

Avaliação molecular da resistência de biótipos de buva a herbicidas auxínicos

Millena Cirino Rodrigues¹, Gabriel Rosanski Balico¹, Roberto Saggin Visoto¹, Alisson Matias Hanh¹, Alice Lazzari¹, Anderson Luis Nunes Gabardo^{1*}
Orientador(a)*

¹Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Rio Grande do Sul (IFRS) - Campus Sertão. Sertão, RS

A resistência de plantas daninhas aos herbicidas é um dos principais entraves para a agricultura na atualidade, com destaque à buva (*Conyza* spp.) que está amplamente distribuída no país. Casos de resistência de buva a herbicidas como glifosato, saflufenacil, paraquate e 2,4-D já foram constatados em diferentes regiões. Dentre os mecanismos de resistência, as mutações no sítio de ação constitui um dos principais e é ocasionada devido a alterações no genoma das plantas. O objetivo deste trabalho foi avaliar a ocorrência de mutações em genes relacionados às auxinas em biótipos de buva que apresentam resistência à auxinas. Foram testados seis biótipos de plantas, sendo eles B17, B28, B35, B108, B194 apresentando resistência e o B206 sendo suscetível. Foram selecionados quatro genes envolvidos nos mecanismos de ação dos herbicidas auxínicos: TIR/AFB, GH3.3, AUX/IAA 16 e AUX/IAA 9. Ao todo foram desenhados 23 primers para realizar o sequenciamento. Os resultados do sequenciamento das regiões amplificadas não apresentaram alterações entre os biótipos nos casos em que os primers foram eficientes. Entretanto para a maioria dos primers desenhados não apresentaram anelamento nos genes-alvo ou mostraram baixa especificidade, impossibilitando o sequenciamento das regiões pretendidas. Essa amplificação pode não ter ocorrido porque o primer não conseguiu gerar o produto de PCR, ocorrendo por falhas técnicas ou mutações na região alvo. Como não foram detectadas mutações nos genes analisados e a baixa eficiência de grande parte dos primers desenhados limitou o sequenciamento das regiões-alvo, fica evidente a necessidade de desenhar novos primers mais específicos e eficientes. Além disso, recomenda-se que futuras pesquisas explorem o sequenciamento de genes relacionados às auxinas, mas também outros possíveis mecanismos de resistência, como alterações na absorção, translocação e metabolismo dos herbicidas, a fim de compreender de forma mais ampla a base genética e fisiológica da resistência apresentada por esses biótipos.

Palavras-chave: Modificação; Genética; Aplicação em sequência.