

Identificação molecular de Heliotínios utilizando marcadores mitocondrial e nuclear

Elias F. Sabiá Júnior¹; Paulo R. Queiroz²; Érica S. Martins²; Rose G. Monnerat³

¹Programa de Pós-graduação em Biologia Molecular. Universidade de Brasília (UnB), 70910-900 Brasília, DF, Brasil. Email: elias_ahh@hotmail.com. ²Instituto Mato-Grossense do Algodão – IMA-MT. Email: pauloqueiroz@imamt.com.br, ericamartins@imamt.com.br. ³Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Caixa Postal 02372, 70770-917 Brasília, DF, Brasil. Email: rose.monnerat@embrapa.br

As pragas mais importantes da subfamília Heliiothinae para a agricultura brasileira são as espécies *Helicoverpa armigera*, *H. zea* e *Heliiothis virescens*, altamente destrutivas devido as suas características biológicas que lhes permitem sobreviver em ambientes instáveis e adaptar-se as mudanças sazonais do clima. A ocorrência dessas espécies na região cotonicultora do Brasil causou sérios prejuízos econômicos e estima-se que o dano causado por *H. armigera* ultrapasse US\$ 5 bilhões no mundo e R\$ 2 bilhões no Brasil. A taxonomia desse gênero é complexa e requer conhecimentos muito específicos de suas estruturas morfológicas e reprodutivas, muitas vezes tornando-se um entrave na identificação dessas espécies. O objetivo deste trabalho foi identificar por meio de marcadores moleculares mitocondrial e nuclear as espécies de heliotínios ocorrendo nas regiões produtoras de algodão do Brasil. Indivíduos de *H. armigera*, *H. zea* e *H. virescens* foram macerados em tampão de extração e o DNA obtido foi submetido a PCR com iniciadores específicos para a subunidade I do gene citocromo oxidase (COI). Além desse gene mitocondrial, o gene nuclear do fator de alongamento I também foi utilizado. O produto de PCR do gene COI foi digerido com a enzima de restrição *BFal*. A amplificação da região corresponde ao gene citocromo oxidase produziu um fragmento de 615 pb que após digestão gerou dois perfis de restrição. Pôde-se observar o padrão de clivagem de 294 pb e 321 pb para *H. armigera*, enquanto para *H. zea* e *H. virescens* não houve digestão. Já para o gene nuclear, houve amplificação do fragmento esperado de 1.106 pb para indivíduos do gênero *Helicoverpa*, sendo possível assim, discernir as espécies por meio de uma chave de identificação dicotômica molecular. Esses resultados ajudarão no monitoramento de populações de *Helicoverpa*, no estudo da dispersão das populações e no controle da entrada de novas lagartas em regiões agrícolas do Brasil.

Palavras-chave: Marcadores moleculares; *Heliiothinae*; *Helicoverpa armigera*, *Helicoverpa zea*, DNA mitocondrial.