



CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE OITO IMPORTANTES ESPÉCIES DE ÁCAROS PREDADORES DA FAMÍLIA PHYTOSEIIDAE COM O USO DE MARCADORES DE DNA E LEVANTAMENTO DE SEQUÊNCIAS

Giulia Tozetti **Zorzenon**¹, Maria Cristina Vitelli **Queiroz**², Jeferson Luiz de Carvalho Mineiro³, Mário Eidi **Sato**⁴

Nº 22816

RESUMO – Os *Phytoseiidae* são predadores eficientes de ácaros e insetos-praga. Entender o padrão de dispersão desses ácaros predadores é essencial para promover a sua conservação e subsidiar o uso no controle biológico. Estudos de genética populacional utilizando marcadores moleculares, como microssatélites (SSR) e Citocromo B mtDNA, têm se mostrado extremamente informativos para responder questões dessa natureza em acarologia, assim como para determinação de relações filogenéticas. O objetivo deste trabalho foi analisar as variações e estruturas genéticas das espécies coletadas, realizar o levantamento de sequências da família *Phytoseiidae* e otimizar o uso dessas ferramentas como suporte à implantação de programas de controle biológico. Foram utilizados oito espécies de fitoseídeos: *Amblydromalus limonicus*, *Euseius citrifolius*, *Euseius concordis*, *Iphiseiodes zuluagai*, *Neoseiulus californicus*, *Phytoseiulus macropilis*, *Phytoseius woodburyi* e *Typhlodromus transvaalensis*. Foi feita a extração do DNA total de fêmeas adultas individualizadas, utilizando o protocolo Guanidina-Sílica descrito por Boom et al. (1990) e amplificações por PCR. Até o momento não pôde-se obter resultados a respeito das amplificações e sequenciamentos devido adaptação de protocolo. Foi obtido a árvore filogenética de 44 espécies de fitoseídeos utilizando o CitocromoB mtDNA e amplificações SSR das oito espécies citadas. Os dados obtidos mostram-se promissores para o uso das ferramentas como suporte à implementação de programas de manejo integrado de pragas e respostas a respeito da estrutura genética das espécies de fitoseídeos através da árvore filogenética.

Palavras-chaves: Mapeamento genético, ácaros predadores, marcadores moleculares, SSR, Citocromo B mtDNA, controle biológico.

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

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

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

4 Orientador: Pesquisador do Centro Avançado em Pesquisa em Sanidade Agropecuária do Instituto Biológico, Campinas-SP; mario.sato@sp.gov.br



ABSTRACT – *Phytoseiidae* are efficient predators of mites and insect pests. Understanding the dispersion pattern of these predatory mites is essential to promote their conservation and support their use in biological control. Population genetic studies using molecular markers, such as microsatellites (SSR) and Cytochrome B mtDNA, have been shown to be extremely informative to answer questions of this nature in acarology, as well as to determine phylogenetic relationships. The objective of this work was to analyze the variations and genetic structures of the species collected, carry out a survey of sequences from the *Phytoseiidae* family and optimize the use of these tools to support the implementation of biological control programs. Eight species of phytoseiids were used: *Amblydromalus limonicus*, *Euseius citrifolius*, *Euseius concordis*, *Iphiseiodes zuluagai*, *Neoseiulus californicus*, *Phytoseiulus macropilis*, *Phytoseius woodburyi* and *Typhlodromus transvaalensis*. Total DNA was extracted from individualized adult females using the Guanidine-Silica protocol described by Boom et al. (1990) and PCR amplifications. So far, it was not possible to obtain results regarding amplifications and sequencing due to protocol adaptation. The phylogenetic tree of 44 phytoseiid species was obtained using CytochromeB mtDNA and SSR amplifications of the eight species mentioned. The data obtained are promising for the use of tools to support the implementation of integrated pest management programs and responses regarding the genetic structure of phytoseiid species through the phylogenetic tree.

Keywords: Genetic mapping, predatory mites, molecular markers, SSR, cytochrome B mtDNA, biological control.