



**Aletração no sítio de ação em biótipos de *Eleusine indica* ocorrentes em Mato Grosso, com resistência a herbicidas inibidores da ACCase**

Edson Ricardo de Andrade Junior<sup>1</sup>, Sebastião Carneiro Guimarães<sup>2</sup>, Anderson Luis Cavenaghi<sup>3</sup>, Leonardo Bitencourt Scoz<sup>4</sup>, Luana Rainieri Massucato<sup>5</sup>

Instituto Mato-Grossense do Algodão, Primavera do Leste, MT, Brasil<sup>1</sup>, Universidade Federal de Mato Grosso, Cuiabá, MT, Brasil<sup>2</sup>, Centro Universitário UNIVAG, Várzea Grande, MT, Brasil<sup>3</sup>, Instituto Mato-Grossense do Algodão, Primavera do Leste, MT, Brasil<sup>4</sup>, Universidade Estadual do Norte do Paraná, Bandeirantes, PR, Brasil,<sup>5</sup>

Nos últimos anos têm-se observado falhas no controle do capim pé-de-galinha (*Eleusine indica*) com o uso de herbicidas inibidores da ACCase em áreas algodoeiras do estado de Mato Grosso. Estudos realizados dentro de um projeto visando identificar plantas daninhas resistentes em áreas algodoeiras do Estado permitiram confirmar, em várias amostras, a existência de biótipos resistentes aos herbicidas inibidores da ACCase. Um dos mecanismos de resistência mais comum para herbicidas com esse sítio de ação é a alteração na sequência de aminoácidos da ACCase, e nessa pesquisa o objetivo foi verificar se os biótipos resistentes encontrados em Mato Grosso possuem esse mesmo mecanismo. Para isso foram selecionadas 13 amostras de *E. indica* previamente diagnosticadas como resistentes e 13 previamente diagnosticadas como suscetíveis, provenientes de diferentes regiões produtoras do Estado. Para a genotipagem da resistência primeiramente foram realizadas reações de HRM (High Resolution Melting), utilizando-se iniciadores ancorados na região nucleotídica correspondente ao sítio ativo da enzima. Os resultados obtidos com essa técnica permitiram identificar polimorfismos genéticos consistentes entre as plantas resistentes e suscetíveis. Os mesmos foram posteriormente confirmados por meio do sequenciamento do produto de amplificação, sendo caracterizados como uma mutação de base única (SNP), onde ocorreu a troca de uma adenina por uma guanina (A/G) na 332ª posição da região amplificada. Esse SNP se traduz em uma troca de aminoácido, no caso a troca de um Ácido Aspártico (Asp) por uma Glicina (Gly) na posição 116 da Acetil-coA carboxilase, ou seja, possivelmente muda a conformação do sítio ativo da ACCase. Sendo assim, pode-se inferir que essa mutação está amplamente associada à resistência aos herbicidas inibidores da ACCase de plantas de *E. indica* estabelecidas no estado do Mato Grosso.

**Palavras-chave:** Capim-pé-de-galinha, HRM, Acetil-coA carboxilase.