

*Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
Embrapa Meio-Norte
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento*

DOCUMENTOS 284

VI Jornada Científica da Embrapa Meio-Norte

25 a 27 de novembro de 2020

*Fábia de Mello Pereira
Edvaldo Sagrilo
Rosa Maria Cardoso Mota de Alcantara*

Editores Técnicos

Anais

Embrapa Meio-Norte
Teresina, PI
2021

Diferenciação de *Trichogramma Westwood, 1833* (Hymenoptera: Trichogrammatidae) com base no gene citocromo oxidase I (COI) e na região do espaço transcrito interno 2 (ITS2)

Cleidiane Macêdo Santos¹; Aryanny Paula Sousa Ferreira¹; Leticia Soares Ribeiro²; Leonardo Castelo Branco Carvalho³; Ranyse Barbosa Querino⁴; Paulo Sarmanho da Costa Lima⁵

¹Mestre em Genética e Melhoramento/UFPI, cledianemacedo100@hotmail.com. ²Graduanda em Engenharia Agrônoma/UFPI. ³Bolsista do Programa Nacional de Pós-Doutorado (PNPD-CAPES). ⁴Pesquisadora da Embrapa/Secretaria de Inovação e Negócios, ⁵Pesquisador da Embrapa Meio-Norte

Trichogramma é um gênero de parasitoides de ovos da família Trichogrammatidae (Hymenoptera), amplamente utilizado em programas de controle biológico de lepidópteros pragas em todo o mundo. O conhecimento taxonômico é fundamental para conservação desses inimigos naturais em áreas agrícolas e para o estabelecimento e manutenção dos programas de manejo integrado de pragas (MIP). Contudo há dificuldades para o reconhecimento de espécies quando da ausência de machos, presença de complexo de espécies, assim como pelo tamanho reduzido das vespas. As ferramentas moleculares têm sido bastante utilizadas em apoio às pesquisas na área da entomologia, entre as quais, a identificação de espécies. O presente estudo teve como objetivo realizar a identificação molecular de amostras de *Trichogramma* obtidas a partir de diferentes hospedeiros, utilizando-se os marcadores moleculares citocromo oxidase I (COI) e a região do espaço transcrito interno 2 (ITS2). Foram utilizadas 16 amostras de *Trichogramma* coletadas em seis estados brasileiros, previamente identificadas morfológicamente com base em caracteres da genitália, das antenas e das asas de espécimes machos. Tais amostras foram submetidas à extração, amplificação por PCR e sequenciamento do gene COI e da região ITS2. A amplificação gerou amplicons que variaram de 650 pb a 750 pb em relação ao gene COI e de 500 pb a 650 pb, em relação à região ITS2. Inicialmente foi realizada uma análise de qualidade dos *reads forward* e *reverse* e posteriormente estes foram montados em *contigs* por meio do *software* SPAdes. A identidade de todas as sequências foi confirmada por meio do BLASTn ao banco de dados GenBank (NCBI), utilizando-se os parâmetros padrões implementados no *software* Geneious Prime 2020.0.5. A partir da busca por similaridade, foi possível verificar que todas as sequências isoladas em relação ao COI e ao ITS2 correspondem ao gene COI do DNA mitocondrial e à região ITS2 do DNA ribossomal, respectivamente, compatíveis com as sequências de espécies de *Trichogramma*. Os valores de máxima identidade variaram entre 95% e 99%. Todas as amostras tiveram suas identificações correspondentes às previamente realizadas a partir dos caracteres morfológicos. Os resultados mostraram a viabilidade do gene COI e da região ITS2 para identificação de espécies de *Trichogramma*, auxiliando em estudos taxonômicos do grupo. Tal conhecimento é fundamental para seleção de linhagens para produção massal e liberação em campo, além de contribuir para estudos sobre a evolução das interações inseto-hospedeiro, garantindo o sucesso da aplicação desses organismos em programas de MIP.

Palavras-chaves: Controle biológico; marcadores moleculares; parasitoides.

Agradecimentos: Embrapa Meio-Norte, Instituto Nacional de Ciências e Tecnologia de Hymenoptera Parasitoides (INCT-HYMPAR), Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES).