCTTTTACTTTTATGAGG	613
ITA_CP	TAATCTGCGCGATGGAAGTTTGGCTCGCTATGCTTTTACTTTTATGAGG	620
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CP	TAATCTGCGCGATGGAAGTTTGGCTCGCTATGCTTTTACTTTTATGAGG	613

AJ166866_PVYNTN_Canada_CP	TAATCTGCGCGATGGAAGTTTGGCTCGCTATGCTTTTTGACTTTTTATGAAG	613
NBR_CP	TAATCTGCGCGATGGAAGTTTGGCTCGCTATGCTTTTTGACTTTTTATGAGG	760
AF522296_PVYN_Egito_CP	AAATCTGCGGGATATGGGTTTAGCGCGTTATGCCTTTGACTTTTTATGAGG	793

*

EF026074_PVYO_USA_CP	TCACATCACGAACACCAGTGAGGGCTAGGGAAGCGCACATTCAAATGAAG	663
AJ889867_PVYW_Alemanha_CP	TCACATCACGAACACCAGTGAGGGCTAGGGAAGCGCACATTCAAATGAAG	663
AY745492_PVYNO_Canada_CP	TCACATCACGAACACCAGTGAGGGCTAGGGAAGCGCACATTCAAATGAAG	543
EF026076_PVYNO-USA_CP	TCACATCACGAACACCAGTGAGGGCTAGGGAAGCGCACATTCAAATGAAG	663
AB270705_PVYN_Japao_CP	TCACATCACGAACACCAGTGAGGGCTAGGGAAGCGCACATTCAAATGAAG	663
OBR_CP	TCACATCACGAACACCAGTGAGGGCTAGGGAAGCGCACATTCAAATGAAG	663
EF026075_PVYNTN_USA_CP	TCACATCACGAACACCAGTGAGGGCTAGGGAAGCGCACATTCAAATGAAG	663
ITA_CP	TCACATCACGAACACCAGTGAGGGCTAGGGAAGCGCACATTCAAATGAAG	670
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CP	TCACATCACGAACACCAGTGAGGGCTAGGGAAGCGCACATTCAAATGAAG	663
AJ166866_PVYNTN_Canada_CP	TTACATCACGGACACCAGTGAGGGCTAGAGAGGCACACATTCAAATGAAG	663
NBR_CP	TCACATCACGAACACCAGTGAGGGCTAGGGAAGCGCACATTCAAATGAAG	810
AF522296_PVYN_Egito_CP	TCACA-----	798

* **

EF026074_PVYO_USA_CP	GCCGCAGCATTGAAATCAGCCCAACCTCGACTTTTTCGGGTTGGACGGTGG	713
AJ889867_PVYW_Alemanha_CP	GCCGCAGCATTGAAATCAGCTCAACCTCGACTTTTTCGGGTTGGACGGTGG	713
AY745492_PVYNO_Canada_CP	GCCGCAGCATTGAAATCAGCCCAACCTCGACTTTTTCGGGTTGGACGGTGG	593
EF026076_PVYNO-USA_CP	GCCGCAGCATTGAAATCAGCCCAACCTCGACTTTTTCGGGTTGGACGGTGG	713
AB270705_PVYN_Japao_CP	GCCGCAGCATTGAAATCAGCCCAACCTCGACTTTTTCGGGTTGGACGGTGG	713
OBR_CP	GCCGCAGCATTGAAATCAGCCCAACCTCGACTTTTTCGGGTTGGACGGTGG	713
EF026075_PVYNTN_USA_CP	GCCGCAGCATTGAAATCAGCCCAATCTCGACTTTTTCGGGTTGGACGGTGG	713
ITA_CP	GCCGCAGCATTGAAATCAGCCCAATCTCGACTTTTTCGGGTTGGACGGTGG	720
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CP	GCCGCAGCATTGAAATCAGCCCAACCTCGACTTTTTCGGGTTGGACGGTGG	713
AJ166866_PVYNTN_Canada_CP	GCCGCAGCTTTAAATCAGCTCAATCTCGACTTTTTCGGATTGGATGGTGG	713
NBR_CP	GCCGCAGCATTGAAATCAGCCCAATCTCGACTTTTTCGGGTTGGACGGTGG	860
AF522296_PVYN_Egito_CP	-----	

EF026074_PVYO_USA_CP	CATCAGTACACAAGAGGAGAACACAGAGAGGCACACCACCGAGGATGTCT	763
AJ889867_PVYW_Alemanha_CP	CATCAGTACACAAGAGGAGAACACAGAGAGGCACACCACCGAGGATGTCT	763
AY745492_PVYNO_Canada_CP	CATCAGTACACAAGAGGAGAACACAGAGAGGCACACCACCGAGGATGTCT	643
EF026076_PVYNO-USA_CP	CATCAGTACACAAGAGGAGAACACAGAGAGGCACACCACCGAGGATGTCT	763

AB270705_PVYN_Japao_CP	CATCAGTACACAAGAGGAGAACACAGAGAGGCACACCACCGAGGATGTCT	763
OBR_CP	CATCAGTACACAAGAGGAGAACACAGAGAGGCACACCACCGAGGATGTCT	763
EF026075_PVYNTN_USA_CP	CATCAGTACACAAGAGGAGAACACAGAGAGGCACACCACCGAGGATGTCT	763
ITA_CP	CATCAGTACACAAGAGGAGAACACAGAGAGGCACACCACCGAGGATGTCT	770
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CP	CATCAGTACACAAGAGGAGAACACAGAGAGGCACACCACCGAGGATGTTT	763
AJ166866_PVYNTN_Canada_CP	CATTAGTACACAAGAGGAAAAACACAGAGAGGCACACCACCGAGGATGTTT	763
NBR_CP	CATCAGTACACAAGAGGAGAACACAGAGAGGCACACCACCGAGGATGTCT	910
AF522296_PVYN_Egito_CP	-----	

EF026074_PVYO_USA_CP	CTCCAAGTATGCATACTCTACTTGGAGTCAAGAACATG-	801
AJ889867_PVYW_Alemanha_CP	CTCCAAGTATGCATACTCTACTTGGAGTCAAGAACATGT	802
AY745492_PVYNO_Canada_CP	CTCCAAGTATGCATACTCTACTTGGAGTTAAGAACATG-	681
EF026076_PVYNO_USA_CP	CTCCAAGTATGCATACTCTACTTGGAGTTAAGAACATG-	801
AB270705_PVYN_Japao_CP	CTCCAAGTATGCATACTCTACTTGGAGTTAAGAACATG-	801
OBR_CP	CTCCAAGTATGCATACTCTACTTGGAGTCAAGAACATG-	801
EF026075_PVYNTN_USA_CP	CTCCAAGTATGCATACTCTACTTGGAGTCAAGAACATG-	801
ITA_CP	CTCCAAGTATGCATACTCTACTTGGAGTCAAGAACATGT	809
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_CP	CTCCAAGTATGCATACTCTACTTGGAGTCAAGAACATGT	802
AJ166866_PVYNTN_Canada_CP	CTCCAAGTATGCATACTCTACTTGGAGTGAAGAACATG-	801
NBR_CP	CTCCAAGTATGCATACTCTACTTGGAGTCAAGAACATG-	948
AF522296_PVYN_Egito_CP	-----	

CLUSTAL 2.0.8 multiple sequence alignment

```

ITA_3UTR          -GAT-GTAGTGTCTCTCCGGACGATATATAAGTATTTACATATGCAGTAA 48
NBR_3UTR          TGAT-GTAGTGTCTCTCCGGACGATATATAAGTATTTACATATGCAGTAA 49
AB270705_PVYN_Japao_3UTR  TGAT-GTAGTGTCTCTCCGGACGATATATAAGTATTTACATATGCAGTAA 49
EF026075_PVYNTN_USA_3UTR  TGAT-GTAGTGTCTCTCCGGACGATATATAAGTATTTACATATGCAGTAA 49
AJ889867_PVYW_Alemanha_3UTR -GAT-GTAGTGTCTCTCCTGACGATATATAAGTATTTACATATGCAGTAA 48
AY745492_PVYNO_Canada_3UTR  TGAT-GTAGTGTCTCTCCGGACGATATATAAGTATTTACATATGCAGTAA 49
EF026076_PVYNO_USA_3UTR    TGAT-GTAGTGTCTCTCCGGACGATATATAAGTATTTACATATGCAGTAA 49
EF026074_PVYO_USA_3UTR    TGAT-GTAGTGTCTCTCCGGACGATATATAAGTATTTACATATGCAGTAA 49
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_3UTR TGAT-GTAGTGTCTCTCCGGACGATATATAAGTATTTACATATGCAGTAA 49
OBR_3UTR          TGAT-GTAGTGTCTCTCCGGACGATATATAAGTATTTACATATGCAGTAA 49
AF522296_PVYN_Egito_3UTR   TGAT-GTAGTGTCTCTCCGGACGATATATAAGTATTTACATATGCAGTAA 49
AJ166866_PVYNTN_Canada_3UTR TGATTGTAGTGTCTTTCCGGACGATATATAGATATTTATGTTTGCAGTAA 50
                    ***  *****  ***  *****  *****  *  *****

ITA_3UTR          GTATTTTGGCTTTTCCCTGTACTACTTTTTATCATAATTAATAATCAGTTTG 98
NBR_3UTR          GTATTTTGGCTTTTCCCTGTACTACTTTTTATCATAATTAATAATCAGTTTG 99
AB270705_PVYN_Japao_3UTR  GTATTTTGGCTTTTCCCTGTACTACTTTTTATCATAATTAATAATCAGTTTG 99
EF026075_PVYNTN_USA_3UTR  GTATTTTGGCTTTTCCCTGTACTACTTTTTATCATAATTAATAATCAGTTTG 99
AJ889867_PVYW_Alemanha_3UTR GTATTTTGGCTTTTCCCTGTACTACTTTTTATCATAATTAATAATCAGTTTG 98
AY745492_PVYNO_Canada_3UTR  GTATTTTGGCTTTTCCCTGTACTACTTTTTATCATAATTAATAATCAGTTTG 99
EF026076_PVYNO_USA_3UTR   GTATTTTGGCTTTTCCCTGTACTACTTTTTATCATAATTAATAATCAGTTTG 99
EF026074_PVYO_USA_3UTR   GTATTTTGGATTTTCCCTGTACTACTTTTTATCATAATTAATAATCAGTTTG 99
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_3UTR GTATTTTGGCTTTTCCCTGTACTACTTTTTATCATAATTAATAATCAGTTTG 99
OBR_3UTR          GTATTTTGGCTTTTCCCTGTACTACTTTTTATCATAATTAATAATCAGTTTG 99
AF522296_PVYN_Egito_3UTR   GTATTTTGGCTTTTCCCTGTACTACTTTTTATCATAATTAATAATC-GTTTG 98
AJ166866_PVYNTN_Canada_3UTR ATATTTTGGCTTTTCCCTGTACTACTTTTTATCGTAATTAATAATC-GTTTG 99
                    *****  *****  *****  *****

ITA_3UTR          AATATTACTAATAGATAGAGGTGGCAGGGTGATTTTCGTCATTGT-GGTGA 147
NBR_3UTR          AATATTACTAATAGATAGAGGTGGCAGGGTGATTTTCGTCATTGT-GGTGA 148
AB270705_PVYN_Japao_3UTR  AATATTACTAATAGATAGAGGTGGCAGGGTGATTTTCGTCATTGT-GGTGA 148
EF026075_PVYNTN_USA_3UTR  AATATTACTAATAGATAGAGGTGGCAGGGTGATTTTCGTCATTGT-GGTGA 148
AJ889867_PVYW_Alemanha_3UTR AATATTACTAATAGATAGAGGTGGCAGGGTGATTTTCGTCATTGT-GGTGA 147
AY745492_PVYNO_Canada_3UTR AATATTACTAATAGATAGAGGTGGCAGGGTGATTTTCGTCATTGT-GGTGA 148

```

EF026076_PVYNO-USA_3UTR AATATTACTAATAGATAGAGGTGGCAGGGTGATTTTCGTCATTGT-GGTGA 148
 EF026074_PVYO_USA_3UTR AATATTACTAATAGATAGAGGTGGCAGGGTGATTTTCGTCATTGT-GGTGA 148
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_3UTR AATATTACTAATAGATAGAGGTGGCAGGGTGATTTTCGTCATTGT-GGTGA 148
 OBR_3UTR AATATTACTAATAGATGGAGGTGGCAGGGTGATTTTCGTCATTGT-GGTGA 148
 AF522296_PVYN_Egito_3UTR AATATTACTGGCAGATAGGGGTGGTATAGCGATTCCGTCGTTGTTAGTGA 148
 AJ166866_PVYNTN_Canada_3UTR AATATTACTGGCAGATAGGGGTGGTGTAGCGATTCCGTCGTTGC-AGTGA 148
 ***** *

ITA_3UTR CTCTATCTTTTAATTCCGCATTATTAAGTCTTAGATAAAAA-GTGCCGGGT 196
 NBR_3UTR CTCTATCTTTTAATTCCGCATTATTAAGTCTTAGATAAAAA-GTGCCGGGT 197
 AB270705_PVYN_Japao_3UTR CTCTATCTTTTAATTCCGCATTATTAAGTCTTAGATAAAAA-GTGCCGGGT 197
 EF026075_PVYNTN_USA_3UTR CTCTATCTTTTAATTCCGCATTATTAAGTCTTAGATAAAAA-GTGCCGGGT 197
 AJ889867_PVYW_Alemanha_3UTR CTCTATCTTTTAATTCCGCATTATTAAGTCTTAGATAAAAA-GTGCCGGGT 196
 AY745492_PVYNO_Canada_3UTR CTCTATCTTTTAATTCCGCATTATTAAGTCTTAGATAAAAA-GTGCCGGGT 197
 EF026076_PVYNO-USA_3UTR CTCTATCTTTTAATTCCGCATTATTAAGTCTTAGATAAAAA-GTGCCGGGT 197
 EF026074_PVYO_USA_3UTR CTCTATCTTTCAATTCCGCATTATTAAGTCTTAGATAAAAA-GTGCCGGGT 197
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_3UTR CTCTATCTTTTAATTCCGCATTAT-----GATAAAAA-GTGCCGGGT 188
 OBR_3UTR CTCTATCTGTTAATTCCGTATTATTAAGTCTTAGATAAAAA-GTGCCGGGT 197
 AF522296_PVYN_Egito_3UTR CCTTAGCTGTCGGTTCTGTATTATTAAGTCTTAGATAAAAAAGTGCCGGGT 198
 AJ166866_PVYNTN_Canada_3UTR CCTTAGCTGTCGTTTCTGTATTATTATGT-TTGTATAAAAA-GTGCCGGGT 196
 *

ITA_3UTR TGTCGTTGTTGTGGATGATTCATCGATTAGGTGATGTTGCGATTCTGTGC 246
 NBR_3UTR TGTCGTTGTTGTGGATGATTCATCGATTAGGTGATGTTGCGATTCTGTGC 247
 AB270705_PVYN_Japao_3UTR TGTCGTTGTTGTGGATGATTCATCGATTAGGTGATGTTGCGATTCTGTGC 247
 EF026075_PVYNTN_USA_3UTR TGTCGTTGTTGTGGATGATTCATCGATTAGGTGATGTTGCGATTCTGTGC 247
 AJ889867_PVYW_Alemanha_3UTR TGTCGTTGTTGTGGATGATTCATCGATTAGGTGATGTTGCGATTCTGTGC 246
 AY745492_PVYNO_Canada_3UTR TGTCGTTGTTGTGGATGATTCATCGATTAGGTGATGTTGCGATTCTGTGC 247
 EF026076_PVYNO-USA_3UTR TGTCGTTGTTGTGGATGATTCATCGATTAGGTGATGTTGCGATTCTGTGC 247
 EF026074_PVYO_USA_3UTR TGTCGTTGTTGTGGATGATTCATCGATTAGGTGATGTTGCGATTCTGTGC 247
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_3UTR TGTCGTTGTTGTGGATGATTCATCGATTAGGTGATGTTGCGATTCTGTGC 238
 OBR_3UTR TGTCGTTGTTGTGGATGATTCATCGATTAGGTGATGTTGCGATTCTGTGC 247
 AF522296_PVYN_Egito_3UTR TGTTGTTGT-GTGA CTGATCTATCGATTAGGTGATGCTGTGATTCTGTCA 247
 AJ166866_PVYNTN_Canada_3UTR TGTTGTTGTTGTGGCTGATCTATCGATTGGGTGATGTTGCGATTCTGTCG 245
 *** *

ITA_3UTR TAGCAGTGA CTATGCTGGATCTATCTGCTTGGGTGGTGT-TGATTAA 295

NBR_3UTR TAGCAGTGACTATGTCTGGATCTATCTGCTTGGGTGGTGTGTTGTGATTTTCG 297
 AB270705_PVYN_Japao_3UTR TAGCAGTGACTATGTCTGGATCTATCTACTTGGGTGGTGTGTTGTGATTTTCG 297
 EF026075_PVYNTN_USA_3UTR TAGCAGTGACTATGTCTGGATCTATCTGCTTGGGTGGTGTGTTGTGATTTTCG 297
 AJ889867_PVYW_Alemanha_3UTR TAGCAGTGACTATGTCTGGATCTATCTGCTTGGGTGGTGTGTTGTGATTTTCG 296
 AY745492_PVYNO_Canada_3UTR TAGCAGTGACTATGTCTGGATCCATCTGCTTGGGTGGTGTGTTGTGATTTTCG 297
 EF026076_PVYNO-USA_3UTR TAGCAGTGACTATGTCTGGATCCATCTGCTTGGGTGGTGTGTTGTGATTTTCG 297
 EF026074_PVYO_USA_3UTR TAGCAGTGACTATGTCTGGATCTATCTGCTTGGGTGGTGTGTTGTGATTTTCG 297
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_3UTR TAGCAGTGACTATGTCTGGATCTATCTACTTGGGTGGTGTGTTGTGATTTTCG 288
 OBR_3UTR TAGCAGTGACTATGTCTGGATCTATCTGCTTGGGTGGTGTGTTGTGATTTTCG 297
 AF522296_PVYN_Egito_3UTR TAGCAGTGACTATGTCTGGATTTAGTTACTTGGGTGATGCTGTGATTCTG 297
 AJ166866_PVYNTN_Canada_3UTR TAGCAGTGACCATGTCTGGATTTAGTTACTTGGGTGATGCTGTGATTCTG 295
 ***** * * ***** ** * *****

ITA_3UTR TCATAACAGTGACTGTAAACTTCAATCAGGAAGGGCGAATTCCAGCACAC 345
 NBR_3UTR TCATAACAGTGACTGTAAACTTCAATCAGGAAGGGC----- 333
 AB270705_PVYN_Japao_3UTR TCATAACAGTGACT----- 311
 EF026075_PVYNTN_USA_3UTR TCATAACAGTGACTGTAAACTTCAATCAGGAGAC----- 331
 AJ889867_PVYW_Alemanha_3UTR TCATAACAGTGACTGTAAACTTCAATCAGGAGAC----- 330
 AY745492_PVYNO_Canada_3UTR TCATAACAGTGACTGTAAACTTCAATCAGGAGAC----- 331
 EF026076_PVYNO-USA_3UTR TCATAACAGTGACTGTAAACTTCAATCAGGAGAC----- 331
 EF026074_PVYO_USA_3UTR TCATACCAGTGACTGTAAACTTCAATCAGGAGAC----- 331
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_3UTR TCATAACAGTGACTGTAAACTTCAATCAGGAG----- 320
 OBR_3UTR TCATAACAGTGACTGTAAACTTCAATCAGGAAGGGCGAATTCTGCAGATA 347
 AF522296_PVYN_Egito_3UTR TCATAGCAGTGACTGTAAACTTCAATCAGGAGAC----- 331
 AJ166866_PVYNTN_Canada_3UTR TCATAGCAGTGGCTGTAAACTTCAATCAGGAGAC----- 329
 ***** **

ITA_3UTR TGGCGGCCGTTACTAGGGATCCGAGCTCGTACCAAGCTGGCGATCGTCAT 395
 NBR_3UTR -----
 AB270705_PVYN_Japao_3UTR -----
 EF026075_PVYNTN_USA_3UTR -----
 AJ889867_PVYW_Alemanha_3UTR -----
 AY745492_PVYNO_Canada_3UTR -----
 EF026076_PVYNO-USA_3UTR -----
 EF026074_PVYO_USA_3UTR -----
 AJ889866_PVYNTN_Alemanha_3UTR -----
 OBR_3UTR TCCATCACACTGGCGGCCGCTCGAGCATGCATCTAGAGGGCCC----- 390

AF522296_PVYN_Egito_3UTR
AJ166866_PVYNTN_Canada_3UTR

ITA_3UTR	CG 397
NBR_3UTR	--
AB270705_PVYN_Japao_3UTR	--
EF026075_PVYNTN_USA_3UTR	--
AJ889867_PVYW_Alemanha_3UTR	--
AY745492_PVYNO_Canada_3UTR	--
EF026076_PVYNO-USA_3UTR	--
EF026074_PVYO_USA_3UTR	--
AJ889866_PVYNTN_Alemanha_3UTR	--
OBR_3UTR	--
AF522296_PVYN_Egito_3UTR	--
AJ166866_PVYNTN_Canada_3UTR	--