

Variabilidade genética em populações de *Anticarsia gemmatalis* Hübner (Lepidoptera: Noctuidae) nas regiões produtoras de soja no Brasil

Silvia A. C. Yano¹; Aluana G. de Abreu², Maria I. Zucchi², Karina L. da S. Brandão³; Daniel R. Sosa-Gómez⁴

¹Bolsista Pós-Doutorado CNPq programa PDJ, Universidade Federal do Paraná, UFPR, Curitiba, PR- Embrapa Soja. Rodov. Carlos João Strass, Caixa Postal 231, CEP 86001-970, Londrina, PR. silvia_akimi@yahoo.com.br; ²Departamento de Entomologia e Acarologia, Escola superior de agricultura "Luiz de Queiroz", Av. Pádua Dias 11, CEP 13418-900, Piracicaba, SP. klsilva@gmail.com; ³Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios, Polo Regional de Desenvolvimento Tecnológico do Centro Sul. Rodovia SP 127, km 30. Vila Fátima, Caixa-Postal: 28, CEP 13400-970, Piracicaba, SP. mizucchi@apta.sp.gov.br; ⁴Embrapa Soja. Rodov. Carlos João Strass, Caixa Postal 231, CEP 86001-970, Londrina, PR. drsg@cnpso.embrapa.br

Com o uso de ferramentas moleculares é possível sequenciar genes e caracterizar populações de insetos. Assim, este trabalho teve por objetivo estudar a variabilidade genética entre subpopulações de *Anticarsia gemmatalis* Hübner (Lepidoptera: Noctuidae) nas principais regiões produtoras de soja, utilizando sequências de genes mitocondriais. Foram coletadas populações de *A. gemmatalis* nas localidades de: Santa Helena de Goiás (GO), Luis Eduardo Magalhães (BA); Mauá da Serra (PR), Coxilha (RS) e Campo Verde (MT), seu DNA foi extraído para amplificação e sequenciamento. A Análise de Variância Molecular (AMOVA) foi aplicada para estimar a estrutura genética utilizando três fragmentos do mtDNA, o gene da subunidade de citocromo oxidase I (COI), citocromo oxidase II (COII) e citocromo B (CytB). A distribuição e frequência de haplótipos foi determinada pelo programa TCS. Foi sequenciado um total de 71 indivíduos de *A. gemmatalis*. A subpopulação de MT apresentou a menor variação na frequência dos haplótipos para todas as regiões estudadas. O haplótipo mais representativo foi o h2, sendo encontrado em indivíduos da Bahia (9), Paraná (1) e Rio Grande do Sul (1). A maior frequência haplotípica foi observada em MT, PR e RS. Na análise das sequências de *A. gemmatalis* foi possível observar que há potencial para identificar possíveis haplótipos que possam caracterizar uma determinada subpopulação. Para isso seria necessário à utilização de outras ferramentas, como por exemplo, estudos de PCR-RFLP e análise de outras regiões gênicas, que possam contribuir na identificação de haplótipos nas subpopulações de *A. gemmatalis* no Brasil.

Palavra-chave: lagarta-da-soja, genes mitocondriais, genética populações.

Apoio: CNPq