

EFEITO DO HERBICIDA PARAQUAT NA EXPRESSÃO GÊNICA DE *Diatraea sacharalis* E SUAS CONSEQUÊNCIAS PARA O CRESCIMENTO E DESENVOLVIMENTO NA FASE LARVAL

**Beatriz Akemi Mizoguchi
José Ricardo Penteado Falco**

Universidade Estadual de Maringá, Departamento de Biotecnologia, Genética e Biologia
Celular. Av. Colombo, nº 5790, Maringá (PR), CEP: 87020-900.
e-mail: biamizoguchi@hotmail.com

Diatraea sacharalis é um inseto pertencente à Ordem Lepidoptera, conhecido como broca da cana-de-açúcar, sendo a principal praga deste cultivo. A larva, quando totalmente desenvolvida, pode chegar aos 30 mm de comprimento. O corpo gorduroso é um importante reservatório não somente de lipídeos, mas também de proteínas e glicogênio. Suas células são ricas em enzimas, como a esterase (lipase), que liberam ácidos graxos dos órgãos de depósito. O material nutritivo liberado na hemolinfa é utilizado em qualquer estágio de vida do inseto, seja no crescimento das larvas, na histogênese da pupa, ou em outros eventos. A glândula da seda de larvas de Lepidoptera é responsável pela produção da seda, usada na construção do casulo ou do abrigo para pupação. O estudo baseou-se em análises citoquímicas do corpo gorduroso e da glândula da seda de insetos expostos ao herbicida paraquat, utilizando o método CEC. As larvas foram criadas em estufas, em 3 grupos diferentes: (i) controle, sem herbicida, (ii) 3 semanas de exposição à uma dieta contendo 0,01% de herbicida, desde a eclosão dos ovos até o 3º instar e (iii) insetos de 3º instar expostos por 24 horas à uma dieta de 0,05% de herbicida. O corpo gorduroso e a glândula de seda foram retirados e corados com Azul de Toluidina 0,025% em tampão Mac Ilvaine pH 4,0, com diferentes concentrações de MgCl₂, para a análise citoquímica. Os resultados demonstraram que os grupos expostos ao herbicida tiveram alterações na estrutura da cromatina e na expressão gênica, o que implica diferenciação na síntese de proteínas no corpo gorduroso e na glândula de seda, e que explicaria o crescimento diminuto das larvas expostas ao herbicida até o 3º instar, quando comparadas às larvas controle.



Resumo simples apresentado no
XIV Encontro Maringaense de Biologia e XXVII Semana de Biologia
05 a 09 de agosto de 2013
Maringá (PR).

**ANÁLISE DO EFEITO DO AZARACTINA NA ESTERASE DE *Lasioderma serricorne*
(FABRICIUS 1792) (COLEOPTERA: ANOBIIDAE)**

**Bruno Leandro Santini
Douglas Galhardo
Sandro Daniel Drosdoski
Maria Claudia Colla Ruvolo-Takasusuki
Ana Silva Lapenta**

Universidade Estadual de Maringá. Departamento de Biotecnologia, Genética e Biologia
Celular. Avenida Colombo nº 5790, CEP: 87020-900, Maringá (PR).
e-mail: brunolsantini@gmail.com

A espécie *Lasioderma serricorne* (Coleoptera: Anobiidae), vulgarmente conhecida como "caruncho do tabaco", multiplica-se em uma grande variedade de ambientes, pois penetram na embalagem de grãos e infestam os produtos agrícolas. A azaractina pura, extraída das sementes da *Azadirachta indica* Jussieu, conhecido popularmente como nim é um inseticida que possui alguns efeitos tóxicos, entre eles a interrupção do desenvolvimento de insetos, má formação e repelência dos mesmos. Esse inseticida não é tóxico para o homem e outros mamíferos, e também não possui toxicidade para alguns predadores e parasitoides. As esterases compreendem um conjunto de isoenzimas que possui várias funções no organismo, inclusive a desintoxicação de inseticidas. Já foram identificadas 14 esterases em *L. serricorne*. O objetivo desse estudo foi de verificar alterações na atividade relativa das esterases de *L. serricorne* após contaminação, por contato, com o inseticida azadiractina. Para a realização desse trabalho foram coletados insetos na distribuidora de Alimentos Zaeli Ltda. de Astorga (PR) e de alimentos contaminados em algumas residências. Após a coleta, os insetos foram mantidos em meio de cultura com fubá sob temperatura controlada (30°C). Os bioensaios foram realizados com 30 indivíduos por placa de Petri, e duas repetições por concentração do inseticida. Os insetos foram contaminados por contato em papel de filtro embebido com 2 mL de solução com azadiractina a 9 g/L e 10,2 g/L, por um período de 24 horas. Após o tempo de contaminação os insetos vivos foram congelados para análise eletroforética das esterases. As eletroforeses PAGE foram realizadas em géis de visualização a 13% e empilhamento a 4%. Observou-se que a EST-11, apresentou inibição parcial nas duas concentrações, quando comparado com o controle. A EST-11 foi classificada colinesterase de subclasse I e provavelmente atua como pseudocolinesterase na desintoxicação de compostos xenobióticos. Então conclui que a EST-11, teve participação na detoxificação desse composto.



Resumo simples apresentado no
XIV Encontro Maringaense de Biologia e XXVII Semana de Biologia
05 a 09 de agosto de 2013
Maringá (PR).

**POLIMORFISMO NUCLEOTÍDICO DA REGIÃO *D-LOOP* EM POPULAÇÕES DE
Moenkhausia bonita BENINE, CASTRO & SABINO 2004 (CHARACIFORMES:
CHARACIDAE)**

**Thaís Fernandes Mendonça Mota
Gabriel de Carvalho Deprá
Sônia Maria Alves Pinto Prioli
Carla Simone Pavanelli
Alberto José Prioli**

Universidade Estadual de Maringá/DBC/Nupélia. Av. Colombo, n. 5790, CEP: 87020-900,
Maringá (PR). e-mail: tfmm_0412@hotmail.com

Em estudos populacionais e filogenéticos, entre espécies muito próximas, a região controle do *D-loop* é uma das mais utilizadas, pois apresenta rápida taxa de evolução. As espécies *Moenkhausia bonita* Benine, Castro & Sabino 2004 e *Hemigrammus marginatus* Ellis, 1911 diferenciam-se, principalmente, por a primeira apresentar linha lateral completa e a segunda linha lateral incompleta. Porém, alguns exemplares atribuídos a *M. bonita*, coletados na bacia do alto rio Paraná apresentam diferentes níveis de desenvolvimento da linha lateral, dificultando a correta separação de *H. marginatus*. Sendo assim, o objetivo deste estudo foi avaliar a ocorrência de polimorfismo, de comprimento de fragmentos *D-loop* do DNA mitocondrial, em populações de *M. bonita* com variados níveis de desenvolvimento da linha lateral. Os exemplares foram capturados na planície de inundação do alto rio Paraná, sendo. Foram utilizados exemplares identificados como *M. bonita* que apresentam linha lateral completa (n=5), linha lateral incompleta (n=3) ou descontínua (n=2) e *Moenkhausia gracilima* Eingenmann, 1908 (n=2), sendo obtidas sequências com 504 pb. Foram encontrados cinco sítios nucleotídicos polimórficos e quatro haplótipos entre os espécimes de *M. bonita*, e cinco entre os espécimes de *M. gracilima*. Os diferentes haplótipos encontrados em *M. bonita* não estiveram relacionados com o grau de desenvolvimento da linha lateral. Os espécimes de *M. bonita* e *M. gracilima* apresentaram variação nucleotídica em 93 sítios. As proporções de diferenças nucleotídicas entre os indivíduos de *M. bonita* variaram de 0 a 0,006, enquanto que a variação em *M. gracilima* foi de 0,001. A variação entre as espécies foi de 2,287 a 2,374. Desta forma, os espécimes de *M. bonita*, com diferentes níveis de desenvolvimento da linha lateral, compartilham haplótipos mitocondriais, indicando não constituir um complexo de espécies.

Apoio: Capes, CNPq-PELD e Nupélia-UEM.



Resumo simples apresentado no
XIV Encontro Maringaense de Biologia e XXVII Semana de Biologia
05 a 09 de agosto de 2013
Maringá (PR).

DIVERGÊNCIA GENÉTICA EVIDENCIADA PELO ÍNTRON 1 DO GENE S7 EM POPULAÇÕES DE *Moenkhausia* (CHARACIFORMES: CHARACIDAE)

Thaís Fernandes Mendonça Mota
Gabriel de Carvalho Deprá
Sônia Maria Alves Pinto Prioli
Carla Simone Pavanelli
Alberto José Prioli

Universidade Estadual de Maringá/DBC/Nupélia. Av. Colombo, nº 5790, Maringá (PR),
CEP: 87020-900. e-mail: tfmm_0412@hotmail.com

A correta determinação taxonômica é um fator essencial para a quantificação da riqueza de espécies e padrões de biodiversidade, composição e estruturação das comunidades. A região do íntron 1 do gene nuclear da proteína ribossomal S7 apresenta polimorfismo entre espécies próximas. Os limites sugeridos para diferenciar os gêneros *Moenkhausia* e *Hemigrammus* baseiam-se no grau de desenvolvimento da linha lateral, completa para o primeiro e incompleta para o segundo. Contudo, alguns exemplares coletados na bacia do alto rio Paraná, identificados como *M. bonita* Benine, Castro & Sabino 2004, possuem variados tipos de linha lateral, dificultando sua correta identificação. Portanto, o objetivo deste trabalho é analisar a divergência genética de espécimes de *M. bonita* com variados tipos de linha lateral. Exemplares identificados como *M. bonita*, com linha lateral completa (n=6), com linha lateral incompleta (n=3) e descontínua (n=2), assim como exemplares de *M. intermedia* Eingenmann, 1908 (n=2), foram coletados na planície de inundação do alto rio Paraná, e deles obtidas sequências com 429 pb. Nos espécimes de *M. bonita* foram encontrados dois sítios polimórficos e três haplótipos. Os indivíduos de *M. intermedia* apresentaram dois sítios polimórficos. As duas espécies mostraram variabilidade em pelo menos 36 sítios nucleotídicos. A maior proporção de diferença nucleotídica encontrada em *M. bonita* foi de 0,002, e entre as duas espécies foi em média 0,103. Desta forma, a região do íntron 1 do gene nuclear da proteína ribossomal S7 apresentou três haplótipos, porém, estes não estão relacionados com o nível de desenvolvimento da linha lateral de *M. bonita*, indicando que este caráter não é consistente para a separação das espécies.

Apoio: Capes, CNPq-PELD e Nupélia-UEM.



Resumo simples apresentado no
XIV Encontro Maringaense de Biologia e XXVII Semana de Biologia
05 a 09 de agosto de 2013
Maringá (PR).