



Agronomia: Elo da Cadeia Produtiva 5

Diocléa Almeida Seabra Silva
(Organizadora)



Agronomia: Elo da Cadeia Produtiva 5

Diocléa Almeida Seabra Silva
(Organizadora)

2019 by Atena Editora
Copyright © Atena Editora
Copyright do Texto © 2019 Os Autores
Copyright da Edição © 2019 Atena Editora
Editora Chefe: Profª Drª Antonella Carvalho de Oliveira
Diagramação: Natália Sandrini
Edição de Arte: Lorena Prestes
Revisão: Os Autores



Todo o conteúdo deste livro está licenciado sob uma Licença de Atribuição Creative Commons. Atribuição 4.0 Internacional (CC BY 4.0).

O conteúdo dos artigos e seus dados em sua forma, correção e confiabilidade são de responsabilidade exclusiva dos autores. Permitido o download da obra e o compartilhamento desde que sejam atribuídos créditos aos autores, mas sem a possibilidade de alterá-la de nenhuma forma ou utilizá-la para fins comerciais.

Conselho Editorial

Ciências Humanas e Sociais Aplicadas

Profª Drª Adriana Demite Stephani – Universidade Federal do Tocantins
Prof. Dr. Álvaro Augusto de Borba Barreto – Universidade Federal de Pelotas
Prof. Dr. Alexandre Jose Schumacher – Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Mato Grosso
Prof. Dr. Antonio Carlos Frasson – Universidade Tecnológica Federal do Paraná
Prof. Dr. Antonio Gasparetto Júnior – Instituto Federal do Sudeste de Minas Gerais
Prof. Dr. Antonio Isidro-Filho – Universidade de Brasília
Prof. Dr. Constantino Ribeiro de Oliveira Junior – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Profª Drª Cristina Gaio – Universidade de Lisboa
Prof. Dr. Deyvison de Lima Oliveira – Universidade Federal de Rondônia
Prof. Dr. Edvaldo Antunes de Farias – Universidade Estácio de Sá
Prof. Dr. Eloi Martins Senhora – Universidade Federal de Roraima
Prof. Dr. Fabiano Tadeu Grazioli – Universidade Regional Integrada do Alto Uruguai e das Missões
Prof. Dr. Gilmei Fleck – Universidade Estadual do Oeste do Paraná
Profª Drª Ivone Goulart Lopes – Istituto Internazionele delle Figlie de Maria Ausiliatrice
Prof. Dr. Julio Candido de Meirelles Junior – Universidade Federal Fluminense
Profª Drª Keyla Christina Almeida Portela – Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Mato Grosso
Profª Drª Lina Maria Gonçalves – Universidade Federal do Tocantins
Profª Drª Natiéli Piovesan – Instituto Federal do Rio Grande do Norte
Prof. Dr. Marcelo Pereira da Silva – Universidade Federal do Maranhão
Profª Drª Miranilde Oliveira Neves – Instituto de Educação, Ciência e Tecnologia do Pará
Profª Drª Paola Andressa Scortegagna – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Profª Drª Rita de Cássia da Silva Oliveira – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Profª Drª Sandra Regina Gardacho Pietrobom – Universidade Estadual do Centro-Oeste
Profª Drª Sheila Marta Carregosa Rocha – Universidade do Estado da Bahia
Prof. Dr. Rui Maia Diamantino – Universidade Salvador
Prof. Dr. Urandi João Rodrigues Junior – Universidade Federal do Oeste do Pará
Profª Drª Vanessa Bordin Viera – Universidade Federal de Campina Grande
Prof. Dr. Willian Douglas Guilherme – Universidade Federal do Tocantins

Ciências Agrárias e Multidisciplinar

Prof. Dr. Alexandre Igor Azevedo Pereira – Instituto Federal Goiano
Prof. Dr. Antonio Pasqualetto – Pontifícia Universidade Católica de Goiás
Profª Drª Daiane Garabeli Trojan – Universidade Norte do Paraná
Profª Drª Diocléa Almeida Seabra Silva – Universidade Federal Rural da Amazônia
Prof. Dr. Écio Souza Diniz – Universidade Federal de Viçosa
Prof. Dr. Fábio Steiner – Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul
Profª Drª Girlene Santos de Souza – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia
Prof. Dr. Jorge González Aguilera – Universidade Federal de Mato Grosso do Sul
Prof. Dr. Júlio César Ribeiro – Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro
Profª Drª Raissa Rachel Salustriano da Silva Matos – Universidade Federal do Maranhão
Prof. Dr. Ronilson Freitas de Souza – Universidade do Estado do Pará
Prof. Dr. Valdemar Antonio Paffaro Junior – Universidade Federal de Alfenas

Ciências Biológicas e da Saúde

Prof. Dr. Benedito Rodrigues da Silva Neto – Universidade Federal de Goiás
Prof. Dr. Edson da Silva – Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri
Profª Drª Elane Schwinden Prudêncio – Universidade Federal de Santa Catarina
Prof. Dr. Gianfábio Pimentel Franco – Universidade Federal de Santa Maria
Prof. Dr. José Max Barbosa de Oliveira Junior – Universidade Federal do Oeste do Pará
Profª Drª Magnólia de Araújo Campos – Universidade Federal de Campina Grande
Profª Drª Natiéli Piovesan – Instituto Federal do Rio Grande do Norte
Profª Drª Vanessa Lima Gonçalves – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Profª Drª Vanessa Bordin Viera – Universidade Federal de Campina Grande

Ciências Exatas e da Terra e Engenharias

Prof. Dr. Adélio Alcino Sampaio Castro Machado – Universidade do Porto
Prof. Dr. Alexandre Leite dos Santos Silva – Universidade Federal do Piauí
Profª Drª Carmen Lúcia Voigt – Universidade Norte do Paraná
Prof. Dr. Eloi Rufato Junior – Universidade Tecnológica Federal do Paraná
Prof. Dr. Fabrício Menezes Ramos – Instituto Federal do Pará
Prof. Dr. Juliano Carlo Rufino de Freitas – Universidade Federal de Campina Grande
Profª Drª Neiva Maria de Almeida – Universidade Federal da Paraíba
Profª Drª Natiéli Piovesan – Instituto Federal do Rio Grande do Norte
Prof. Dr. Takeshy Tachizawa – Faculdade de Campo Limpo Paulista

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP) (eDOC BRASIL, Belo Horizonte/MG)	
A281	<p>Agronomia [recurso eletrônico] : elo da cadeia produtiva 5 / Organizadora Diocléa Almeida Seabra Silva. – Ponta Grossa, PR: Atena Editora, 2019. – (Agronomia: Elo da Cadeia Produtiva; v. 5)</p> <p>Formato: PDF Requisitos de sistema: Adobe Acrobat Reader Modo de acesso: World Wide Web Inclui bibliografia ISBN 978-85-7247-824-3 DOI 10.22533/at.ed.243190312</p> <p>1. Agricultura – Economia – Brasil. 2. Agronomia – Pesquisa – Brasil. I. Silva, Diocléa Almeida Seabra. II. Série.</p> <p style="text-align: right;">CDD 630.981</p>
Elaborado por Maurício Amormino Júnior – CRB6/2422	

Atena Editora
Ponta Grossa – Paraná - Brasil
www.atenaeditora.com.br
contato@atenaeditora.com.br

APRESENTAÇÃO

A cadeia produtiva do agronegócio tem como finalidade um conjunto de ações que são inseridas em um determinado produto até a chegada no consumidor. Muitas das vezes essas ações, que na realidade, se constituem em etapas de como trabalhar um determinado produto até que este esteja pronto para ser comercializado, levando-se em consideração as características que proporcionará o grau de satisfação dos clientes.

A satisfação se faz presente, devido o aprimoramento do produto de forma eficiente, que somente se torna possível, através de pesquisas que estejam relacionadas com a produção agropecuária a se destacar no mercado, como o preparo de solo, classes de aptidão de terras agrícolas, adubação, seleção de mudas, preparo de sementes, nutrição mineral de plantas, tratos culturais, plantas medicinais, alelopáticas e o uso da terra e etc. Estas pesquisas nos incentivaram na elaboração deste volume – AGRONOMIA: ELO DA CADEIA PROTUVIA 5, VOL.5, que significa que os trabalhos aqui contextualizados seguem um roteiro diversificado de parâmetros / ações que definem com clareza o conceito de cadeia produtiva, o que na realidade retrata os acontecimentos que levam as instituições públicas e privadas como as Universidades, Embrapas, propriedades rurais e etc., serem responsáveis por novas descobertas científicas e pelo aprimoramento deste conhecimento, no sentido de melhorar os elos da cadeia produtiva do agronegócio que estão contidos nos artigos, cujos capítulos apontam pesquisas recentes cujo fundamento é aumentar a produção agrícola do Brasil.

Isso é tão verdade, que segundo ¹Castro; Lima; Cristo (2002) a cadeia produtiva do agronegócio parte da premissa que a produção de bens pode ser representada como um sistema, onde os atores estão interconectados por fluxo de materiais, de capital, de informação, com o objetivo de suprir um mercado consumidor final com os produtos do sistema. Isso nos levará a melhoria da competitividade do mercado em que para que todo produto seja comercializado, será necessário que antes haja pesquisas voltadas ao seu aprimoramento para a conquista do consumidor final.

Diocléa Almeida Seabra Silva

¹ CASTRO, A. M. G.; LIMA, S. M. V.; CRISTO, C. M. P. N. Cadeia produtiva: marco conceitual para apoiar a prospecção tecnológica. In: **Anais do XXII Simpósio de Gestão da Inovação Tecnológica**. Salvador, 2002.

SUMÁRIO

CAPÍTULO 1	1
DIAGNÓSTICO DA CAFEICULTURA DOS MUNICÍPIOS DE ALFENAS, CAMPESTRE, PARAGUAÇU E SERRANIA	
Nilson Pereira Gomes Kleso Silva Franco Junior Eduardo Vinicius Franco da Silva Ramon Mendes de Souza Dias Wagner Borim Teixeira Edimar de Paiva	
DOI 10.22533/at.ed.2431903121	
CAPÍTULO 2	15
A PRODUÇÃO DE FIBRA DE MALVA (<i>URENA LOBATOL.</i>) NO ESTADO DO PARÁ: PERSPECTIVAS E REALIDADES BASEADAS NOS ANOS DE 1990 A 2017	
Alasse Oliveira da Silva Elane Cristina da Silva Conceição Roberta Carvalho Gomes Diocléa Almeida Seabra Silva Ismael de Jesus Matos Viégas Antonia Kilma de Melo Lima Danilo Mesquita Melo Joaquim Alves de Lima Júnior Ebson Pereira Cândido Eduardo da Silva Leal	
DOI 10.22533/at.ed.2431903122	
CAPÍTULO 3	24
UTILIZAÇÃO DE PLANTAS MEDICINAIS: NA PERCEPÇÃO DE UMA LOCALIDADE NO SUL DO BRASIL	
Paulo Barrozo Cassol Maria Teresa Aquino de Campos Velho Alberto Manuel Quintana	
DOI 10.22533/at.ed.2431903123	
CAPÍTULO 4	36
ABORDAGENS DE BIOINFORMÁTICA PARA VACINAS CONTRA O VÍRUS DA FEBRE AFTOSA NA AMÉRICA DO SUL	
Mateus Gandra Campos Giuliana Loreto Saraiva Pedro Marcus Pereira Vidigal Abelardo Silva Júnior Márcia Rogéria de Almeida	
DOI 10.22533/at.ed.2431903124	
CAPÍTULO 5	50
ADUBAÇÃO NITROGENADA E MOLÍBDICA DA CULTURA DA SOJA: INFLUÊNCIA SOBRE A PRODUTIVIDADE DE GRÃOS E TEORES DE NITROGÊNIO NAS FOLHAS	
Lucio Pereira Santos Clibas Vieira	
DOI 10.22533/at.ed.2431903125	

CAPÍTULO 6 67

ALLELOPATHIC EFFECTS OF AQUEOUS EXTRACTS OF *Leucaena leucocephala* (Lam) OF WIT.
ON LETTUCE (*Lactuca sativa* L.) SEEDS

Cláudio Brito Coêlho
Maria Eduarda Batista Vieira Fernandes
Emmanoella Costa Guaraná Araujo
Thiago Cardoso Silva
Cibelle Amaral Reis
Tarcila Rosa da Silva Lins
Letícia Siqueira Walter
Júlia Andresa Freitas da Silva
Anderson Oliveira de Lima
Iaci Dandara Santos Brasil
Marks Melo Moura
Ernandes Macedo da Cunha Neto
Tarcísio Viana de Lima

DOI 10.22533/at.ed.2431903126

CAPÍTULO 7 76

ALLELOPATHIC EFFECTS OF *Corymbia torelliana* ON THE GERMINATION AND INITIAL
DEVELOPMENT OF AGRICULTURAL AND FOREST SPECIES

Lucas Araújo Moura
Emmanoella Costa Guaraná Araujo
Thiago Cardoso Silva
Antonio Leonardo Sousa Modesto
Tarcila Rosa da Silva Lins
Letícia Siqueira Walter
Cibelle Amaral Reis
Iaci Dandara Santos Brasil
Ernandes Macedo da Cunha Neto
Jade Cristynne Franco Bezerra
Marks Melo Moura
Tarcísio Viana de Lima

DOI 10.22533/at.ed.2431903127

CAPÍTULO 8 88

ALTERAÇÕES NO METABOLISMO DE NITROGÊNIO E CARBONO EM PLANTAS DE ARROZ
SUBMETIDAS A DEFICIÊNCIA DE MACRONUTRIENTES

Erinaldo Gomes Pereira
Albiane Carvalho Dias
Camilla Santos Reis de Andrade da Silva
Liliandra Barreto Emídio Gomes
Lorraine Cristina Henrique Almeida
Natália dos Santos Ferreira
Otavio Augusto Queiroz dos Santos
Octávio Vioratti Telles de Moura
Cássia Pereira Coelho Bucher
Carlos Alberto Bucher
Everaldo Zonta
Manlio Silvestre Fernandes

DOI 10.22533/at.ed.2431903128

CAPÍTULO 9 100

APTIDÃO AGRÍCOLA DOS SOLOS: METODOLOGIA DE APLICAÇÃO

Karla Nayara Santos de Almeida

João Batista Lopes da Silva
Júlio César Azevedo Nóbrega
Rafael Felipe Ratke
Kaíse Barbosa de Souza

DOI 10.22533/at.ed.2431903129

CAPÍTULO 10 113

AVALIAÇÃO DE DIFERENTES ALTURAS DAS PLANTAS NA PRODUTIVIDADE DA CULTURA DO TOMATEIRO EM CULTIVO ORGÂNICO

Belmiro Saburo Shimada
Gustavo Roque Goulart
Juliano Cordeiro
Alessandro Jefferson Sato

DOI 10.22533/at.ed.24319031210

CAPÍTULO 11 124

AVALIAÇÃO DO DESEMPENHO AGRONÔMICO DO TOMATEIRO ENXERTADO EM SISTEMA ORGÂNICO DE PRODUÇÃO SOB CULTIVO PROTEGIDO

Gilmar Batistella
José Ricardo Peixoto

DOI 10.22533/at.ed.24319031211

CAPÍTULO 12 134

AÇÃO FITOQUÍMICA DE *ARTEMISIA ANNUA* L. EM MANEJOS PÓS-COLHEITAS

Thalita Cristina Marques Cervezan
Melissa Jean Towler
Pamela Weathers
Pedro Melillo de Magalhães
Adilson Sartoratto
Aline Cristina Rabonato
Glyn Mara Figueira
Fernando Broetto

DOI 10.22533/at.ed.24319031212

CAPÍTULO 13 147

BEEF MARKETING AND QUALITY IN URUGUAY

Fabio Montossi
Fiorella Cazzuli

DOI 10.22533/at.ed.24319031213

CAPÍTULO 14 164

BIOPROMOTORES E LUZ NO CRESCIMENTO DE *Brachiaria brizantha*

Monyck Jeane dos Santos Lopes
Moacyr Bernardino Dias Filho
Thomaz Henrique dos Reis Castro
Gisele Barata da Silva

DOI 10.22533/at.ed.24319031214

CAPÍTULO 15 175

CARBONO ORGÂNICO AFETADO POR SISTEMAS DE CULTIVO DE LONGA DURAÇÃO

Felipe Camargo de Paula Cardoso
João de Deus Gomes dos Santos Junior
Eiyti Kato
Nericlenes Chaves Marcante

CAPÍTULO 16 193

COMPATIBILIDADE DO FERTILIZANTE NUCLEOS O-PHOS COM *Trichoderma asperellum*

Daniela Tiago da Silva Campos
Mayco Mascarello Richardi
Matheus de Medeiros Bagli
Marcelo Augusto Cruz Filho
Ligia Bronholi Pedrini
Renato de Almeida Jr

DOI 10.22533/at.ed.24319031216

CAPÍTULO 17 197

CONTAMINAÇÃO MICROBIANA E PARASITÁRIA NO CULTIVO DE HORTALIÇAS: UMA REVISÃO DE LITERATURA

Juciene de Jesus Barreto da Silva
Ana Lúcia Moreno Amor
Isabella de Matos Mendes da Silva

DOI 10.22533/at.ed.24319031217

CAPÍTULO 18 218

CRESCIMENTO DE BANANEIRAS E BARUEIROS EM CONSÓRCIO COM PLANTAS DE COBERTURA EM SISTEMA AGROFLORESTAL

Everton Martins Arruda
Leonardo Santos Collier
Rilner Alves Flores
Bruna Bandeira do Nascimento
Leonardo Rodrigues Barros
Risely Ferraz Almeida
Marcos Paulo dos Santos

DOI 10.22533/at.ed.24319031218

CAPÍTULO 19 230

CRESCIMENTO DE PLANTAS DE MAMOEIRO 'THB' EM CAMPO

Karina Tiemi Hassuda dos Santos
Renan Garcia Malikowski
Vinicius de Souza Oliveira
Geraldo Antônio Ferreguetti
Gleyce Pereira Santos
Omar Schmildt
Marcio Paulo Czepak
Edilson Romais Schmildt

DOI 10.22533/at.ed.24319031219

CAPÍTULO 20 235

CRESCIMENTO MICELIAL DE *COLLETOTRICHUM* spp. EM DIFERENTES MEIOS DE CULTURA

Elisson Felipe Rezende Cano
Marta Sabrina Nimet
Mayco Antonio Batistella
Fabio Mattes Maiorki
Felipe José Gibbert
Márcia de Holanda Nozaki

DOI 10.22533/at.ed.24319031220

CAPÍTULO 21 242

DEFICIÊNCIA DE CÁLCIO E MAGNÉSIO AFETA O METABOLISMO DE NITROGÊNIO E O DESENVOLVIMENTO DE PLANTAS DE ARROZ (*Oryza sativa* L.)

Erinaldo Gomes Pereira
Albiane Carvalho Dias
Camilla Santos Reis de Andrade da Silva
Liliandra Barreto Emídio Gomes
Lorraine Cristina Henrique Almeida
Natália dos Santos Ferreira
Otavio Augusto Queiroz dos Santos
Octávio Vioratti Telles de Moura
Cássia Pereira Coelho Bucher
Carlos Alberto Bucher
Everaldo Zonta
Manlio Silvestre Fernandes

DOI 10.22533/at.ed.24319031221

CAPÍTULO 22 255

DIMENSIONAMENTO AMOSTRAL PARA MAMOEIRO 'ALIANÇA' EM CAMPO

Omar Schmildt
Karina Tiemi Hassuda dos Santos
Renan Garcia Malikouski
Vinicius de Souza Oliveira
Adriel Lima Nascimento
Gleyce Pereira Santos
Geraldo Antônio Ferreguetti
Edilson Romais Schmildt

DOI 10.22533/at.ed.24319031222

CAPÍTULO 23 261

DINÂMICAS DE USO DA TERRA NA AGRICULTURA FAMILIAR: O CASO DA COMUNIDADE RURAL DE TATAJUBA, VISEU-PARÁ

Alasse Oliveira da Silva
Antônio Mariano Gomes da Silva Júnior
Liliane Marques de Sousa
Daiane Pantoja de Souza
Lívia Tálita da Silva Carvalho
Henrique da Silva Barata
Jonathan Braga da Silva
Hiago Marcelo Lima da Silva

DOI 10.22533/at.ed.24319031223

CAPÍTULO 24 270

EMERGÊNCIA E CRESCIMENTO DE CROTALARIA EM FUNÇÃO DA PROFUNDIDADE DE SEMEADURA EM SOLO ARENOSO

Everton Martins Arruda
Geyson da Silva Prado
Kevein Ruas de Oliveira
Marcos Paulo dos Santos
Leonardo Rodrigues Barros

DOI 10.22533/at.ed.24319031224

CAPÍTULO 25 282

FREQUÊNCIA DE NEMATOIDES NA REGIÃO CENTRO-OESTE

Rayane Gabriel Da Silva

Danieli Rayane Gabriel Da Silva Maria

Eduarda Ferreira Nantes

DOI 10.22533/at.ed.24319031225

CAPÍTULO 26 283

GESTÃO DE GASTOS DA PEQUENA PROPRIEDADE RURAL FAMILIAR PARA MELHORAR O SEU DESEMPENHO ECONÔMICO

Nestor Bremm

Daniela Martinelli

Lauri Aloisio Heckler

DOI 10.22533/at.ed.24319031226

SOBRE A ORGANIZADORA..... 290

ÍNDICE REMISSIVO 291

ABORDAGENS DE BIOINFORMÁTICA PARA VACINAS CONTRA O VÍRUS DA FEBRE AFTOSA NA AMÉRICA DO SUL

Mateus Gandra Campos

Universidade Federal de Viçosa, Departamento
de Bioquímica e Biologia Molecular
Viçosa – Minas Gerais

Giuliana Loreto Saraiva

Universidade Federal de Viçosa, Departamento
de Veterinária
Viçosa – Minas Gerais

Pedro Marcus Pereira Vidigal

Universidade Federal de Viçosa, Centro de
Ciências Biológicas e da Saúde, Núcleo de
Análise de Biomoléculas (NuBioMol)
Viçosa – Minas Gerais

Abelardo Silva Júnior,

Universidade Federal de Viçosa, Núcleo de
Biomoléculas
Viçosa – Minas Gerais

Márcia Rogéria de Almeida

Universidade Federal de Viçosa, Departamento
de Bioquímica e Biologia Molecular
Viçosa – Minas Gerais

RESUMO: A Febre Aftosa é uma doença economicamente devastadora e altamente contagiosa que afeta os animais com cascos fendidos. Essa doença é causada por um vírus de RNA de fita simples de sentido positivo e que pertence ao gênero *Aphthovirus* da família *Picornaviridae*. O vírus da Febre Aftosa é antigenicamente variável e consiste em sete

sorotipos sem imunidade cruzada entre si (A, O, C, Asia 1, SAT-1, SAT-2 e SAT-3) com muitas variedades dentro de cada sorotipo. Sua partícula viral tem formato icosaédrico e o genoma viral é composto por uma única fase aberta de leitura, organizada em duas regiões: proteínas estruturais (PEs) e proteínas não estruturais (PNEs). Devido à grande variedade de sorotipos, os estudos filogeográficos são imprescindíveis para uma melhor compreensão da movimentação e evolução das cepas virais frente as estratégias vigentes para combate da doença. Apesar de diversos estudos com essa abordagem já terem sido realizados, pouco ainda se sabe sobre os sorotipos com histórico de circulação no Brasil. Esse trabalho teve como proposta analisar espaço-temporalmente o genoma dos três sorotipos já reportados no Brasil: A24 Cruzeiro, C3 Indaial e O1 Campos. Os resultados seguem em acordo com a literatura ao demonstrar um desaparecimento do sorotipo “C” e uma regionalização do sorotipo “A”. Na América do Sul, esses dois sorotipos estão ligados muito provavelmente a um escape vacinal. No Brasil, o sorotipo “O” manteve-se conservado em relação ao seu ancestral europeu e, possivelmente, sua entrada no país foi como consequência do melhoramento genético do gado de corte.

PALAVRAS-CHAVE: Filogeografia, FMDV, sorotipo A, sorotipo O

BIOINFORMATICS APPROACHES FOR VACCINES AGAINST FOOT-AND-MOUTH DISEASE VIRUS IN SOUTH AMERICA

ABSTRACT: Foot-and-mouth disease is an economically devastating and highly contagious disease that affects cloven-hoofed animals. This disease is caused by a positive-sense single-stranded RNA virus, which belongs to the *Aphthovirus* genus of the family *Picornaviridae*. The Foot-and-Mouth Disease virus is antigenically variable, reflected in seven serotypes without cross-reactivity (A, O, C, Asia 1, SAT-1, SAT-2 and SAT-3) and many variants within each serotype. The viral particle shape is icosahedral, and the viral genome is composed of a single open reading frame, organised in two principal regions: the structural proteins (SPs) and non-structural proteins (NSPs). The SPs are the proteins that will form the entire capsid shell structure. The NSPs are proteins that act on viral protein cleavage and other steps during viral replication and infection spread. Due to the great variety of serotypes, phylogeographic studies are essential for a better understanding of the viral strains movement and evolution facing the current strategies for disease prevention. Although several studies with this approach have already been released, little is known about the serotypes which were previously reported in Brazil. In this research, we propose the Spatio-temporal analysis of the three serotypes already reported in Brazil A24 Cruzeiro, C3 Indaial and O1 Campos. The results agree with the literature demonstrating serotype C seems to have all but disappeared and the serotype A regionalisation. In South America, these two serotypes are most likely linked to a vaccine escape. The serotype O remained conserved regarding its European ancestor and, possibly, the livestock genetic improvement was the reason for the virus entry.

KEYWORDS: Philogeography, FMDV, serotype A, serotype O

1 | INTRODUÇÃO

1.1 A Febre Aftosa e os programas de vacinação brasileiros

Febre Aftosa (do inglês *Foot-and-Mouth disease* – FMD) é uma doença viral que acomete animais de casco fendido e é responsável por grandes perdas financeiras, seja pela patologia causada, seja pelos embargos comerciais que um surto pode acarretar a um determinado país. (FAO, 2017).

O vírus da Febre Aftosa (FMDV) pertence ao gênero *Aphthovirus* e à família *Picornaviridae* e consiste em sete sorotipos denominados “O”, “A”, “C”, “SAT1”, “SAT2”, “SAT3” e “Asia1”. Seu genoma é composto por uma única fase aberta de leitura (ORF) composta por uma fita simples de RNA de polaridade positiva, com aproximadamente 8.500 nucleotídeos, e é organizado em duas regiões denominadas Proteínas Estruturais (PEs), divididas em VP1, VP2, VP3 e VP4, e Proteínas Não Estruturais (PNEs), divididas em L^{pro}, 2A,2B, 2C, 3A, 3B, 3C e 3D. Os sorotipos “O” e “A” são os mais comuns no mundo e não há imunidade cruzada entre os sete

sorotipos (YANG *et al.*, 2014).

A Febre Aftosa se disseminou por diversos países da América do Sul na década de 1920. A primeira iniciativa de controle da doença foi a criação do Centro Pan-Americano de Febre Aftosa (PANAFTOSA) na década de 1950. Essa organização tem como objetivo coordenar as ações de controle, diagnóstico e prevenção do FMD na América do Sul (NARANJO e COSIVI, 2013). A atuação da PANAFTOSA, aliada à realização de intensos programas de controle da doença levaram a uma grande redução no número de focos e alguns países receberam o reconhecimento de área livre de Febre Aftosa, como Chile (1988), Uruguai (1994), Argentina e Uruguai (1997) (NARANJO e COSIVI, 2013). As últimas notificações de focos registradas na Organização Mundial de Saúde Animal (OIE) foram feitas no Paraguai (2011/sorotipo O), Venezuela (2011/sorotipo O e 2013/sorotipo A) e Colômbia (2017/sorotipo O) (FAO, 2017).

O atual reconhecimento pela OIE dos países vizinhos ao Brasil é: **não reconhecida**: Venezuela; **suspensão do status de FMD livre**: Colômbia; **livre com vacinação**: Argentina, Bolívia, Paraguai, Uruguai; **livre sem vacinação**: Guiana, Guiana Francesa, Peru Suriname; (OIE, 2019).

O efetivo combate a FMD no Brasil teve início na década de 1950 com a criação do PANAFTOSA. Nessa mesma época, iniciou-se a produção nacional, da vacina trivalente contra a doença (cepas O1 Campos, A24 Cruzeiro e C3 Indaial). Na década de 1960, o governo nacional iniciou a campanha de combate à doença. Na década de 1970 houve uma expansão do diálogo entre os países do Cone Sul em direção à erradicação da FMD (Comissão Sul-Americana para Erradicação da Febre Aftosa – COSALFA) (COSALFA, 2014).

A situação observada no Brasil no ano de 2019 é de 100% território nacional reconhecido como zona livre de FMD. Desde 2007 o estado de Santa Catarina é reconhecido como zona livre sem vacinação. Os demais estados são reconhecidos como zonas livres com vacinação (OIE, 2019). A última notificação de FMD no país ocorreu em 2006 (sorotipo O) nos estados do Mato Grosso do Sul e Paraná (CLAVIJO *et al.*, 2017)

O atual plano de vacinação vigente no Brasil é o trivalente, que protege o rebanho contra os sorotipos “A”, “C” e “O”. Nos últimos anos, mudanças provenientes de negociações comerciais têm direcionado alteração no modelo de vacinação que passará a ser bivalente, contendo apenas os sorotipos A e O e redução de 5 para 2mL. Devido ao extenso período sem indício de circulação do sorotipo C na América do Sul esse sorotipo deverá ser retirado do regime de vacinação. Essas mudanças fazem parte do plano de ação para retirada gradual da vacinação dos estados brasileiros até 2021, quando o país deverá ser reconhecido em toda sua extensão como zona livre de FMD sem vacinação (COMPRERURAL, 2019), o que aumenta a credibilidade do país como exportador de carne (CNABRASIL, 2019; MAPA, 2019)

1.2 Filogeografia molecular aplicada no estudo de doenças

Na filogeografia molecular, o material genético do organismo patogênico de interesse é analisado em um contexto espaço/temporal, podendo esses dados serem cruzados com diferentes fontes de informação, como relatórios comerciais de produtos de origem animal. Os estudos filogeográficos se baseiam nas técnicas computacionais da bioinformática, incluindo o alinhamento de sequências visando identificar variantes genéticas patogênicas (MILLER e KUMAR, 2001; MILLER *et al.*, 2003), as análises filogenéticas visando a reconstrução de genealogias (FELSENSTEIN, 1981) e a predição das sequências ancestrais (CAI *et al.*, 2004; HALL, 2004)2004; HALL, 2004.

Estudos filogeográficos têm associado surtos de FMD à migração de animais selvagens em determinadas regiões, enquanto em outras os fluxos de comércio são os maiores suspeitos. Por se tratar de uma doença em escala global o monitoramento dos avanços da doença e rastreamento de origem dos surtos, mesmo que antigos, têm grande importância, pois as especificidades do FMDV imprimem um caráter quase regional em suas abordagens de controle.

1.3 Justificativa e objetivos do trabalho

Nos tempos atuais, quando as possibilidades de comércio global se tornaram realidade, buscar medidas preventivas para diminuir as perdas econômicas de um país é uma estratégia altamente justificada e prioritária. Para a América do Sul, em especial o Brasil, evitar a reintrodução do FMDV em seu território é uma ação imprescindível para aumentar a credibilidade do país no comércio internacional de carne e derivados. Nesse sentido, este trabalho teve como objetivo usar as ferramentas de bioinformática para traçar um paralelo entre a abrangência imunológica do atual modelo vacinal baseado nos sorotipos “A”, “C” e “O” e o histórico da FMD no Brasil e na América do Sul.

2 | MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Preparo do Banco de Dados e Alinhamento das Sequências

Foi montado um banco de dados com sequências de nucleotídeos de isolados virais já depositadas no *Genbank* (último acesso 01/09/2016), com tamanho mínimo de 6.500 nt e provenientes exclusivamente de infecções naturais. Para extração das regiões não codificantes 5' e 3' as sequências foram mapeadas por alinhamento de referência à sequência *Genbank* AY593818, utilizando as PNEs L^{pro} e 3D, respectivamente - programa Geneious® 10.2.3, (KEARSE *et al.*, 2012)2012,. As sequências que não alinhadas ou que não possuísem pelo menos parte da proteína 3D foram excluídas do banco de dados. Para alinhamento das sequências

foi utilizado o programa MAFFT 7 (G-INS-i, Bootstrap 100) – versão 7.310 (KATOH e STANDLEY, 2013).

2.2 Construção da Árvore Filogenética

Para as hipóteses filogenéticas foi utilizada a Inferência Bayesiana (IB) com auxílio do programa MrBayes versão 3.2.5 (HUELSENBECK e RONQUIST, 2001). Com o intuito de evitar o excesso de parâmetros e agilizar a construção das árvores filogenéticas, o melhor modelo de substituição de nucleotídeos foi estimado usando o programa jModeltest versão 2.1.7 (DARRIBA *et al.*, 2012). As árvores filogenéticas foram calculadas usando o método *Bayesian Markov Chain Monte Carlo* (MCMC) até alcançar um desvio padrão médio das cadeias menor que 0,01.

2.3 Análise de Recombinação

A presença de isolados recombinantes foi avaliada por meio da predição de pontos de recombinação (*breakpoints*) para os bancos de dados utilizando o programa RDP® versão 4.50 (MARTIN *et al.*, 2010). Para realização dos testes, foram consideradas as análises realizadas pelas metodologias RDP, GENECONV®, Chimaera®, MaxChi, 3Seq® e análise secundária de BootScan® e SiScan®. As análises foram realizadas com as configurações padrões do programa com as seguintes alterações: análises de sequências lineares (HULO *et al.*, 2010) e valor de probabilidade ($P < 0,01$). Apenas as recombinações preditas por pelo menos dois métodos e que apresentaram informações completas das sequências parentais, foram consideradas válidas. As sequências recombinantes foram removidas dos bancos de dados para as análises subsequentes.

2.4 Rede de Haplótipos

Visando uma análise mais direcionada a América do Sul, em especial o Brasil, foram considerados para os estudos filogeográficos apenas os bancos de dados dos sorotipos “A”, “C” e “O”. Os sorotipos “O1 Campos” e “A24 Cruzeiro”, já reportados em território Brasileiro, estão entre os com a mais alta prioridade para os bancos de antígenos nacionais (ROTH e SPICKLER, 2014). Contudo, esse estudo não pode ser conduzido como sorotipo “C” devido ao baixo número de sequências disponíveis.

Para inferir possíveis ancestralidades, representar a distribuição geográfica e fornecer uma visão alternativa das relações genealógicas entre haplótipos do FMDV, dois bancos de dados secundários foram formados contendo, cada um, apenas as sequências codificantes das PEs de apenas um dos sorotipos “A” e “O”. Os nucleotídeos considerados inespecíficos (nomenclatura IUPAC) foram substituídos por um “gap”. Em seguida, os nucleotídeos das três posições dos códons de cada alinhamento foram separados (com exclusão dos gaps) para remoção das colunas de nucleotídeos quando violassem o modelo de sítios infinitos da evolução genômica

(KIMURA, 1969). O programa DnaSP v5 (LIBRADO e ROZAS, 2009) possibilitou analisar as sequências de cada uma das três posições dos códons quanto ao número de sítios segregantes. A posição que apresentou menor número de polimorfismo foi selecionada para construção da rede de haplótipos usando o programa NETWORK 5.0.0.1, algoritmo de união mediana (MJ) (BANDELT *et al.*, 1999).

3 | RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Banco de Dados e Análise Filogenética

A busca por sequências do FMDV no *Genbank* encontrou 615 sequências (acesso em outubro de 2016). Após refinamento do banco de dados passou a compreender 238 sequências (A: 74; Asia1 = 30; C: 10; O: 89; SAT1: 14; SAT2: 13; SAT3: 8).

O melhor modelo de substituição indicado pelo programa jModeltest foi GTR+I+G. Essa abordagem forneceu os parâmetros para o programa MrBayes, calcular as árvores filogenéticas usando o método *Bayesian Markov Chain Monte Carlo* (MCMC), quatro corridas com 10.000.000 gerações e uma frequência de 1000 amostragens, atingindo, assim, um desvio padrão médio das cadeias de 0,006642. Posteriormente, 10% das árvores geradas foram eliminadas para produzir a árvore consenso.

Foi evidenciada uma probabilidade posterior de 98% para separar os grupos de sequências do sorotipo “SAT” 98% do sorotipo “A” e 99% para os sorotipos “C”, ASIA1 e “O” (material complementar). A árvore filogenética gerada está de acordo com a de diversos estudos envolvendo o FMDV (KNOWLES e SAMUEL, 2003; CHITRAY *et al.*, 2014; DI NARDO *et al.*, 2014). Apesar de indicada no *Genbank* como sorotipo “O”, a sequência JF749863 foi agrupada entre as sequências do sorotipo SAT-2 com probabilidade posterior de 99,7%.

Considerando a metodologia usada neste trabalho para construção dos bancos de dados, não foi possível obter sequências do sorotipo C em quantidade e variedade suficiente para estudo com sequência genômica do FMDV. Haja visto que a maior parte do banco de dados formado para esse vírus utiliza apenas a VP1 das PEs, completa ou parcial (5 a 10% do genoma viral), por conter o sítio mais imunogênico da sequência viral. Esta situação decorre do fato de o sítio hipervariável encontrado nessa proteína permite uma evidência precisa para estudos epidemiológicos, caracterização dos sorotipos virais e seus subtipos (CARRILLO *et al.*, 2005). Contudo, informações referentes aos sítios imunogênicos secundários em outras PEs (JAMAL e BELSHAM, 2013) (ou todos aqueles presentes nas PNEs) (BLANCO *et al.*, 2001) poderiam fornecer uma melhor análise das pressões exercidas por condições como a vacinação.

3.2 Sorotipo C

Como discutido por Knowles e Samuel (2003), o tipo C do FMDV tem uma distribuição muito limitada em comparação com os demais sorotipos. Historicamente, foi relatado na Europa, América do Sul, Leste asiático, norte da África, Angola e sul da Ásia. Contudo, nas últimas décadas parece estar limitado ao subcontinente indiano com aparições intermitentes. Ainda não está claro por quê o tipo C está, aparentemente, desaparecendo, embora a vacinação e campanhas de controle tenham sido responsáveis pela sua erradicação na Europa e América do Sul, onde os últimos surtos ocorreram em 1989 (Itália) e 1994 (Argentina), respectivamente. Segundo relatórios liberados pela Organização das Nações Unidas para Alimentação e Agricultura (FAO), o último surto de sorotipo C relatado ocorreu em 2004 (FAO, 2017).

Até o momento, sabe-se que o sorotipo C descrito na América do Sul (C_2) (em especial no Uruguai) tem relação com a vacinação. Em acréscimo, também há relatos desse subtipo no Reino Unido. A variedade encontrada na Alemanha (C_1) seria geneticamente muito distante dos dois casos mencionados e, mais ainda, do relatado no Brasil (C_3). A sequência brasileira apresenta semelhanças genéticas com a sequência vacinal em uso, sugerindo, então, que a vacinação foi a possível fonte dessa variedade ou teve influência no seu surgimento (KNOWLES e SAMUEL, 2003; KNOWLES *et al.*, 2006).

3.3 Rede de Haplótipos

Nenhum possível evento de recombinação foi predito na análise do sorotipo “A” e apenas um evento foi predito para o sorotipo “O”: O isolado KR401154 (Myanmar) seria um recombinante de KR401155 (Myanmar) e HM229661 (Hong Kong) e, por isso, não foi considerado na reconstrução da rede de haplótipos, seguindo os critérios propostos para as redes MJ (BANDELT *et al.*, 1999).

Os nucleotídeos da segunda posição foram selecionados por apresentarem menor polimorfismo: redução de 1067 para 340 (10,68%) para o sorotipo “A” e de 1009 para 369 (36,57%) para o sorotipo “O” (material complementar)

Os isolados do sorotipo “A” foram agrupados em 63 haplótipos, enquanto os isolados do sorotipo “O” foram agrupados em 75 haplótipos. Estes haplótipos representam grupos de isolados virais que são geneticamente próximos e estão relacionados em termos evolutivos.

3.4 Sorotipo A

A rede de haplótipos (Figura 1) mostra uma proximidade entre as sequências já encontradas na América do Sul e em território europeu. Um possível ancestral comum a esses dois grupos seria o haplótipo 5 (GBR,1932). Para a árvore filogenética (material complementar) este sorotipo se divide em 5 ramificações em

que as sequências referentes à América do Sul e à Europa estão agrupadas em uma mesma ramificação.

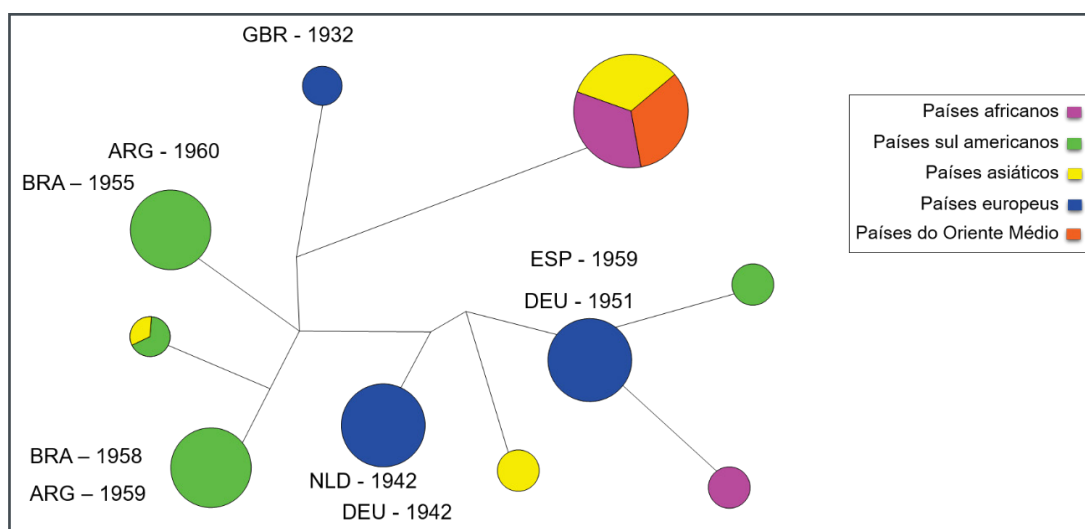


Figura 1 – Rede de haplótipos do sorotipo “A”. As setas marcadas em preto e cinza indicam expansões de ramificações,

Com auxílio do site UN Comtrade (<https://comtrade.un.org/>) foram realizadas buscas que envolvessem a transação comercial entre essas duas regiões. Contudo, o site só fornece registros a partir do ano de 1995, impossibilitando, assim, um melhor esclarecimento dessa hipótese. Desde a saída do continente Europeu, década de 1932, até a chegada na América do Sul, década de 1955, seguem mais de duas décadas, janela de resolução que o atual banco de dados não pode fornecer. Assim, torna-se necessária uma readequação dos parâmetros de construção do banco de dados como uso de apenas as PNEs ou uso de apenas a proteína estrutural VP1.

O sorotipo A sempre foi considerado aquele com maior diversidade genética, apresentando, até o início da década de 1970, 32 subtipos (DAVIE, 1964). Apesar de alguns subtipos terem sido provados como geneticamente distintos (ex.: A22 e A24), muitos outros ainda não foram estudados. De toda forma, esse sorotipo ainda é considerado extremamente divergente quanto a sua capacidade antigênica e diversidade genética (KNOWLES e SAMUEL, 2003).

Em um livro intitulado “Febre Aftosa”, Olascoaga e colaboradores (1999) discutiram sobre a chegada do FMDV no continente americano em 1870. Segundo o autor, os surtos aconteceram associados à importação de gado, quase ao mesmo tempo, em muitos países do continente. No Brasil, o primeiro caso foi reportado em 1895, em Uberaba, Minas Gerais. Entretanto, o autor não fornece maiores informações como sorotipo e país de origem do fomite.

Publicado no ano de 2000, Piccone e colaboradores abordaram, em um estudo multi-centro, a extensiva diversidade desse sorotipo em um período de 44 anos (1955 – 1998) e em seis países sul americanos. Os autores encontraram grande similaridade entre as sequências virais em uma mesma região, mas nem sempre

entre regiões distintas.

Araújo e colaboradores (2002) e König e colaboradores (2001) relataram grande variedade do sorotipo A isolados no estado de São Paulo, Brasil (1994/1995) e na Argentina (1961/1992), respectivamente. Contudo, a sequência vacinal americana A24/Cruzeiro/Brasil/55 se apresentou geneticamente diversa em ambos os casos.

Maradei e colaboradores (2011) abordaram em seu estudo possíveis falhas no entendimento do comportamento do sorotipo “A” na América do Sul. Os pesquisadores abordaram a questão de uma reduzida variabilidade genética desse sorotipo no continente e a falta de correlação entre dados sorológicos e genéticos. Sobre essa segunda questão, os autores concluíram que provavelmente deve ser devido ao fato de que nem todas as mudanças genéticas afetam uniformemente o comportamento antigênico e, ou, imunogênico, destacando as limitações enfrentadas até hoje em derivar o comportamento imunológico de dados genéticos.

No contexto desse estudo, essas informações sugerem duas hipóteses:

- a. Assim como elucidado para o sorotipo C3/Indaial, o sorotipo A24/Cruzeiro seria proveniente ou estaria associado a vacina de vírus inativado;
- b. A sequência A24/Cruzeiro, por ser usada como insumo vacinal, teria ocasionado um “efeito gargalo” na variabilidade genética das sequências descendentes e favorecido o rápido desaparecimento de sequências geneticamente mais próximas.

Para responder essas e outras questões relacionadas ao sorotipo A, um redimensionamento do banco de dados deve ser realizado para aplicação da janela de leitura do espaço e tempo envolvendo os surtos com esse sorotipo.

3.5 Sorotipo O

Para o sorotipo “O”, a rede de haplótipos (Figura 2) mostra uma estreita relação entre as sequências encontradas na América do Sul (região ampliada) com algumas sequências provenientes de países europeus. Essa mesma informação é observada na árvore filogenética, uma vez que todas essas sequências ficaram agrupadas em uma mesma ramificação (totalidade das sequências do sorotipo “O”).

O haplótipo 52 resgata a identidade entre as sequências O1/Campos/1958, usada nas vacinas inativadas no Brasil, com uma sequência isolada na Polônia em 1959. A análise dos haplótipos 61 (Itália 1947), 59 (Argentina 1959) e 54 Bélgica 1973) sugerem um ancestral comum que circulou ao mesmo tempo na América do Sul e na Europa. É possível encontrar referências (EUROPEIAS, 1985) de que os países europeus praticaram a vacinação massiva desde o fim da segunda guerra mundial até o ano de 1991 com a finalidade de levar a erradicação do FMD no continente. Tal fato explica uma redução da variabilidade genética no sorotipo O circulante no continente europeu entre os anos de 1947 e 1973 e, com isso, uma maior distância genética entre as sequências do haplótipo 71 e 52. Estas possibilidades convergem

para o mesmo ponto discutido por Carvalho e colaboradores (2015). Em seu trabalho, o grupo sugeriu que a dispersão do sorotipo O na América do Sul ocorreu a partir de meados do século 20 e que o Brasil teve uma função chave nesse processo de dispersão.

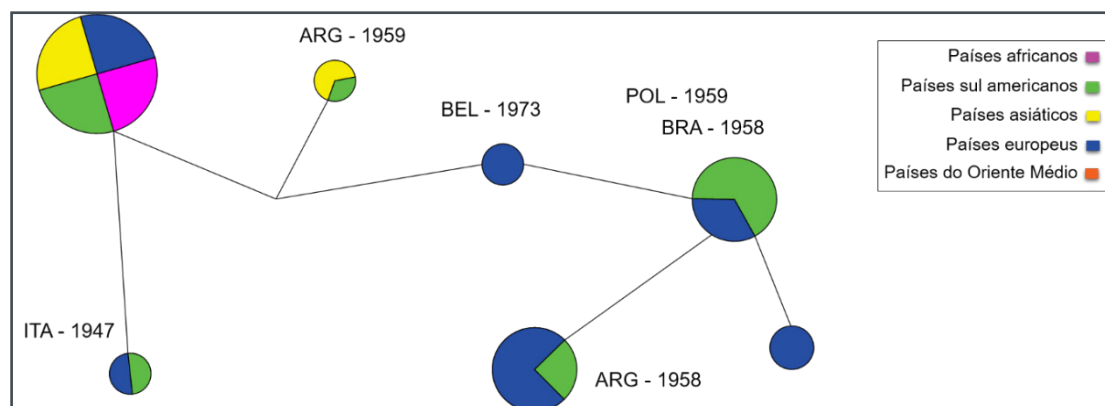


Figura 2 – Rede de haplótipos do “O”. As setas marcadas em cinza indicam a ramificação expandida da rede principal. Nesta ramificação estão as sequências europeias e sul americanas mais relacionadas ao Brasil

Beck e Strohmaier (1987) demonstraram que muitas variedades do sorotipo O isolados de surtos europeus entre 1970 e 1980 estavam intimamente relacionadas com vacinas do sorotipo “O1” usadas naquele tempo. Knowles e Samuel (2003) relataram que o sorotipo “O” pode ser dividido formalmente em cerca de 11 subtipos antigênicos. Em contrapartida, a diversidade genética do sorotipo é muito grande, permitindo classificá-lo em muitas linhagens distintas. König e colaboradores (2001) reportaram que isolados do sorotipo “O” provenientes da Argentina, entre 1977 e 1994, estavam quase que em sua totalidade intimamente relacionados com uma ou duas cepas vacinais sul americanas (O1/Campos/Brasil/58 ou O1/Caseros/Argentina/67).

Wright e colaboradores (2013) abordaram o surto de Febre Aftosa no Reino Unido entre os anos de 1967-1968 apresentando a suspeita, não confirmada, de que a importação de carne contaminada da América do Sul tenha causado esse surto. Essa análise segue na mesma direção de um ancestral comum (não muito distante) entre as sequências reportadas na América do Sul e na Europa. Como apresentado pelos autores, os isolados do surto tinham proximidade com isolados mais recentes em território sul americano (em especial O1/Campos/58).

4 | CONCLUSÃO

O desenvolvimento de novas estratégias de prevenção da Febre Aftosa torna-se mais eficiente quando discutido dentro de cada particularidade regional. Para o Brasil e América do Sul, o sorotipo C merece, de fato, menor atenção que os demais sorotipos devido à sua baixa importância em termos de ocorrência de surtos ou

presença de relatórios que indiquem elevado nível de virulência. Para o sorotipo “A”, a familiaridade da cepa atualmente utilizada no programa nacional de vacinação com as já reportadas no continente, justificam sua manutenção no programa. A vasta ramificação que a rede de haplótipos apresenta para esse sorotipo permite concluir que, para a consideração de uma nova cepa vacinal, esta deveria apresentar uma maior semelhança às observadas nos últimos focos de FMD reportados na América do Sul. Contudo, os resultados do presente estudo demonstram não haver cepas com esse grau de semelhança, sendo necessário assim manter o uso de cepas regionais. Para o sorotipo “O”, as poucas variedades favorecem a cobertura desse sorotipo, principalmente pelo fato de a sequência usada na vacina atual ser um elo entre a variedade que surgiu na América do Sul e suas derivações.

A ausência de grandes variedades de amostras com genoma completamente sequenciado impossibilitou um estudo mais aprofundado dos diversos sítios imunogênicos presentes nos sorotipos do FMD na América do Sul, em especial o Brasil. Para um refinamento nas análises o banco de dados deverá ser reestruturado de forma que contenha apenas as quatro proteínas estruturais ou, em último caso, apenas a região hipervariável de VP1, como já vem sendo utilizado em vários estudos. Com esse novo formato, possivelmente uma melhor compreensão de ancestralidade Brasil / país no exterior poderá ser feita. Contudo, uma análise envolvendo dinâmica populacional poderá ficar comprometida, caso (e normalmente ocorre) a análise de recombinação não consiga definir com precisão a ancestralidade e os pontos em que possivelmente ocorreu a recombinação.

MATERIAL COMPLEMENTAR

As sequências utilizadas nesse estudo, **árvores** filogenéticas construídas, as tabelas de polimorfismo e o quadro com sequências referentes às redes de haplótipos do sorotipo A e O estão disponíveis em http://bit.ly/cap_comp.

REFERÊNCIAS

- ARAUJO, J.; MONTASSIER, H.; PINTO, A. **Extensive antigenic and genetic variation among foot-and-mouth disease type A viruses isolated from the 1994 and 1995 foci in Sao Paulo, Brazil.** Veterinary microbiology, v. 84, n. 1, p. 15-27, 2002.
- BANDELT, H.-J.; FORSTER, P.; RÖHL, A. **Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies.** Molecular biology and evolution, v. 16, n. 1, p. 37-48, 1999.
- BECK, E.; STROHMAIER, K. **Subtyping of European foot-and-mouth disease virus strains by nucleotide sequence determination.** Journal of Virology, v. 61, n. 5, p. 1621-1629, 1987.
- BLANCO, E. et al. **Identification of T-cell epitopes in nonstructural proteins of foot-and-mouth disease virus.** Journal of virology, v. 75, n. 7, p. 3164-3174, 2001.

- CAI, W.; PEI, J.; GRISHIN, N. V. **Reconstruction of ancestral protein sequences and its applications**. BMC evolutionary biology, v. 4, n. 1, p. 33, 2004.
- CARRILLO, C. et al. **Comparative genomics of foot-and-mouth disease virus**. Journal of virology, v. 79, n. 10, p. 6487-504, May 2005.
- CARVALHO, L. M. et al. **Spatio-temporal dynamics of foot-and-mouth disease virus in South America**. arXiv preprint arXiv:1505.01105, 2015.
- CHITRAY, M. et al. **Genetic heterogeneity in the leader and P1-coding regions of foot-and-mouth disease virus serotypes A and O in Africa**. Archives of virology, v. 159, n. 5, p. 947-961, 2014.
- CLAVIJO, A. et al. **Current Status and Future Prospects to Achieve Foot-and-Mouth Disease Eradication in South America**. Transboundary and emerging diseases, v. 64, n. 1, p. 31-36, 2017.
- CNABRASIL. Faeg discute retirada de vacina contra febre aftosa até 2021. Maio, 2019 2019. Disponível em: < <http://www.agricultura.gov.br/noticias/retirada-da-vacinacao-contra-febre-aftosa-no-parana-sera-antecipada> >. Acesso em: Agosto, 2019.
- COMPRERURAL. QUANDO SERÁ A RETIRADA DA AFTOSA EM CADA ESTADO. Abril, 2019 2019. Disponível em: < <https://www.comprerural.com/quando-sera-a-retirada-da-aftosa-em-cada-estado/> >. Acesso em: Agosto, 2019.
- COSALFA. **COSALFA 41**. 2014.
- DARRIBA, D. et al. **jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing**. Nature methods, v. 9, n. 8, p. 772-772, 2012.
- DAVIE, J. **A complement fixation technique for the quantitative measurement of antigenic differences between strains of the virus of foot-and-mouth disease**. Epidemiology & Infection, v. 62, n. 4, p. 401-411, 1964.
- DI NARDO, A. et al. **Phylogenetic reconstruction of O CATHAY topotype foot-and-mouth disease virus epidemics in the Philippines**. Veterinary research, v. 45, n. 1, p. 90, 2014.
- EUROPEIAS, O. C. D. C. 85/511/CEE. 1985. Disponível em: < <http://eur-lex.europa.eu/legal-content/EN/TXT/?qid=1447818129733&uri=CELEX:31985L0511> <http://eur-lex.europa.eu/legal-content/PT/TXT/PDF/?uri=CELEX:31985L0511&qid=1447818129733&from=EN> >.
- FAO. **Monthly Report Foot-and-Mouth Disease Situation (July 2017)**. 2017. (July 2017)
- FELSENSTEIN, J. **Evolutionary trees from DNA sequences: a maximum likelihood approach**. Journal of molecular evolution, v. 17, n. 6, p. 368-376, 1981.
- HALL, B. G. **Comparison of the accuracies of several phylogenetic methods using protein and DNA sequences**. Molecular Biology and Evolution, v. 22, n. 3, p. 792-802, 2004.
- HUELSENBECK, J. P.; RONQUIST, F. **MRBAYES: Bayesian inference of phylogenetic trees**. Bioinformatics, v. 17, n. 8, p. 754-755, 2001.
- HULO, C. et al. **ViralZone: a knowledge resource to understand virus diversity**. Nucleic acids research, v. 39, n. suppl_1, p. D576-D582, 2010.
- JAMAL, S. M.; BELSHAM, G. J. **Foot-and-mouth disease: past, present and future**. Veterinary research, v. 44, n. 1, p. 116, 2013.

- KATOH, K.; STANDLEY, D. M. **MAFFT multiple sequence alignment software version 7: improvements in performance and usability**. *Molecular biology and evolution*, v. 30, n. 4, p. 772-780, 2013.
- KEARSE, M. et al. **Geneious Basic: an integrated and extendable desktop software platform for the organization and analysis of sequence data**. *Bioinformatics*, v. 28, n. 12, p. 1647-1649, 2012.
- KIMURA, M. **The rate of molecular evolution considered from the standpoint of population genetics**. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, v. 63, n. 4, p. 1181-1188, 1969.
- KNOWLES, N.; SAMUEL, A. **Molecular epidemiology of foot-and-mouth disease virus**. *Virus research*, v. 91, n. 1, p. 65-80, 2003.
- KNOWLES, N. J. et al. **Global molecular epidemiology of foot-and-mouth disease virus type C**. *Proc. 14th Meeting of the European Study Group on the Molecular Biology of Picornavirus*, 2006.
- KÖNIG, G. et al. **Phylogenetic analysis of foot-and-mouth disease viruses isolated in Argentina**. *Virus Genes*, v. 23, n. 2, p. 175-181, 2001.
- LIBRADO, P.; ROZAS, J. **DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data**. *Bioinformatics*, v. 25, n. 11, p. 1451-1452, 2009.
- MAPA. **Retirada da vacinação contra febre aftosa no Paraná será antecipada**. Abril 2019 2019. Disponível em: < <http://www.agricultura.gov.br/noticias/retirada-da-vacinacao-contra-febre-aftosa-no-parana-sera-antecipada> >. Acesso em: Agosto 2019.
- MARADEI, E. et al. **Characterization of foot-and-mouth disease virus from outbreaks in Ecuador during 2009–2010 and cross-protection studies with the vaccine strain in use in the region**. *Vaccine*, v. 29, n. 46, p. 8230-8240, 2011.
- MARTIN, D. P. et al. **RDP3: a flexible and fast computer program for analyzing recombination**. *Bioinformatics*, v. 26, n. 19, p. 2462-2463, 2010.
- MILLER, M. et al. **Quantifying the intragenic distribution of human disease mutations**. *Annals of human genetics*, v. 67, n. 6, p. 567-579, 2003.
- MILLER, M. P.; KUMAR, S. **Understanding human disease mutations through the use of interspecific genetic variation**. *Human molecular genetics*, v. 10, n. 21, p. 2319-2328, 2001.
- NARANJO, J.; COSIVI, O. **Elimination of foot-and-mouth disease in South America: lessons and challenges**. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London B: Biological Sciences*, v. 368, n. 1623, p. 20120381, 2013.
- OIE. **Foot & Mouth Disease - Questions & Answers** (World Organization for Animal Health). 2019. Disponível em: < http://www.oie.int/fileadmin/Home/eng/Media_Center/docs/pdf/Disease_cards/Q_A-FMD-EN.pdf >. Acesso em: 11/04/2014.
- OLASCOAGA, R. C. et al. **Fiebre aftosa**. *Centro Panamericano de Fiebre Aftosa*, 1999.
- ROTH, J. A.; SPICKLER, A. R. **FMD Vaccine Surge Capacity for Emergency Use in the United States**. 2014.
- WRIGHT, C. F. et al. **Reconstructing the origin and transmission dynamics of the 1967–68 foot-and-mouth disease epidemic in the United Kingdom**. *Infection, Genetics and Evolution*, v. 20, p. 230-238, 2013.

YANG, M. et al. **Characterization of monoclonal antibodies against foot-and-mouth disease virus serotype O and application in identification of antigenic variation in relation to vaccine strain selection.** Virol J, v. 11, p. 136, 2014.

SOBRE A ORGANIZADORA

DIOCLÉA ALMEIDA SEABRA SILVA - Possui Graduação em Agronomia pela Faculdade de Ciências Agrárias do Pará, atualmente Universidade Federal Rural da Amazônia (1998), especialização em agricultura familiar e desenvolvimento sustentável pela Universidade Federal do Pará – UFPA (2001); mestrado em Solos e Nutrição de Plantas (2007) e doutorado em Ciências Agrárias pela Universidade Federal Rural da Amazônia (2014). Atualmente é professora da Universidade Federal Rural da Amazônia, no Campus de Capanema - PA. Tem experiência agricultura familiar e desenvolvimento sustentável, solos e nutrição de plantas, cultivos amazônicos e manejo e produção florestal, além de armazenamento de grãos. Atua na área de ensino de nos cursos de licenciatura em biologia, bacharelado em biologia e agronomia. Atualmente faz mestrado e especialização em educação, na área de tutoria à distância.

ÍNDICE REMISSIVO

A

Açúcares solúveis 89, 90, 91, 93, 94, 97, 243, 246, 248, 249, 251, 252, 253
Adaptabilidade 101
Administração 1, 14, 285, 289
Agricultura 6, 16, 17, 20, 21, 22, 42, 47, 48, 65, 66, 74, 86, 98, 113, 114, 122, 123, 161, 176, 194, 200, 201, 213, 216, 234, 236, 240, 261, 262, 263, 264, 265, 266, 268, 269, 271, 281, 283, 285, 290
Agricultura familiar 16, 17, 20, 200, 213, 216, 261, 262, 263, 264, 265, 268, 269, 283, 290
Aminoácidos 89, 90, 91, 93, 94, 97, 243, 246, 248, 249, 251, 252
Amônio 52, 61, 62, 89, 93, 94, 97, 98, 222, 243, 248, 249, 251, 252
Análise 4, 15, 16, 17, 24, 27, 28, 36, 40, 41, 42, 44, 45, 46, 53, 56, 57, 58, 63, 64, 68, 74, 77, 86, 92, 96, 97, 101, 104, 112, 116, 124, 136, 138, 139, 168, 172, 179, 195, 204, 208, 210, 216, 221, 223, 235, 238, 240, 241, 246, 248, 249, 257, 272, 274, 285, 286, 288, 289
Animal welfare 147, 148, 150, 151, 155, 156, 157, 158, 159, 161
Autonomia 24, 31, 34

B

Bananeiras 218, 220, 222, 223, 224, 225, 226, 228, 229
Barueiro 226
Beef quality 147
Bradyrhizobium 50, 51, 53, 63, 64, 65

C

Capim massai 218, 223, 224, 225, 226, 228
Carica papaya 230, 231, 234, 255, 256
Classificação de terras 100, 112
Compostos bioativos 134
Contaminação 197, 198, 199, 201, 202, 203, 204, 205, 207, 208, 209, 210, 212, 214, 215, 216
Cultivo sustentável 113
Curva de crescimento 230, 231, 233

D

Declínio 15, 16, 18, 21, 104, 119
Dinâmica 22, 46, 187, 190, 191, 261, 262, 263, 264, 268, 288

E

Enxertia 124, 126, 133
Épocas de avaliação 230, 258
Eucalyptus 75, 77, 78, 85, 86, 87
Experimentação agrícola 113

F

Filogeografia 36, 39

Forrageira 164, 165, 174

Fósforo 88, 89, 90, 92, 93, 94, 96, 97, 99, 170, 171, 245, 246, 248

Fungo 193, 194, 195, 196, 235, 236, 237, 238, 239, 240

G

Gerenciamento 283

Germination test 68, 79

Grass-based 147, 152, 154, 155

I

Índice de manejo do carbono 175

Inhibition 77, 82, 84, 85, 174

Inoculação 50, 65, 164, 166, 168, 169, 171, 172, 238, 239, 240

Intercropping 77, 86

L

Lavoura temporária 16, 17, 267

Leguminosas 51, 225, 229, 270, 271

M

Mapa de solos 100, 111

Marketing 147, 148, 150, 151, 155, 157, 158, 159, 160

Mistura 25, 31, 53, 193, 194, 195, 196

Moringa oleífera 77, 87, 254

N

Nitrato 50, 51, 53, 89, 91, 93, 97, 243, 246, 248, 249, 251, 252

Nitrogenase 50, 51

Nitrogênio 50, 51, 52, 55, 56, 57, 58, 66, 88, 89, 92, 93, 94, 96, 97, 133, 170, 171, 173, 191, 192, 229, 242, 244, 245, 246, 248, 252, 253, 271

P

Palhada 222, 224, 228, 270, 271, 273, 275, 276, 277, 278, 279

PGPR 164, 165, 167

Planejamento 1, 3, 6, 13, 23, 101, 112, 114, 255, 284

Planejamento experimental 255

Plantas de cobertura 218, 220, 221, 222, 223, 224, 225, 226, 227, 228, 229, 270, 271, 272, 275, 276, 278, 279, 280

Plantas medicinais 24, 25, 26, 28, 30, 31, 33, 34, 87, 134, 139

Plantio convencional 175, 176, 177, 178, 180, 184, 187, 188, 189, 190, 208, 212

Plantio direto 175, 176, 177, 178, 180, 181, 182, 184, 186, 187, 188, 189, 191, 192, 221, 229, 270, 272, 279, 280

Plants 24, 51, 67, 68, 69, 81, 85, 89, 98, 113, 125, 135, 145, 173, 196, 219, 228, 230, 231, 243, 253, 254, 256, 271

Potássio 53, 88, 89, 90, 92, 93, 94, 96, 97, 98, 133, 222, 229, 246, 248, 273

Produtividade 1, 2, 12, 13, 16, 17, 20, 50, 51, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 107, 113, 114, 118, 119, 120, 121, 124, 130, 132, 165, 166, 200, 212, 222, 223, 224, 236, 256, 263, 285

Q

Qualidade 1, 12, 13, 20, 22, 24, 25, 26, 29, 31, 33, 34, 90, 102, 113, 114, 121, 122, 123, 127, 129, 131, 132, 134, 135, 144, 175, 177, 181, 186, 188, 189, 190, 197, 199, 200, 201, 202, 203, 204, 205, 209, 210, 211, 212, 213, 214, 216, 228, 229, 231, 234, 239, 256

Qualidade sanitária 197, 199, 201

R

Redutase do nitrato 50, 51

Rendimento 16, 17, 19, 20, 50, 54, 56, 57, 58, 59, 62, 64, 65, 105, 114, 120, 206, 240, 280, 283

S

Sanitary quality 198, 199

Saúde 14, 16, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 38, 87, 125, 197, 198, 201, 202, 204, 205, 206, 207, 210, 211, 213, 214, 215, 216

Secagem 12, 87, 134, 135, 136, 139, 140, 141, 142, 143, 144, 145

Soja 2, 50, 51, 56, 57, 58, 59, 64, 65, 66, 74, 177, 178, 278, 279, 283, 284, 287, 288

Sorotipo A 42

Substrato 77, 126, 235, 280

Sustentabilidade 1, 23, 260, 265

T

Técnicas agroecológicas 113

U

Uruguay 147, 148, 149, 150, 151, 152, 153, 154, 155, 156, 157, 160, 161, 162

V

Variabilidade genética 44

Vegetais 22, 26, 30, 90, 137, 175, 182, 189, 190, 197, 199, 200, 202, 205, 206, 207, 211, 216, 219, 220, 237, 274

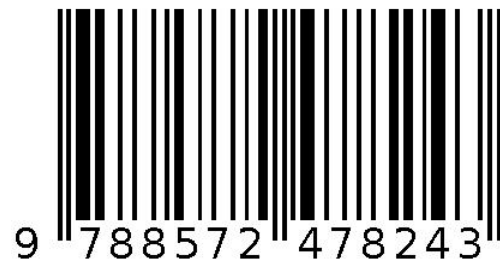
Vegetation 175, 198, 199, 219

Viabilidade econômica 113, 114, 115

Z

Zea mays 71, 236, 280

Agência Brasileira do ISBN
ISBN 978-85-7247-824-3



9 788572 478243