



# 'n PCR-opsporingsmetode vir mutasies in proteïen-reseptorgene vanaf *Busseola fusca*-ingewande, moontlik betrokke by Bt-weerstandbiedendheid

## Authors:

B. Venter<sup>1</sup>  
C.C. Bezuidenhout<sup>1</sup>

## Affiliations:

<sup>1</sup>Department of Environmental Sciences and Management, North-West University, Potchefstroom Campus, South Africa

## Correspondence to:

B. Venter

## Email:

20265832@nwu.ac.za

## Postal address:

Private Bag X11, Arcadia 0007, South Africa

## How to cite this article:

Venter, B. & Bezuidenhout, C.C., 2014, 'n PCR-opsporingsmetode vir mutasies in proteïen-reseptorgene vanaf *Busseola fusca*-ingewande, moontlik betrokke by Bt-weerstandbiedendheid', *Suid-Afrikaanse Tydskrif vir Natuurwetenskap en Tegnologie* 33(1), Art. #1230, 1 page. <http://dx.doi.org/10.4102/satnt.v33i1.1230>

## Note:

This paper was initially delivered at the School of Environmental Sciences and Development of the North-West University, Potchefstroom Campus, South Africa on 05 October 2012.

## Copyright:

© 2014. The Authors. Licensee: AOSIS OpenJournals. This work is licensed under the Creative Commons Attribution License.

## Read online:



Scan this QR code with your smart phone or mobile device to read online.

**A PCR detection method for mutations in receptor protein genes from *Busseola fusca* midgut material potentially involved in Bt-resistance.** *Busseola fusca* (Fuller) (Lepidoptera: Noctuidae) is a major insect pest to Bt-maize in South Africa. No study has yet been done to determine the molecular mechanism of *B. fusca* resistance to Cry1Ab. Aminopeptidase N (1–6), cadherin and alkaline phosphatase receptor-protein genes were amplified and sequences of PCR products were determined. BLAST searches showed similarity to the respective receptor-protein genes. Mutations can thus be identified by comparing sequences of receptor-protein genes from resistant and susceptible larvae.

Geneties-gemanipuleerde (GM) gewasse het globale belange aangewakker deurdat dit 'n merkwaardige verhoging in opbrengste en produksie tot gevolg gehad het. Hierdie verhoging is te wyte aan die beskerming van oeste teen peste, onkruid en siektes. Ontwikkeling van weerstandbiedendheid deur peste is 'n groot bedreiging vir die volgehoute sukses van GM gewasse. 'n Voorbeeld hiervan is *Helicoverpa armigera* (Lepidoptera: Noctuidae), 'n groot pes in China, wat weerstandbiedendheid ontwikkel het teen Bt-katoen wat die Bt-proteïentoksien Cry1Ac produseer. Die meganisme van Cry1Ac weerstandbiedendheid in hierdie spesie is as gevolg van 'n mutasie in die aminopeptidase geen (*HaAPN1*) wat vir die Cry1Ac reseptor kodeer. Laboratoriumstudies dui aan dat spesies wat tot die Noctuidae, Pyralidae en Plutellidae families behoort, weerstandbiedendheid teen Bt toksiene kan ontwikkel. Ontwikkeling van weerstandbiedendheid in die veld is tot op hede in ses Lepidoptera spesies waargeneem: *Busseola fusca* in Suid-Afrika; *Helicoverpa zea* in die suid-oostelike Verenigde State; *Spodoptera frugiperda* in Puerto Rico; *Pectinophora gossypiella* in Indië; *Helicoverpa armigera* in noord-China; en *Plutella xylostella* in die Filippyne en Hawaii. Dus is die ontwikkeling van weerstandbiedendheid in Lepidoptera 'n algemene fenomeen. *Busseola fusca* (Fuller) (Lepidoptera: Noctuidae) is een van die vernaamste peste van Bt-mielies in die Vaalharts besproeiingskema in Suid-Afrika. Die eerste melding van weerstandbiedendheid in *B. fusca* teen die Cry1Ab toksien is in 2007 gemaak, en die tweede berig het in 2009 gevolg. Tot dusver is nog geen studies gedoen om die molekulêre meganisme van weerstandbiedendheid in *B. fusca* teen Cry1Ab te bepaal nie. Soos reeds genoem, is 'n mutasie in aminopeptidase N verantwoordelik vir *H. armigera* se weerstandbiedendheid teen die *B. thuringiensis* Cry1Ac toksien. Alhoewel *B. fusca* weerstandbiedendheid teen die *B. thuringiensis* Cry1Ab toksien ontwikkel het, is die bindings-patrone en -liggings van Cry1Ac en Cry1Ab soortgelyk. Dus kan 'n soortgelyke mutasie verantwoordelik wees vir *B. fusca* se weerstandbiedendheid teen die Cry1Ab toksien. Aminopeptidase, kadherien en alkaliese fosfatase is proteïen-reseptore wat in Lepidoptera spesies geïdentifiseer is. Gedegenerende voorvoeders is ontwerp op grond van gekonserveerde gebiede wat in meervoudige volgordes van aminopeptidase N (1–6), kadherien en alkaliese fosfatase van verskeie lepidoptera spesies waargeneem is. Hierdie voorvoeders is gebruik om genomiese DNA vanaf weerstandbiedende en vatbare larwe te amplifiseer (deur die polimerase ketting reaksie [PKR]) en die volgordes te bepaal. Sommige BLAST soektogte het ooreenskomste tussen die verkrygte geen-volgordes en die onderskeie proteïen-reseptor gene getoon. Proteïen-reseptor geen-volgordes van weerstandbiedende en vatbare larwe kan dus nou vergelyk word ten einde mutasies te identifiseer. Indien hierdie benadering steeds onvoldoende is vir die identifisering van mutasies, moet die bepaling van die hele genoom-volgorde van *B. fusca* as 'n alternatiewe metode oorweeg word. Hierdie resultate kan betekenisvolle gevolge hê in landboupraktike in die Vaalharts gebied, en kan moontlik die eerste stap wees om 'n oplossing te vind om hierdie pes teen te werk.