ENEPEX
ENCONTRO DE ENSINO, PESQUISA E EXTENSÃO
13º ENEPE UFGD - 10º EPEX UEMS
PESQUISA E TECNOLOGIA: AÇÕES PARA UM FUTURO SUSTENTÁVEL

POLIMORFISMOS PARENTAIS EM VARIEDADES DE MILHO CRIOULO COM DIFERENTES NÍVEIS DE RESISTÊNCIA A SPODOPTERA FRUGIPERDA (LEPIDOPTERA: NOCTUIDAE)

COSTA, Eduardo Neves[1] (costa_ne@yahoo.co.br);–**OLIVEIRA, Caio Fernando Ramalho**[2] (oliveiracfr@gmail.com);–**SANTOS, Edson Lucas**[2] (edsonsantos@ufgd.edu.br); **FERNANDES, Marcos Gino**[3] (marcosfernandes@ufgd.edu.br)

[1]Pós-doutorando do Programa de Pós-Graduação em Agronomia da UFGD – Dourados;
[2]Docente do Programa de Pós-Graduação em Biologia Geral e Bioprospecção da UFGD – Dourados;
[3]Docente do Programa de Pós-Graduação em Entomologia e Conservação da Biodiversidade da UFGD – Dourados.

Spodoptera frugiperda (J. E. Smith), popularmente conhecida como lagarta-do-cartucho, é a principal praga do milho, com distribuição abrangendo desde o sul dos Estados Unidos da América até a Argentina. As larvas danificam a planta de milho em todos os estágios de desenvolvimento, e os prejuízos na produtividade desta cultura podem chegar a 60% quando plantas jovens são atacadas. As táticas mais empregadas para o controle de *S. frugiperda* têm sido a aplicação de inseticidas químicos e plantio de plantas *Bt* (transgênicos); contudo, evolução de resistência tem sido constantemente relatada para estas táticas. O objetivo deste trabalho foi investigar, mediante uso da tecnologia PCR convencional, se a variedade de milho crioulo Maisena, classificada como resistente a *S. frugiperda* de acordo com resultados de experimentos prévios, apresenta genes reconhecidamente relacionados com a resistência a estresses bióticos, comparada com a variedade reconhecidamente suscetível à praga, Saboró Branco. O experimento foi conduzido na Universidade Federal da Grande Dourados (UFGD). Seis plantas de cada variedade foram cultivadas em dois vasos plásticos (3 plantas/vaso) de 7 L em casa de vegetação, cobertas por gaiola de tecido *voile* para evitar a entrada de herbívoros. Quando as plantas chegaram no estágio vegetativo V6 (sexta folha totalmente expandida), folhas do cartucho de cinco plantas de cada variedade foram coletadas com auxílio de tesoura, e posteriormente lavadas com água deionizada e secas à temperatura ambiente. Em seguida, cinco seções foliares de 8 cm^2 obtidas das cinco diferentes plantas de milho, por variedade, foram maceradas em nitrogênio líquido, para posterior extração de DNA seguindo a metodologia CTAB. Subsequentemente, após preparo do Master Mix, os volumes de reação foram submetidos à PCR convencional, onde 12 genes tiveram sua presença investigada. A amplificação foi realizada com uma desnaturação inicial a 95 °C por 1 minuto, seguida por 35 ciclos de amplificação (desnaturação a 95 °C por 30 segundos, anelamento a 65 °C por 30 segundos e extensão a 70 °C por 1 minuto, com uma extensão final a 70 °C por 1 minuto. Posteriormente, foi realizada uma eletroforese em gel agarose a 2%, a 80 volts por 50 minutos. De acordo com as análises iniciais, três genes ocorreram apenas na variedade resistente (Maisena), quais sejam: lipoxigenase 1 (múltiplas funções, ex.: contribui na síntese de ácido jasmônico), PR 1 (flavonóide 3'- hidrolase) (enzima chave na via biossíntese de flavonoides), e PX 3 (peroxidase 3) (lignificação e redução de digestibilidade). Outros quatro genes foram compartilhados pelas variedades resistente e suscetível, a saber: Bx7 (síntese de benzoxazinona 7), lipoxigenase 3, glossy 15, e SEE 2a (senescência melhorada 2a). Nenhum gene foi encontrado exclusivamente na variedade suscetível. Esses resultados iniciais são promissores e podem contribuir com o futuro do manejo integrado de pragas do milho.