



## DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM POPULAÇÕES DE BICUDO DO ALGODOEIRO (*ANTHONOMUS GRANDIS* L.) POR MEIO DE FERRAMENTAS MOLECULARES

Sabrina Kelly dos Santos<sup>1\*</sup>; Jean Pierre Cordeiro Ramos<sup>2</sup>; Lúcia Helena Avelino Araujo<sup>2</sup>; Roseane Cavalcanti dos Santos<sup>2</sup>; Fábio Aquino de Albuquerque<sup>2</sup>; Liziane Maria de Lima<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Programa de Pós-Graduação em Ciências Agrárias, Universidade Estadual da Paraíba. <sup>2</sup>Embrapa Algodão. \*E-mail do autor apresentador: [sabrinask11@gmail.com](mailto:sabrinask11@gmail.com)

O algodoeiro é uma das principais culturas agrícolas do mundo, tendo o bicudo (*Anthonomus grandis* L.) como um fator limitante, pois ao atacar os botões florais e as maçãs, este inseto-praga ocasiona a diminuição da produção. Para implementar um manejo mais eficaz de controle é importante conhecer bem este inseto. Para isso, há ferramentas que podem auxiliar, como o uso de marcadores moleculares, que detectam a variabilidade genética dentro e entre diferentes populações de insetos. Desta forma, objetivou-se analisar a variabilidade genética de populações de bicudo, oriundas de diferentes localidades do Brasil, por meio de marcadores moleculares do tipo microssatélite ISSR (*Inter Simple Sequence Repeat*). O trabalho foi desenvolvido no Laboratório de Biotecnologia da Embrapa Algodão. As populações de bicudo foram provenientes das cidades de Campina Grande-PB, Ipiranga do Norte-CE e Chapadão do Sul-MS. Foi realizada a extração de DNA genômico de quinze bicudos individualmente, a partir de cada população, pelo método CTAB e, posteriormente, foram realizados ensaios de PCR-ISSR, utilizando-se os oligonucleotídeos comerciais (UCB-Universidade da Columbia Britânica) 808, 812, 816, 817, 818, 825, 826, 827, 834, 846, 855, 868, 878, 884, 888. Os produtos das reações foram visualizados em gel de agarose a 1,5% e fotodocumentados. De posse dos dados, foi construída uma matriz de 0 a 1 e a estimativa de similaridade genética entre cada par de populações foi calculada pelo coeficiente de Nei e o agrupamento obtido pelo método hierárquico UPGMA. Foram analisados 120, 150 e 108 locos amplificados da população de Campina Grande, Ipiranga do Norte e Chapadão do Sul, respectivamente. Obteve-se taxas de polimorfismo nas três populações: Campina Grande (79%), Ipiranga do Norte (91%) e Chapadão do Sul (53%). A quantidade de bandas geradas pelos oligonucleotídeos variou entre 3 (UBC 808, 855 e 868) e 11 (UBC 812, 825, 826 e 827), com intervalo de tamanho entre 300 a 2300 pb na população de Campina Grande; entre 7 (UBC 812) e 15 (UBC 834), com intervalo de tamanho entre 200 a 2000 pb na população de Ipiranga do Norte, e entre 4 (UBC 816) e 11 (UBC 855), com intervalo de tamanho entre 220 a 1500 pb na população de Chapadão do Sul. Com base nos resultados obtidos, conclui-se que há variabilidade genética dentro das populações de *A. grandis*, sendo que a maior taxa de polimorfismo foi detectada na população de Ipiranga do Norte, bem como concluir que as ferramentas moleculares podem auxiliar nos estudos de diversidade genética do bicudo do algodoeiro.

**Palavras-chave:** Variabilidade genética; marcador molecular; ISSR.

**Agradecimentos:** UEPB, Embrapa Algodão, CAPES