

[GEN-001] AUSÊNCIA DA DIFERENCIAÇÃO ISOENZIMÁTICA ENTRE *Haemagogus capricornii* E *Hg. janthinomys* (DIPTERA: CULICIDAE).

ISOENZYMATIC DIFFERENTIATION ABSENCE BETWEEN *Haemagogus capricornii* AND *Hg. janthinomys* (DIPTERA: CULICIDAE).

J.A. Alencar¹; C.M. Lopes²; A.E. Guimarães²; F. Noireau^{1, 3}; R.S. Pacheco²; S.S. Menezes¹.

¹-Dep. Entomologia, Instituto Oswaldo Cruz, Fiocruz- C.P 926, CEP. 21045-900 - Rio de Janeiro - RJ ²-Dep. Biologia Molecular, Instituto Oswaldo Cruz, Fiocruz- C.P 926, CEP. 21045-900 - Rio de Janeiro - RJ,

O gênero *Haemagogus* apresenta uma grande diversidade de espécies e algumas destas são importantes no ponto de vista epidemiológico por estarem envolvidas na transmissão do vírus da febre amarela e pela atuação na manutenção do ciclo natural desta zoonose. As larvas e fêmeas de *Hg. capricornii* são aparentemente indistinguíveis de *Hg. janthinomys*. Ambas espécies vêm sendo diferenciadas apenas através da genitália do macho. Pelos conhecimentos atualmente disponíveis, estas taxa poderiam constituir na realidade complexo de espécies cuja diferenciação morfológica é difícil. Desta forma, torna-se necessário a utilização de diversas técnicas que possam ser empregadas como ferramentas na elucidação dos problemas sistemáticos do grupo. Nesse estudo foram analisadas cinco populações oriundas de quatro Estados do Brasil. Essas populações foram relacionadas a uma das duas espécies através da análise da genitália de macho: *Hg. janthinomys* (1 população do MT e de GO), *Haemagogus capricornii* (2 populações do RJ e 1 população de ES). Foram analisadas por eletroforese multilocus de enzimas (MLEE). Treze sistemas enzimáticos foram ensaiados e possibilitou a interpretação de dezessete loci. A ausência de locus diagnóstico entre as populações questiona a existência de duas espécies distintas.

Apoio financeiro: Fiocruz/ IRD/CNPq

Palavra - chave: Mosquitos, *Haemagogus*, isoenzimas.

[GEN-002] CITOTAXONOMIA DE *Simulium quadrifidum* E *Simulium cauchense* (DIPTERA: SIMULIIDAE) NA AMAZÔNIA, BRASIL.

CYTOTAXONOMY OF *Simulium quadrifidum* AND *Simulium cauchense* (DIPTERA: SIMULIIDAE) IN AMAZONIA, BRAZIL

M.A. Alvan-Aguilar¹; N. Hamada¹; P. H. Adler²; S. L. B. Luz³.

¹-Coordenação de Pesquisas em Entomologia, Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia, Cx. Postal: 478; CEP: 478, 69011-970, Manaus, AM, Brasil. miriam@inpa.gov.br; nhamada@inpa.gov.br. ²- Department of Entomology, Clemson University, Clemson, SC, U.S.A. padler@clemson.edu. ³- Centro de Pesquisas Leônidas & Maria Deane (CPqL&MD/FIOCRUZ-AM). sergoluz@hotmail.com.

Simulium quadrifidum Lutz e *Simulium cauchense* Floch & Abonnenc formam parte de um grupo de espécies cuja classificação subgenérica ainda é controversa. Variação em alguns dos caracteres morfológicos comumente utilizados para a identificação de seus estágios imaturos tem sido encontradas, o que indica a necessidade de outros meios de identificação que permitam uma clara definição de seus caracteres e consequentemente possam contribuir na resolução da problemática que envolve sua situação subgenérica. O presente estudo teve como objetivo fornecer dados do padrão de bandas dos cromossomos politênicos de larvas destas duas espécies. O material coletado foi procedente dos Estados de Amapá, Amazonas, Roraima e Rondônia. Foram analisadas um total de 259 larvas de *S. quadrifidum*, das quais 74 (28 fêmeas e 46 machos) foram analisados completamente, de 313 larvas de *S. cauchense*, apenas 36 (23 fêmeas e 13 machos) foram analisadas completamente. O baixo número da análise completa do conjunto cromossômico é uma indicação da qualidade dos cromossomos das espécies analisadas, que na maioria das vezes se apresentavam enovelados. As duas espécies apresentaram um complemento cromossômico de $n = 3$. O cromossomo I é metacêntrico, entretanto os cromossomos II e III são submetacêntricos. Não foram observados polimorfismos entre as populações de larvas das diferentes localidades de coleta para ambas espécies. Utilizando-se a sequência cromossômica de *S. quadrifidum* como padrão, identificamos as inversões nas **III-1**, **III-1** e **III-2** como características de *S. cauchense*. Esta última espécie também apresenta uma inversão heterozigota que indica ser um marcador sexual ligado ao cromossomo X, e está localizada na mesma posição da inversão fixa **III-2**, que a diferencia de *S. quadrifidum*. O organizador nucleolar (NO) está presente no cromossomo I e III de *S. cauchense* e *S. quadrifidum* respectivamente, localizado próximo à região centromérica. Estes resultados poderão auxiliar na compreensão da classificação subgenérica destas espécies, e consequentemente contribuirão na resolução dos problemas taxonômicos que enfrentam os simuliídeos da Amazônia Brasileira.

Palavras chave: Cromossomos Politênicos, *Simulium*, Amazônia Brasileira.

[GEN-003] MARCADORES MOLECULARES PARA FUNGOS SIMBIOTES DE *Atta* E *Acromyrmex*.

MOLECULAR MARKERS FOR FUNGI SYMBIOTIC OFF *Atta* AND *Acromyrmex* ANTS

S. M. Bruschi¹, A. C. Di Chiacchio, A. C. O. Silva-Pinhati, M. Bacci Jr., V. G. Martins, F. C. Pagnocca, O. C. Bueno, M. J. A. Hebling
Centro de Estudos de Insetos Sociais - Universidade Estadual Paulista, C.P. 199, CEP 13506-900, Rio Claro, São Paulo, Brasil, 1 e-mail: sofiamb@rc.unesp.br

A sistemática dos fungos simbiotes de *Atta* e de *Acromyrmex* é dificultada pela grande semelhança morfológica destes organismos no estado vegetativo e pela inexistência, até o momento, de frutificação das culturas de laboratório. Neste trabalho apresentamos o resultado da busca de marcadores moleculares capazes de distinguir entre isolados de diferentes espécies destes gêneros de formigas. A região ITS ribossomal de alguns destes fungos foi sequenciada, resultando em poucas diferenças entre os isolados. No entanto, o desenho e a aplicação de primers para a amplificação da região IGS-1 ribossomal resultou em uma única banda para cada isolado, evidenciada em gel de agarose. Uma comparação com padrões de peso molecular indicou que os amplicons obtidos apresentaram 0,8 e 0,7 Kb para os simbiotes de *Atta sexdens* e *Acromyrmex subterraneus subterraneus*, respectivamente. Portanto, a região IGS-1 é extremamente promissora para a sistemática molecular destes simbiotes.

Palavras-chaves: Sistemática, IGS-1, simbiose, DNA ribossomal.

Apoio Financeiro: FAPESP 00/12538-5 (Temático), 97/13383-0 (Jovem Pesquisador), 00/00381-4 (Bolsa de Doutorado), Capes (Bolsa de Mestrado), CNPq (Bolsa de Iniciação Científica).

[GEN-004] VARIABILIDADE DE RAPD EM POPULAÇÕES GEOGRÁFICAS E ENTRE SEXOS DO PERCEVEJO MARROM, *Euschistus heros*.

RAPD VARIATION WITHIN GEOGRAPHIC POPULATIONS AND BETWEEN SEXES OF THE NEOTROPICAL BROWN STINK BUG, *Euschistus heros*.

D. R. Sosa Gómez e K. E. Delpin & A. M. Almeida. Embrapa Soja. Cx.P. 231.CP 86001-970, Londrina, PR, Brazil. E-mail: sosa@cnpso.embrapa.br

Euschistus heros is the main target of insecticide applications against the bug complex in soybean crops. In Brazil, the Neotropical Brown Stink Bug (NBSB) has been the first pest that showed insecticide resistance. The characterization of these populations is important to manage populations resistant to insecticides, since sedentary populations have a higher potential to become resistant. Also protocols to study molecular markers related to insecticide resistance have been already established. We determined the RAPD variability among and within populations of NBSB natural populations. Samples of NBSB were collected from Brazilian soybean fields in Londrina, Centenário do Sul (PR), Ubatã, (PR), Cândido Mota (SP), Ponta Porã (MS), and Sapezal (MT), DNA was extracted from the head and prothorax to diminish the possibilities of contamination with endoparasitoids. Genomic DNA was amplified with 10-mer primers. Fifteen primers amplified scorable bands were used to identify polymorphisms. The genetic similarity matrix based on RAPD allele frequencies was obtained using Nei's maximum genetic distance. Because RAPD profiles for NBSB differ according to the sex of the individual, each sex was analyzed separately. NBSB collected from the same areas usually clustered together. The population from Ubatã was genetically similar to Ponta Porã. The populations that showed maximum similarities were from Cândido Mota and Centenário do Sul. Females collected from Cândido Mota clustered at 42% of similarity with individuals from Centenário do Sul, and at 65% of similarity among males. This could be due to distance between both areas is approximately 120 km. Coincidentally, in both areas cases of populations resistant to organophosphates have been found. The heterogeneity among individuals collected from the same geographic area was lower than that observed for *Anticarsia gemmatilis*, thus, suggesting that in stink bug populations gene flow occurs to a lesser extent than in *A. gemmatilis* populations.

Keywords: molecular marker, soybean pests, intraspecific variability.

[GEN-005] IDENTIFICAÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DA MOSCA NEGRA DO CITRUS *Aleurocanthus woglumi* ASHBY (HEMIPTERA: ALEYRODIDAE).

IDENTIFICATION AND CHARACTERIZATION OF THE CITRUS BLACKFLY *Aleurocanthus woglumi* ASHBY (HEMIPTERA: ALEYRODIDAE).

L.H.C. Lima¹; P.R. Queiroz²; W.M.N. Lago³; M.R.V. Oliveira⁴