

006

ANÁLISE DA DIVERSIDADE GENÉTICA EM DUAS POPULAÇÕES DE ORYZOPHAGOUS ORYZAE (COLEOPTERA: CURCULIONIDAE) NO RIO GRANDE DO SUL. *Fernanda Oliva Drumond, Filipe Araujo de Paula, Vilmar Machado (orient.)* (UNISINOS).

O arroz é dos mais importantes grãos em termos de valor econômico, cultivado e consumido em todos os continentes. O RS é o estado responsável por 50% da produção nacional. Entre os fatores que contribuem para a redução da produtividade da cultura destacam-se espécies de *Oryzophagous oryzae*. Apesar do impacto deste inseto sobre a cultura de arroz, poucos são os dados sobre sua biologia e em especial sobre a quantidade e a distribuição de sua variação genética. Na ausência destas informações as técnicas de controle químico ou biológico utilizadas consideram que as populações são homogêneas. Este trabalho tem por objetivo obter informações sobre os níveis de variabilidade genética em duas populações de *Oryzophagous oryzae* no RS. O DNA foi extraído conforme o protocolo padronizado SAMBROCK et al. (1989). A reação de PCR foi realizada em volume final de 25 microlitros e cada ciclo envolveu: desnaturação a 94°C por 1 minuto, anelamento a 50°C por 1 minuto e extensão a 72°C por 1 minuto. O sequenciamento foi realizado pelo método Big Dye Terminator Cycling Sequence Kit (100 ng de DNA e cinco picomoles de primer). As seqüências foram alinhadas utilizando-se o programa Clustal 5 e analisadas utilizando-se o programa DNASP. Foram amplificadas as regiões correspondentes aos genes Citocromo Oxidase II (700 pb) utilizando-se primers TL2-J-3037 e TK-N-3785. Os estudos basearam-se na análise de um fragmento de 498 pb. Para a população de Santa Maria foram analisadas 9 seqüências, com os seguintes resultados: presença de 9 haplótipos, de 23 sítios polimórficos e diversidade genética igual a 1.0. Em Santa Vitória do Palmar foram analisadas 6 seqüências, com os seguintes resultados: presença de 5 haplótipos, de 12 sítios polimórficos e diversidade genética igual a 0.93. A análise da diferenciação genética entre as populações apresentou $F_{st} = 0,07$, indicando altos níveis de fluxo gênico.