

## PROSPECÇÃO DE METABÓLITOS SECUNDÁRIOS EM CULTIVAR DE SOJA TOLERANTE A PERCEVEJOS PRAGAS

Gustavo Dos Santos Cotrim<sup>1</sup>; José Perez da Graça<sup>2</sup>; Moisés de Aquino<sup>3</sup>; Carlos Alberto Arrabal Arias<sup>4</sup>; Clara Beatriz Hoffmann-Campo<sup>5</sup>.

Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária;<sup>1</sup> [gustavodscotrim@outlook.com](mailto:gustavodscotrim@outlook.com); <sup>2</sup> [perezparr@gmail.com](mailto:perezparr@gmail.com); <sup>3</sup> [moises.aquino@embrapa.br](mailto:moises.aquino@embrapa.br);  
<sup>4</sup> [carlos.arias@embrapa.br](mailto:carlos.arias@embrapa.br); <sup>5</sup> [clarabeatriz.campo@embrapa.br](mailto:clarabeatriz.campo@embrapa.br).

**PALAVRAS-CHAVE:** *Glycine max*; METABOLÔMICA; EUSCHISTUS HEROS.

**RESUMO:** O controle de percevejos sugadores de grãos no sistema de produção de soja tem sido realizado principalmente por meio do controle químico. Entretanto, a populações desses insetos tem se tornado resistentes aos principais ingredientes ativos utilizados em seu controle, causando perdas de produtividade e uso de produtos fitossanitários em demasia. A Embrapa Soja, conduz um programa de melhoramento para obtenção de cultivares de soja resistentes e/ou tolerantes à percevejos sugadores. Testes à campo na presença de grandes populações de percevejos, foram realizadas em inúmeras safras, resultando na liberação no mercado de cultivares produtivas e que apresentam tolerância à praga. O metabolismo secundário, em nossa hipótese, pode possuir relação com à interação entre cultivares tolerantes e os percevejos. Este trabalho visou por uma abordagem *untargeted metabolomics* a obtenção do perfil de metabólitos de extratos metanólicos de grãos verdes das cultivares de soja BRS 543RR (tolerante) e BRS 399RR (susceptível). Para a preparação dos extratos, vagens foram coletados, à campo de plantas no estádio R6. As análises foram realizadas em UPLC-QTof-MS<sup>E</sup> com ionização em modo negativo. O processamento dos dados foi realizado pelo software MarkerLynx XS 4.1 (Waters) e, posteriormente, foram transferidos para as plataformas SIMCA® 14.1 (Umetrics) e MetaboAnalyst 4.0 (<https://metaboanalyst.ca>) para a realização das análises multivariadas de PCA, HCA e OPLS-DA. Dois compostos pertencentes ao metabolismo do ácido jasmônico e das saponinas triterpenóides foram significativamente anotados na BRS 543RR, e putativamente identificados pelos softwares MS-DIAL 3.90 e MS FINDER 3.24 (<http://prime.psc.riken.jp>). Quando consultada à literatura, observa-se que esses compostos estão relacionados à defesa de plantas. As informações obtidas nesta pesquisa são importantes para acelerar a seleção de genótipos resistentes e/ou tolerantes aos percevejos da soja. Entretanto, novos estudos devem ser realizados para obter um protocolo de seleção baseado nas diferenças metabólicas dos genótipos de soja com características de resistência.

## PROSPECTION OF SECONDARY METABOLITES IN STINK BUGS TOLERANT SOYBEAN CULTIVAR

**KEYWORDS:** *Glycine max*; METABOLOMICS; EUCHISTHUS HEROS.

**ABSTRACT:** The control of seed-sucking stink bug populations in the soybean production system has been carried out using chemical products. However, insect populations have become resistant to the active ingredients used for their control, resulting in losses of productivity and the use of too many phytosanitary products. Embrapa Soybean, conducts a breeding program for the development of stink bugs resistant and/or tolerant cultivars to these insects. After several years of field trials in the presence of large stink bug populations, today some tolerant cultivars are being released in the market. However, the mediating mechanisms of this interaction are still under investigation. Secondary metabolism, in our hypothesis, may be related to the interaction between tolerant cultivars and this insect. The aim of this study was to determine by untargeted metabolomics from methanolic extracts of green grains of soybean cultivars BRS 543RR (tolerant) and BRS 399RR (susceptible). For extracting, the pods were field collected, when the plants were at R6 stage. Analyzes were performed on and UPLC-QTof-MS<sup>E</sup>, at negative ionization mode. The raw data were processed by MarkerLynx XS 4.1 (Waters) software and then transferred to multivariate analysis platforms, SIMCA® 14.1 (Umetrics) and MetaboAnalyst 4.0 (<https://metaboanalyst.ca>). To identify potential biochemical markers, PCA, HCA and OPLS-DA analyzes were performed. Two compounds belonging to the metabolism of jasmonic acid and triterpene saponins were putatively annotated in BRS 543RR extracts, using MS-DIAL 3.90 and MS FINDER 3.24 (<http://prime.psc.riken.jp>). Consulting the literature, we observed that these compounds are related to the plant defense to biotic stresses. The information obtained in this research is important to accelerate the selection of genotypes of soybean with resistance and/or tolerance to stink bugs damage. However, further studies should be conducted to obtain a screening protocol based on metabolic differences in soybean genotypes with stink bug resistant characteristics.