

Variabilidade genética em populações de *Pseudoplusia includens* (Walker) (Lepidoptera: Noctuidae) nas regiões produtoras de soja no Brasil

Silvia A. C. Yano¹; Karina L. da S. Brandão²; Aluana G. de Abreu³; Maria I. Zucchi³; Daniel R. Sosa-Gómez⁴

¹Bolsista Pós-Doutorado CNPq programa PDJ, Universidade Federal do Paraná, UFPR, Curitiba, PR- Embrapa Soja. Rodov. Carlos João Strass, Distrito de Warta 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, Distrito de Warta Caixa Postal 231 - CEP 86001-970, Londrina, PR. drsg@cnpso.embrapa.br

Pseudoplusia includens (Walker) (Lepidoptera: Noctuidae) é uma importante praga, de difícil controle, na cultura da soja no Brasil. Informações sobre a distribuição da variabilidade de suas subpopulações no Brasil ainda são restritas, embora os conhecimentos da estrutura genética populacional e do fluxo gênico dessa espécie possam contribuir no delineamento do manejo da resistência a inseticidas e toxinas. Assim, este trabalho teve por objetivo estudar a variabilidade genética de *P. includens* nas principais regiões produtoras de soja, utilizando sequências de genes mitocondriais (mtDNA). Foram coletadas populações de *P. includens* nas localidades de Campo Verde (MT), Tasso Fragoso (MA), Bela Vista do Paraíso (PR), Santa Helena de Goiás (GO) e Coxilha (RS), totalizando 67 espécimes. O DNA total foi extraído individualmente, e as regiões do mtDNA, citocromo oxidase I (COI), citocromo oxidase II (COII) e citocromo B (CytB) foram amplificadas, purificadas e sequenciadas. A distribuição da variabilidade genética entre e dentro de cada subpopulação foi determinada por meio da Análise de Variância Molecular (AMOVA), usando o programa Arlequin e a frequência de haplótipos foi determinada no programa TCS. As subpopulações dos estados de Goiás e Maranhão foram as que apresentaram a maior diversidade haplotípica. O índice de fixação (ϕ_{ST}) obtido pela AMOVA indicou que não existe estruturação nas subpopulações estudadas de *P. includens*. A ausência de agrupamento na análise da rede de haplótipos das sequências de mtDNA evidenciou a reduzida diferenciação entre as subpopulações.

Palavra-chave: falsa-medideira, genes mitocondriais, genética populações.

Apoio: CNPq, Embrapa Soja