



ESTUDO DA ESTRUTURA GENÉTICA DE POPULAÇÕES DE *Phytoseiulus macropilis* COM USO DE MARCADORES MOLECULARES MICROSSATÉLITES E TRANSFERABILIDADE EM OUTRAS ESPÉCIES DA FAMÍLIA PHYTOSEIIDAE

Giulia Tozetti **Zorzenon**¹; Maria Cristina Vitelli **Queiroz**²; Jeferson Luiz de Carvalho **Mineiro**³; Mario Eidi **Sato**⁴; André Luiz **Matioli**⁵.

Nº 21817

RESUMO – Os ácaros da família Phytoseiidae são predadores eficientes de ácaros e pequenos insetos-praga. Entender o padrão de dispersão desses ácaros é essencial para promover a sua conservação e subsidiar o seu uso no controle biológico de pragas. Estudos de genética populacional utilizando marcadores moleculares, como microsatélites (SSR), têm se mostrado extremamente informativos para responder questões dessa natureza em acarologia. O objetivo deste trabalho foi obter informações sobre a estrutura genética de diferentes populações brasileiras do ácaro predador fitoseídeo *Phytoseiulus macropilis*, utilizando marcadores SSR, bem como testar a transferabilidade em outras espécies da mesma família. Foram utilizadas duas linhagens de *P. macropilis*, uma resistente (R) e uma suscetível (S), e sete espécies de fitoseídeos: *P. persimilis*, *Amblyseius swirskii*, *Neoseiulus californicus*, *Amblydromalus limonicus*, *Euseius citrifolius*, *Euseius concordis* e *Iphiseiodes zuluagai*. Foi feita a extração do DNA total de fêmeas adultas individualizadas, utilizando o kit Qiagen DNeasy (Qiagen, Hilden, Alemanha), de acordo com o Protocolo Spin-Column e amplificação por PCR usando sete locos polimórficos desenvolvidos para *P. macropilis*. Os produtos da amplificação foram verificados em géis de agarose a 2%. Nas duas linhagens de *P. macropilis* os sete locos amplificaram e foram identificados alelos exclusivos, tanto na população S quanto na R. Em *P. persimilis* e *A. swirskii* seis locos foram amplificados com sucesso, enquanto nas outras cinco espécies testadas somente dois locos foram amplificados em cada uma. Os resultados obtidos mostraram-se promissores para o uso dessa importante ferramenta como suporte à implantação de programas de manejo integrado de pragas.

Palavras-chave: Ácaros predadores, marcadores moleculares, SSR, transferabilidade.

1 Autor, Bolsista CNPq (PIBIC): Graduação em Ciências Biológicas, PUCC, Campinas-SP; giuliazor@gmail.com

2 Bolsista Pós Doutorado Fapesp: Graduação em Agronomia, UFRGS, Porto Alegre- RS.

3 Bolsista Consórcio Embrapa Café: Graduação em Ciências Biológicas, PUCC, Campinas-SP.

4 Coorientador: Pesquisador do Centro Avançado de Pesquisa e Proteção de Plantas e Saúde Animal (CAPSA), Instituto Biológico, Campinas-SP.

5 Orientador: Pesquisador do CAPSA, Instituto Biológico, Campinas-SP; andre.matioli@sp.gov.br



ABSTRACT – Mites of the Phytoseiidae family are efficient predators of mites and small pest insects. Understanding the dispersal pattern of these mites is essential to promote their conservation and support their use in biological control. Population genetics studies using molecular markers, such as microsatellites (SSR), have proven to be extremely informative to answer questions of this nature in acarology. The objective of this work was to obtain information about the genetic structure of different Brazilian populations of the phytoseiid predatory mite *Phytoseiulus macropilis*, using SSR markers, as well as to test the transferability in other species of the same family. Two strains of *P. macropilis*, one resistant (R) and one susceptible (S), and seven species of phytoseiids were used: *P. persimilis*, *Amblyseius swirskii*, *Neoseiulus californicus*, *Amblydromalus limonicus*, *Euseius citrifolius*, *Euseius concordis* and *Iphiseiodes zuluagai*. Total DNA extraction from individualized adult females was performed using the Qiagen DNeasy kit (Qiagen, Hilden, Germany), according to the Spin-Column Protocol and PCR amplification using seven polymorphic loci developed for *P. macropilis*. Amplification products were verified on 2% agarose gels. In the two strains of *P. macropilis*, the seven loci amplified and unique alleles were identified, both in the S and R populations. In *P. persimilis* and *A. swirskii*, six loci were successfully amplified, while in the other five species tested only two loci were amplified in each one. The results obtained proved to be promising for the use of this important tool to support the implementation of integrated pest management programs.

Keywords: Predatory mites, molecular markers, SSR, transferability.