

**EVIDÊNCIA DE DIFERENÇAS DE POPULAÇÕES GEOGRÁFICAS DE *PANSTROGYLUS MEGISTUS* (HETEROPTERA: REDUVIIDAE: TRIATOMINAE)  
POR MEIO DE ANÁLISE DE DNA MITOCONDRIAL**

Daniel Pagotto Vendrami, Mauro Toledo Marrelli, Walter Ceretti Junior

*Panstrongylus megistus* (BURMEISTER, 1835) foi a primeira espécie de triatomíneo identificada como responsável pela transmissão da doença de Chagas na cidade de Lassance, Minas Gerais e, ainda é considerado vetor de grande relevância no cerrado brasileiro, merecendo assim, a atenção dos órgãos de Vigilância Entomológica locais. Esses reduvídeos possuem grande valência ecológica ocorrendo em todos os tipos de florestas úmidas brasileiras exceto a amazônica, mas, também são registrados em áreas secas do cerrado e da caatinga sendo encontrados em copas de palmeiras, de outras árvores, em abrigos terrestres de roedores e marsupiais (*Didelphis* sp.), ocos de árvores e tocas de morcegos. Além disto, apresentam potencial para colonizar ecótipos artificiais (domicílios e peridomicílios) a partir de adultos que invadem casas e anexos, especialmente durante a estação chuvosa e provavelmente começaram a invadir o ambiente doméstico durante o período pós-colonial, devido ao forte impacto do desenvolvimento agrícola sobre seu habitat natural. Assim, as populações de *P. megistus* de diferentes regiões mostram variável grau de sinantropia, sendo exclusivamente assinantropicas na Argentina, Bolívia, Paraguai e Uruguai, hemissinantropicas do Rio Grande do Sul até centro-oeste de São Paulo e eussinantropicas, principalmente no Recôncavo Baiano e centro-oeste do Estado de Minas Gerais. Vários autores, por metodologias distintas, buscaram relacionar essa variação a diferenças etológicas, fisiológicas e ambientais relativas às populações dessa espécie, com resultados não conclusivos. No intuito de colaborar com a solução desse enigma estudou-se a variação genética de indivíduos, adultos (machos e/ou fêmeas) e ninfas de V estágio, de 14 populações de *P. megistus*, mantidas em colônias por meio da análise de sequências de DNA mitocondrial subunidade 16S como marcador molecular. Os resultados evidenciaram a ocorrência de dois grupos distintos, um representado pela população do estado do Paraná e outro por aquelas procedentes do Nordeste do país, corroborando resultados de pesquisas anteriores.