

X









ISBN E DADOS DE PUBLICAÇÃO

ANAIS DO XXXII CONGRESSO BRASILEIRO DE CIÊNCIA DAS PLANTAS DANINHAS

Centro de Convenções da Universidade de Rio Verde - Rio Verde (GO) | 25 a 28 de julho de 2022

Edição Técnica

Guilherme Braga Pereira Braz & Naiara Guerra

Todos os resumos neste livro foram reproduzidos de cópias fornecidas pelos autores e o conteúdo dos textos é de exclusiva responsabilidade dos mesmos. A organização do referente evento não se responsabiliza por consequências decorrentes do uso de quaisquer dados, afirmações e/ou opiniões inexatas ou que conduzam a erros publicados neste livro de trabalhos. É de inteira responsabilidade dos autores o registro dos trabalhos nos conselhos de ética, de pesquisa ou SisGen.

Copyright © 2022 - Todos os diretos reservados - SBCPD

Todos os direitos reservados. Nenhuma parte desta obra pode ser reproduzida, arquivada ou transmitida, em qualquer forma ou por qualquer meio, sem permissão escrita do presidente em exercício da Sociedade Brasileira de Ciência das Ciência das Plantas Daninhas.



AMPLIFICAÇÃO, SEQUENCIAMENTO E MARCADORES MOLECULARES PARA LEITEIRO (*EUPHORBIA HETEROPHYLLA*) RESISTENTE A HERBICIDAS: UMA ABORDAGEM METODOLÓGICA

<u>Rafael Romero Mendes</u>¹; Hudson Kagueyama Takano⁵; Franck Dayan²; Todd Gaines²; Fernando Storniolo Adegas³; Rubem Silvério de Oliveira Jr⁴

¹Sumitomo Chemical Latin American. rafaromero.mendes@gmail.com; ²Colorado State University; ³Embrapa Soja; ⁴Universidade Estadual de Maringá; ⁵Corteva Agriscience

Destaque: A avaliação de primers e o desenvolvimento de marcadores moleculares auxiliam na investigação de mecanismos de resistência no sítio-alvo.

Resumo: Conhecer as metodologias aplicadas na biologia molecular é fundamental para o desenvolvimento de trabalhos sobre mecanismos de resistência a herbicidas, especialmente os relacionados ao sítio alvo. O objetivo deste trabalho foi demonstrar análises moleculares em sítiosalvo de herbicidas em leiteiro (Euphorbia heterophylla) resistente a herbicidas. O trabalho consistiu na avaliação de primers e amplificação dos genes Protox I, Protox II, EPSPS e ALS, bem como no desenvolvimento de marcadores moleculares para identificação de mutações nos genes EPSPS e ALS. Sequências dos genes Protox de espécies da família das Euphorbiaceas disponíveis no National Center of Biotechnology Information (NCBI) foram alinhadas. Três pares de primers foram desenhados manualmente em regiões conservadas dos genes Protox I e Protox II dessas espécies. Foi necessário avaliar a combinação fatorial entre todos os primers forward e reverse para gerar a melhor amplificação para cada fragmento. Para os genes EPSPS e ALS, os primers foram criados a partir das sequências de leiteiro já disponíveis na plataforma de sequência genômica do International Herbicide-Resistant Database (NCBI). Todas as PCRs foram realizadas utilizando amostras de cDNA, a partir da extração de RNA e os fragmentos foram avaliados em gel de agarose. Após o sequenciamento de todos os fragmentos de interesse, primers com marcadores moleculares foram desenvolvidos para identificação das mutações Pro106Trp no gene EPSPS e Trp574Leu no gene ALS, por meio de ensaios de competição específica por alelos em PCR em tempo real. Com o trabalho, foi possível validar primers para a amplificação dos genes Protox I, Protox II, EPSPS e ALS. Os fragmentos sequenciados foram depositados no NCBI. Marcadores moleculares foram eficientes em distinguir alelos com (resistentes) e sem (suscetíveis) mutações nos genes EPSPS e ALS. Estes métodos servem de base para futuros trabalhos com essa e outras importantes espécies de plantas daninhas no Brasil.

Palavras-chave: Protoporfirinogênio-oxidase; Enol-piruvil-shiquimato-fosfato-sintase; Acetolactato-sintase; primers; resistência

Agradecimentos: A CAPES, pelo financialmento da bolsa de estudos

Instituição financiadora: Núcleo de Estudos Avançados em Ciência das Plantas Daninhas (NAPD), Fundação Eliseu Alves, Colorado State University