

**Poster (Painel)****347-231 Diversidade genética de populações de *Cotesia flavipes* (Hymenoptera: Braconidae) no Brasil.**

**Autores:** Giovani Smaniotto<sup>1</sup>, Roberta M. Berto<sup>2</sup>, Dori Edson Nava<sup>2</sup>

<sup>1</sup>UNESP - Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho (Via de Acesso Prof. Paulo Donato Castellane, s/n, 14884-900, Jaboticabal, SP, Brasil), <sup>2</sup>EMBRAPA Clima Temperado (BR 392, KM 78, Caixa Postal, 403, 96010-970, Pelotas, RS, Brasil)

**Resumo:**

*Cotesia flavipes* (Cameron, 1891) (Hymenoptera: Braconidae) é um endoparasitoide gregário, utilizado em vários programas de controle de lepidópteros praga, principalmente brocas do colmo, em muitas regiões do mundo. *C. flavipes* foi importado por mais de 40 países para esta finalidade, sendo que no Brasil teve sua introdução em 1971, porém a primeira liberação só foi feita em 1974. Outra introdução foi realizada em 1978 com parasitoides originários da Índia e do Paquistão. É de conhecimento que ocorrem espécies crípticas em parasitoides himenópteros além de variações intraespecíficas em relação ao hospedeiro, com isso há uma variável eficiência do sucesso do controle biológico. Assim, o presente trabalho teve como objetivo identificar a diversidade genética de oito populações de *C. flavipes* de diferentes locais do Brasil utilizando para isso análise combinada de dois genes. Foram coletadas oito populações, sendo uma para os estados do Paraná (PR), Goiás (GO), Minas Gerais (MG), Paraíba (PB), Alagoas (AL), Pernambuco (PE) e duas para o estado de São Paulo (SPI e SPII). A extração do DNA genômico foi realizada seguindo o protocolo Dneasy Blood & Tissue (Qiagen, Valencia, CA, EUA). Os genes utilizados para o estudo foram mt 16S rDNA e n28S rDNA. Reações em cadeia da polimerase (PCR) foram realizadas em termociclador Eppendorf Mastercycler Gradient. Os produtos de PCR foram purificados e sequenciados com ABI-Prism 3500 Genetic Analyzer (Applied Biosystems). As populações se dividiram em três grupos onde o primeiro grupo é composto pelas populações de GO, PR, SPI e SPII, o segundo formado pela população de MG e o terceiro por AL, PB e PE. Assim, as populações mostram diferença entre si de acordo com a sua região de origem.

**Palavras-chave:**

Biologia molecular, Controle biológico, DNA genômico