



XIII Congresso de ECOLOGIA

III International Symposium of Ecology and Evolution

Múltiplas ecologias: evolução e diversidade

08 a 12 de outubro de 2017 • UFV - VIÇOSA | MG

FILOGEOGRAFIA DO CARUNCHO DO FEIJÃO *ZABROTES SUBFASCIATUS* (BOHEMANN, 1833) (COLEOPTERA: BRUCHIDAE) NO BRASIL

Jefferson de Brito Marthe^{1*}, Raul Narciso Carvalho Guedes², Luiz Orlando de Oliveira¹

1. Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 36570-900, Brasil; 2. Departamento de Entomologia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 36570-900, Brasil.

*Correspondence to jeffersonmarthe@gmail.com

Tema/Meio de Apresentação: Filogeografia/Pôster

A espécie *Zabrotes subfasciatus* (Boheman, 1833) (Coleoptera, Bruchinae), também conhecida como caruncho-do-feijão, é uma das principais pragas de feijão armazenado. Esta espécie de coleóptero tem sua atual distribuição mundial como resultado do estoque de sementes que passaram por longas distâncias de migração através de trocas humanas a nível intra e intercontinental. Por isso, o presente trabalho focou realizar um estudo de filogeografia de *Z. subfasciatus* para verificar sua estrutura populacional e dispersão. As amostras de insetos foram obtidas do Brasil e da cidade de Huaraz, Peru. O DNA de cada indivíduo foi extraído e submetido a uma reação de PCR (Polimerase Chain Reaction), para obter fragmentos amplificados da região do gene mitocondrial COI e da região nuclear de ITS2 do gene 5,8S. Estes produtos de PCR foram sequenciados e suas respectivas sequências alinhadas. Foram acrescentadas à esta análise sequências de COI obtidas do GenBank de populações do México. As análises de rede de haplótipos realizadas em relação à COI revelaram o predomínio de um único haplogrupo no Brasil e uma grande proximidade com o haplogrupo mexicano, sendo que ambos se distanciam consideravelmente do haplogrupo peruano. Entretanto, as análises de rede em ITS2 demonstraram que as populações variam bem entre elas em termos de composição haplotípica, apesar de mostrarem compartilhamento de haplótipos entre elas, incluindo compartilhamento com a população peruana. As análises de AMOVA em ITS2 mostram que as populações brasileiras estão muito bem estruturadas. Apesar dos testes de Tajima e F de Fu revelarem que as sequências de ambos os genes estarem evoluindo em neutralidade, os altos valores de Raggedness em COI indicam que houve efeito gargalo, devido provavelmente ao estabelecimento inicial de poucos indivíduos para o Brasil. Já o compartilhamento de haplótipos de ITS2 é provavelmente consequência da troca de sementes, sem que haja o devido controle da praga.

Os autores agradecem a todos que colaboraram no esforço amostral do trabalho e ao CNPq e CAPES pela parceria financeira.