

Determinação da temperatura de anelamento para amplificação do gene citocromo C oxidase I em *Anagrus breviphragma* Soyka

Maria dos Remédios Ferreira¹; Gisele Holanda de Sá²; Giovana Sarah Sales Batista²; Paulo Sarmanho da Costa Lima³; Ranyse Barbosa Querino da Silva³

¹Estudante de Farmácia / UNIFSA, bolsista PIBIC/CNPq na Embrapa Meio-Norte, remedios2015ferreira@gmail.com ²Estudante de Mestrado em Genética e Melhoramento, Universidade Federal do Piauí. ³Pesquisador da Embrapa Meio-Norte, paulo.costa-lima@embrapa.br

O gênero *Anagrus*, pertencente à família Mymaridae, é caracterizado pelo pequeno tamanho que varia entre 0,5 mm e 1,0 mm de comprimento. É usado no controle biológico de pragas de culturas como arroz e milho. Diante dos benefícios que esse parasitoide proporciona ao equilíbrio ecológico de sistemas produtivos importantes, torna-se necessário o conhecimento da diversidade genética do gênero. E uma ferramenta útil para esse estudo é a variabilidade do gene citocromo C oxidase I (*COI*). Este trabalho teve como objetivo determinar a temperatura ideal de anelamento visando à amplificação do gene citocromo C oxidase I em *Anagrus breviphragma* Soyka. As reações de amplificação foram realizadas no Laboratório de Biologia Molecular da Embrapa Meio Norte, onde o DNA foi extraído a partir de um indivíduo inteiro, em seguida incubados em um termociclador. A quantificação e a pureza do DNA extraído foram obtidos por meio da mensuração pelo espectrofotômetro. O programa de amplificação usado nas reações consistiu de desnaturação do DNA a 94 °C por 3 minutos, seguida de 33 ciclos que incluiu 40 segundos a 94 °C (desnaturação), 45 segundos para as temperaturas de anelamento testadas (50 °C, 59 °C e 61 °C). O produto de amplificação de 685 pb com maior especificidade, eficiência e resolução foi obtido na temperatura de anelamento de 59 °C. Para os *primers* desenhados com base na sequência gene citocromo C oxidase de *Anagrus breviphragma*, a temperatura de 59 °C apresentou a melhor resolução de banda amplificada.

Palavras-chave: PCR, diversidade genética, marcador molecular.

Agradecimentos: Embrapa Meio-Norte, CNPq.