

Área: Sistemática, Morfologia e Biogeografia

USO DO DNAMT PARA A ANÁLISE MOLECULAR DE POPULAÇÕES DE *SPODOPTERA FRUGIPERDA* (J.E. SMITH, 1797) (LEPIDOPTERA: NOCTUIDAE) DAS AMÉRICAS

Paulo Roberto Queiroz (Embrapa); Sandra Elisa Carvalho (UnB); Rose Gomes Monnerat (Embrapa)

Resumo

CONSIDERANDO-SE A COMPOSIÇÃO GENÉTICA DAS POPULAÇÕES DE *S. frugiperda*, TRABALHOS REALIZADOS POR UMA REDE DE INVESTIGADORES LATINO-AMERICANOS INDICAM QUE A VARIABILIDADE GENÉTICA DENTRO DESSA ESPÉCIE É GRANDE. DIANTE DESSAS INFORMAÇÕES, FAZ-SE NECESSÁRIO O DESENVOLVIMENTO DE TRABALHOS PARA SE ESTUDAR A VARIABILIDADE GENÉTICA DE POPULAÇÕES DE *Spodoptera* POR MEIOS MOLECULARES, UMA VEZ QUE, UM ASPECTO IMPORTANTE NO CONTROLE DE PRAGAS É O CONHECIMENTO DE SUAS CARACTERÍSTICAS FENOTÍPICAS E GENOTÍPICAS. O OBJETIVO DESSE TRABALHO FOI ANALISAR A VARIABILIDADE GENÉTICA ENTRE POPULAÇÕES DE *S. frugiperda* ORIGINÁRIAS DE VÁRIAS LOCALIDADES DAS AMÉRICAS POR MEIO DE MARCADORES MITOCONDRIAIS. A PARTIR DA ANÁLISE DO GENE NADH-DH FORAM OBTIDOS PADRÕES DIFERENCIADOS DE AMPLIFICAÇÃO ENTRE AS POPULAÇÕES EM FUNÇÃO DA CULTURA ONDE ESTAS FORAM COLETADAS. ALÉM DISSO, A ANÁLISE POR PCR-RFLP DESSE GENE UTILIZANDO-SE A ENZIMA *SspI* INDICOU UM PERFIL DE RESTRIÇÃO DIFERENCIADO PARA UMA DAS POPULAÇÕES. A AMPLIFICAÇÃO DA REGIÃO 16S PRODUZIU UM FRAGMENTO DE DNA COMUM A TODAS AS POPULAÇÕES ANALISADAS, NÃO HAVENDO PADRÃO DIFERENCIADO ENTRE AS POPULAÇÕES QUANDO ESSA REGIÃO FOI SUBMETIDA A PCR-RFLP COM A ENZIMA *XbaI*. A COMPARAÇÃO ENTRE AS SEQUÊNCIAS DO GENE DA NADH-DH PERMITIU ORGANIZAR UM DENDROGRAMA INDICANDO DIFERENÇAS ENTRE AS POPULAÇÕES ANALISADAS. ESTES RESULTADOS PODERÃO AUXILIAR NO DESENVOLVIMENTO DE UM BANCO DE MARCADORES MOLECULARES PARA O MONITORAMENTO DE *Spodoptera* EM CAMPO, COMO TAMBÉM, PARA A ELABORAÇÃO DE UM KIT DE IDENTIFICAÇÃO BASEADO EM DNA DE POPULAÇÕES SUSCETÍVEIS A TOXINAS DE *B. thuringiensis*.

Palavras-chave: Spodoptera, DNA mitocondrial, NADH-DH, 16S rDNA, Marcadores moleculares