



XXVII Congresso Brasileiro
X Congresso Latino-Americano

Entomologia

Saúde, Ambiente e Agricultura

02 a 06 de setembro de 2018, Expogramado, Gramado/RS

Anais

Promoção e realização



Patrocínio Diamante



Patrocínio Prata



Patrocínio Ouro



Apoio



Semelhança molecular e morfométrica entre populações do ácaro predador *Amblyseius largoensis* das Américas e da Ásia

Renata S. Mendonça; Debora B. Lima; Daniela Rezende-Puker; Marie-Stéphanie Tixier; Manoel G. C. Gondim JR; José W. S. Melo; Daniel C. Oliveira; Denise Navia

A caracterização precisa dos agentes de controle biológico é uma etapa fundamental para o sucesso dos programas de controle de pragas. Recentemente, uma população de *Amblyseius largoensis* (Muma) (Acari: Phytoseiidae) da Tailândia foi introduzida no Brasil visando avaliar sua eficiência no controle do ácaro vermelho-das-palmeiras, *Raoiella indica* Hirst (Tenuipalpidae). O objetivo deste estudo foi confirmar a identificação e efetuar a caracterização morfológica e molecular da população da Tailândia, comparando-a com as populações presentes nas Américas (Brasil; Trindade e Tobago) e nas ilhas do Oceano Índico (Reunião e Maurício). Uma população de *A. largoensis* da Nova Caledônia, Oceania, cujas sequências de DNA estão disponíveis no GenBank, foi incluída na análise filogenética. Os dados morfométricos da população de *A. largoensis* da Tailândia foram confrontados com os das populações das Américas e das ilhas de Reunião e Maurício por meio de análises univariadas e multivariadas. As análises moleculares foram baseadas em sequências de DNA de duas regiões do genoma: o segmento ITS do DNA nuclear e o 12S do DNA mitocondrial. Os genótipos (ITS) e haplótipos (12S) foram identificados e as distâncias genéticas entre as populações de *A. largoensis* foram calculadas. A filogenia para os dois fragmentos foi construída separadamente pelo critério de Máxima Verossimilhança e em conjunto pela análise Bayesiana combinada. A abordagem integrativa revelou variabilidade morfométrica e molecular entre as populações e apontou que a população de *A. largoensis* coletada na Tailândia, na Nova Caledônia, bem como nas Américas e nas ilhas do Oceano Índico são coespecíficas. As populações das Américas e da Ásia são mais próximas entre si do que as das ilhas do Oceano Índico. Hipóteses para explicar esse agrupamento foram propostas. Informações genéticas sobre a variabilidade intraespecífica de *A. largoensis* em áreas remotas serão úteis para o desenvolvimento de métodos de diagnóstico molecular.

Palavras-chave: taxonomia integrativa; controle biológico clássico; *Raoiella indica*

Apoio institucional: CNPq, FAPDF

Filiação institucional: Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Universidade de Brasília, Campus Darcy Ribeiro, 70297-400, Brasília-DF, Brasil. E-mail: mendonca.rsm@gmail.com; Departamento de Agronomia – Entomologia, Universidade Federal Rural de Pernambuco, 52171-900 Recife-PE, Brasil; Departamento de Agronomia – Entomologia, Universidade Federal Rural de Pernambuco, 52171-900 Recife-PE, Brasil; . Montpellier SupAgro, GBGP, Montferrier-sur-Lez 30016, Montpellier, France; Departamento de Agronomia – Entomologia, Universidade Federal Rural de Pernambuco, 52171-900 Recife-PE, Brasil; Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal do Ceará, Fortaleza-CE, Brasil; Departamento de Entomologia e Acarologia, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, 13418-900, Piracicaba-SP, Brasil; Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Parque Estação Biológica, 0770-917 Brasília-DF, Brasil.