

SILENCIAMENTO GÊNICO INDUZIDO PELO HOSPEDEIRO (HIGs) COMO POTENCIAL FERRAMENTA PARA O MANEJO DA ANTRACNOSE EM MILHO^(*)

Raquel Pereira Passos Salgado⁽¹⁾, André da Silva Xavier⁽²⁾, Luciano Viana Cota⁽³⁾,
Andrea Almeida Carneiro⁽⁴⁾ e Newton Portilho Carneiro⁽⁵⁾

Palavras-chave: *Zea mays*, *Colletotrichum graminicola*, fungo fitopatogênico, RNAi, transgênicos.

Os fungos fitopatogênicos compõem o maior e mais diversificado grupo de agentes causadores de doenças em plantas cultivadas e representam uma ameaça persistente e significativa para a agricultura em todo o mundo. Abordagens convencionais baseadas apenas no uso de agroquímicos levantam a preocupação social com o impacto no meio ambiente e na saúde humana expondo a urgente necessidade por métodos alternativos de controle. A interferência de RNA (RNAi) é um processo pós-transcricional de silenciamento de genes (PTGS) em que RNAs de fita dupla (dsRNAs) disparam um sistema celular que degrada mRNA homólogos e interferem negativamente na expressão gênica. A rápida melhoria e a extensa implementação da tecnologia de RNAi para vários organismos têm fornecido adaptação de silenciamento de genes no combate de inúmeros fitopatógenos. Uma ferramenta valiosa que permite a interferência negativa na expressão de genes fúngicos é a mediada pelo hospedeiro via transgenia (silenciamento gênico induzido pelo hospedeiro – HIGs). Estudos recentes conduzidos pelo nosso grupo mostraram que a aplicação exógena de moléculas de RNA de fita dupla (dsRNA) em plantas proporcionou redução da severidade da antracnose em milho. Essa doença é causada pelo fungo filamentoso *Colletotrichum graminicola* e pode causar uma redução de produção de grãos em até 35%. Esse trabalho teve por objetivo avaliar o efeito no controle do *C. graminicola* via transgenia utilizando dsRNA quimérico de regiões codificadoras de três genes: *CHSVII* - Quitina Sintase VII estrutural, *Pma2* - plasma membrane ATPase 2 relacionado a bomba sódio/potássio e Ubiquitinona – relacionado a fosforilação oxidativa da cadeia respiratória em mitocôndrias. As transformações estáveis de milho com a construção *proZmUbi::gene+intron+gene_compl_invertido::term* foram conduzidas utilizando o sistema de infecção de embriões imaturos (1,5 mm a 2 mm de comprimento) do híbrido de milho Hill com *Agrobacterium tumefaciens* EHA101. Após cinco dias, os embriões infectados foram transferidos para meio de repouso suplementado com cefotaxime por duas semanas. A seleção das células transformadas foi realizada durante seis semanas em meio contendo 1,5 e 3,0 mg/L de glufosinato de amônia. O marcador de seleção ao glufosinato de amônia presente no vetor binário foi o *PromCaMV35S::bar::term*. Plantas de milho foram regeneradas a partir dos calos selecionados e transferidas para casa de vegetação para produção de sementes. Sementes T1 foram germinadas e utilizadas para o monitoramento da infecção por *C. graminicola*. Resultados preliminares em dois eventos transgênicos evidenciaram que para o Evento 1 o progresso da doença mostrou-se mais lento, por causa de lesões necróticas menores nas folhas e formação anômala de algumas estruturas do fungo, como ausência de setas e redução do diâmetro dos acérvulos em comparação ao controle Hill. Esses resultados indicam potencial do RNAi para o controle de fungos fitopatógenos em milho.



* Fonte financiadora: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (Fapemig).

⁽¹⁾ Bióloga, Bolsista de doutorado, Universidade Federal de Lavras; Lavras-MG. rppsalgado@gmail.com

⁽²⁾ Engenheiro Agrônomo, Professor Universidade Federal do Espírito Santo, Fapemig. andre.s.xavier@ufes.br

⁽³⁾ Engenheiro Agrônomo, Pesquisador da Embrapa Milho e Sorgo; luciano.cota@embrapa.br

^(4,5) Biólogo(a), Pesquisador(a) da Embrapa Milho e Sorgo; andrea.carneiro@embrapa.br; newton.carneiro@embrapa.br