



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

Sabrina Kelly dos Santos^{1*}; Jean Pierre Cordeiro Ramos²; Lúcia Helena Avelino Araujo²; Roseane Cavalcanti dos Santos²; Fábio Aquino de Albuquerque²; Liziane Maria de Lima²

¹Programa de Pós-Graduação em Ciências Agrárias, Universidade Estadual da Paraíba. ²Embrapa Algodão. *E-mail do autor apresentador: 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