

UNIVERSIDADE FEDERAL DE SÃO CARLOS
CENTRO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS E DA SAÚDE
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ECOLOGIA E RECURSOS
NATURAIS

THAÍS COIMBRA MARIGO

**Diversidade taxonômica em comunidades de Braconidae
(Hymenoptera) em áreas de mata mesófila semidecidual do
Estado de São Paulo, Brasil**

SÃO CARLOS - SP

2023

THAÍS COIMBRA MARIGO

**Diversidade taxonômica em comunidades de Braconidae
(Hymenoptera) em áreas de mata mesófila semidecidual do
Estado de São Paulo, Brasil**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-graduação em Ecologia e Recursos Naturais da Universidade Federal de São Carlos, como parte dos requisitos para a obtenção do título de Mestra em Ecologia e Recursos Naturais. Área de concentração: Ecologia e Recursos Naturais.

Orientadora: Prof^a Dr^a Angélica Maria
Penteado Martins Dias

Co-orientadora: Dr^a Julia Gibertoni Gomes

SÃO CARLOS - SP

2023



UNIVERSIDADE FEDERAL DE SÃO CARLOS

Centro de Ciências Biológicas e da Saúde
Programa de Pós-Graduação em Ecologia e Recursos Naturais

Folha de Aprovação

Defesa de Dissertação de Mestrado da candidata Thaís Coimbra Marigo, realizada em 30/05/2023.

Comissão Julgadora:

Profa. Dra. Angélica Maria Penteado Martins Dias (UFSCar)

Profa. Dra. Carolina Reigada Montoya (UFSCar)

Prof. Dr. Eduardo Mitio Shimbori (UNAM)

O Relatório de Defesa assinado pelos membros da Comissão Julgadora encontra-se arquivado junto ao Programa de Pós-Graduação em Ecologia e Recursos Naturais.

AGRADECIMENTOS

Embora a vida seja movimento, nesse período algo foi constante: a importância das companhias ao longo da jornada. Esse trabalho só existe porque muitas pessoas estiveram comigo. Assim, agradeço a:

Vinicius Tribuzi, meu amor, pela parceria de vida, sabedoria e gentileza em todos os momentos.

Meus pais, Adriana e Mariano, e meu irmão, Henrique, minhas raízes, pelo incentivo e carinho.

Prof^a Angélica, pela oportunidade de seguir na Ciência e por me apresentar esse grupo tão fascinante de vespas parasitoides.

Julia, pela paciência, motivação e apoio cotidianos.

Direção da Fazenda Canchim (Embrapa Pecuária Sudeste) e proprietários da Fazenda Paraizo, Beatriz Franco de Lacerda Bacellar e Durval Bacellar Jr., e da Fazenda Engenho Velho, Ana Aparecida Rossito, Dagoberto Rossito (*in memoriam*) e Ana Lúcia Rossito Aiello (*in memoriam*), que permitiram o acesso às áreas de coleta.

Sr. Airton, pelo auxílio nas coletas e pelo compartilhamento de importantes saberes que a Academia não proporciona.

Isabela, pela paciência em ensinar o processo de sequenciamento molecular e pelas análises moleculares.

Juliana, pelas análises moleculares.

Luciana, pelas imagens e pranchas dos exemplares coletados.

Luis, pelo auxílio nas medições de espécimes.

Allan, pela paciência em explicar análises estatísticas.

Eduardo Shimbori, pelo auxílio na identificação de Microgastrinae.

Vera, pela montagem cuidadosa dos espécimes.

Suzan, pela curadoria dos espécimes.

Tiago (*in memoriam*), pelo auxílio na triagem do material.

Companheiros de mestrado, Beth, Enzo, Laura e Rafael, por tornarem mais leve a jornada acadêmica.

Prof^a Livia Maria Fusari, pelo incentivo de sempre.

CAPES, pelo apoio financeiro durante o desenvolvimento do mestrado, e INCT-Hympar, pela infraestrutura imprescindível à realização do trabalho.

Funcionários e professores de PPGERN e UFSCar, pela disponibilidade permanente em ajudar e pelos ensinamentos.

Para que a Ciência aconteça, é necessária uma rede de infraestrutura, profissionais, saberes e afetos. Obrigada!

“Quem elegeu a busca não pode recusar a travessia”.

João Guimarães Rosa

RESUMO

O Brasil possui uma megadiversidade ainda relativamente pouco conhecida, em particular no que se refere a vespas da família Braconidae (Hymenoptera). Até mesmo em âmbito regional, são escassos os trabalhos que apresentam inventários de gêneros ou espécies, embora essas informações sejam fundamentais para a gestão sábia da biodiversidade. Nesse cenário, o presente trabalho buscou identificar os Braconidae em gêneros, por meio de duas abordagens: caracterização molecular (gene COI) e morfológica. Para tanto, foram utilizadas armadilhas Malaise durante a primeira quinzena de setembro de 2021 em áreas contíguas de mata mesófila semidecidual, reflorestamento, sistema silvipastoril e mata galeria, localizadas no município de São Carlos, SP. Foi coletado o montante de 339 indivíduos e, a partir da caracterização morfológica, foram identificados 47 gêneros, distribuídos em 19 subfamílias. Foram calculadas, ainda, as seguintes medidas características da comunidade de Braconidae nas localidades estudadas: índices de dominância, abundância e frequência, bem como riqueza, diversidade e equitabilidade dos gêneros coletados. Já a caracterização molecular possibilitou a identificação de 49 espécimes, distribuídos em sete gêneros, sendo cinco deles pertencentes à subfamília Microgastrinae. Apesar de ambas as estratégias de identificação terem o mesmo fim e poderem ser utilizadas conjuntamente, conclui-se que a aplicação de uma ou outra pode ser mais conveniente diante do contexto apresentado. Subfamílias e gêneros melhor representados nas bibliotecas de referência de sequências COI tendem a apresentar maior taxa de sucesso na identificação molecular, ao passo que outros grupos podem ser mais facilmente identificados por caracteres morfológicos. Como contribuição para pesquisas futuras envolvendo a diversidade de Braconidae, foram realizados o depósito de novas sequências COI em biblioteca internacional de referência (*BOLD Systems*) e a descrição de uma nova espécie para o Brasil.

Palavras-chave: Vespas parasitoides. Taxonomia molecular. DNA mitocondrial.

ABSTRACT

Taxonomic diversity in Braconidae (Hymenoptera) communities in semideciduous mesophytic forest areas of São Paulo State, Brazil

Brazil has a megadiversity that is still poorly known, particularly regarding wasps of the Braconidae (Hymenoptera) family. Even at a regional level, there is a scarcity of studies presenting inventories of genera or species, although such information is essential for a wise management of biodiversity. In this scenario, the present study aimed to identify Braconidae at the genus level through two approaches: molecular characterization (COI gene) and morphological characterization. For this purpose, Malaise traps were used during the first half of September 2021 in contiguous areas of semideciduous mesophytic forest, reforestation, silvopastoral system, and gallery forest, located in the municipality of São Carlos, São Paulo State. A total of 339 individuals was collected, and through morphological characterization, 47 genera were identified, distributed among 19 subfamilies. Additionally, the following characteristic measurements were calculated for the Braconidae community in the studied localities: dominance, abundance, and frequency indices, as well as the richness, diversity, and evenness of the collected genera. Molecular characterization enabled the identification of 49 specimens distributed in seven genera, five of which belonged to the subfamily Microgastrinae. Although both identification strategies have the same purpose and can be used together, it is concluded that the application of one or the other may be more convenient given the presented context. Subfamilies and genera better represented in COI reference sequence libraries tend to have a higher success rate in molecular identification, while other groups can be more easily identified by morphological characters. As a contribution to future research involving Braconidae diversity, new COI sequences were deposited in an international reference library (BOLD Systems) and a new species for Brazil was described.

Keywords: Parasitoid wasps. Molecular taxonomy. Mitochondrial DNA.

LISTA DE FIGURAS

FIGURAS

Figura 1.	Pontos de coleta.....	16
Figura 2.	Armadilhas Malaise, montadas em áreas de coleta.....	20
Figura 3.	Abundância absoluta de Braconidae, considerando o total de indivíduos coletados em cada ponto de coleta.....	27
Figura 4.	Aspecto geral de <i>Phanerotoma</i> sp. (Cheloninae).....	33
Figura 5.	Aspecto geral de <i>Papanteles</i> sp. (Microgastrinae).....	34
Figura 6.	Aspecto geral de <i>Chelonus</i> sp. (Cheloninae).....	37
Figura 7.	Aspecto geral de <i>Meteorus</i> sp. (Euphorinae).....	40
Figura 8.	Aspecto geral de <i>Pseudapanteles</i> sp. (Microgastrinae).....	41
Figura 9.	Aspecto geral de <i>Glyptapanteles</i> sp. (Microgastrinae).....	43
Figura 10.	Aspecto geral de <i>Allorhogas</i> sp. (Doryctinae).....	48
Figura 11.	Número, por gênero, de correspondências encontradas entre sequências COI consultadas e o banco de dados público da plataforma BOLD.....	52
Figuras 12-17.	<i>Eubazus</i> sp. n.....	62

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 –	Abundância absoluta de cada gênero por ponto de coleta.....	20-30
Tabela 2 –	Braconidae de fragmento de mata mesófila semidecidual (ponto de coleta 1) na Fazenda Paraizo no município de São Carlos, SP.....	31
Tabela 3 –	Braconidae de fragmento de floresta estacional semidecidual (ponto de coleta 2) na Fazenda Paraizo no município de São Carlos, SP.....	32
Tabela 4 –	Braconidae de fragmento de mata mesófila semidecidual (ponto de coleta 3) na Fazenda Paraizo no município de São Carlos, SP.....	33-34
Tabela 5 –	Braconidae de fragmento de mata mesófila semidecidual (ponto de coleta 4) na Fazenda Canchim no município de São Carlos, SP.....	35
Tabela 6 –	Braconidae de fragmento de mata mesófila semidecidual (ponto de coleta 5) na Fazenda Canchim no município de São Carlos, SP.....	36
Tabela 7 –	Braconidae de área de reflorestamento (ponto de coleta 6) na Fazenda Canchim no município de São Carlos, SP.....	37
Tabela 8 –	Braconidae de área de reflorestamento (ponto de coleta 7) na Fazenda Canchim no município de São Carlos, SP.....	38
Tabela 9 –	Braconidae de sistema silvipastoril (ponto de coleta 8) na Fazenda Canchim no município de São Carlos, SP.....	38-39
Tabela 10 –	Braconidae de fragmento de mata mesófila semidecidual (ponto de coleta 9) na Fazenda Engenho Velho no município de São Carlos, SP.....	40
Tabela 11 –	Braconidae de mata galeria (ponto de coleta 10) na Fazenda Engenho Velho no município de São Carlos, SP....	41-42
Tabela 12 –	Braconidae de mata galeria (ponto de coleta 11) na Fazenda Engenho Velho no município de São Carlos, SP....	42

Tabela 13 – Riqueza (S), abundância (N) e índices de diversidade (H') e equitabilidade (J) de gêneros, calculados para cada ponto de coleta, com indicação da fitofisionomia do local.....	44
Tabela 14 – Gêneros de maior abundância em cada ponto de coleta, com indicação da proporção de indivíduos coletados em relação ao total de indivíduos identificados até gênero, bem como da fitofisionomia do local.....	47
Tabela 15 – Estratégia de história de vida dos gêneros identificados em fragmentos de mata mesófila semidecidual, áreas de reflorestamento, sistema silvipastoril e matas galerias do município de São Carlos.....	48-50
Tabela 16 – Resultados obtidos a partir da análise de DNA Barcoding, com indicação de subfamília e gênero identificados morfológicamente, número de pares de bases da sequência COI, identificação por DNA Barcoding e Barcode Index Number ID (BIN ID) correspondente.....	53-57

SUMÁRIO

1.	INTRODUÇÃO	11
2.	OBJETIVOS	15
3.	MATERIAL E MÉTODOS	16
3.1.	CARACTERIZAÇÃO DA ÁREA DE ESTUDO.....	16
3.2.	COLETAS.....	19
3.3.	CARACTERIZAÇÃO DO MATERIAL.....	20
3.3.1.	Identificação morfológica	21
3.3.2.	Descrição de nova espécie	22
3.3.3.	Identificação molecular	22
3.3.3.1.	<i>Gene mitocondrial Citocromo c Oxidase Subunidade I (COI) e DNA Barcoding</i>	22
3.3.3.2.	<i>Extração de DNA</i>	23
3.3.3.3.	<i>Reação em Cadeia Polimerase ou PCR (Polymerase Chain Reaction)</i>	23
3.3.3.4.	<i>Purificação e Sequenciamento</i>	24
3.3.3.5.	<i>Barcode of Life Data System (BOLD Systems)</i>	24
3.3.4.	Curadoria e geração de imagens	25
3.4.	ANÁLISE DE DADOS.....	25
4.	RESULTADOS E DISCUSSÃO	27
4.1.	IDENTIFICAÇÃO MORFOLÓGICA E CARACTERIZAÇÃO DA COMUNIDADE DE BRACONIDAE.....	27
4.2.	IDENTIFICAÇÃO DOS TÁXONS POR <i>DNA BARCODING</i>	51
4.3.	DESCRIÇÃO DE NOVA ESPÉCIE.....	59
5.	CONCLUSÕES	64
	REFERÊNCIAS	65
	APÊNDICE	74

1. INTRODUÇÃO

Os insetos compõem o grupo de organismos mais bem-sucedido da história conhecida da Terra, em conformidade com a maioria das medidas gerais de sucesso evolutivo (GRIMALDI; ENGEL, 2005). Assim, representam uma linhagem antiga, com surgimento há cerca de 420 a 400 milhões de anos, tendo sido um dos primeiros organismos terrestres (GRIMALDI; ENGEL, 2005). Também apresentam a maior diversidade atual entre os seres vivos, com um número de espécies cujas estimativas variam entre 2,5 milhões e 10 milhões, além de disporem de uma grande diversidade de adaptações estruturais e comportamentais que os permitem suplantar desafios ambientais e ocupar os mais diversos nichos (GRIMALDI; ENGEL, 2005). Vale mencionar, ainda, a sua significância ecológica refletida na polinização realizada majoritariamente por abelhas e no impacto de insetos fitófagos em plantas e, numa perspectiva humana, na agricultura e silvicultura (GRIMALDI; ENGEL, 2005). As razões, portanto, são inúmeras para justificar a dedicação de recursos e tempo para o estudo desse grupo. Em particular, quanto à diversidade, essa dedicação faz-se urgente quando pesquisas sugerem que algo entre 80 e 90% das espécies de insetos ainda não foram coletadas, nomeadas e descritas, a maioria delas nos trópicos (STORK, 2007).

Dentro desse extenso grupo, a Ordem Hymenoptera destaca-se como uma ordem hiperdiversa, assim como Coleoptera, Lepidoptera e Diptera. Juntos esses grupos atualmente correspondem a 80% de todos os insetos e, embora Coleoptera apresente o maior número de espécies, já há estudos que indicam uma maior diversidade de Hymenoptera em regiões bem amostradas (GRIMALDI; ENGEL, 2005). Nesse sentido, há cerca de 125.000 espécies descritas pertencentes a essa ordem, com estimativas apontando para algo em torno de 600.000 a 1.200.000 espécies. Isso significa, a propósito, que entre 60 e 80% da ordem permanece não descrita (GRIMALDI; ENGEL, 2005; MASON; HUBER; FERNÁNDEZ, 2006).

Nesse contexto de hiperdiversidade, o parasitoidismo constitui uma inovação-chave na história evolutiva dos himenópteros, relacionando-se com a sua diversificação (GRIMALDI; ENGEL, 2005; SHARKEY; FERNÁNDEZ, 2006; BLAIMER *et al.*, 2023). Esse tipo de interação ecológica entre espécies ocorre quando o parasitoide completa o seu desenvolvimento imaturo em um único hospedeiro, que permanece vivo durante a maior parte do período de alimentação daquele (GRIMALDI; ENGEL, 2005). Não obstante seja observado em outras ordens de

insetos, em Hymenoptera, esse modo de vida é encontrado na grande maioria das espécies, que representam aproximadamente três quartos do montante de espécies parasitoides (GRIMALDI; ENGEL, 2005). Além disso, o parasitoidismo é extremamente eficiente e as vespas parasitoides são tão diversas que exploram a maioria dos grupos de artrópodes terrestres (GRIMALDI; ENGEL, 2005; SHARKEY; FERNÁNDEZ, 2006; BLAIMER *et al.*, 2023).

O parasitoide pode impedir o desenvolvimento do hospedeiro após a oviposição, quando é denominado idiobionte, ou permitir o desenvolvimento do hospedeiro após a oviposição sem matá-lo até estágio avançado, quando é denominado cenobionte (QUICKE, 2015). Além disso, o desenvolvimento do parasitoide imaturo pode ocorrer internamente (endoparasitoide) ou externamente, com o seu desenvolvimento na superfície do hospedeiro e alimentação através de uma ferida no tegumento deste (ectoparasitoide) (GRIMALDI; ENGEL, 2005).

Vespas parasitoides ocupam um alto nível trófico e parasitam uma ampla gama de hospedeiros, exercendo importantes papéis funcionais nos ecossistemas que integram, como manter os hospedeiros em níveis populacionais baixos (QUICKE, 2015). Nessa medida, há inúmeros estudos e aplicações de parasitoides como controle biológico no manejo integrado de insetos considerados praga, haja vista que um pequeno número de parasitoides pode ser capaz de manter populações hospedeiras em níveis baixos (SHARKEY; FERNÁNDEZ, 2006). Outrossim, essas vespas podem ser utilizadas como bioindicadores da qualidade e diversidade de um ecossistema, porque refletem a diversidade de seus hospedeiros, que, por sua vez, constituem uma grande parte da diversidade dos artrópodes em geral (SHARKEY; FERNÁNDEZ, 2006). Assim, inventários de parasitoides indiretamente indicam a diversidade de artrópodes (SHARKEY; FERNÁNDEZ, 2006). Himenópteros parasitoides também costumam ser sensíveis a perturbações ecológicas, de forma que o monitoramento de suas populações pode ser interessante para a adoção de medidas de manejo e conservação de ecossistemas (SHARKEY; FERNÁNDEZ, 2006). Por outro lado, deve haver uma preocupação com a conservação desses insetos, na medida em que a extinção de uma espécie de parasitoide em determinado ecossistema pode desencadear efeitos incomensuráveis sobre seus hospedeiros e gerar efeitos em cascata sobre o todo (SHARKEY; FERNÁNDEZ, 2006).

Entre os himenópteros parasitoides, a superfamília Ichneumonoidea destaca-se por possuir os agentes de controle biológico mais conhecidos e utilizados,

bem como por apresentar uma das maiores diversidades entre os grupos de insetos (QUICKE, 2015). Braconidae e Ichneumonidae, famílias que integram esse clado, são as duas maiores famílias de Hymenoptera em número de espécies descritas, com 22.843 e 26.151 espécies respectivamente (GBIF.org, 2023). Todavia, estimativas apontam números em torno de 40.000 Braconidae e 60.000 Ichneumonidae, embora essas projeções possivelmente também estejam subestimadas (JONES *et al.*, 2009; QUICKE, 2015).

A família Braconidae corresponde a um grupo monofilético, formado atualmente por 41 subfamílias (JASSO-MARTÍNEZ *et al.*, 2022). Os hospedeiros desse grupo estão distribuídos em 12 ordens de insetos, espelhando a variedade de estratégias biológicas exercidas por esses parasitoides, que, em geral, parasitam estágios imaturos de insetos holometábolos. Entretanto, há exceções, como braconídeos que parasitam insetos adultos holometábolos e hemimetábolos e alguns gêneros e espécies que desempenham fitofagia secundária (JASSO-MARTÍNEZ *et al.*, 2022).

Na Região Neotropical, Braconidae é considerada uma família hiperdiversa, com mais de 2.000 espécies descritas (FERNÁNDEZ, 2006). Nesse cenário, o Brasil possivelmente abriga um grande número de espécies desse grupo, principalmente quando se considera a sua inserção em uma região megadiversa do mundo (AUSTIN; DOWTON, 1999). Relativamente, porém, pouco se sabe sobre essa diversidade, inexistindo, por exemplo, catálogos atualizados sobre a sua fauna de himenópteros (FERNÁNDEZ, 2006). Essa situação tem sido relacionada com alguns fatores, como o número insuficiente de entomólogos taxonomistas, a dificuldade de acesso ao material-tipo utilizado para a descrição de espécies para o país (depósito em instituições no exterior) e a necessidade de um grande esforço em termos de recursos financeiros e humanos para o estudo morfológico de grupos muito ricos, em que a diferenciação entre táxons é complexa (QUICKE, 2015).

Trabalhos que investiguem a riqueza e abundância de vespas parasitoides e a relação desse grupo com o hábitat ocupado e que apresentem inventários de gêneros ou espécies são escassos até mesmo em âmbito regional (QUICKE, 2015). No entanto, são fundamentais para a gestão sábia da biodiversidade, o desenvolvimento de estratégias de conservação e outras aplicações de interesse humano, como o controle biológico de insetos (GRIMALDI; ENGEL, 2005; QUICKE, 2015). Tendo isso em consideração, o presente estudo buscou identificar a

diversidade de Braconidade presente em áreas contíguas tanto naturais quanto alteradas antropicamente no município de São Carlos, SP, explorando a utilização de diferentes abordagens para isso. Busca-se, assim, contribuir pra o conhecimento taxonômico e fornecer dados que poderão ser utilizados em futuras pesquisas na região.

2. OBJETIVOS

Objetivo geral: promover avanços no conhecimento da diversidade de Braconidae (Hymenoptera) em fragmentos de mata mesófila semidecidual e áreas com interferência antrópica conectadas no município de São Carlos, SP.

Objetivos específicos:

- (1) identificar os Braconidae em subfamílias e gêneros, por meio de caracterização morfológica e molecular;
- (2) realizar o depósito das sequências *barcode* em repositório de referência internacional;
- (3) descrever possíveis novas espécies com ocorrência nas áreas de estudo;
- (4) verificar a distribuição espacial dos gêneros de Braconidae em relação às estratégias de parasitoidismo cenobionte/idiobionte e ectoparasitoide/endoparasitoide;
- (5) descrever padrões de distribuição espacial de riqueza, abundância e diversidade de gêneros de Braconidae.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. CARACTERIZAÇÃO DA ÁREA DE ESTUDO

Os espécimes foram coletados em áreas (Figura 1) localizadas em três fazendas contíguas no município de São Carlos/SP: Fazenda Paraizo (*sic*); Fazenda Canchim (Embrapa Pecuária Sudeste) e Fazenda Engenho Velho.

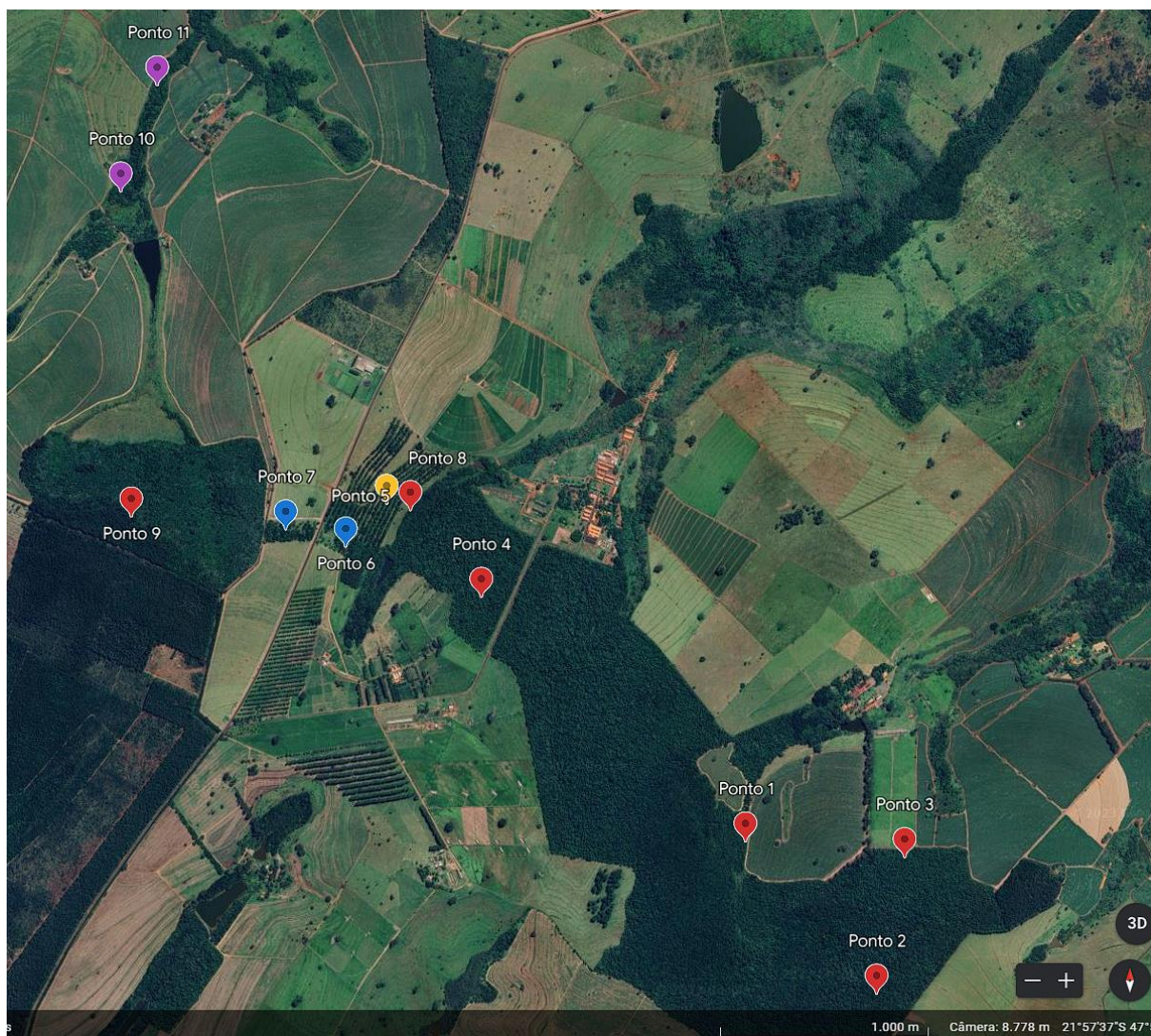


Figura 1. Pontos de coleta. Pontos 1, 2 e 3, localizados em fragmentos de floresta estacional semidecidual na Fazenda Paraizo; pontos 4 e 5, localizados em fragmentos de floresta estacional semidecidual na Fazenda Canchim; pontos 6 e 7, localizados em áreas de reflorestamento na Fazenda Canchim; ponto 8, localizado em sistema silvipastoril na Fazenda Canchim; ponto 9, localizado em fragmento de floresta estacional semidecidual na Fazenda Engenho Velho; e pontos 10 e 11, localizados em matas galerias na Fazenda Engenho Velho. As cores utilizadas nos localizadores indicam as diferentes fitofisionomias amostradas: vermelho para fragmentos de floresta estacional semidecidual, azul para áreas de reflorestamento; amarelo para sistema silvipastoril e roxo para matas galerias. Alguns pontos foram manualmente ajustados para a correção de imprecisões associadas ao sistema de posicionamento global via satélite (GPS).

Fonte: Software Google Earth.

O município apresenta clima de transição entre subtropical de inverno seco e verão quente e tropical com inverno seco, o que na classificação de Köppen corresponderia aos tipos Cwa-Aw (NICODEMO *et al.*, 2012). Para o período de 2017 a 2021, a média da precipitação total anual foi 1.275,88 mm, sendo dezembro o mês mais chuvoso, com média de 217,68 mm, e julho o mês menos chuvoso, com média de 9,2 mm (EMBRAPA, 2023). Para o mesmo lapso temporal, a média anual da temperatura mínima foi aproximadamente 16,70 °C e a média anual de temperatura máxima foi 27,86 °C, com temperatura média anual de aproximadamente 21,44 °C (EMBRAPA, 2023). Já a umidade relativa média anual foi de aproximadamente 70,51% (EMBRAPA, 2023). O relevo da região é suave-ondulado, com declives de 3% a 5%, e altitude média de 860 m (NICODEMO *et al.*, 2012).

Na Fazenda Paraizo, foram estabelecidos três pontos de coleta em fragmentos de floresta estacional semidecidual (ou mata mesófila semidecidual) (IBGE, 2012), com as seguintes localizações: S 21° 58' 27,6"; W 47° 50' 6,7", a 870 m de altitude; S 21° 58' 51" W 47° 49' 45", a 891 m de altitude; e S 21° 58' 30" W 47° 49' 40", a 900 m de altitude (Figura 1, pontos 1, 2 e 3 respectivamente).

O tipo de vegetação encontrado está associado ao clima com estações secas e chuvosas bem marcadas, caracterizando-se por uma porcentagem entre 20% e 50% de árvores, considerado o conjunto florestal, que perdem as suas folhas em particular no período desfavorável (inverno) (IBGE, 2012). O caule das árvores, em geral, ultrapassa 8 m e não é possível identificar uma nítida estratificação no dossel da floresta (IBGE, 2012).

Os fragmentos em questão são ladeados por plantações de cana-de-açúcar e milho, bem como áreas de pasto.

Na Fazenda Canchim, as coletas foram realizadas em pontos localizados em dois fragmentos de floresta estacional semidecidual (ou mata mesófila semidecidual), com as seguintes coordenadas e altitude: S 21° 57' 52" W 47° 50' 58" (870 m) e S 21° 57' 36" W 47° 51' 03" (851 m) (Figura 1, pontos 4 e 5 respectivamente). O dossel dos fragmentos varia entre 7 e 25 m, não sendo possível distinguir uma nítida estratificação (SILVA; SOARES, 2003). Algumas espécies florísticas encontradas nos locais são: *Aspidosperma polyneuron* (Peroba-rosa), *Ceiba speciosa* (Paineira), *Cecropia pachystachya* (Embaúba), *Croton floribundus* (Capixingui), *Nectandra megapotamica* (Canelinha), *Hymenaea courbaril* (Jatobá); *Platypodium elegans*

(Faveiro ou Jacarandá-do-campo), *Cedrela fissilis* (Cedro), *Urera baccifera* (Urtigão-vermelho) e *Myrciaria tenella* (Cambuí) (SILVA; SOARES, 2003).

Além disso, foram realizadas coletas em uma área de sistema silvipastoril e em duas áreas de reflorestamento que funcionam como corredor ecológico, conectando duas áreas de mata de diferentes fazendas (Fazenda Canchim e Fazenda Engenho Velho).

Na área de sistema silvipastoril, caracterizada pela integração de componentes pecuário (pastagem e gado) e florestal (NICODEMO; BORGES; SOUZA, 2018), a coleta foi realizada em um único ponto, com as seguintes coordenadas: S 21° 57' 35" W 47° 51' 07", a 851 m de altitude (Figura 1, ponto 8). A vegetação é formada por *Urochloa decumbens* (Capim-braquiária), como gramínea forrageira, e por árvores estabelecidas em renques de três linhas, distanciados a 17 m entre si e com distâncias entre árvores no renque de 2,5 m x 2,5 m (NICODEMO; BORGES; SOUZA, 2018). Na linha central do renque, ocorrem as espécies: *Anadenanthera colubrina* (Angico-branco); *Peltophorum dubium* (Canafístula); *Zeyheria tuberculosa* (Ipê-felpudo); *Cariniana estrellensis* (Jequitibá-branco) e *Piptadenia gonoacantha* (Pau-jacaré). Elas são tuteladas pelas espécies arborícolas *Guazuma ulmifolia* (Mutambo) e *Croton floribundus* (Capixingui), plantadas nas duas linhas marginais do renque (NICODEMO; BORGES; SOUZA, 2018). O gado transita no pasto de gramínea estabelecido entre as faixas de árvores.

Os outros dois pontos de coleta na Fazenda Canchim foram estabelecidos em áreas de reflorestamento, com trânsito eventual de gado, que compõem um corredor ecológico conectando fragmentos de floresta na Fazenda Canchim com fragmento de floresta na Fazenda Engenho Velho. As coordenadas foram: S 21° 57' 39" W 47° 51' 12", a 854 m de altitude, e S 21° 57' 39" W 47° 51' 24", a 876 m de altitude (Figura 1, pontos 6 e 7 respectivamente).

O corredor ecológico, implantado há aproximadamente 13 anos, possui cerca de 100 m de largura e compreende uma área anteriormente ocupada por pastagem (PRIMAVESI *et al.*, 2008). Em sua vegetação ocorrem árvores pioneiras e não pioneiras, selecionadas de acordo com espécies encontradas no fragmento florestal da própria fazenda, bem como implantadas com sucesso na região e indicadas para a recuperação de florestas estacionais semidecíduais (PRIMAVESI *et al.*, 2008). Entre as espécies pioneiras estão: *Eugenia uniflora* (Pitangueira), *Ceiba speciosa* (Paineira), *Cecropia pachystachya* (Embaúba) e *Croton floribundus*

(Capixingui). Entre as não pioneiras há: *Tabebuia chrysotricha* (Ipê-amarelo), *Hymanaea stigonocarpa* (Jatobá-do-cerrado), *Nectandra megapotamica* (Canelinha) e *Araucaria angustifolia* (Pinheiro-do-paraná) (PRIMAVESI *et al.*, 2008). Além disso, a área do corredor de vegetação é atravessada pela Estrada Municipal Guilherme Scatena e possui em seu entorno áreas de pasto e a área destinada ao sistema silvipastoril.

Na Fazenda Engenho Velho, foram estabelecidos três pontos de coletas. O primeiro ponto foi fixado em um fragmento de floresta estacional semidecidual (ou mata mesófila semidecidual) conectado com o corredor ecológico estabelecido na Fazenda Canchim. Esse fragmento é contornado por áreas de cultivo de cana-de-açúcar, pastagem para gado e uma plantação de eucalipto com sub-bosque de cerrado localizada na Universidade Federal de São Carlos. As coordenadas desse ponto foram: S 21° 57' 37" W 47° 51' 50", a 884 m de altitude (Figura 1, ponto 9).

Os demais pontos ficaram em matas galerias próximas a um estreito curso d'água proveniente de uma represa, sendo um deles a montante de uma queda d'água (S 21° 56' 46" W 47° 51' 52", a 840 m de altitude) e o outro a sua jusante (S 21° 56' 29" W 47° 51' 46", a 772 m) (Figura 1, pontos 10 e 11 respectivamente). A vegetação é densa, incluindo espécies herbáceas, arbustivas e árvores de grande porte (FREITAS; SANTOS, 2021), e as áreas são margeadas por cultivo de cana-de-açúcar.

As áreas escolhidas para a coleta de amostras são adjacentes ou estão conectadas, seja por um corredor ecológico, seja por matas ripárias ou matas galerias.

3.2. COLETAS

Para a coleta do material analisado, foram utilizadas armadilhas do tipo Malaise (MALAISE, 1937), com as modificações sugeridas por Townes (1972). Em seu recipiente coletor, foi utilizado etanol 92,8% como agente mortífero e conservante (Figura 2).



Figura 2. Armadilhas Malaise, montadas em áreas de coleta. A. Mata galeria a jusante de queda d'água (ponto de coleta 11). B. Mata estacional semidecidual em área próxima a cultivo de cana-de-açúcar na Fazenda Paraizo (ponto de coleta 1). C. Mata estacional semidecidual em área próxima a pasto na Fazenda Canchim (ponto de coleta 5). D. Sistema silvipastoril (ponto de coleta 8).

Esse é um método passivo que permite a coleta de um grande número de insetos, especialmente voadores. Nas amostras resultantes, geralmente os himenópteros são o segundo táxon mais abundante, atrás apenas de dípteros (SKVARLA *et al.*, 2021). Assim, essa armadilha tem sido considerada eficiente para o estudo geral da diversidade de himenópteros e, particularmente, de famílias como Braconidae e Ichneumonidae (SKVARLA *et al.*, 2021).

A amostragem compreendeu um período de 15 dias, durante a primeira quinzena do mês de setembro de 2021, sendo as amostras mantidas em etanol 100% e sob refrigeração (-20 °C).

3.3. CARACTERIZAÇÃO DO MATERIAL

O material foi inicialmente triado para a separação dos himenópteros coletados. A partir daí, com auxílio de estereomicroscópio, os espécimes de interesse foram identificados morfológicamente e por meio da análise de *DNA Barcoding*, conforme descrito nos tópicos seguintes.

Os procedimentos de estudo e identificação do material utilizando esses dois métodos ocorreram nos laboratórios do Departamento de Ecologia e Biologia

Evolutiva (DEBE) e do Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia dos Hymenoptera Parasitoides (INCT-HYMPAR).

3.3.1. Identificação morfológica

A identificação de espécimes da família Braconidae foi realizada com base em Sharkey e Wahl (2006) e Mason e Fernández (2006), enquanto a identificação das subfamílias fundamentou-se em Sharkey (1997a) e Jasso-Martínez *et al.* (2022). Já a identificação dos gêneros, conforme a subfamília, baseou-se nas seguintes referências:

- Acampsohelconinae: Sharkey (2021a);
- Agathidinae: Sharkey (2021b);
- Alysiinae: Wharton (1997a);
- Aphidiinae: Achterberg (1997);
- Brachistinae: Sharkey e Achterberg (2021);
- Braconinae: Quicke, Sharkey e Achterberg (2021);
- Cenocoeliinae: Achterberg, Pitz e Sharkey (2021);
- Cheloninae: Kittel, Shaw e Sharkey (2021);
- Doryctinae: Marsh (2002) e Gadelha (2014);
- Euphorinae: Sharkey *et al.* (2021);
- Homolobinae: Achterberg, Wharton e Sharkey (2021);
- Hormiinae: Whitfield (1997a);
- Ichneutinae: Sharkey (1997b);
- Macrocentrinae: Sharkey, Wharton e Achterberg (2021);
- Microgastrinae: Whitfield (1997b);
- Opiinae : Wharton (1997b);
- Orgilinae: Achterberg e Sharkey (2021);
- Pambolinae: Whitfield (1997a) e Jasso-Martínez *et al.* (2022); e
- Rogadinae: Sharkey *et al.* (2021).

Quanto aos gêneros de Microgastrinae, os machos não foram identificados em gênero em razão de as chaves de identificação disponíveis se referirem a caracteres presentes em fêmeas (WHITFIELD, 1997b).

Essas mesmas referências, além de outras atualizadas referentes aos gêneros, foram utilizadas para a classificação das estratégias de parasitoidismo.

3.3.2. Descrição de nova espécie

Para a descrição da nova espécie do gênero *Eubazus* Nees, 1814 (Brachistinae), foram utilizadas as chaves de identificação propostas por Sharkey e Achterberg (2021) e Papp (2005). A terminologia da morfologia geral seguiu Achterberg (1993) e da escultura do corpo seguiu Harris (1979). O holótipo e o parátipo estão depositados na coleção taxonômica do Departamento de Ecologia e Biologia Evolutiva da Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, SP, Brasil (DCBU).

3.3.3. Identificação molecular

3.3.3.1. Gene mitocondrial Citocromo c Oxidase Subunidade I (COI) e DNA Barcoding

Sequências curtas e padronizadas de DNA têm sido amplamente utilizadas na identificação e descoberta de espécies de seres vivos (RATNASINGHAM; HEBERT, 2007; JANZEN *et al.*, 2009; FAGAN-JEFFRIES *et al.*, 2018), sendo consideradas “códigos de barras” genéticos (*DNA barcodes*) embutidos em cada célula (HEBERT *et al.*, 2003).

Para a identificação dos gêneros de Braconidae, utilizou-se um fragmento de 658 pares de base do gene mitocondrial codificador da proteína citocromo c oxidase subunidade I (COI), enzima envolvida na via metabólica da respiração celular.

Esse gene é considerado adequado para esse tipo de análise por ser mitocondrial, ou seja, sem *íntrons* (segmentos não codificantes de DNA), com exposição limitada à recombinação e com modo haploide de herança (HEBERT *et al.*, 2003). Também apresenta *primers* universais robustos, o que significa uma recuperação eficaz de segmentos específicos de DNA em potencialmente todos os filos animais (HEBERT *et al.*, 2003). Por fim, apresenta uma taxa evolutiva que permite a discriminação interespecífica e intraespecífica (HEBERT *et al.*, 2003).

Além disso, uma característica fundamental, presente no gene COI, para a utilização desse tipo de processo de identificação é a existência de um repositório de sequências confiáveis de referência, utilizadas para o cálculo de distâncias genéticas e a atribuição do nome da espécie de referência com a menor distância genética à sequência nova consultada (RATNASINGHAM; HEBERT, 2007; VIRGILIO *et al.*, 2012). Esse processo é denominado *DNA Barcoding*.

3.3.3.2. *Extração de DNA*

O DNA foi extraído do espécime inteiro, utilizando-se o kit DNeasy® Blood and Tissue Kit (Qiagen, Hilden, Alemanha).

Antes da purificação, o DNA total foi ressuspendido em 200 µL de solução tampão (0,5 mM EDTA, 10 mM Tris-HCl). As amostras de DNA, então, foram purificadas pelo método de precipitação por etanol (SAMBROOK; RUSSELL, 2001), sendo a solução inicial composta de 1/10 do volume (estimado da solução de DNA) de acetato de amônio 5M, 1 µL de glicogênio azure (20 mg/mL) e 2x o volume (estimado da solução de DNA) de etanol absoluto gelado. Ao final do processo, as amostras foram ressuspendidas em 50 µL de solução tampão (0,5 mM EDTA, 10 mM Tris-HCl).

3.3.3.3. *Reação em Cadeia Polimerase ou PCR (Polymerase Chain Reaction)*

A amplificação do fragmento do gene COI foi realizada com a utilização dos *primers* HCO 2198 e LCO 1490, descritos na tabela X (FOLMER *et al.*, 1994), cuja sequência de bases se transcreve:

- LCO1490: 5'-GGTCAACAAATCATAAAGATATTGG-3'
- HC02198: 5'-TAACTTCAGGGTGACCAAAAATCA-3'

Cada reação foi realizada com 25 µL de volume final, contendo 2,5 mM de MgCl₂; 0,2 mM de dNTP Mix; 0,2 µM de cada *primer*; 1x HOT FIREPol® Buffer B1; 1 U HOT FIREPol® DNA Polymerase (Solis Biodyne, Estônia); e 1 µL de amostra de DNA.

A PCR seguiu um processo cíclico de desnaturação inicial de 15 minutos a 95 °C; 35 ciclos de 45 segundos a 95 °C (desnaturação das fitas de DNA); 30 segundos a 56 °C (anelamento de *primers* e sequências complementares no DNA molde de fita simples) e 1 minuto a 72 °C (extensão dos *primers*); e extensão final por 5 minutos a 72 °C.

O resultado das PCRs foi verificado em gel de agarose 1% corado com HydraGreen® Safe DNA Dye (ACTGene, Estados Unidos), com auxílio do marcador de tamanho molecular TrackIt® 1 Kb Plus DNA Ladder (Thermo Fisher Scientific, EUA).

3.3.3.4. *Purificação e Sequenciamento*

Para o processo de purificação das amostras, foi utilizado PEG 8000 (polietilenoglicol) (LIS; SCHLEIF, 1975) em uma solução de PEG 8000 (20%) e NaCl (2,5 M), padronizada para precipitar produtos com mais de 200 pares de base. Os produtos pós-purificação foram verificados em gel de agarose 1% e quantificados em espectrofotômetro Nanovue® (GE Healthcare Life Sciences, EUA).

O sequenciamento bidirecional foi realizado pelo método de Sanger pela empresa ACTGene Análises Moleculares (Alvorada/RS, Brasil).

As sequências foram editadas e alinhadas manualmente usando o *software* BioEdit Sequence Alignment Editor®, versão 7.0.5.3 (HALL, 1999), gerando uma sequência-consenso ideal de 658 bases nucleotídicas.

3.3.3.5. *Barcode of Life Data System (BOLD Systems)*

Para o *DNA Barcoding* e a identificação de espécimes, foi utilizada a plataforma *Barcode of Life Data System v. 4* (BOLD) (RATNASINGHAM; HEBERT, 2007).

BOLD é uma das plataformas mais utilizadas para *DNA Barcoding*, juntamente com GenBank® (BENSON *et al.*, 2013). Ambas apresentam desempenho semelhante na identificação de espécimes e compartilham registros (PENTINSAARI *et al.*, 2020a). No entanto, BOLD apresenta mais dados secundários, como coordenadas GPS, eletroferogramas de rastreamento (registro gráfico das sequências de DNA), imagens dos espécimes associados às sequências de referência e o *Barcode Index Number* (BIN) (PENTINSAARI *et al.*, 2020a). Esse último recurso permite integrar registros que não possuem uma designação de gênero ou espécie com aqueles que a possuem (PENTINSAARI *et al.*, 2020a), constituindo unidades semelhantes a espécies (COLLINS; CRUICKSHANK, 2012).

A identificação de cada espécime foi realizada no sistema de identificação do BOLD para COI (*BOLD Identification System – IDS*), com utilização do banco de dados público atual, que conta com os registros COI publicados em BOLD e GenBank com um comprimento mínimo de sequência de 500 pares de base.

Por esse sistema de identificação, o espécime que tem sua sequência analisada é considerado de determinada espécie se houver uma correspondência com menos de 1% de divergência de uma sequência de referência (RATNASINGHAM; HEBERT, 2007). Caso a correspondência no nível de espécie não

seja obtida, a sequência consultada pode ser atribuída a um gênero se a divergência sequencial for inferior a 3% (RATNASINGHAM; HEBERT, 2007).

3.3.4. Curadoria e geração de imagens

Os exemplares foram montados por meio da técnica de dupla montagem, sendo cada indivíduo fixado com esmalte base de unhas em um triângulo de lâmina de acetato alfinetado em um suporte de polietileno. O material montado está depositado na Coleção Taxonômica do Departamento de Ecologia e Biologia Evolutiva da Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, SP (DCBU).

As sequências COI geradas a partir do estudo molecular dos espécimes serão submetidas a registro no BOLD, com *vouchers* depositados na coleção citada.

As fotos dos exemplares não avariados foram obtidas com uma câmera Leica® MC170 HD acoplada a um estereomicroscópio Leica® M205C, com objetiva Planapo 1.0x, e produzidas por meio de montagem de múltiplas fotos, utilizando o *software* LAS (Leica® *Application Suite*) v 4.12. Após, foram editadas com o uso do *software* Adobe Photoshop®.

3.4. ANÁLISE DE DADOS

Com base nas identificações realizadas, os gêneros foram caracterizados por meio de diferentes índices faunísticos: frequência (porcentagem de indivíduos de um gênero em relação ao total de indivíduos), abundância (número de indivíduos por unidade de área) e dominância (ação exercida por gêneros que recebem o impacto do meio ambiente e o transformam, podendo afetar o aparecimento ou desaparecimento de outros gêneros) (MORAES *et al.*, 2003). Para tanto, foram classificados em categorias pertinentes a cada índice de acordo com a metodologia de Silveira Neto *et al.* (1976) e, quanto à dominância, de acordo com a metodologia de Kato e Yamashita (1952). Foram indicados os gêneros predominantes entre aqueles que atingiram a categoria máxima em todos os índices analisados (MORAES *et al.*, 2003). O cálculo dos índices foi realizado com a utilização do *software* ANAFU (MORAES *et al.*, 2003), sendo desconsiderado o número de machos de Microgastrinae, já que estes não foram identificados em gênero.

A fauna de Braconidae foi caracterizada, ainda, por medidas de riqueza, diversidade e equitabilidade referentes aos gêneros encontrados, calculadas para cada ponto de coleta, 11 no total.

A riqueza correspondeu ao número de gêneros identificados (RICKLEFS, 2003). Para estimar a diversidade de gêneros de Braconidae, foram aplicados os índices de Shannon (SHANNON; WEAVER, 1949) e, para estimar a equitabilidade, foi utilizado o índice de Pielou (1966). Para esses índices, em substituição a espécies, foram utilizados os gêneros encontrados no estudo. Entretanto, para os cálculos, não foi considerado o número de machos de Microgastrinae, os quais não foram identificados em gênero.

O índice de Shannon avalia o grau de incerteza em prever a que espécie pertencerá um indivíduo escolhido ao acaso de uma amostra com um determinado número de espécies e indivíduos (SHANNON; WEAVER, 1949). Quanto maior o grau de incerteza, maior o valor do índice de Shannon (H') e, portanto, maior a diversidade da amostra. O índice é assim formulado:

$$H' = - \sum_{i=1}^S \frac{n_i}{N} \times \log_e \frac{n_i}{N}$$

em que S corresponde à riqueza de espécies, $\frac{n_i}{N}$ corresponde à abundância relativa da espécie i na amostra, sendo n_i o número de indivíduos da espécie i e N o número de indivíduos total da amostra.

O índice de equitabilidade de Pielou é derivado do índice de Shannon e representa a uniformidade da distribuição dos indivíduos entre as espécies existentes. O resultado apresenta uma amplitude de 0 (uniformidade mínima) a 1 (uniformidade máxima, ou seja, todas as espécies com o mesmo número de indivíduos). A fórmula é a seguinte:

$$J = \frac{H'}{H_{max}}$$

em que H' corresponde à diversidade real, calculada pelo índice de Shannon, e H_{max} corresponde à diversidade máxima teoricamente esperada, obtida pelo logaritmo da riqueza de espécies.

As representações gráficas foram produzidas no *software* Microsoft Excel®.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. IDENTIFICAÇÃO MORFOLÓGICA E CARACTERIZAÇÃO DA COMUNIDADE DE BRACONIDAE

Foram coletados 339 espécimes de Braconidae, sendo 28 espécimes (8,26%) concentrados no Ponto 1, 29 (8,56%) no Ponto 2, 26 (7,67%) no Ponto 3, 33 (9,73%) no Ponto 4, e 45 (13,27%) no Ponto 5, em fragmentos de mata mesófila semidecidual; 9 (2,66%) no Ponto 6, e 20 (5,9%) no Ponto 7, em áreas de reflorestamento; 69 (20,35%) no Ponto 8, em sistema silvipastoril; 22 (6,49%) no Ponto 9, em fragmento de mata mesófila semidecidual; 28 (8,26%) no Ponto 10 e 30 (8,85%) no Ponto 11, em matas galerias (Figura 3).

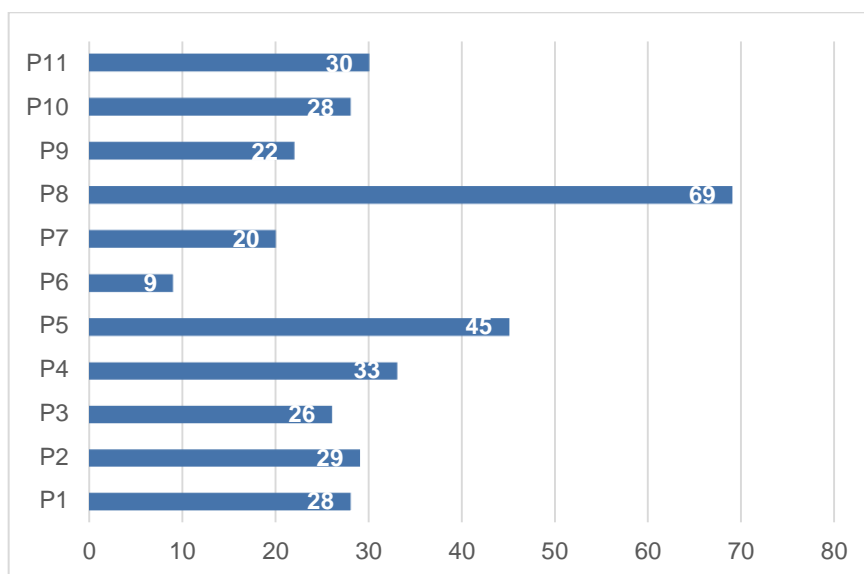


Figura 3. Abundância absoluta de Braconidae, considerando o total de indivíduos coletados em cada ponto de coleta: Ponto 1 (P1), Ponto 2 (P2), Ponto 3 (P3), Ponto 4 (P4), Ponto 5 (P5), Ponto 6 (P6), Ponto 7 (P7), Ponto 8 (P8), Ponto 9 (P9), Ponto 10 (P10) e Ponto 11 (P11).

A maior abundância de Braconidae verificada no ponto de coleta 8, localizado em sistema silvipastoril, era esperada, na medida em que este configura um habitat favorável aos Braconidae em geral, por ser um ambiente possivelmente mais quente e seco e com vegetação mais aberta (JUILLET, 1960, 1964). Além disso, esses insetos são comuns em áreas de cultivo agrícola (JUILLET, 1964).

Por outro lado, altas abundâncias em fragmentos florestais (Pontos 4 e 5) vão de encontro ao observado na literatura. Essas vespas, em geral, tendem a apresentar maior atividade em vegetações mais abertas, sendo menos ativas em

áreas em que a vegetação apresenta dossel denso e sub-bosque desenvolvido (JUILLET, 1960).

Abundâncias intermediárias foram encontradas em áreas de matas galerias (Pontos 10 e 11), locais com maior umidade relativa decorrente da presença de curso d'água, onde esse grupo tenderia a ser menos comum, embora haja representantes que preferam ambientes úmidos e frescos (JUILLET, 1964).

A abundância de Braconidae observada nas áreas de reflorestamento amostradas neste estudo (Pontos 6 e 7) foi baixa. O ambiente é aberto, sem vegetação densa e tende a ser mais seco, quente e com maior incidência solar, o que favoreceria a ocorrência de Braconidae (JUILLET, 1960; QUICKE, 2015), porém, isso não se refletiu em maior abundância.

Em trabalhos anteriores realizados nas mesmas áreas de coleta da Fazenda Canchim, os resultados apontaram diferentes abundâncias de Braconidae. Em amostragem realizada de julho de 2010 a agosto de 2011, a maior abundância foi encontrada na área de reflorestamento, seguida por sistema agrossilvipastoril e fragmento florestal (SOUZA, 2012), ao passo que, em amostragem realizada de janeiro a julho de 2008, a maior abundância foi encontrada em sistema agrossilvipastoril, seguido por área de reflorestamento e fragmento florestal (PEREIRA, 2009).

A diferença entre os resultados obtidos neste trabalho e os anteriores pode estar relacionada com a duração da amostragem, cerca de seis meses nos trabalhos anteriores, ou mesmo com o período do ano em que as coletas foram realizadas. Além disso, o sistema era agrossilvipastoril, com o cultivo de milho, sorgo ou leguminosas associado ao pasto e às árvores, e não silvipastoril. À época, tanto o sistema quanto a área de reflorestamento haviam sido implementados há menos de cinco anos.

Os Braconidae identificados pertencem a 47 gêneros, distribuídos em 19 subfamílias: Acampsohelconinae, Agathidinae, Alysiinae, Aphidiinae, Brachistinae; Braconinae, Cenocoeliinae, Cheloninae, Doryctinae, Euphorinae, Homolobinae, Hormiinae, Ichneutinae, Macrocentrinae, Microgastrinae, Opiinae, Orgilinae, Pambolinae e Rogadinae (Tabela 1). As subfamílias mais abundantes foram Microgastrinae (102 indivíduos) e Cheloninae (92 indivíduos). As subfamílias menos abundantes foram Agathidinae, Alysiinae e Macrocentrinae, com apenas um indivíduo coletado, seguidas por Aphidiinae, Brachistinae, Cenocoeliinae, Homolobinae e Ichneutinae, com dois indivíduos coletados cada uma.

Tabela 1 – Abundância absoluta de cada gênero por ponto de coleta (P1 = ponto 1; P2 = ponto 2; P3 = ponto 3; P4 = ponto 4; P5 = ponto 5; P6 = ponto 6; P7 = ponto 7; P8 = ponto 8; P9 = ponto 9; P10 = ponto 10; P11 = ponto 11)

(continua)

	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9	P10	P11	Total
Acampsohelconinae												
<i>Urosigalphus</i>	-	-	-	-	-	-	-	4	-	-	-	4
Agathidinae												
<i>Plesiocoelus</i>	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	1
Alysiinae												
<i>Asobara</i>	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	1
Aphidiinae												
<i>Adialytus</i>	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1
<i>Aphidius</i>	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	1
Brachistinae												
<i>Eubazus</i>	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	1
<i>Nealiolus</i>	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1
Braconinae												
<i>Bracon</i>	2	1	2	-	1	-	1	-	-	-	1	8
Cenocoeliinae												
<i>Cenocoelius</i>	-	-	-	1	-	-	-	1	-	-	-	2
Cheloninae												
<i>Ascogaster</i>	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	1
<i>Chelonus</i>	4	1	1	1	14	-	-	1	-	10	-	32
<i>Leptodrepana</i>	-	-	1	1	-	-	-	-	-	-	-	2
<i>Phanerotoma</i>	3	13	8	15	4	-	12	-	3	-	-	58
Doryctinae												
<i>Allorhogas</i>	-	-	-	-	-	3	-	-	1	-	-	4
<i>Barbalhoa</i>	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	1
<i>Callihormius</i>	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	1
<i>Heredius</i>	2	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	3
<i>Heterospilus</i>	3	-	1	-	3	-	-	1	-	2	-	10
<i>Johnsonius</i>	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1
<i>Neoheterospilus</i>	1	1	-	-	-	1	-	-	-	-	-	3
<i>Notiospathius</i>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	1
<i>Pedinotus</i>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	1
<i>Ptesimogastroides</i>	-	-	-	1	-	-	-	-	1	-	-	2
Euphorinae												
<i>Leiophron</i>	2	1	-	2	4	-	-	-	-	-	-	9
<i>Meteorus</i>	-	-	-	-	-	1	1	40	-	-	2	44
<i>Syntretus</i>	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	1
Homolobinae												
<i>Exasticolus</i>	-	-	-	-	1	-	-	1	-	-	-	2
Hormiinae												
<i>Hormius</i>	1	2	1	3	-	-	-	2	1	3	1	14

Tabela 1 – Abundância absoluta de cada gênero por ponto de coleta (P1 = ponto 1; P2 = ponto 2; P3 = ponto 3; P4 = ponto 4; P5 = ponto 5; P6 = ponto 6; P7 = ponto 7; P8 = ponto 8; P9 = ponto 9; P10 = ponto 10; P11 = ponto 11)

(conclusão)

	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9	P10	P11	Total
Ichneutinae												
<i>Lispixys</i>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	1
<i>Paroligoneurus</i>	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	1
Macrocentrinae												
<i>Macrocentrus</i>	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	1
Microgastrinae												
<i>Alphomelon</i>	-	3	1	-	-	-	-	-	-	-	-	4
<i>Apanteles</i>	-	-	-	1	1	-	1	1	-	1	1	6
<i>Cotesia</i>	-	-	-	-	1	-	-	-	-	1	-	2
<i>Diolcogaster</i>	-	-	-	1	1	-	-	-	1	1	-	4
<i>Dolichogenidea</i>	1	-	-	-	-	-	1	1	-	-	-	3
<i>Glyptapanteles</i>	1	2	1	1	2	1	-	1	2	-	6	17
<i>Hypomicrogaster</i>	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	1	2
<i>Papanteles</i>	1	-	4	1	3	-	-	-	-	-	-	9
<i>Promicrogaster</i>	1	-	1	-	1	-	-	-	-	3	2	8
<i>Pseudapanteles</i>	1	1	-	-	-	-	-	-	3	-	1	6
Machos	2	-	2	2	4	2	1	4	10	3	10	40
Opiinae												
<i>Opius</i>	2	-	1	1	1	-	-	4	-	-	-	9
<i>Utetes</i>	1	-	-	-	1	-	-	-	-	-	2	4
Orgilinae												
<i>Orgilus</i>	-	1	-	-	-	-	1	2	-	-	-	4
Pambolinae												
<i>Pambolus</i>	-	-	-	-	-	-	-	2	-	1	1	4
Rogadinae												
<i>Aleiodes</i>	-	-	-	-	-	1	1	-	-	-	-	2
<i>Stiropius</i>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	2
Total	28	29	26	33	45	9	20	69	22	28	30	339

Os gêneros foram classificados em categorias dentro dos índices faunísticos de dominância (KATO; YAMASHITA, 1952), abundância e frequência (SILVEIRA NETO *et al.*, 1976), que permitiram caracterizar a comunidade de Braconidae em cada ponto de coleta. Para tanto, foram excluídos os indivíduos machos da subfamília Microgastrinae, que não foram identificados em gênero.

No ponto de coleta 1, situado em um fragmento de mata mesófila semidecidual na Fazenda Paraizo, nenhum gênero foi dominante (Tabela 2). Com relação a abundância e frequência, oito dos 15 gêneros identificados na amostra

(53,33%) foram raros e pouco frequentes; quatro (26,67%) foram comuns e frequentes; e três (20%) foram muito abundantes e muito frequentes. Os gêneros muito abundantes e muito frequentes foram: *Chelonus* Panzer, 1806 (Cheloninae); *Phanerotoma* Wesmael, 1838 (Cheloninae); e *Heterospilus* Haliday, 1836 (Doryctinae).

Tabela 2 – Braconidae de fragmento de mata mesófila semidecidual (ponto de coleta 1) na Fazenda Paraizo no município de São Carlos, SP (n = número de indivíduos)

Subfamília	Gênero	n	Frequência relativa (%)	Índices		
				Dominância	Abundância	Frequência
Braconinae	<i>Bracon</i>	2	7,69	ND	c	F
Cheloninae	<i>Chelonus</i>	4	15,38	ND	ma	MF
	<i>Phanerotoma</i>	3	11,53	ND	ma	MF
Doryctinae	<i>Hereditus</i>	2	7,69	ND	c	F
	<i>Heterospilus</i>	3	11,53	ND	ma	MF
	<i>Neoheterospilus</i>	1	3,85	ND	r	PF
Euphorinae	<i>Leiophron</i>	2	7,69	ND	c	F
Hormiinae	<i>Hormius</i>	1	3,85	ND	r	PF
Microgastrinae	<i>Dolichogenidea</i>	1	3,85	ND	r	PF
	<i>Glyptapanteles</i>	1	3,85	ND	r	PF
	<i>Papanteles</i>	1	3,85	ND	r	PF
	<i>Promicrogaster</i>	1	3,85	ND	r	PF
	<i>Pseudapanteles</i>	1	3,85	ND	r	PF
Opiinae	<i>Opius</i>	2	7,69	ND	c	F
	<i>Utetes</i>	1	3,85	ND	r	PF
Total		26	100			

ND = gênero não dominante; r = raro; c = comum; a = abundante; ma = muito abundante; PF = pouco frequente; F = frequente; MF = muito frequente.

Além disso, no ponto de coleta 1, nenhum gênero foi considerado predominante, o que significa que nenhum dos gêneros coletados atingiu a categoria máxima nos índices analisados.

No ponto de coleta 2, localizado também em um fragmento de mata mesófila semidecidual na Fazenda Paraizo, um gênero foi considerado super dominante (*Phanerotoma*, Cheloninae), enquanto os demais foram classificados como não dominantes (Tabela 3).

Tabela 3 – Braconidae de fragmento de mata mesófila semidecidual (ponto de coleta 2) na Fazenda Paraizo no município de São Carlos, SP (n = número de indivíduos)

Subfamília	Gênero	n	Frequência relativa (%)	Índices		
				Dominância	Abundância	Frequência
Aphidiinae	<i>Adialytus</i>	1	3,45	ND	c	F
Brachistinae	<i>Nealiolus</i>	1	3,45	ND	c	F
Braconinae	<i>Bracon</i>	1	3,45	ND	c	F
Cheloninae	<i>Chelonus</i>	1	3,45	ND	c	F
	<i>Phanerotoma*</i>	13	44,82	SD	sa	SF
Doryctinae	<i>Johnsonius</i>	1	3,45	ND	c	F
	<i>Neoheterospilus</i>	1	3,45	ND	c	F
Euphorinae	<i>Leiophron</i>	1	3,45	ND	c	F
Hormiinae	<i>Hormius</i>	2	6,90	ND	ma	MF
Microgastrinae	<i>Alphomelon</i>	3	10,33	ND	ma	MF
	<i>Glyptapanteles</i>	2	6,90	ND	ma	MF
	<i>Pseudapanteles</i>	1	3,45	ND	c	F
Orgilinae	<i>Orgilus</i>	1	3,45	ND	c	F
Total		29	100			

ND = gênero não dominante; SD = super dominante; c = comum; ma = muito abundante; sa = super abundante; F = frequente; MF = muito frequente; SF = super frequente. O asterisco indica gênero predominante por obtenção de categoria máxima em todos os índices analisados.

Com relação a abundância e frequência, nove dos 13 gêneros identificados na amostra (69,23%) foram comuns e frequentes; três (23,08%) foram muito abundantes e muito frequentes; e um gênero (7,69%) foi super abundante e super frequente, sendo este o gênero também super dominante *Phanerotoma* (Cheloninae) (Figura 4). Tendo atingido a categoria máxima nos índices mencionados, esse gênero foi considerado, ainda, predominante no ponto de coleta 2.



Figura 4. Aspecto geral de *Phanerotoma* sp. (Cheloninae).

No ponto de coleta 3, localizado no mesmo fragmento de mata mesófila semidecidual do ponto de coleta 2, na Fazenda Paraizo, o gênero *Phanerotoma* (Cheloninae) foi classificado como dominante, enquanto os demais foram considerados não dominantes (Tabela 4).

Tabela 4 – Braconidae de fragmento de mata mesófila semidecidual (ponto de coleta 3) na Fazenda Paraizo no município de São Carlos, SP (n = número de indivíduos)

(continua)

Subfamília	Gênero	n	Frequência relativa (%)	Índices		
				Dominância	Abundância	Frequência
Brachistinae	<i>Eubazus</i>	1	4,17	ND	c	F
Braconinae	<i>Bracon</i>	2	8,32	ND	c	F
Cheloninae	<i>Chelonus</i>	1	4,17	ND	c	F
	<i>Leptodrepana</i>	1	4,17	ND	c	F
	<i>Phanerotoma*</i>	8	33,32	D	ma	MF
Doryctinae	<i>Heredius</i>	1	4,17	ND	c	F
	<i>Heterospilus</i>	1	4,17	ND	c	F
Hormiinae	<i>Hormius</i>	1	4,17	ND	c	F
Microgastrinae	<i>Alphomelon</i>	1	4,17	ND	c	F
	<i>Glyptapanteles</i>	1	4,17	ND	c	F
	<i>Papanteles</i>	4	16,66	ND	ma	MF

Tabela 4 – Braconidae de fragmento de mata mesófila semidecidual (ponto de coleta 3) na Fazenda Paraizo no município de São Carlos, SP (n = número de indivíduos)

(conclusão)						
			Índices			
Subfamília	Gênero	n	Frequência relativa (%)	Dominância	Abundância	Frequência
Microgastrinae	<i>Promicrogaster</i>	1	4,17	ND	c	F
Opiinae	<i>Opius</i>	1	4,17	ND	c	F
Total		24	100			

ND = gênero não dominante; D = dominante; c = comum; ma = muito abundante; F = frequente; F = frequente; MF = muito frequente. O asterisco indica gênero predominante por obtenção de categoria máxima em todos os índices analisados.

Quanto a abundância e frequência, dos 13 gêneros identificados na amostra, 11 (84,61%) foram comuns e frequentes; e dois (15,39%) foram muito abundantes e muito frequentes. *Phanerotoma* (Cheloninae) e *Papanteles* Mason, 1981 (Microgastrinae) (Figura 5) foram os gêneros muito abundantes e muito frequentes. Pelos indicadores ecológicos, *Phanerotoma* (Cheloninae) foi considerado predominante, assim como no ponto de coleta 2.



Figura 5. Aspecto geral de *Papanteles* sp. (Microgastrinae).

No ponto de coleta 4, situado em um fragmento de mata mesófila semidecidual na Fazenda Canchim, o gênero *Phanerotoma* (Cheloninae) foi classificado como super dominante, enquanto os demais foram considerados não dominantes (Tabela 5).

Tabela 5 – Braconidae de fragmento de mata mesófila semidecidual (ponto de coleta 4) na Fazenda Canchim no município de São Carlos, SP (n = número de indivíduos)

Subfamília	Gênero	n	Índices			
			Frequência relativa (%)	Dominância	Abundância	Frequência
Alysiinae	<i>Asobara</i>	1	3,23	ND	c	F
Cenocoeliinae	<i>Cenocoelius</i>	1	3,23	ND	c	F
Cheloninae	<i>Ascogaster</i>	1	3,23	ND	c	F
	<i>Chelonus</i>	1	3,23	ND	c	F
	<i>Leptodrepana</i>	1	3,23	ND	c	F
	<i>Phanerotoma*</i>	15	48,37	SD	sa	SF
Doryctinae	<i>Ptesimogastroides</i>	1	3,23	ND	c	F
Euphorinae	<i>Leiophron</i>	2	6,45	ND	ma	MF
Hormiinae	<i>Hormius</i>	3	9,67	ND	ma	MF
Microgastrinae	<i>Apanteles</i>	1	3,23	ND	c	F
	<i>Diolcogaster</i>	1	3,23	ND	c	F
	<i>Glyptapanteles</i>	1	3,23	ND	c	F
	<i>Papanteles</i>	1	3,23	ND	c	F
Opiinae	<i>Opius</i>	1	3,23	ND	c	F
Total		31	100			

ND = gênero não dominante; SD = super dominante; c = comum; ma = muito abundante; sa = super abundante; F = frequente; MF = muito frequente; SF = super frequente. O asterisco indica gênero predominante por obtenção de categoria máxima em todos os índices analisados.

Com relação a abundância e frequência, 11 dos 14 gêneros identificados na amostra (78,57%) foram comuns e frequentes; dois (14,29%) foram muito abundantes e muito frequentes; e um gênero (7,14%) foi super abundante e super frequente, sendo este *Phanerotoma* (Cheloninae). Pelos indicadores ecológicos, *Phanerotoma* (Cheloninae) foi considerado predominante no ponto de coleta 4, assim como nos pontos de coleta 2 e 3, também situados em fragmentos de mata mesófila semidecidual.

No ponto de coleta 5, localizado em outro fragmento de mata mesófila semidecidual na Fazenda Canchim, o gênero *Chelonus* Panzer, 1806 (Cheloninae) foi classificado como dominante, enquanto os demais foram considerados não dominantes (Tabela 6).

Tabela 6 – Braconidae de fragmento de mata mesófila semidecidual (ponto de coleta 5) na Fazenda Canchim no município de São Carlos, SP (n = número de indivíduos)

Subfamília	Gênero	n	Frequência relativa (%)	Índices		
				Dominância	Abundância	Frequência
Braconinae	<i>Bracon</i>	1	2,44	ND	c	F
Cheloninae	<i>Chelonus*</i>	14	34,15	D	ma	MF
	<i>Phanerotoma</i>	4	9,75	ND	a	MF
Doryctinae	<i>Callihormius</i>	1	2,44	ND	c	F
	<i>Heterospilus</i>	3	7,32	ND	c	F
Euphorinae	<i>Leiophron</i>	4	9,75	ND	a	MF
	<i>Syntretus</i>	1	2,44	ND	c	F
Homolobinae	<i>Exasticolus</i>	1	2,44	ND	c	F
Microgastrinae	<i>Apanteles</i>	1	2,44	ND	c	F
	<i>Cotesia</i>	1	2,44	ND	c	F
	<i>Diolcogaster</i>	1	2,44	ND	c	F
	<i>Glyptapanteles</i>	2	4,88	ND	c	F
	<i>Hypomicrogaster</i>	1	2,44	ND	c	F
	<i>Papanteles</i>	3	7,31	ND	c	F
	<i>Promicrogaster</i>	1	2,44	ND	c	F
Opiinae	<i>Opius</i>	1	2,44	ND	c	F
	<i>Utetes</i>	1	2,44	ND	c	F
Total		41	100			

ND = gênero não dominante; D = dominante; c = comum; a = abundante; ma = muito abundante; F = frequente; MF = muito frequente. O asterisco indica gênero predominante por obtenção de categoria máxima em todos os índices analisados.

Quanto a abundância e frequência, 14 dos 17 gêneros identificados na amostra (82,35%) foram comuns e frequentes; e três (17,65%) foram muito frequentes, sendo destes dois (11,77%) abundantes e um (5,88%) muito abundante. O gênero *Chelonus* (Cheloninae) (Figura 6) foi muito frequente e muito abundante, tendo sido considerado predominante pelos indicadores ecológicos no ponto de coleta 5.



Figura 6. Aspecto geral de *Chelonus* sp. (Cheloninae).

No ponto de coleta 6, localizado em uma área de reflorestamento na Fazenda Canchim, nenhum gênero foi dominante (Tabela 7). Com relação a abundância e frequência, quatro dos cinco gêneros identificados na amostra (80%) foram comuns e frequentes; e um gênero (20%) foi muito abundante e muito frequente, qual seja, *Allorhogas* Gahan, 1912. Nenhum gênero foi considerado predominante pelos indicadores ecológicos.

Tabela 7 – Braconidae de área de reflorestamento (ponto de coleta 6) na Fazenda Canchim no município de São Carlos, SP (n = número de indivíduos)

Subfamília	Gênero	n	Frequência relativa (%)	Índices		
				Dominância	Abundância	Frequência
Doryctinae	<i>Allorhogas</i>	3	42,84	ND	ma	MF
	<i>Neoheterospilus</i>	1	14,29	ND	c	F
Euphorinae	<i>Meteorus</i>	1	14,29	ND	c	F
Microgastrinae	<i>Glyptapanteles</i>	1	14,29	ND	c	F
Rogadinae	<i>Aleiodes</i>	1	14,29	ND	c	F
Total		7	100			

ND = gênero não dominante; c = comum; ma = muito abundante; F = frequente; MF = muito frequente.

No ponto de coleta 7, localizado em uma área de reflorestamento na Fazenda Canchim, que forma um corredor ecológico juntamente com a área de

reflorestamento em que foi estabelecido o ponto de coleta 6, o gênero *Phanerotoma* (Cheloninae) mais uma vez foi classificado como super dominante, enquanto os demais foram considerados não dominantes (Tabela 8).

Tabela 8 – Braconidae de área de reflorestamento (ponto de coleta 7) na Fazenda Canchim no município de São Carlos, SP (n = número de indivíduos)

Subfamília	Gênero	n	Frequência relativa (%)	Índices		
				Dominância	Abundância	Frequência
Braconinae	<i>Bracon</i>	1	5,26	ND	ma	F
Cheloninae	<i>Phanerotoma*</i>	12	63,18	SD	sa	SF
Euphorinae	<i>Meteorus</i>	1	5,26	ND	ma	F
Macrocentrinae	<i>Macrocentrus</i>	1	5,26	ND	ma	F
Microgastrinae	<i>Apanteles</i>	1	5,26	ND	ma	F
	<i>Dolichogenidea</i>	1	5,26	ND	ma	F
Orgilinae	<i>Orgilus</i>	1	5,26	ND	ma	F
Rogadinae	<i>Aleiodes</i>	1	5,26	ND	ma	F
Total		19	100			

ND = gênero não dominante; SD = super dominante; ma = muito abundante; sa = super abundante; F = frequente; SF = super frequente. O asterisco indica gênero predominante por obtenção de categoria máxima em todos os índices analisados.

Com relação a abundância e frequência, 7 dos 8 gêneros identificados na amostra (87,50%) foram muito abundantes e frequentes; e um gênero (12,50%) foi super abundante e super frequente, sendo este *Phanerotoma* (Cheloninae). Pelos indicadores ecológicos, *Phanerotoma* (Cheloninae) foi considerado predominante no ponto de coleta 7, assim como nos pontos de coleta 2, 3 e 4.

No ponto de coleta 8, localizado em um sistema silvipastoril na Fazenda Canchim, o gênero *Meteorus* Haliday, 1835 (Euphorinae) foi classificado como super dominante, enquanto os demais foram considerados não dominantes (Tabela 9).

Tabela 9 – Braconidae de sistema silvipastoril (ponto de coleta 8) na Fazenda Canchim no município de São Carlos, SP (n = número de indivíduos)

(continua)

Subfamília	Gênero	n	Frequência relativa (%)	Índices		
				Dominância	Abundância	Frequência
Acampsohelconinae	<i>Urosigalphus</i>	4	6,14	ND	ma	MF
Agathidinae	<i>Plesiocoelus</i>	1	1,54	ND	d	PF
Aphidiinae	<i>Aphidius</i>	1	1,54	ND	d	PF
Cenocoeliinae	<i>Cenocoelius</i>	1	1,54	ND	d	PF
Cheloninae	<i>Chelonus</i>	1	1,54	ND	d	PF
Doryctinae	<i>Barbalhoa</i>	1	1,54	ND	d	PF

Tabela 9 – Braconidae de sistema silvipastoril (ponto de coleta 8) na Fazenda Canchim no município de São Carlos, SP (n = número de indivíduos)

(conclusão)

Subfamília	Gênero	n	Índices			
			Frequência relativa (%)	Dominância	Abundância	Frequência
Doryctinae	<i>Heterospilus</i>	1	1,54	ND	d	PF
Euphorinae	<i>Meteorus*</i>	40	61,54	SD	sa	SF
Homolobinae	<i>Exasticolus</i>	1	1,54	ND	d	PF
Hormiinae	<i>Hormius</i>	2	3,08	ND	c	F
Ichneutinae	<i>Paroligoneurus</i>	1	1,54	ND	d	PF
Microgastrinae	<i>Apanteles</i>	1	1,54	ND	d	PF
	<i>Dolichogenidea</i>	1	1,54	ND	d	PF
	<i>Glyptapanteles</i>	1	1,54	ND	d	PF
Opiinae	<i>Opius</i>	4	6,14	ND	ma	MF
Orgilinae	<i>Orgilus</i>	2	3,08	ND	c	F
Pambolinae	<i>Pambolus</i>	2	3,08	ND	c	F
Total		65	100			

ND = gênero não dominante; SD = super dominante; c = comum; d = disperso; ma = muito abundante; sa = super abundante; PF = pouco frequente; F = frequente; MF = muito frequente. O asterisco indica gênero predominante por obtenção de categoria máxima em todos os índices analisados.

Com relação a abundância e frequência, 11 dos 17 gêneros identificados na amostra (64,70%) foram dispersos e pouco frequentes; três (17,66%) foram comum e frequentes; dois (11,76%) foram muito abundantes e muito frequentes; e um gênero (5,88%) foi super abundante e super frequente, sendo este *Meteorus* (Euphorinae) (Figura 7). Pelos indicadores ecológicos, *Meteorus* (Euphorinae) foi considerado predominante.



Figura 7. Aspecto geral de *Meteorus* sp. (Euphorinae).

No ponto de coleta 9, localizado em um fragmento de mata mesófila semidecidual na Fazenda Engenho Velho, conectado ao corredor ecológico estabelecido na Fazenda Canchim, nenhum gênero foi dominante (Tabela 10).

Tabela 10 – Braconidae de fragmento de mata mesófila semidecidual (ponto de coleta 9) na Fazenda Engenho Velho no município de São Carlos, SP (n = número de indivíduos)

Subfamília	Gênero	n	Frequência relativa (%)	Índices		
				Dominância	Abundância	Frequência
Cheloninae	<i>Phanerotoma</i>	3	25,00	ND	ma	MF
Doryctinae	<i>Allorhogas</i>	1	8,33	ND	d	PF
	<i>Ptesimogastroides</i>	1	8,33	ND	d	PF
Hormiinae	<i>Hormius</i>	1	8,33	ND	d	PF
Microgastrinae	<i>Diolcogaster</i>	1	8,33	ND	d	PF
	<i>Glyptapanteles</i>	2	16,68	ND	c	F
	<i>Pseudapanteles</i>	3	25,00	ND	ma	MF
Total		12	100			

ND = gênero não dominante; c = comum; d = disperso; ma = muito abundante; PF = pouco frequente; F = frequente; MF = muito frequente.

Com relação a abundância e frequência, quatro dos sete gêneros identificados na amostra (57,14%) foram dispersos e pouco frequentes; dois (28,57%) foram muito abundantes e muito frequentes e um gênero (14,29%) foi comum e frequente. Os gêneros muito abundantes e muito frequentes foram: *Phanerotoma* (Cheloninae) e *Pseudapanteles* Ashmead, 1898 (Microgastrinae) (Figura 8). Nenhum gênero foi considerado predominante pelos indicadores ecológicos.



Figura 8. Aspecto geral de *Pseudapanteles* sp. (Microgastrinae).

No ponto de coleta 10, situado em uma mata galeria a montante de queda d'água na Fazenda Engenho Velho, o gênero *Chelonus* (Cheloninae) foi considerado dominante, enquanto os demais foram considerados não dominantes (Tabela 11).

Tabela 11 – Braconidae de mata galeria (ponto de coleta 10) na Fazenda Engenho Velho no município de São Carlos, SP (n = número de indivíduos)

(continua)

Subfamília	Gênero	n	Frequência relativa (%)	Índices		
				Dominância	Abundância	Frequência
Cheloninae	<i>Chelonus*</i>	10	40,00	D	ma	MF
Doryctinae	<i>Heterospilus</i>	2	8,00	ND	c	F
	<i>Notiospathius</i>	1	4,00	ND	c	F
	<i>Pedinotus</i>	1	4,00	ND	c	F
Hormiinae	<i>Hormius</i>	3	12,00	ND	c	F
Ichneutinae	<i>Lispixys</i>	1	4,00	ND	c	F
Microgastrinae	<i>Apanteles</i>	1	4,00	ND	c	F
	<i>Cotesia</i>	1	4,00	ND	c	F

Tabela 11 – Braconidae de mata galeria (ponto de coleta 10) na Fazenda Engenho Velho no município de São Carlos, SP (n = número de indivíduos)

(conclusão)						
Índices						
Subfamília	Gênero	n	Frequência relativa (%)	Dominância	Abundância	Frequência
Microgastrinae	<i>Diolcogaster</i>	1	4,00	ND	c	F
	<i>Promicrogaster</i>	3	12,00	ND	c	F
Pambolinae	<i>Pambolus</i>	1	4,00	ND	c	F
Total		25	100			

ND = gênero não dominante; D = dominante; c = comum; ma = muito abundante; F = frequente; MF = muito frequente. O asterisco indica gênero predominante por obtenção de categoria máxima em todos os índices analisados.

Com relação a abundância e frequência, 10 dos 11 gêneros identificados na amostra (90,91%) foram comuns e frequentes; e um gênero (9,09%) foi muito abundante e muito frequente, sendo este *Chelonus* (Cheloninae). Pelos indicadores ecológicos, *Chelonus* (Cheloninae) foi considerado predominante, assim como no ponto de coleta 5.

No ponto de coleta 11, situado em uma mata galeria a jusante de queda d'água na Fazenda Engenho Velho, o gênero *Glyptapanteles* Ashmead, 1904 (Microgastrinae) foi considerado dominante, enquanto os demais foram considerados não dominantes (Tabela 12).

Tabela 12 – Braconidae de mata galeria (ponto de coleta 11) na Fazenda Engenho Velho no município de São Carlos, SP (n = número de indivíduos)

Índices						
Subfamília	Gênero	n	Frequência relativa (%)	Dominância	Abundância	Frequência
Braconinae	<i>Bracon</i>	8	5,00	ND	c	F
Euphorinae	<i>Meteorus</i>	44	10,00	ND	c	F
Hormiinae	<i>Hormius</i>	14	5,00	ND	c	F
Microgastrinae	<i>Apanteles</i>	6	5,00	ND	c	F
	<i>Glyptapanteles</i> *	17	30,00	D	ma	MF
	<i>Hypomicrogaster</i>	2	5,00	ND	c	F
	<i>Promicrogaster</i>	8	10,00	ND	c	F
	<i>Pseudapanteles</i>	6	5,00	ND	c	F
Opiinae	<i>Utetes</i>	4	10,00	ND	c	F
Pambolinae	<i>Pambolus</i>	4	5,00	ND	c	F
Rogadinae	<i>Stiropius</i>	2	10,00	ND	c	F
Total		20	100			

ND = gênero não dominante; D = dominante; c = comum; ma = muito abundante; F = frequente; MF = muito frequente. O asterisco indica gênero predominante por obtenção de categoria máxima em todos os índices analisados.

Com relação a abundância e frequência, 10 dos 11 gêneros identificados na amostra (90,91%) foram comuns e frequentes; e um gênero (9,09%) foi muito abundante e muito frequente, sendo este *Glyptapanteles* (Microgastrinae). Pelos indicadores ecológicos, *Glyptapanteles* (Microgastrinae) (Figura 9) foi considerado predominante.

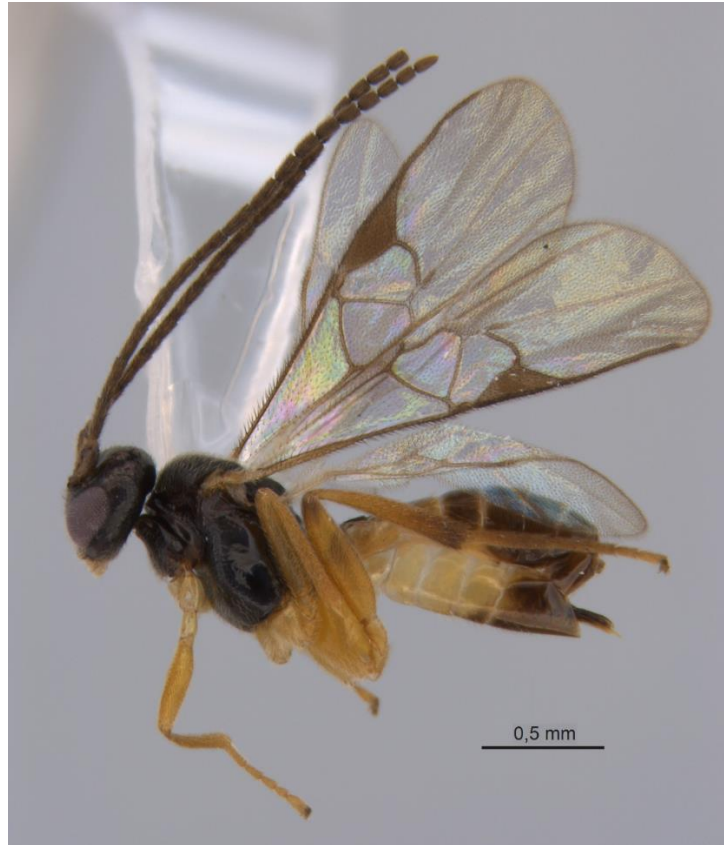


Figura 9. Aspecto geral de *Glyptapanteles* sp. (Microgastrinae).

Vale registrar que os gêneros coletados e a sua classificação em categorias de índices de dominância, abundância e frequência refletem uma amostragem pontual, sem compreender variações sazonais que influenciam a ocorrência e abundância de gêneros de Braconidae (QUICKE, 2015). Assim, o resultado encontrado está diretamente relacionado à época da coleta e ao tamanho amostral, não abarcando aspectos do ciclo de vida tanto dos parasitoides quanto dos hospedeiros envolvidos.

Quanto à riqueza de gêneros, o fragmento de mata mesófila semidecidual próximo a uma estreita faixa de pasto e ao sistema silvipastoril (Ponto 5), localizado na Fazenda Canchim, bem como o sistema silvipastoril (Ponto 8) foram os ambientes amostrados que apresentaram maior riqueza (Tabela 13). Conforme anteriormente anotado, o sistema silvipastoril configura um hábitat favorável aos Braconidae em

geral. Além do ponto de coleta 5, os demais pontos situados em fragmentos de mata mesófila semidecidual (Pontos 1, 2, 3 e 4), com exceção daquele na Fazenda Engenho Velho (Ponto 9), apresentaram relativamente elevadas riquezas de gênero de Braconidae, o que pode estar relacionado com a menor perturbação do ambiente e com a alta diversidade biológica observada nessa fitofisionomia (CIRELLI; PENTEADO-DIAS, 2003; QUICKE, 2015).

Tabela 13 – Riqueza (S), abundância (N) e índices de diversidade (H') e equitabilidade (J) de gêneros, calculados para cada ponto de coleta, com indicação da fitofisionomia do local

Fitofisionomia	Ponto de coleta	N	S	H'	J
Mata mesófila semidecidual	1	25	15	2,51	0,95
Mata mesófila semidecidual	2	29	13	2,01	0,78
Mata mesófila semidecidual	3	24	13	2,2	0,86
Mata mesófila semidecidual	4	31	14	1,97	0,75
Mata mesófila semidecidual	5	41	17	2,35	0,83
Área de reflorestamento	6	7	5	1,47	0,92
Área de reflorestamento	7	19	8	1,37	0,71
Sistema silvipastoril	8	63	17	1,58	0,57
Mata mesófila semidecidual	9	12	7	1,47	0,76
Mata galeria	10	25	11	1,98	0,82
Mata galeria	11	20	11	2,18	0,91

Os pontos de coleta 10 e 11 estavam situados em matas galerias da Fazenda Engenho Velho, que compõem um estreito corredor de vegetação cercado por cultivo de cana-de-açúcar. Embora a riqueza de gêneros tenda a declinar com a redução de hábitat (KRUESS; TSCHARNTKE, 2000), essa fitofisionomia apresentou riqueza de gêneros somente inferior àquela observada no sistema silvipastoril e nos fragmentos de mata. Esse tipo de ambiente também não costuma ser o preferido de Braconidae, por tender a ser úmido e fresco (JUILLET, 1964), entretanto, configura um ecossistema complexo e mantenedor de alta biodiversidade, que pode oferecer

uma ampla gama de hospedeiros aos parasitoides (CIRELLI; PENTEADO-DIAS, 2003).

Os maiores valores do índice de diversidade de Shannon para os gêneros de Braconidae foram observados em fragmentos florestais (Pontos 1, 2, 3 e 5) e matas galerias (Pontos 10 e 11), ao passo que os menores valores foram encontrados em áreas de reflorestamento (Pontos 6 e 7) e em um fragmento de mata mesófila semidecidual (Ponto 9).

Os valores relativamente elevados encontrados, em geral, em fragmentos de mata mesófila semidecidual indicam uma diversidade rica em consonância com a alta diversidade biológica esperada para esse tipo de ambiente. Possíveis razões já foram apresentadas para a maior riqueza também observada nesses locais.

As amostras obtidas nos pontos de coleta situados em matas galerias igualmente apresentaram uma alta diversidade. A área caracterizada por essa fitofisionomia é relativamente estreita e isolada das demais áreas estudadas e cercada por monocultura de cana-de-açúcar, o que poderia sugerir uma menor diversidade e equitabilidade (KRUESS; TSCHARNTKE, 2000). No entanto, à semelhança do que foi anotado para a riqueza no ambiente, esse resultado pode estar relacionado a sua complexidade e conseqüente diversidade de hospedeiros e nichos, evidenciando a importância da preservação dessa vegetação.

O fragmento de mata mesófila semidecidual na Fazenda Engenho Velho (Ponto 9) e as áreas de reflorestamento na Fazenda Canchim (Pontos 6 e 7) apresentaram os menores valores de diversidade. Esse fragmento de mata está conectado aos fragmentos de mata da Fazenda Canchim exatamente pelas áreas de reflorestamento, que funcionam como corredor ecológico. Essa conexão é importante porque tende a atenuar os efeitos negativos do isolamento de habitats sobre populações de parasitoides, como a redução da diversidade e da abundância (KRUESS; TSCHARNTKE, 2000). No recorte pontual desse estudo, essa atenuação não foi observada já que os índices de diversidade foram baixos, assim como a riqueza e a abundância de Braconidae, que foram as menores entre os locais amostrados, tanto para o fragmento quanto para as áreas de reflorestamento. Contudo, para que o efeito do corredor ecológico sobre a comunidade de Braconidae nesse fragmento de mata pudesse ser avaliado, seria necessária uma amostragem extensa por um longo período (ao menos um ano), com a aferição, portanto, das dinâmicas populacionais envolvidas.

Em pesquisa anteriormente realizada na Fazenda Canchim e já referida, Pereira (2009) igualmente encontrou maior diversidade em fragmento de mata mesófila semidecidual, seguido por sistema agrossilvipastoril e áreas de reflorestamento.

Com relação à equitabilidade, os maiores índices de Pielou foram observados em um fragmento de mata mesófila semidecidual (Ponto 1), seguido por área de reflorestamento (Ponto 6) e mata galeria (Ponto 11).

Fragmentos de mata mesófila semidecidual e matas galerias com um elevado índice de equitabilidade, indicando uma diversidade uniformemente distribuída entre os gêneros, estão em consonância com a alta diversidade biológica esperada para esses tipos de ambiente.

Já a área de reflorestamento, embora tenha assinalado uma elevada equitabilidade, apresentou os menores valores de abundância (cinco indivíduos identificados em gênero), riqueza (cinco gêneros) e um dos menores índices de diversidade.

O menor índice de equitabilidade foi encontrado no sistema silvipastoril (Ponto 8), o que significa a menor uniformidade de gêneros entre as fitofisionomias estudadas. Entre os ambientes amostrados é aquele mais homogêneo, com uma espécie de gramínea dominante e cerca de sete espécies de árvores, além de contar com a constante circulação de gado, componente ausente dos demais ambientes. O baixo índice podem estar relacionado com essa homogeneidade e certamente está relacionado com a dominância de um único gênero de Braconidae (*Meteorus*, Euphorinae), correspondente a aproximadamente 58% do total de indivíduos coletados no local.

Pereira (2009), ao revés, em estudo realizado na Fazenda Canchim, encontrou uma maior equitabilidade no sistema agrossilvipastoril do que na área de reflorestamento. A discrepância pode decorrer do fato desses dois ambientes, à época, serem recém implantados, além da diferença no tempo de amostragem. Comparações também são dificultadas pelo reduzido tamanho amostral do presente trabalho, que podem não refletir a diversidade efetiva dos ambientes por não captar flutuações de abundância e riqueza de gêneros ao longo do ano (QUICKE, 2015).

Particularmente, quanto aos gêneros capturados em cada ponto de coleta, observamos que, em regra, aqueles mais abundantes foram considerados predominantes pelos índices de frequência, abundância e dominância (Tabela 14).

Tabela 14 – Gêneros de maior abundância em cada ponto de coleta, com indicação da proporção de indivíduos coletados em relação ao total de indivíduos identificados até gênero, bem como da fitofisionomia do local

Fitofisionomia	Ponto de coleta	Gênero	Abundância relativa (%)
Mata mesófila semidecidual	1	<i>Chelonus</i>	15,38
Mata mesófila semidecidual	2	<i>Phanerotoma</i> *	44,83
Mata mesófila semidecidual	3	<i>Phanerotoma</i> *	33,33
Mata mesófila semidecidual	4	<i>Phanerotoma</i> *	48,39
Mata mesófila semidecidual	5	<i>Chelonus</i> *	34,15
Área de reflorestamento	6	<i>Allorhogas</i>	42,86
Área de reflorestamento	7	<i>Phanerotoma</i> *	63,16
Sistema silvipastoril	8	<i>Meteorus</i> *	61,54
Mata mesófila semidecidual	9	<i>Phanerotoma</i> e <i>Pseudapanteles</i>	25,00
Mata galeria	10	<i>Chelonus</i> *	40,00
Mata galeria	11	<i>Glyptapanteles</i> *	30,00

O asterisco indica gênero predominante no ponto de coleta por obtenção de categoria máxima nos índices de dominância (KATO; YAMASHITA, 1952), abundância e frequência (SILVEIRA NETO *et al.*, 1976).

Quanto ao gênero *Allorhogas*, o mais abundante no ponto de coleta 6, situado em uma área de reflorestamento, vale anotar que é especioso na região Neotropical e está associado a diversas famílias de plantas vasculares, desempenhando diferentes estratégias de fitofagia, como a indução de galhas em sementes, caules, frutos e botões florais, a predação de sementes e o inquilinismo fitófago em galhas produzidas por outros insetos (JOELE; ZALDÍVAR-RIVERÓN; PENTEADO-DIAS, 2021) (Figura 10). Provavelmente, portanto, os indivíduos coletados estavam associados a alguma planta presente na área em questão.



Figura 10. Aspecto geral de *Allorhogas* sp. (Doryctinae).

Quanto à estratégia de vida adotada, 34 dos gêneros de Braconidae identificados no estudo são endoparasitoides cenobiontes (72,34% do total de 47 gêneros), apresentando a maior abundância também, com 246 indivíduos (Tabela 15).

Tabela 15 – Estratégia de história de vida dos gêneros identificados em fragmentos de mata mesófila semidecidual, áreas de reflorestamento, sistema silvipastoril e matas galerias do município de São Carlos (n = número de indivíduos)

(continua)

Subfamília	Gênero	Estratégia de história de vida	n
Acampsohelconinae	<i>Urosigalphus</i>	endoparasitoide cenobionte	4
Agathidinae	<i>Plesiocoelus</i>	endoparasitoide cenobionte	1
Alysiinae	<i>Asobara</i>	endoparasitoide cenobionte	1
Aphidiinae	<i>Adialytus</i>	endoparasitoide cenobionte	1
	<i>Aphidius</i>	endoparasitoide cenobionte	1
Brachistinae	<i>Eubazus</i>	endoparasitoide cenobionte	1
	<i>Nealiolus</i>	endoparasitoide cenobionte	1
Braconinae	<i>Bracon</i>	ectoparasitoide idiobionte	8

Tabela 15 – Estratégia de história de vida dos gêneros identificados em fragmentos de mata mesófila semidecidual, áreas de reflorestamento, sistema silvipastoril e matas galerias do município de São Carlos (n = número de indivíduos)

(continuação)

Subfamília	Gênero	Estratégia de história de vida	n
Cenocoeliinae	<i>Cenocoelius</i>	endoparasitoide cenobionte	2
Cheloninae	<i>Ascogaster</i>	endoparasitoide cenobionte	1
	<i>Chelonus</i>	endoparasitoide cenobionte	32
	<i>Leptodrepana</i>	endoparasitoide cenobionte	2
	<i>Phanerotoma</i>	endoparasitoide cenobionte	58
Doryctinae	<i>Allorhogas</i>	fitófago	4
	<i>Barbalhoa</i>	ectoparasitoide idiobionte	1
	<i>Callihormius</i>	ectoparasitoide idiobionte	1
	<i>Heredius</i>	ectoparasitoide idiobionte	3
	<i>Heterospilus</i>	ectoparasitoide idiobionte	10
	<i>Johnsonius</i>	ectoparasitoide idiobionte	1
	<i>Neoheterospilus</i>	ectoparasitoide idiobionte	3
	<i>Notiospathius</i>	ectoparasitoide idiobionte	1
	<i>Pedinotus</i>	ectoparasitoide idiobionte	1
	<i>Ptesimogastroides</i>	ectoparasitoide idiobionte	2
Euphorinae	<i>Leiophron</i>	endoparasitoide cenobionte	9
	<i>Meteorus</i>	endoparasitoide cenobionte	44
	<i>Syntretus</i>	endoparasitoide cenobionte	1
Homolobinae	<i>Exasticolus</i>	endoparasitoide cenobionte	2
Hormiinae	<i>Hormius</i>	ectoparasitoide idiobionte	14
Ichneutinae	<i>Lispixys</i>	endoparasitoide cenobionte	1

Tabela 15 – Estratégia de história de vida dos gêneros identificados em fragmentos de mata mesófila semidecidual, áreas de reflorestamento, sistema silvipastoril e matas galerias do município de São Carlos (n = número de indivíduos)

(conclusão)

Subfamília	Gênero	Estratégia de história de vida	n
Ichneutinae	<i>Paroligoneurus</i>	endoparasitoide cenobionte	1
Macrocentrinae	<i>Macrocentrus</i>	endoparasitoide cenobionte	1
Microgastrinae	<i>Alphomelon</i>	endoparasitoide cenobionte	4
	<i>Apanteles</i>	endoparasitoide cenobionte	6
	<i>Cotesia</i>	endoparasitoide cenobionte	2
	<i>Diolcogaster</i>	endoparasitoide cenobionte	4
	<i>Dolichogenidea</i>	endoparasitoide cenobionte	3
	<i>Glyptapanteles</i>	endoparasitoide cenobionte	17
	<i>Hypomicrogaster</i>	endoparasitoide cenobionte	2
	<i>Papanteles</i>	endoparasitoide cenobionte	9
	<i>Promicrogaster</i>	endoparasitoide cenobionte	8
	<i>Pseudapanteles</i>	endoparasitoide cenobionte	6
Opiinae	<i>Opius</i>	endoparasitoide cenobionte	9
	<i>Utetes</i>	endoparasitoide cenobionte	4
Orgilinae	<i>Orgilus</i>	endoparasitoide cenobionte	4
Pambolinae	<i>Pambolus</i>	ectoparasitoide idiobionte	4
Rogadinae	<i>Aleiodes</i>	endoparasitoide cenobionte	2
	<i>Stiropius</i>	endoparasitoide cenobionte	2
Total			299

Por outro lado, 12 dos gêneros identificados são gêneros ectoparasitoides idiobiontes (25,53% do total de 47 gêneros), com uma abundância de 49 indivíduos.

Apenas um gênero identificado foi classificado como fitófago: *Allorhogas* (Doryctinae), com quatro indivíduos coletados.

Esses resultados estão em consonância com a proporção de endoparasitoides cenobiontes e ectoparasitoides idiobiontes para a fauna brasileira de Braconidae observada em estudos anteriores, em que endoparasitoides cenobiontes foram mais frequentes do que ectoparasitoides idiobiontes (CIRELLI; PENTEADO-DIAS, 2003; RESTELLO; PENTEADO-DIAS, 2006; PEREIRA, 2009).

Cabe ressaltar que os índices utilizados para a descrição da fauna e a proporção da biologia das vespas parasitoides refletem uma amostragem pontual da comunidade de Braconidae, sem capturar a dinâmica envolvida nas populações que ocupam esses ambientes. Além disso, possivelmente, há fatores que influenciam variações nessas medidas, como, por exemplo, as diferentes fitofisionomias envolvidas e a sazonalidade. Para que isso pudesse ser assimilado e os resultados extrapolados, entretanto, seria necessário um maior número de armadilhas por local e um maior tempo de amostragem (ao menos um ano) (QUICKE, 2015).

Por fim, anota-se que as imagens de alguns dos espécimes que foram identificados em gênero encontram-se no Apêndice.

4.2. IDENTIFICAÇÃO DOS TÁXONS POR *DNA BARCODING*

Para os 339 espécimes de Braconidae coletados, foram obtidas 160 sequências COI que foram submetidas ao processo de *DNA Barcoding*. Encontraram correspondência com sequências depositadas no repositório público do BOLD, 49 sequências, sendo 19 delas correspondentes a membros da subfamília Microgastrinae, em seis diferentes gêneros (*Alphomelon*, *Apanteles*, *Cotesia*, *Diolcogaster*, *Glyptapanteles* e *Hypomicrogaster*); duas correspondentes à subfamília Doryctinae, em um mesmo gênero interino (*doryctMalaise01*); e 28 correspondentes à subfamília Euphorinae, em um único gênero (*Meteorus*) (Figura 11).

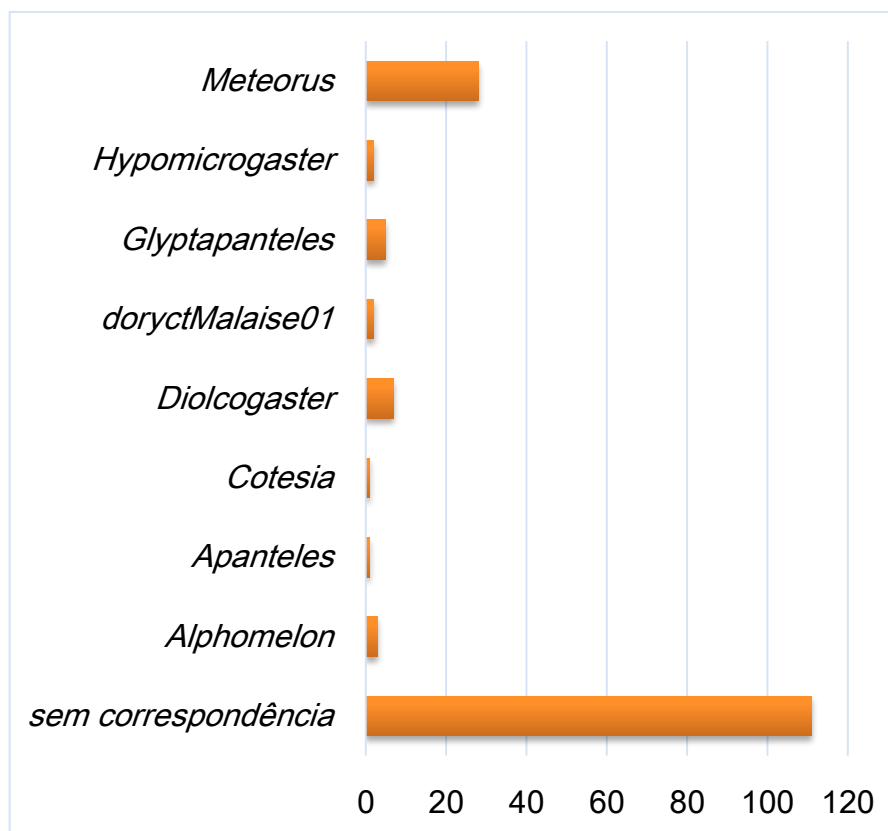


Figura 11. Número, por gênero, de correspondências encontradas entre sequências COI consultadas e o banco de dados público da plataforma BOLD. É indicado, ainda, o número de sequências consultadas que não encontraram correspondência no banco de dados.

Embora não fosse o escopo do estudo, dois espécimes de *Glyptapanteles* foram identificados em nível de espécie: *Glyptapanteles nealweberi* e *Glyptapanteles Whitfield115* (epíteto específico interino) (Tabela 16). É o primeiro registro da espécie *Glyptapanteles nealweberi* Arias-Penna, 2019 para o Brasil, que foi descrita para a Costa Rica e apresenta registros em Honduras, Panamá e Argentina (BOLD SYSTEMS, 2023). É uma espécie endoparasitoide cenobionte solitária de larvas de macrolepitópteros da família Erebidæ (ARIAS-PENNA *et al.*, 2019).

Quanto aos espécimes identificados como *Meteorus*, todos pertencem a um mesmo *Barcode Index Number* (BIN). Assim, as sequências COI e, portanto, os espécimes correspondentes, podem ser agrupados em uma unidade semelhante à espécie (RATNASINGHAM; HEBERT, 2013). Essa constatação, somada ao alto número de espécimes em relação aos demais gêneros e a sua ocorrência massiva em uma mesma amostra (26 dos 28 espécimes foram coletados na amostra do sistema silvipastoril, na Fazenda Canchim), ajustam-se ao possível hábito de vida desse parasitoide. Espécies de *Meteorus* são endoparasitoides cenobiontes de larvas de Lepidoptera e Coleoptera, que podem apresentar hábito gregário (SHARKEY *et al.*,

2021), quando muitos indivíduos de uma mesma espécie alimentam-se de um mesmo hospedeiro (SHARKEY; FERNÁNDEZ, 2006). Além disso, algumas espécies podem estar associadas ao cultivo de determinadas plantas.

Tabela 16 – Resultados obtidos a partir da análise de *DNA Barcoding*, com indicação de subfamília e gênero identificados morfológicamente, número de pares de bases da sequência COI, identificação por *DNA Barcoding* e *Barcode Index Number ID* (BIN ID) correspondente

(continua)

Morfologia	Número de pares de base	DNA Barcoding	BIN ID
Cenocoeliinae/ <i>Cenocoelius</i>	658 pb	-	-
Cheloninae/ <i>Phanerotoma</i>	658 pb	-	-
Cheloninae/ <i>Ascogaster</i>	658 pb	-	-
Cheloninae/ <i>Phanerotoma</i>	658 pb	-	-
Microgastrinae/ <i>Apanteles</i>	658 pb	-	-
Cheloninae/ <i>Phanerotoma</i>	649 pb	-	-
Cheloninae/ <i>Leptodrepana</i>	658 pb	-	-
Cheloninae/ <i>Phanerotoma</i>	658 pb	-	-
Cheloninae/ <i>Phanerotoma</i>	658 pb	-	-
Microgastrinae/ <i>Glyptapanteles</i>	658 pb	-	-
Microgastrinae (macho)	658 pb	<i>Glyptapanteles nealweberi</i>	BOLD:ACE4132
Doryctinae/ <i>Ptesimogastroides</i>	658 pb	<i>doryctMalaise01</i>	BOLD:ADY4027
Microgastrinae (macho)	658 pb	<i>Diolcogaster</i>	BOLD:ADH6970
Hormiinae/ <i>Hormius</i>	655 pb	-	-
Cheloninae/ <i>Phanerotoma</i>	658 pb	-	-
Microgastrinae/ <i>Papanteles</i>	658 pb	-	-
Cheloninae/ <i>Chelonus</i>	658 pb	-	-
Opiinae/ <i>Opius</i>	658 pb	-	-
Cheloninae/ <i>Phanerotoma</i>	658 pb	-	-
Euphorinae/ <i>Meteorus</i>	658 pb	<i>Meteorus</i>	BOLD:AAX4327
Rogadinae/ <i>Aleiodes</i>	658 pb	-	-
Cheloninae/ <i>Phanerotoma</i>	522 pb	-	-
Rogadinae/ <i>Aleiodes</i>	658 pb	-	-
Euphorinae/ <i>Meteorus</i>	658 pb	<i>Meteorus</i>	BOLD:AAX4327
Cheloninae/ <i>Phanerotoma</i>	658 pb	-	-
Cheloninae/ <i>Phanerotoma</i>	658 pb	-	-
Orgilinae/ <i>Orgilus</i>	658 pb	-	-
Microgastrinae/ <i>Dolichogenidea</i>	658 pb	-	-
Cheloninae/ <i>Phanerotoma</i>	535 pb	-	-
Microgastrinae (macho)	658 pb	<i>Glyptapanteles</i>	BOLD:AAA2816
Homolobinae/ <i>Exasticolus</i>	658 pb	-	-
Cheloninae/ <i>Chelonus</i>	658 pb	-	-
Cheloninae/ <i>Chelonus</i>	658 pb	-	-
Microgastrinae/ <i>Papanteles</i>	658 pb	-	-

Tabela 16 – Resultados obtidos a partir da análise de *DNA Barcoding*, com indicação de subfamília e gênero identificados morfologicamente, número de pares de bases da sequência COI, identificação por *DNA Barcoding* e *Barcode Index Number ID* (BIN ID) correspondente

(continuação)			
Morfologia	Número de pares de base	DNA Barcoding	BIN ID
Microgastrinae/ <i>Diolcogaster</i>	658 pb	-	-
Cheloninae/ <i>Phanerotoma</i>	658 pb	-	-
Cheloninae/ <i>Chelonus</i>	658 pb	-	-
Cheloninae/ <i>Chelonus</i>	658 pb	-	-
Opiinae/ <i>Utetes</i>	612 pb	-	-
Cheloninae/ <i>Chelonus</i>	658 pb	-	-
Cheloninae/ <i>Chelonus</i>	658 pb	-	-
Microgastrinae (macho)	658 pb	<i>Hypomicrogaster</i>	BOLD:ACE8258
Microgastrinae/ <i>Apanteles</i>	658 pb	-	-
Cheloninae/ <i>Phanerotoma</i>	658 pb	-	-
Doryctinae/ <i>Heterospilus</i>	658 pb	-	-
Cheloninae/ <i>Chelonus</i>	658 pb	-	-
Cheloninae/ <i>Chelonus</i>	658 pb	-	-
Cheloninae/ <i>Phanerotoma</i>	658 pb	-	-
Microgastrinae/ <i>Papanteles</i>	658 pb	-	-
Cheloninae/ <i>Chelonus</i>	658 pb	-	-
Cheloninae/ <i>Chelonus</i>	658 pb	-	-
Microgastrinae (macho)	658 pb	-	-
Opiinae/ <i>Opius</i>	612 pb	-	-
Euphorinae/ <i>Meteorus</i>	658 pb	-	-
Euphorinae/ <i>Meteorus</i>	658 pb	<i>Meteorus</i>	BOLD:AAX4327
Euphorinae/ <i>Meteorus</i>	658 pb	-	-
Euphorinae/ <i>Meteorus</i>	658 pb	<i>Meteorus</i>	BOLD:AAX4327
Euphorinae/ <i>Meteorus</i>	658 pb	<i>Meteorus</i>	BOLD:AAX4327
Euphorinae/ <i>Meteorus</i>	658 pb	<i>Meteorus</i>	BOLD:AAX4327
Euphorinae/ <i>Meteorus</i>	658 pb	<i>Meteorus</i>	BOLD:AAX4327
Euphorinae/ <i>Meteorus</i>	658 pb	-	-
Euphorinae/ <i>Meteorus</i>	658 pb	<i>Meteorus</i>	BOLD:AAX4327
Euphorinae/ <i>Meteorus</i>	658 pb	<i>Meteorus</i>	BOLD:AAX4327
Euphorinae/ <i>Meteorus</i>	658 pb	-	-
Euphorinae/ <i>Meteorus</i>	658 pb	-	-
Euphorinae/ <i>Meteorus</i>	658 pb	<i>Meteorus</i>	BOLD:AAX4327
Euphorinae/ <i>Meteorus</i>	658 pb	<i>Meteorus</i>	BOLD:AAX4327
Euphorinae/ <i>Meteorus</i>	658 pb	<i>Meteorus</i>	BOLD:AAX4327
Euphorinae/ <i>Meteorus</i>	658 pb	<i>Meteorus</i>	BOLD:AAX4327
Acampsohelconinae/ <i>Urosigalphus</i>	658 pb	-	-
Euphorinae/ <i>Meteorus</i>	658 pb	<i>Meteorus</i>	BOLD:AAX4327
Homolobinae/ <i>Exasticolus</i>	658 pb	-	-
Euphorinae/ <i>Meteorus</i>	560 pb	-	-

Tabela 16 – Resultados obtidos a partir da análise de *DNA Barcoding*, com indicação de subfamília e gênero identificados morfologicamente, número de pares de bases da sequência COI, identificação por *DNA Barcoding* e *Barcode Index Number ID* (BIN ID) correspondente

(continuação)			
Morfologia	Número de pares de base	DNA Barcoding	BIN ID
Euphorinae/ <i>Meteorus</i>	658 pb	<i>Meteorus</i>	BOLD:AAX4327
Euphorinae/ <i>Meteorus</i>	658 pb	<i>Meteorus</i>	BOLD:AAX4327
Acampsohelconinae/ <i>Urosigalphus</i>	658 pb	-	-
Euphorinae/ <i>Meteorus</i>	658 pb	<i>Meteorus</i>	BOLD:AAX4327
Euphorinae/ <i>Meteorus</i>	658 pb	<i>Meteorus</i>	BOLD:AAX4327
Microgastrinae/ <i>Apanteles</i>	658 pb	-	-
Euphorinae/ <i>Meteorus</i>	637 pb	<i>Meteorus</i>	BOLD:AAX4327
Euphorinae/ <i>Meteorus</i>	658 pb	<i>Meteorus</i>	BOLD:AAX4327
Microgastrinae/ <i>Glyptapanteles</i>	658 pb	-	-
Euphorinae/ <i>Meteorus</i>	658 pb	<i>Meteorus</i>	BOLD:AAX4327
Euphorinae/ <i>Meteorus</i>	658 pb	<i>Meteorus</i>	BOLD:AAX4327
Euphorinae/ <i>Meteorus</i>	658 pb	<i>Meteorus</i>	BOLD:AAX4327
Doryctinae/ <i>Barbalhoa</i>	658 pb	-	-
Euphorinae/ <i>Meteorus</i>	658 pb	<i>Meteorus</i>	BOLD:AAX4327
Opiinae/ <i>Opius</i>	658 pb	-	-
Euphorinae/ <i>Meteorus</i>	658 pb	<i>Meteorus</i>	BOLD:AAX4327
Euphorinae/ <i>Meteorus</i>	658 pb	-	-
Microgastrinae (macho)	658 pb	<i>Diolcogaster</i>	BOLD:ADW7655
Euphorinae/ <i>Meteorus</i>	658 pb	<i>Meteorus</i>	BOLD:AAX4327
Microgastrinae/ <i>Dolichogenidea</i>	658 pb	-	-
Euphorinae/ <i>Meteorus</i>	658 pb	<i>Meteorus</i>	BOLD:AAX4327
Cheloninae/ <i>Chelonus</i>	658 pb	-	-
Pambolinae/ <i>Pambolus</i>	658 pb	-	-
Euphorinae/ <i>Meteorus</i>	658 pb	<i>Meteorus</i>	BOLD:AAX4327
Microgastrinae (macho)	446 pb	-	-
Microgastrinae (macho)	658 pb	<i>Apanteles</i>	BOLD:AAN7915
Doryctinae/ <i>Ptesimogastroides</i>	658 pb	<i>doryctMalaise01</i>	BOLD:ADY4027
Doryctinae/ <i>Allorhogas</i>	658 pb	-	-
Microgastrinae (macho)	529 pb	-	-
Microgastrinae/ <i>Cotesia</i>	658 pb	<i>Cotesia</i>	BOLD:AAC0471
Cheloninae/ <i>Chelonus</i>	658 pb	-	-
Microgastrinae/ <i>Promicrogaster</i>	658 pb	-	-
Microgastrinae/ <i>Diolcogaster</i>	658 pb	-	-
Cheloninae/ <i>Chelonus</i>	658 pb	-	-
Microgastrinae (macho)	658 pb	<i>Diolcogaster</i>	BOLD:AAF5701
Doryctinae/ <i>Heterospilus</i>	658 pb	-	-
Cheloninae/ <i>Chelonus</i>	531 pb	-	-
Microgastrinae (macho)	658 pb	-	-
Microgastrinae (macho)	658 pb	-	-

Tabela 16 – Resultados obtidos a partir da análise de *DNA Barcoding*, com indicação de subfamília e gênero identificados morfologicamente, número de pares de bases da sequência COI, identificação por *DNA Barcoding* e *Barcode Index Number ID* (BIN ID) correspondente

(continuação)			
Morfologia	Número de pares de base	DNA Barcoding	BIN ID
Microgastrinae (macho)	658 pb	-	-
Microgastrinae (macho)	658 pb	<i>Diolcogaster</i>	BOLD:ADH6970
Microgastrinae (macho)	658 pb	<i>Diolcogaster</i>	BOLD:ADH6970
Microgastrinae (macho)	658 pb	<i>Diolcogaster</i>	BOLD:ADH6970
Opiinae/ <i>Utetes</i>	658 pb	-	-
Microgastrinae (macho)	658 pb	-	-
Microgastrinae/ <i>Pseudapanteles</i>	658 pb	-	-
Microgastrinae/ <i>Glyptapanteles</i>	658 pb	<i>Glyptapanteles</i>	BOLD:ACE8951
Microgastrinae/ <i>Glyptapanteles</i>	658 pb	-	-
Microgastrinae (macho)	658 pb	<i>Diolcogaster</i>	BOLD:ADH6970
Euphorinae/ <i>Meteorus</i>	658 pb	-	-
Braconinae/ <i>Bracon</i>	658 pb	-	-
Rogadinae/ <i>Stiropius</i>	658 pb	-	-
Euphorinae/ <i>Meteorus</i>	658 pb	-	-
Microgastrinae/ <i>Glyptapanteles</i>	658 pb	<i>Glyptapanteles</i>	BOLD:ACE4132
Microgastrinae/ <i>Glyptapanteles</i>	658 pb	-	-
Microgastrinae/ <i>Hypomicrogaster</i>	658 pb	<i>Hypomicrogaster</i>	BOLD:ACE8258
Microgastrinae/ <i>Glyptapanteles</i>	658 pb	-	-
Microgastrinae (macho)	658 pb	<i>Glyptapanteles</i> <i>Whitfield115</i>	BOLD:AEY7511
Hormiinae/ <i>Hormius</i>	658 pb	-	-
Microgastrinae/ <i>Promicrogaster</i>	658 pb	-	-
Doryctinae/ <i>Neoheterospilus</i>	658 pb	-	-
Braconinae/ <i>Bracon</i>	650 pb	-	-
Microgastrinae/ <i>Alphomelon</i>	658 pb	<i>Alphomelon</i>	BOLD:AAE2209
Microgastrinae/ <i>Alphomelon</i>	658 pb	<i>Alphomelon</i>	BOLD:AAE2209
Microgastrinae/ <i>Alphomelon</i>	658 pb	<i>Alphomelon</i>	BOLD:AAE2209
Microgastrinae/ <i>Papanteles</i>	658 pb	-	-
Microgastrinae/ <i>Papanteles</i>	658 pb	-	-
Doryctinae/ <i>Heredius</i>	658 pb	-	-
Microgastrinae (macho)	658 pb	-	-
Microgastrinae/ <i>Glyptapanteles</i>	658 pb	-	-
Hormiinae/ <i>Hormius</i>	655 pb	-	-
Microgastrinae/ <i>Papanteles</i>	658 pb	-	-
Microgastrinae/ <i>Papanteles</i>	658 pb	-	-
Cheloninae/ <i>Phanerotoma</i>	658 pb	-	-
Doryctinae/ <i>Heterospilus</i>	658 pb	-	-
Braconinae/ <i>Bracon</i>	658 pb	-	-
Microgastrinae (macho)	658 pb	-	-
Cheloninae/ <i>Phanerotoma</i>	506 pb	-	-

Tabela 16 – Resultados obtidos a partir da análise de *DNA Barcoding*, com indicação de subfamília e gênero identificados morfológicamente, número de pares de bases da sequência COI, identificação por *DNA Barcoding* e *Barcode Index Number ID* (BIN ID) correspondente

Morfologia	Número de pares de base	DNA Barcoding	(conclusão)
			BIN ID
Cheloninae/ <i>Chelonus</i>	658 pb	-	-
Cheloninae/ <i>Phanerotoma</i>	658 pb	-	-
Cheloninae/ <i>Phanerotoma</i>	658 pb	-	-
Braconinae/ <i>Bracon</i>	658 pb	-	-
Opiinae/ <i>Opius</i>	658 pb	-	-
Cheloninae/ <i>Phanerotoma</i>	658 pb	-	-
Cheloninae/ <i>Phanerotoma</i>	658 pb	-	-
Cheloninae/ <i>Phanerotoma</i>	658 pb	-	-
Cheloninae/ <i>Phanerotoma</i>	658 pb	-	-

A baixa proporção (30,6% do total de sequências consultadas) na identificação de espécimes pelo processo de *DNA Barcoding* demanda algumas ponderações.

Embora esse processo seja relativamente rápido, possibilitando a identificação de espécimes sem que seja necessário um alto nível de especialização taxonômica, ele não prescinde da taxonomia. Um dos pré-requisitos para que a identificação aconteça é a existência de um acervo de referência com sequências atribuídas a um táxon previamente identificado morfológicamente (códigos de barras de DNA ou *DNA barcodes*) (COLLINS; CRUICKSHANK, 2012). Aliás, essa aferição deve ser precisa, sob pena de gerar incertezas na utilização desses acervos (COLLINS; CRUICKSHANK, 2012).

Ademais, para que esse processo seja eficiente, é necessário que o banco de dados consultado seja robusto. A probabilidade de que o *DNA Barcoding* seja bem-sucedido é maior para grupos bem conhecidos e amplamente amostrados, com extenso estudo morfológico e genético (MEYER; PAULAY, 2005). No presente trabalho, o grupo que apresentou maior sucesso na identificação por *barcode* (seis dos oito gêneros identificados) foi Microgastrinae, uma das subfamílias de Braconidae mais bem representadas no BOLD, com cerca de 83% dos gêneros com sequências registradas (FERNANDEZ-TRIANA *et al.*, 2020). Desse modo, a robustez pretendida exigiria uma força-tarefa global e intensa, na medida em que, estimativas de 2010, apontavam que 98% das espécies de insetos ainda não haviam tido suas sequências COI depositadas em uma plataforma como o BOLD (VIRGILIO *et al.*, 2010).

Esse cenário vem se modificando e há grupos e regiões bem representadas nessa biblioteca de sequências, possibilitando a utilização de uma ferramenta versátil para a descrição e o estudo de comunidades e interações entre os seus membros (WIRTA *et al.*, 2016). No entanto, essa não é a realidade brasileira.

A biodiversidade neotropical e destacadamente a biodiversidade brasileira são sub-amostradas e estão pouco representadas na plataforma BOLD. Para a família Braconidae, há 227 registros públicos de sequências COI referentes a espécimes coletados no Brasil, distribuídos em 31 espécies. Apenas sete desses espécimes estão depositados em instituições brasileiras (BOLD SYSTEMS, 2023). Comparativamente, possuem mais registros espécimes coletados em países como: Argentina (883 registros, 13 espécies); Peru (413 registros, 13 espécies); Venezuela (335 registros, 32 espécies); Colômbia (245 registros, 30 espécies); e Equador (236 registros, 94 espécies) (BOLD SYSTEMS, 2023).

Desse modo, a eficiência da utilização de *DNA Barcoding* para a identificação de espécimes no Brasil ainda depende de investimentos em estudo taxonômicos integrativos para que a biblioteca de sequências de referência seja representativa de sua biodiversidade.

Tanto a identificação por *DNA barcoding* quanto a identificação morfológica são diferentes abordagens para uma mesma finalidade, podendo ser igualmente rápidas e confiáveis. Contudo, a utilização de uma ou outra dependerá das circunstâncias concretas, como o repositório disponível para consulta ou o grupo estudado, podendo ser utilizadas concomitantemente inclusive (DAYRAT, 2005).

Sob outra perspectiva, a utilização de BINs, unidades taxonômicas definidas molecularmente, tem se mostrado uma ferramenta prática para a avaliação da diversidade de espécies e sua riqueza em comunidades ecológicas pouco conhecidas e amplamente não descritas e com um repositório de sequências pouco abrangente (DEWAARD *et al.*, 2019; PENTINSAARI *et al.*, 2020b). Apresenta-se, assim, como uma alternativa objetiva à utilização de unidades taxonômicas operacionais baseadas em morfologia (“morfoespécies”) para a quantificação de diversidade (DEWAARD *et al.*, 2019). Como vantagem, ainda, os BINs encontram-se associados a registros permanentes depositados no BOLD (DEWAARD *et al.*, 2019) e permitem que BINs revelados em estudos sejam relacionados a espécies previamente descritas (WIRTA *et al.*, 2016).

A aplicação do BOLD como ferramenta de estimativa do número de espécies coletadas, porém, não está no escopo desse trabalho. Para que isso pudesse ocorrer, a metodologia precisaria ser ajustada, com um maior e mais abrangente esforço amostral por exemplo. No caso, somente cerca de 47,2% dos espécimes analisados tiveram suas sequências COI recuperadas, com diferentes taxas de sucesso entre os ambientes analisados.

Feitas essas considerações, os dados permitem afirmar que, no contexto regional em que o estudo foi realizado, a utilização do *DNA Barcoding* não foi eficiente para a identificação da totalidade dos espécimes. Contudo, mesmo com uma amostragem pontual, foram obtidas cerca de 160 sequências COI, que serão depositadas no repositório BOLD, contribuindo para estudos futuros de identificação e diversidade.

4.3. DESCRIÇÃO DE NOVA ESPÉCIE

Foi verificada a ocorrência de uma nova espécie do gênero *Eubazus* Nees, 1814 (Brachistinae) para o Brasil. Esse gênero é cosmopolita e composto por endoparasitoides cenobiontes solitários de ovos de Coleoptera, principalmente da família Curculionidae (ACHTERBERG, 2000; SHARKEY; ACHTERBERG, 2021).

Esse resultado concorda com Quicke (2015), segundo o qual faunas menos investigadas são mais propensas a revelar um maior número de táxons não descritos. Considerando a amostragem restrita espaço e temporalmente, com 339 espécimes analisados, a descrição de uma nova espécie revela a diversidade subestimada de Braconidae para região Neotropical e Brasil e indica que o seu conhecimento exigirá um amplo esforço de coletas e de novos estudos taxonômicos.

Gênero *Eubazus* Nees, 1814

Espécie tipo (designada por Viereck, 1914): *Eubazus pallipes* Nees, 1814 [lost].

Eubazus sp. n.

(Figuras 12-17)

Descrição. Fêmea (Figura 12). Comprimento do corpo 3,2 mm, comprimento da asa anterior 3,0 mm.

Coloração (Figuras 12, 13). Corpo em sua maior parte amarelo. Área média da região frontal até os ocelos marrom-escuro. Mandíbula amarelo-pálida com dentes marrom-

escuros. Base da antena e flagelômeros marrom-escuros, escapo e pedicelo marrom-amarelados. Área anterior do pronoto marrom-escuro. Mesoscuto com uma mancha marrom-escuro na parte externa dos notáulices. Sulco subalar e dorso da mesopleura marrom-escuro. Área do esternaulo e ventre do mesossoma marrom-escuro. Asas ligeiramente infuscadas, veias e pterostigma marrom-escuro. Pernas amarelas, exceto tibia e tarsos das pernas posteriores, que são marrom-amarelados. Mancha marrom-escuro na face posterior da tibia traseira e na área apical dos dois últimos tergitos.

Cabeça. Coberta de cerdas. Em vista frontal, face setosa, lisa, ligeiramente divergindo posteriormente. Fóvea tentorial profunda. Clípeo cerca de 2 x mais largo do que alto; sua margem ventral esculpida; sutura clipeal distinta (Figura 14). Mandíbula com dente superior mais longo do que o dente inferior. Palpo maxilar com 4 segmentos, palpo labial com 3 segmentos. Face com uma pequena projeção abaixo da base da antena. Fronte lisa, com maior quantidade de cerdas em relação ao restante da cabeça. Vértice liso, esparsamente setoso. Carena occipital completa, unindo-se à carena hipostomal acima da base mandibular. Em vista dorsal, cabeça cerca de 1,3 x mais larga do que longa; distância ocular-ocelar 4,6 x o diâmetro máximo do ocelo lateral, distância pós-ocelar 0,2 x a distância ocular-ocelar; ocelos dispostos de forma elíptica em um triângulo equilátero; têmpora arredondada, com diâmetro transversal do olho 0,7 x mais longo do que a têmpora (Figura 15). Olho em vista lateral 0,9 x mais alto do que largo. Antena com 27 antenômeros. Escapo mais longo do que largo. Pedicelo ligeiramente mais longo do que largo. Primeiro flagelômero com abertura glandular basal na face externa, 1,2 x mais longo do que o segundo. Último flagelômero apicalmente pontiagudo.

Mesosoma (Figura 16). Em vista lateral, 1,4 x mais longo do que alto. Pronoto areolado-rugoso a rugoso-confuso. Propleura com sulco largo em forma de 'V' medialmente. Aba propleural arredondada. Mesoscuto, em vista lateral, arredondado, com uma carena que se encontra anteriormente com os notáulices. Notáulices profundamente areolados, com uma carena longitudinal que começa na área anterior do mesoscuto e termina próximo ao sulco escutelar. Lobo médio do mesoscuto pontuado anteriormente, lobos laterais lisos, esparsamente setosos e com carenas laterais distintas. Sulco escutelar largo e crenulado. Escutelo liso e setoso. Mesopleura setosa, com sulco pré-coxal profundamente marcado e areolado. Carena epicnemial presente. Carena pospectal ausente. Metapleura areolada-rugosa e

esparsamente setosa. Metanoto areolado-rugoso. Propódeo esculturado, com uma carena transversal claramente definida, além de uma carena mediana longitudinal que se estende apenas até a metade anterior do propódeo. Aréola propodeal ausente.

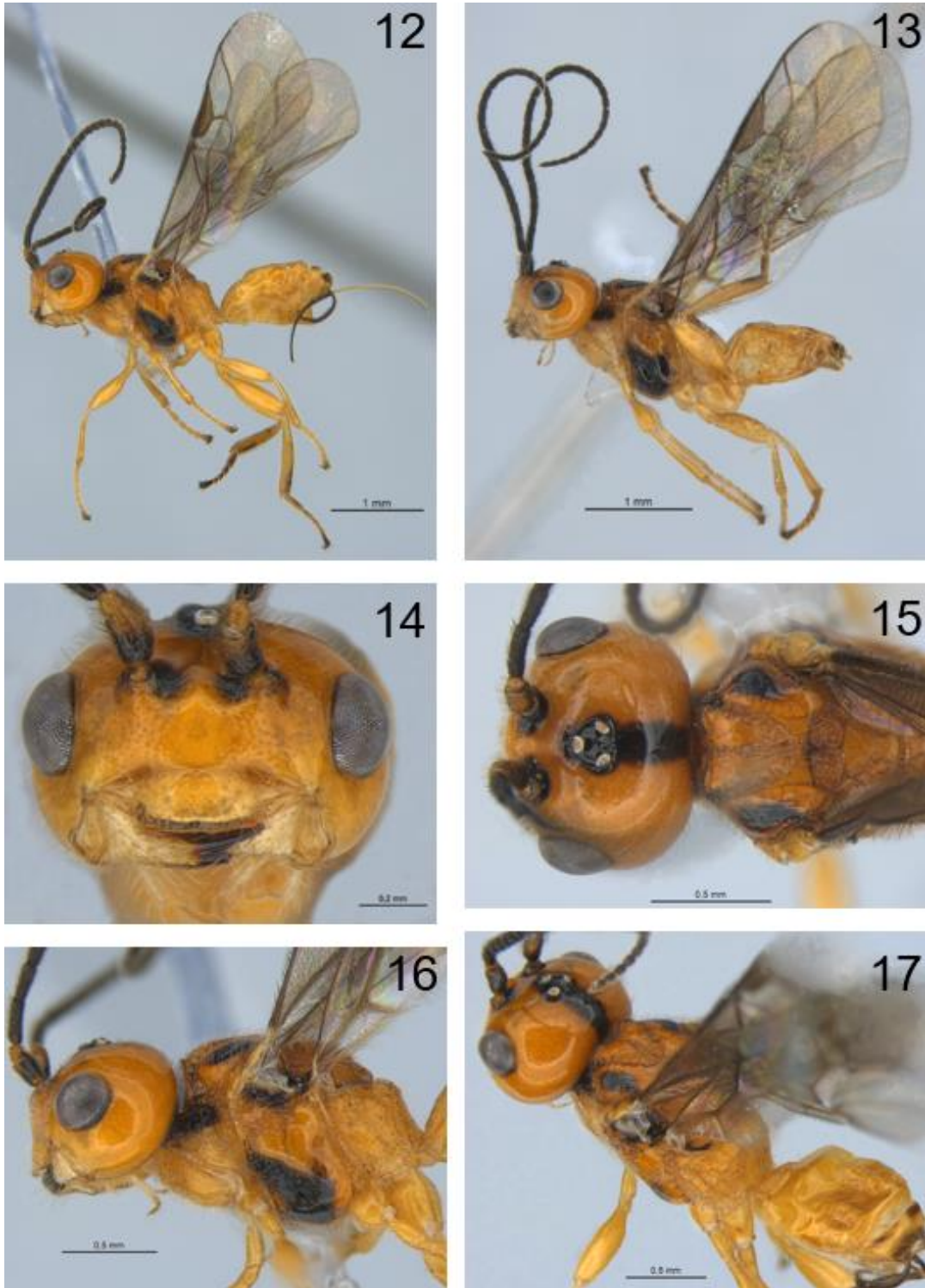
Pernas. Fêmur posterior 3,1 × mais longo do que largo medialmente (Figura 12). Espinho interno da tíbia posterior cerca de 0,4 × o comprimento do basitarso. Garra tarsal simples, sem lobo basal.

Asas. Asa anterior: pterostigma largo, 4,0 × mais longo do que largo, com veia r surgindo de seu meio. Veia r com o mesmo comprimento da largura do pterostigma. Veia 2-SR 2,1 × mais longa do que veia r. Veia SR1+3-RS terminando aproximadamente na metade entre o ápice do pterostigma e o ápice da asa. Veia 1-R1 0,8 × mais longa do que pterostigma. Veia 1-SR ausente. Veia 1-M reta e 1,3 × mais longa do que veia 1-SR+M. Veia cu-a pós-furcal. Veia r-m ausente, portanto, segunda célula submarginal aberta distalmente. Veia transversal CU1b ausente, portanto, segunda célula subdiscal aberta distalmente. Veia CU1a completa, curvando suavemente e alcançando a margem posterior da asa. Veia m-cu antefurcal. Primeira célula subdiscal e primeira célula submarginal presentes. Asa posterior: veia M+CU 1,1 × mais longa do que veia 1-M. Veia 2-SC+R longitudinal. Veia cu-a reta. Célula subbasal grande.

Metassoma. Metassoma 0,7 × mais longo do que cabeça e mesossoma combinados. Primeiro tergito esculturado, sem carena dorsal convergindo basalmente, constricto perto da base com largura apical 1,3 × maior do que seu comprimento e 1,7 × mais longo do que largura basal. Tergitos restantes polidos, majoritariamente glabros. Hipopígio curto, majoritariamente glabro, formando um ângulo reto. Ovipositor e bainhas com quase o mesmo comprimento do metassoma (Figura 12). Bainha do ovipositor setosa, com cerdas distintamente longas em toda a sua extensão.

Macho (Figura 13). Comprimento do corpo 3,1 mm, comprimento da asa anterior 3,1 mm. Cabeça cerca de 1,5 × mais larga do que longa em vista dorsal; distância ocular-ocelar 4,0 × diâmetro do ocelo lateral, distância pós-ocelar 0,3 × distância ocular-ocelar; antena com 30-31 antenômeros; primeiro flagelômero 1,1 × mais longo do que o segundo. Mesossoma 1,5 × mais longo do que alto em vista lateral. Pernas com fêmur posterior 2,8 × mais longo do que largo medialmente. Asa anterior com pterostigma 3,8 × mais longo do que largo; veia r 0,8 × mais longa do que largura do pterostigma; veia 2-SR 2,4 × mais longa do que veia r; veia 1-R1 0,6 × mais longa do que pterostigma; veia 1-M 1,2 × mais longa do que 1-SR+M. Asa posterior com veia

M+CU 1,3 x mais longa do que 1-M. Metassoma 0,5 x mais longo do que cabeça e mesossoma combinados em vista lateral; primeiro tergito com largura apical 0,7 x seu comprimento. No restante, semelhante ao holótipo.



Figuras 12-17. *Eubazus* sp. n. 12-13, hábito, lateral; 12, holótipo, fêmea; 13, parátipo, macho; 14-17, holótipo, fêmea; 14, cabeça, frontal; 15, cabeça, dorsal; 16, cabeça e mesossoma, lateral; 17, hábito, dorsal.

Diagnose. A nova espécie é mais próxima de *Eubazus discrepans* (Papp, 2005) (Brasil) e *Eubazus longitempora* (Papp, 2005) (Colômbia), mas é facilmente separada dessas espécies por ter a asa anterior com a veia SR1+3-SR curva, alcançando a margem da asa entre o pterostigma e o ápice da asa, a asa posterior com a veia cu-a reta e por sua coloração única dentro do gênero, sendo quase inteiramente amarela. A nova espécie também é distinta de *Eubazus longitempora* por não ter a veia CU1b na asa anterior e o lobo da garra tarsal, e de *Eubazus discrepans* por ter o ovipositor mais curto do que o corpo.

Distribuição. Neotropical. Conhecida apenas para a localidade-tipo de São Carlos, São Paulo, Brasil.

Material-tipo. Holótipo: fêmea (#DCBU 520.840), "Brasil-SP, São Carlos, Fazenda Paraizo, S 21° 58' 30" W 47° 49' 40", armadilha Malaise (900 m), 11.ix.2021, A.S. Soares col.". Parátipo: 1 macho (#DCBU 500.304), "Brasil-SP, São Carlos, Fazenda Canchim-EMBRAPA, S 21° 57' 40.24" W 47° 51' 5.40", armadilha Malaise, 10.ix.2021, A. S. Soares & C R. Montoya col.".

5. CONCLUSÕES

No presente trabalho, primariamente, buscou-se identificar em subfamília e gênero os Braconidae coletados em áreas contíguas do município de São Carlos/SP, por meio de caracterização morfológica e molecular, bem como caracterizar a comunidade de Braconidae nessas áreas por meio de índices faunísticos.

A partir da identificação morfológica, todos os indivíduos foram identificados até gênero, exceto os machos da subfamília Microgastrinae. Gêneros da subfamília Cheloninae foram predominantes em seis das oito áreas amostradas (de um total de 11) em que um gênero foi predominante. O sistema silvipastoril foi a área em que se observou maior abundância e riqueza de gêneros de Braconidae, o que possivelmente está relacionado com o ambiente favorável ao grupo, comum em áreas de cultivo agrícola. Por outro lado, maiores diversidade e equitabilidade foram observadas em fragmentos de mata mesófila semidecidual e em matas galerias, em consonância com a alta diversidade biológica esperada para esses tipos de fitofisionomia. Além disso, confirmou-se a maior proporção de gêneros endoparasitoides cenobiontes em relação a ectoparasitoides idiobiontes, que vem sendo observada para a fauna brasileira de Braconidae.

A identificação molecular, por *barcode*, embora relativamente mais rápida do que a morfológica, possibilitou a identificação de apenas uma pequena parcela dos espécimes. Essas particularidades revelam que apesar da mesma finalidade, a utilização de uma ou outra estratégia de identificação pode variar conforme o contexto apresentado. Particularmente quanto à identificação molecular, a baixa taxa de sucesso indica a necessidade de maior robustez da biblioteca de referência de sequências *barcode* e maior inclusão das biodiversidades neotropical e principalmente brasileira, sub-amostradas e sub-representadas na atualidade.

Considerando o caráter exploratório do estudo, conclui-se que houve contribuição para o conhecimento da diversidade de Braconidae principalmente para a região, notadamente pelo depósito de novas sequências COI em biblioteca internacional de sequências de referência e pela descrição de uma nova espécie para o Brasil.

REFERÊNCIAS

- ACHTERBERG, C. van Illustrated key to the subfamilies of the Braconidae (Hymenoptera: Ichneumonoidea). **Zoologische Verhandelingen**, Leiden, v. 283, p. 1-189, 1993.
- ACHTERBERG, C. van. Aphidiinae. *In*: WHARTON, R. A.; MARSH, P. M.; SHARKEY, M. J. (ed.). **Manual of the New World genera of the family Braconidae (Hymenoptera)**. Washington, DC: The International Society of Hymenopterists, 1997. p. 119-131.
- ACHTERBERG, C. van. European species of *Eubazus* aliochinoi-group (Hymenoptera: Braconidae: Helconinae: Brachistini). **Zoologische Mededelingen**, Leiden, v. 74, p. 339-357, 2000.
- ACHTERBERG, C. van; PITZ, K.; SHARKEY, M. J.. **Subfamily Cenocoeliinae**. Kentucky: Hymenoptera Institute, 2021. Disponível em: <https://www.sharkeylab.org/sharkeylab/docs/posts/web/Cenocoeliinae.pdf>. Acesso em: 30 ago. 2022.
- ACHTERBERG, C. van; SHARKEY, M. J. **Orgilinae**. Kentucky: Hymenoptera Institute, 2021. Disponível em: <https://www.sharkeylab.org/sharkeylab/docs/posts/web/Orgilinae.pdf>. Acesso em: 30 ago. 2022.
- ACHTERBERG, C. van; WHARTON, R. A.; SHARKEY, M. J. **Subfamily Homolobinae**. Kentucky: Hymenoptera Institute, 2021. Disponível em: <https://www.sharkeylab.org/sharkeylab/docs/posts/web/Homolobinae.pdf>. Acesso em: 30 ago. 2022.
- ARIAS-PENNA, D. C.; WHITFIELD, J. B.; JANZEN, D. H.; HALLWACHS, W.; DYER, L. A.; SMITH, M. A.; HEBERT, P. D. N.; FERNÁNDEZ-TRIANA, J. L. A species-level taxonomic review and host associations of Glyptapanteles (Hymenoptera, Braconidae, Microgastrinae) with an emphasis on 136 new reared species from Costa Rica and Ecuador. **ZooKeys**, Sofia, v. 890, p. 1-685, 2019. Monograph. <https://doi.org/10.3897/zookeys.890.35786>
- AUSTIN, A. D.; DOWTON, M. The Hymenoptera: an introduction. *In*: AUSTIN, A. D.; DOWTON, M. (ed.). **Hymenoptera: evolution, biodiversity and biological control**. Collingwood, Australia: CSIRO, 1999. Part 1, p. 3-10.
- BENSON, D. A.; CAVANAUGH, M.; CLARK, K.; KARSCH-MIZRACHI, I.; LIPMAN, D. J.; OSTELL, J.; SAYERS, E. W. GenBank. **Nucleic acids research**, Oxford, v. 41, p. 36-42, 2013. doi: 10.1093/nar/gks1195. Epub 2012 Nov 27.
- BLAIMER, B. B.; SANTOS, B. F.; CRUAUD, A.; GATES, M. W.; KULA, R. R.; MIKÓ, I.; RASPLUS, J.-Y.; SMITH, D. R.; TALAMAS, E. J.; BRADY, S. G.; BUFFINGTON, M. L. The Key innovations and the diversification of Hymenoptera. **Nature**, London, v. 14, n. 1212, 2023. Nature Communications. <https://doi.org/10.1038/s41467-023-36868-4>

BOLD SYSTEMS. **Public Data Portal**, 2023. Disponível em: https://boldsystems.org/index.php/Public_SearchTerms. Acesso em: 28 abr. 2023.

CIRELLI, K. R. N.; PENTEADO-DIAS, A. M. Análise da riqueza da fauna de Braconidae (Hymenoptera, Ichneumonoidea) em remanescentes naturais da Área de Proteção Ambiental (APA) de Descalvado, SP. **Revista Brasileira de Entomologia**, Curitiba, v. 47, n. 1, p. 89-98, 2003.

COLLINS, R. A.; CRUICKSHANK, R. H. The seven deadly sins of DNA barcoding. **Molecular Ecology Resources**, Oxford, England, 2012. Opinion. doi: 10.1111/1755-0998.12046

DAYRAT, B. Towards integrative taxonomy. **Biological Journal of the Linnean Society**, London, v. 85, p. 407-415, 2005.

DEWAARD, J. R.; LEVESQUE-BEAUDIN, V.; DEWAARD, S. L.; IVANOVA, N. V.; MCKEOWN, J. T. A.; MISKIE, R.; NAIK, S.; PEREZ, K. H. J.; RATNASINGHAM, S.; SOBEL, C. N.; SONES, J. E.; STEINKE, C.; TELFER, A. C.; YOUNG, A. D.; YOUNG, M. R.; ZAKHAROV, E. V.; HEBERT, P. D. N. Expedited assessment of terrestrial arthropod diversity by coupling Malaise traps with DNA barcoding. **Genome**, Ottawa, v. 62, n. 3, p. 85-95, 2019. dx.doi.org/10.1139/gen-2018-0093

EMBRAPA – Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Pecuária Sudeste. **Estação meteorológica da Embrapa Pecuária Sudeste**. São Carlos/SP, 2023. Disponível em: <http://www.cppse.embrapa.br/meteorologia/index.php?pg=caracterizacao>. Acesso em: 07 mar. 2023.

FAGAN-JEFFRIES, E. P.; COOPER, S. J. B.; BERTOZZI, T.; BRADFORD, T. M.; AUSTIN, A. D. DNA barcoding of microgastrine parasitoid wasps (Hymenoptera: Braconidae) using high-throughput methods more than doubles the number of species known for Australia. **Molecular Ecology Resources**, Oxford, England, v. 18, p. 1132–1143, 2018.

FERNÁNDEZ, F. Sistemática de los himenópteros de la Región Neotropical: estado del conocimiento y perspectivas. *In*: FERNÁNDEZ, F.; SHARKEY, M. J. (ed.). **Introducción a los Hymenoptera de la Región Neotropical**. Bogotá D. C.: Sociedad Colombiana de Entomología y Universidad Nacional de Colombia, 2006. cap. 2, p. 7-36.

FERNANDEZ-TRIANA, J.; SHAW, M. R.; BOUDREAULT, C.; BEAUDIN, M.; BROAD, G. R. Annotated and illustrated world checklist of Microgastrinae parasitoid wasps (Hymenoptera, Braconidae). **ZooKeys**, Sofia, v. 920, p. 1-1089, 2020. Monograph. doi: 10.3897/zookeys.920.39128

FOLMER, O.; BLACK, M.; HOEH, W.; LUTZ, R.; VRIJENHOEK, R. DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. **Molecular marine biology and biotechnology**, Cambridge, MA, v. 3, n. 5, p. 294-299, 1994.

FREITAS, D.; SANTOS, S. A. M. **Atlas histórico socioambiental das regiões hidrográficas de São Carlos - SP**. 2^a. ed. São Carlos: Mota Produções, 2021. Dados eletrônicos (pdf).

GADELHA, S. S. **Taxonomia de Doryctinae (Hymenoptera: Braconidae) na Amazônia brasileira**. 2014. 160 f. Dissertação (Mestrado em Ciências Biológicas) - Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia, Manaus.

GBIF.org (2023), **GBIF Home Page**. Disponível em: <https://www.gbif.org>. Acesso em: abr. 2023.

GRIMALDI, D.; ENGEL, M. S. **Evolution of the Insects**. New York: Cambridge University Press, 2005. 755 p.

HALL, T. A. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. **Nucleic acids symposium series**, London, v. 41, p. 95-98, 1999.

HARRIS, R.A. A glossary of surface sculpturing. **Occasional Papers in Entomology**, Sacramento, C.A., v. 28, 31 p., 1979.

HEBERT, P. D. N.; CYWINSKA, A.; BALL, S. L.; DEWAARD, J. R. Biological identifications through DNA barcodes. **Proceedings of the Royal Society of London**, London, n. 270, p. 313-321, 2003. Series B. doi 10.1098/rspb.2002.22

IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Manual Técnico da Vegetação Brasileira**, 2. ed. Rio de Janeiro: IBGE, n. 1, 2012. 271 p.

JANZEN, D. H.; HALLWACHS, W.; BLANDIN, P.; BURNS, J. M.; CADIOU, J.M.; CHACON, I.; DAPKEY, T.; DEANS, A. R.; EPSTEIN, M. E.; ESPINOZA, B.; FRANCLEMONT, J. G.; HABER, W. A.; HAJIBABAEI, M.; HALL, J. P.; HEBERT, P.D.; GAULD, I. D.; HARVEY, D. J.; HAUSMANN, A.; KITCHING, I. J.; LAFONTAINE, D.; LANDRY, J. F.; LEMAIRE, C.; MILLER, J. Y.; MILLER, J. S.; MILLER, L.; MILLER, S. E.; MONTERO, J.; MUNROE, E.; GREEN, S. R.; RATNASINGHAM, S.; RAWLINS, J. E.; ROBBINS, R. K.; RODRIGUEZ, J. J.; ROUGERIE, R.; SHARKEY, M. J.; SMITH, M. A.; SOLIS, M. A.; SULLIVAN, J. B.; THIAUCOURT, P.; WAHL, D. B.; WELLER, S. J.; WHITFIELD, J. B.; WILLMOTT, K. R.; WOOD, D. M.; WOODLEY, N. E.; WILSON, J. J. Integration of DNA barcoding into an ongoing inventory of complex tropical biodiversity. **Molecular Ecology Resources**; Oxford, England, 9 Supplement, s1, p. 1-26, 2009.

doi: 10.1111/j.1755-0998.2009.02628.x. PMID: 21564960.

JASSO-MARTÍNEZ, J. M.; SANTOS, B. F.; ZALDÍVAR-RIVERÓN, A.; FERNÁNDEZ-TRIANA, J. L.; SHARANOWSKI, B. J.; RICHTER, R.; DETTMAN, J. R.; BLAIMER, B. B.; BRADY, S.G.; KULA, R. R. Phylogenomics of braconid wasps (Hymenoptera, Braconidae) sheds light on classification and the evolution of parasitoid life history traits. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, San Diego, v. 173, n. 107452, 2022. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2022.107452>

JOELE, F. R.; ZALDÍVAR-RIVERÓN, A.; PENTEADO-DIAS, A. M. Six new species of Allorhogas (Hymenoptera, Braconidae, Doryctinae) from south and southeast Brazil with host-plant record. **Journal of Hymenoptera Research**, Washington, D.C., v. 82, p. 199-220, 2021.
<https://doi.org/10.3897/jhr.82.62345>

JONES, O. R.; PURVIS, A.; BAUMGART, E.; QUICKE, D. L. J.. Using taxonomic revision data to estimate the geographic and taxonomic distribution of undescribed species richness in the Braconidae (Hymenoptera: Ichneumonoidea). **Insect Conservation and Diversity**, St. Albans, Hertfordshire, v. 2, p. 204-212, 2009.
doi: 10.1111/j.1752-4598.2009.00057.x

JUILLET, J. A. Some factors influencing the flight activity of hymenopterous parasites. **Canadian journal of zoology**, Ottawa, v. 38, p. 1057-1061, 1960.

JUILLET, J. A. Influence of weather on flight activity of parasitic Hymenoptera. **Canadian journal of zoology**, Ottawa, v. 42, p. 1133-1141, 1964.

KATO, M. M. T.; YAMASHITA, Z. Associative Ecology of Insects Found in the Paddy Field Cultivated by Various Planting Forms. **Sciences Reports of the Tohoku University**, v. 19, p. 291-301, 1952.

KITTEL, R.; SHAW, S.; SHARKEY, M. **Subfamily Cheloninae**. Kentucky: Hymenoptera Institute, 2021. Disponível em: <https://www.sharkeylab.org/sharkeylab/docs/posts/web/Cheloninae.pdf>. Acesso em: 30 ago. 2022. 2021

KRUESS, A.; TSCHARNTKE, T. Species richness and parasitism in a fragmented landscape: experiments and field studies with insects on *Vicia sepium*. **Oecologia**, Berlin, v. 122, p. 129-137, 2000.

LIS, J. T.; SCHLEIF, R. Size fractionation of double-stranded DNA by precipitation with polyethylene glycol. **Nucleic acids research**, Oxford, UK, v. 2, n. 3, p. 383-389, 1975.
doi: 10.1093/nar/2.3.383.

MALAISE, R. A new insect-trap. **Entomologisk Tidskrift**, Stockholm, v. 58, p. 148-160, 1937.

MARSH, P. M. The Doryctinae of Costa Rica (excluding the genus *Heterospilus*) **Memoirs of the American Entomological Institute**, v. 70, p. 1-229, 2002.

MASON, W. R. M.; FERNÁNDEZ, F. Clave para las superfamilias neotropicales de Hymenoptera. In: FERNÁNDEZ, F.; SHARKEY, M. J. (ed.). **Introducción a los Hymenoptera de la Región Neotropical**. Bogotá D. C.: Sociedad Colombiana de Entomología y Universidad Nacional de Colombia, 2006. cap. 10, p. 177-202

MASON, W. R. M.; HUBER, J. T.; FERNÁNDEZ, F. El orden Hymenoptera. *In*: FERNÁNDEZ, F.; SHARKEY, M. J. (ed.). **Introducción a los Hymenoptera de la Región Neotropical**. Bogotá D. C.: Sociedad Colombiana de Entomología y Universidad Nacional de Colombia, 2006. cap. 1, p. 1-6.

MEYER, C. P.; PAULAY, G. DNA Barcoding: Error Rates Based on Comprehensive Sampling. **PLoS Biology**, San Francisco, CA, v. 3, n. 12, e422, p. 2229-2238, 2005. doi: 10.1371/journal.pbio.0030422

MORAES, R. C. B.; HADDAD, M. L.; SILVEIRA NETO, S.; REYES, A. E. L. *Software para análise faunística. In*: SIMPÓSIO DE CONTROLE BIOLÓGICO, 8., 2003. **Anais [...]**. São Pedro, SP: Sociedade Entomológica do Brasil, 2003. p. 195.

NICODEMO, M. L. F.; BORGES, W. L. B.; SOUZA, I. M. D. De. Atributos físicos do solo em quatro sistemas de uso da terra em São Carlos, SP. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, Recife, v.13, n. 2, e5524, 2018. doi:10.5039/agraria.v13i2a5524

NICODEMO, M. L. F.; VINHOLIS, M. M. B.; SANTOS, P. M.; THOLON, P.; PRIMAVESI, O. Sistema agrossilvipastoril implantado com práticas orgânicas em São Carlos, SP. **Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento/Embrapa Pecuária Sudeste**, São Carlos/SP, n. 32, 38 p., abr. 2012. Disponível em: <http://www.cppse.embrapa.br/080servicos/070publicacaogratis/boletim-de-pesquisa-desenvolvimento/Boletim32.pdf/view>. Acesso em: 7 mar. 2023.

PAPP, J. Eleven new *Eubazus* Nees species from the Neotropical Region (Hymenoptera: Braconidae: Brachistinae). **Annales Historico-Naturales Musei Nationalis Hungarici**, Budapest, n. 97, p. 163-195, 2005.

PENTINSAARI, M.; RATNASINGHAM, S.; MILLER, S. E.; HEBERT, P. D. N. BOLD and GenBank revisited: Do identification errors arise in the labor in the sequence libraries? **PLoS ONE**, San Francisco, CA, 2020a. Research Article. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0231814> April 16, 2020

PENTINSAARI, M.; BLAGOEV, G. A.; HOGG, I. D.; LEVESQUE-BEAUDIN, V.; PEREZ, K.; SOBEL, C. N.; VANDENBRINK, B.; BORISENKO, A. A DNA Barcoding Survey of an Arctic Arthropod Community: Implications for Future Monitoring. **Insects**, Basel, v. 11, n. 46, 2020b. doi:10.3390/insects11010046

PEREIRA, A. G. **Uso de armadilhas Malaise como estratégia de avaliação de bioindicadores em agroecossistemas: diversidade e guildas de Braconidae em diferentes mosaicos vegetacionais da Fazenda Canchim (EMBRAPA), São Carlos, SP, Brasil**. 2009. 77 p. Dissertação (Mestrado em Agroecologia e Desenvolvimento Rural) – Universidade Federal de São Carlos, Araras, 2009.

PIELOU, E. C. The measurement of diversity in different types of biological collections. **Journal of theoretical biology**, Amsterdam, v. 13, p. 131-144, 1966.

PRIMAVESI, O.; VINHOLIS, M. M. B.; NICODEMO, M. L. F.; CORDEIRO, C. A.; ESCRIVANI, L. P.; ANTONIO, F. J. A.; SOUZA, G. B. de; NOGUEIRA, A. R. A.; REGITANO, L. C. A.; BERNARDI, A. C. C. Ações de gestão ambiental: o caso da Embrapa Pecuária Sudeste. *In: CONGRESSO DA ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE INSTITUIÇÕES DE PESQUISA TECNOLÓGICA*, 2008, João Pessoa. **Anais [...]**. João Pessoa: ABIPTI, 2008. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/110206/1/Acoes-Gestao-Ambiental-cppse.pdf>. Acesso em: 7 mar. 2023.

QUICKE, D. L. J. **The Braconid and Ichneumonid parasitoid wasps**: Biology, Systematics, Evolution and Ecology. Chichester: Wiley Blackwell, 2015. 681 p.

QUICKE, D. L. J.; SHARKEY, M. J.; ACHTERBERG, C. van. **Braconinae**. Kentucky: Hymenoptera Institute, 2021. Disponível em: <https://www.sharkeylab.org/sharkeylab/docs/posts/web/Braconinae.pdf>. Acesso em: 30 ago. 2022.

RATNASINGHAM S.; HEBERT, P. D. N. BOLD: The Barcode of Life Data System (www.barcodinglife.org). **Molecular Ecology Notes**, Oxford, England, p. 1-10, 2007. doi: 10.1111/j.1471-8286.2006.01678.x

RATNASINGHAM, S.; HEBERT; P. D. N. A DNA-based registry for all animal species: the Barcode Index Number (BIN) System. **PLoS ONE**, San Francisco, CA, v. 8, n. 8, e66213, 2013. doi:10.1371/journal.pone.0066213

RESTELLO, R. M.; PENTEADO-DIAS, A. M. Diversidade dos Braconidae (Hymenoptera) da Unidade de Conservação de Teixeira Soares, Marcelino Ramos, RS, com ênfase nos Microgastrinae **Revista Brasileira de Entomologia**, Curitiba, v. 50, n. 1, p. 80-84, 2006.

RICKLEFS, R. E. Estrutura da Comunidade. *In: A Economia da Natureza*. Tradução: Pedro P. de Lima-e-Silva; Patrícia Mousinho. 5. ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2003. cap. 21, p. 368-387.

SAMBROOK, J.; RUSSEL, D. **Molecular Cloning**: a laboratory manual. 3rd. ed. v. 1. New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2001.

SHANNON, C. E.; WEAVER, W. **The Mathematical Theory of Communication**. Champaign: The University of Illinois Press, 1949. 125 p.

SHARKEY, M. J. Subfamily Key. *In: WHARTON, R. A.; MARSH, P. M.; SHARKEY, M. J. Manual of the New World genera of the family Braconidae (Hymenoptera)*. Washington, DC: The International Society of Hymenopterists, 1997a. p. 39-63.

SHARKEY, M. J. Subfamily Ichneutinae. *In: WHARTON, R. A.; MARSH, P. M.; SHARKEY, M. J. Manual of the New World genera of the family Braconidae (Hymenoptera)*. Washington, DC: The International Society of Hymenopterists, 1997b. p. 303-309.

SHARKEY, M. J. **Subfamily Acampsohelconinae**. Kentucky: Hymenoptera Institute, 2021a. Disponível em: <https://www.sharkeylab.org/sharkeylab/docs/posts/web/Acampsohelconinae.pdf>. Acesso em: 30 ago. 2022.

SHARKEY, M. J. **Subfamily Agathidinae**. Kentucky: Hymenoptera Institute, 2021b. Disponível em: <https://www.sharkeylab.org/sharkeylab/docs/posts/web/Agathidinae.pdf>. Acesso em: 30 ago. 2022.

SHARKEY, M. J.; ACHTERBERG, C. van. **Subfamily Brachistinae**. Kentucky: Hymenoptera Institute, 2021. Disponível em: <https://www.sharkeylab.org/sharkeylab/docs/posts/web/Brachistinae.pdf>. Acesso em: 30 ago. 2022.

SHARKEY, M. J.; FERNÁNDEZ, F. Biología y diversidad de Hymenoptera. *In*: FERNÁNDEZ, F.; SHARKEY, M. J. (ed.). **Introducción a los Hymenoptera de la Región Neotropical**. Bogotá, DC: Sociedad Colombiana de Entomología y Universidad Nacional de Colombia, 2006. cap. 5, p. 93-114.

SHARKEY, M. J.; QUICKE, D. L. J.; SHAW, S. R.; ACHTERBERG, C. van. **Subfamily Rogadinae**. Kentucky: Hymenoptera Institute, 2021. Disponível em: <https://www.sharkeylab.org/sharkeylab/docs/posts/web/Rogadinae.pdf>. Acesso em: 30 ago. 2022.

SHARKEY, M. J.; SHAW, S. R.; ACHTERBERG, K. van; STIGENBERG, J.; ZHANG, Y. M. **Subfamily Euphorinae**. Kentucky: Hymenoptera Institute, 2021. Disponível em: <https://www.sharkeylab.org/sharkeylab/docs/posts/web/Euphorinae.pdf>. Acesso em: 30 ago. 2022.

SHARKEY, M. J.; WAHL, D. B. Superfamilia Ichneumonoidea. *In*: FERNÁNDEZ, F.; SHARKEY, M. J. (ed.). **Introducción a los Hymenoptera de la Región Neotropical**. Bogotá, DC: Sociedad Colombiana de Entomología y Universidad Nacional de Colombia, 2006. cap. 27, p. 287-292.

SHARKEY, M. J.; WHARTON, R. A.; ACHTERBERG, C. van. **Subfamily Macrocentrinae**. Kentucky: Hymenoptera Institute, 2021. Disponível em: <https://www.sharkeylab.org/sharkeylab/docs/posts/web/Macrocentrinae.pdf>. Acesso em: 30 ago. 2022.

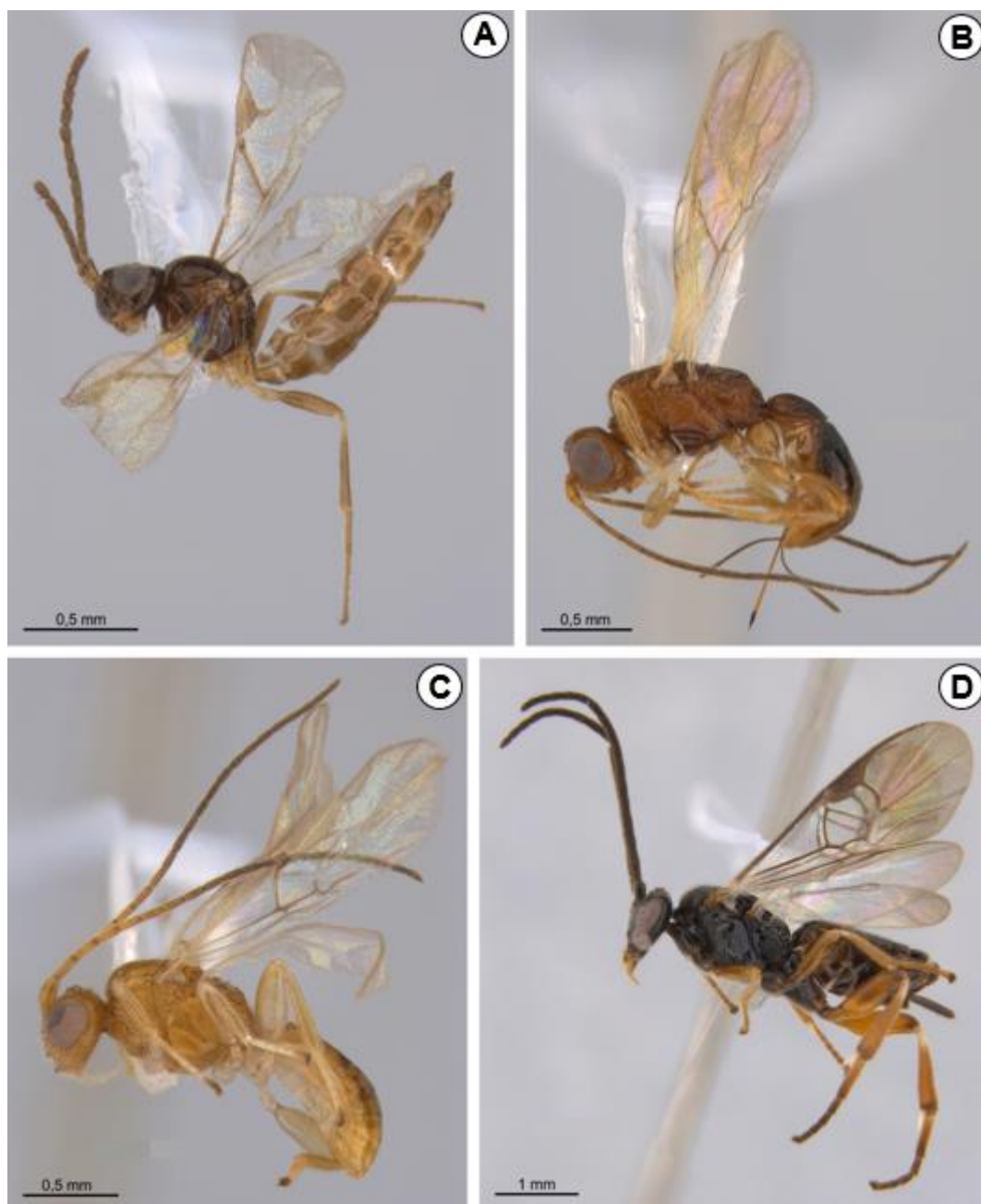
SILVA, L. A. da; SOARES, J. J. Composição florística de um fragmento de floresta estacional semidecídua no município de São Carlos-SP. **Revista Árvore**, Viçosa/MG, v. 27, n. 5, p. 647-656, 2003.

SILVEIRA NETO, S.; NAKANO, O.; BARBIN, D.; NOVA, N. A. V. **Manual de ecologia dos insetos**. Piracicaba, SP: Escola Superior de Agricultura, 1976. 419 p.

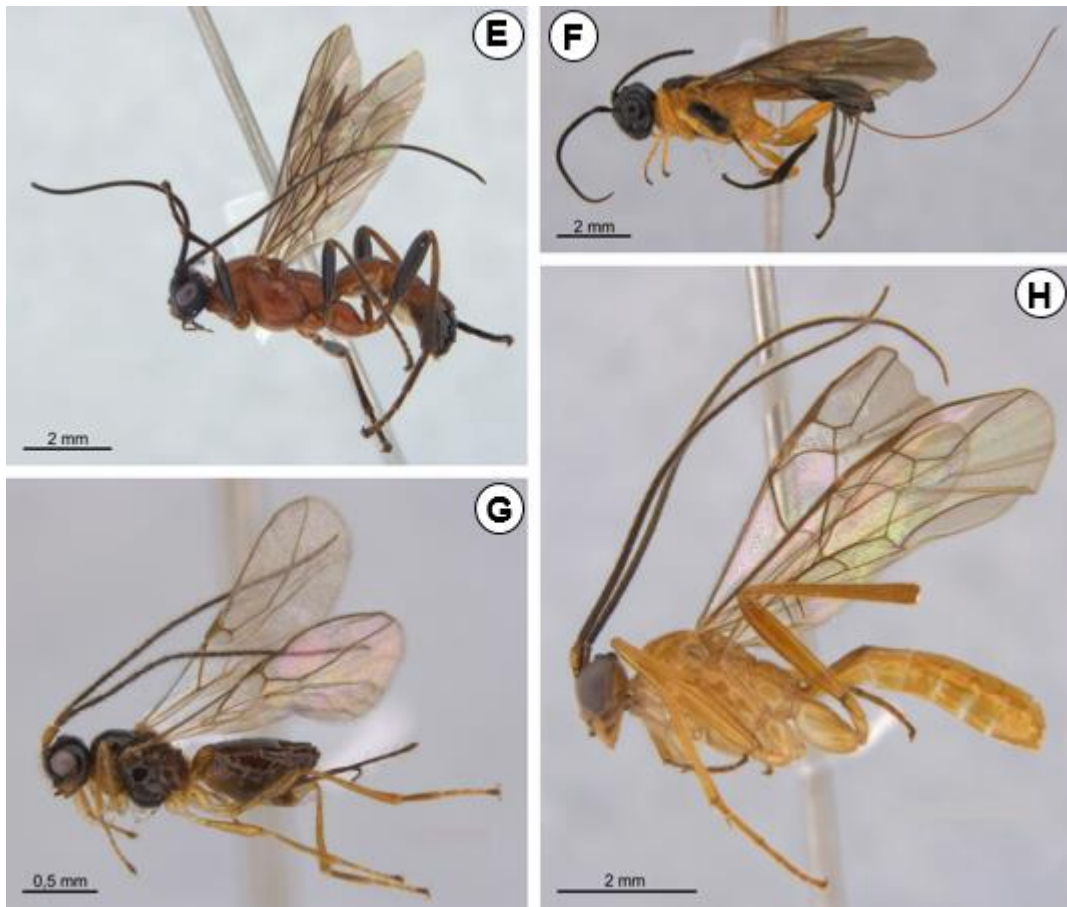
- SKVARLA, M. J.; LARSON, J. L.; FISHER, J. R.; DOWLING, A. P. G. A Review of Terrestrial and Canopy Malaise Traps. **Annals of the Entomological Society of America**, Oxford, v. 114, n. 1, p. 27-47, 2021. Review.
doi: 10.1093/aesa/saaa044
- SOUZA, C. S. **Hymenoptera parasitoides associados à Geometridae (Lepidoptera) em quatro áreas da Fazenda Canchim (Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP) com ênfase nos Microgastrinae (Braconidae) e Campopleginae (Ichneumonidae)**. 2012. 161 p. Dissertação (Mestrado em Ecologia e Recursos Naturais) – Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, 2012.
- STORK, N. E. World of insects. **Nature**, London, v. 448, p. 657-658, 2007. News & views.
<https://doi.org/10.1038/448657a>
- TOWNES, H. A light-weight malaise trap. **Entomological News**, Philadelphia, v. 83, p. 239–247, 1972.
- VIERECK, H. L. Type species of the genera of *Ichneumon* flies. **Bulletin of United States National Museum**, Washington, D.C., n. 83, p. 55, 1914.
- VIRGILIO, M.; BACKELJAU, T.; NEVADO, B.; DE MEYER, M. Comparative performances of DNA barcoding across insect orders. **BMC Bioinformatics**, London, v. 11, n. 206, 2010. Research Article.
<http://www.biomedcentral.com/1471-2105/11/206>
- VIRGILIO, M.; JORDAENS, K.; BREMAN, F. C.; BACKELJAU, T.; DE MEYER, M. Identifying Insects with Incomplete DNA Barcode Libraries, African Fruit Flies (Diptera:Tephritidae) as a Test Case. **PLoS ONE**, San Francisco, v. 7, n. 2, e31581, 2012.
doi:10.1371/journal.pone.0031581
- WHARTON, R. A. Alysinae. *In*: WHARTON, R. A.; MARSH, P. M.; SHARKEY, M. J. **Manual of the New World genera of the family Braconidae (Hymenoptera)**. Washington, DC: The International Society of Hymenopterists, 1997a. p. 85-116.
- WHARTON, R. A.. Subfamily Opiinae. *In*: WHARTON, R. A.; MARSH, P. M.; SHARKEY, M. J. **Manual of the New World genera of the family Braconidae (Hymenoptera)**. Washington, DC: The International Society of Hymenopterists, 1997b. p. 379-395.
- WHITFIELD, J. B. Subfamily Hormiinae. *In*: WHARTON, R. A.; MARSH, P. M.; SHARKEY, M. J. **Manual of the New World genera of the family Braconidae (Hymenoptera)**. Washington, DC: The International Society of Hymenopterists, 1997a. p. 285-301.
- WHITFIELD, J. B.. Subfamily Microgastrinae. *In*: WHARTON, R. A.; MARSH, P. M.; SHARKEY, M. J. **Manual of the New World genera of the family Braconidae (Hymenoptera)**. Washington, DC: The International Society of Hymenopterists, 1997b. p. 333-364.

WIRTA, H.; VÁRKONYI, G.; RASMUSSEN, C.; KAARTINEN, R.; SCHMIDT, N. M.; HEBERT, P. D. N.; BARTÁK, M.; BLAGOEV, G.; DISNEY, H.; ERTL, S.; GJELSTRUP, P.; GWIAZDOWICZ, D. J.; HULDÉN, L.; ILMONEN, J.; JAKOVLEV, J.; JASCHHOF, M.; KAHANPÄÄ, J.; KANKAANPÄÄ, T.; KROGH, P. H.; LABBEE, R.; LETTNER, C.; MICHELSEN, V.; NIELSEN, S. A.; NIELSEN, T. R.; PAASIVIRTA, L.; PEDERSEN, S.; POHJOISMÄKI, J.; SALMELA, J.; VILKAMAA, P.; VÄRE, H.; VON TSCHIRNHAUS, M.; ROSLIN, T. Establishing a community-wide DNA barcode library as a new tool for arctic research. **Molecular Ecology Resources**, Oxford, England, v. 16, n. 3, p. 809-822, 2016.
doi:10.1111/1755-0998.12489

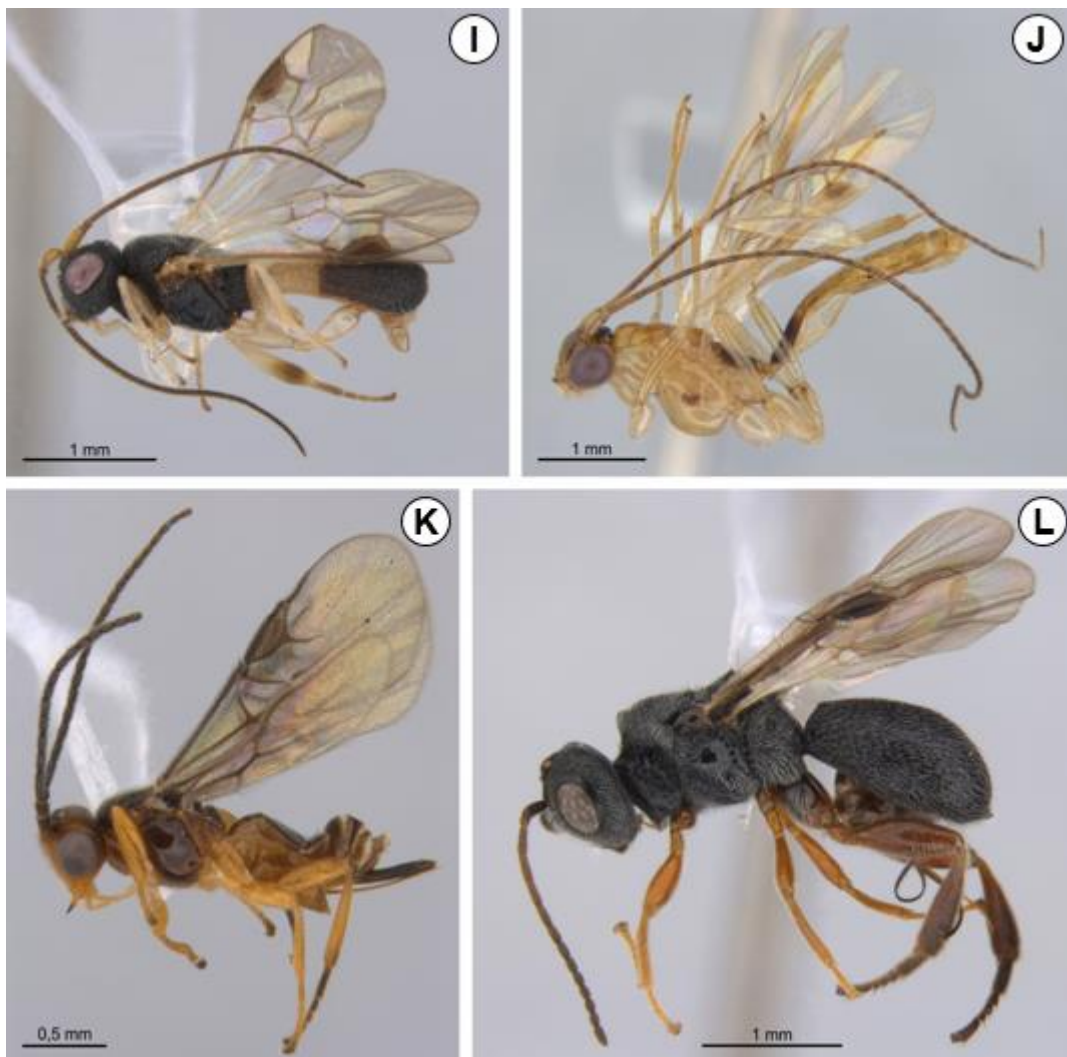
APÊNDICE – Figuras de exemplares de gêneros de Braconidae identificados em fragmentos de mata mesófila semidecidual, áreas de reflorestamento, sistema silvipastoril e matas galerias no município de São Carlos, SP



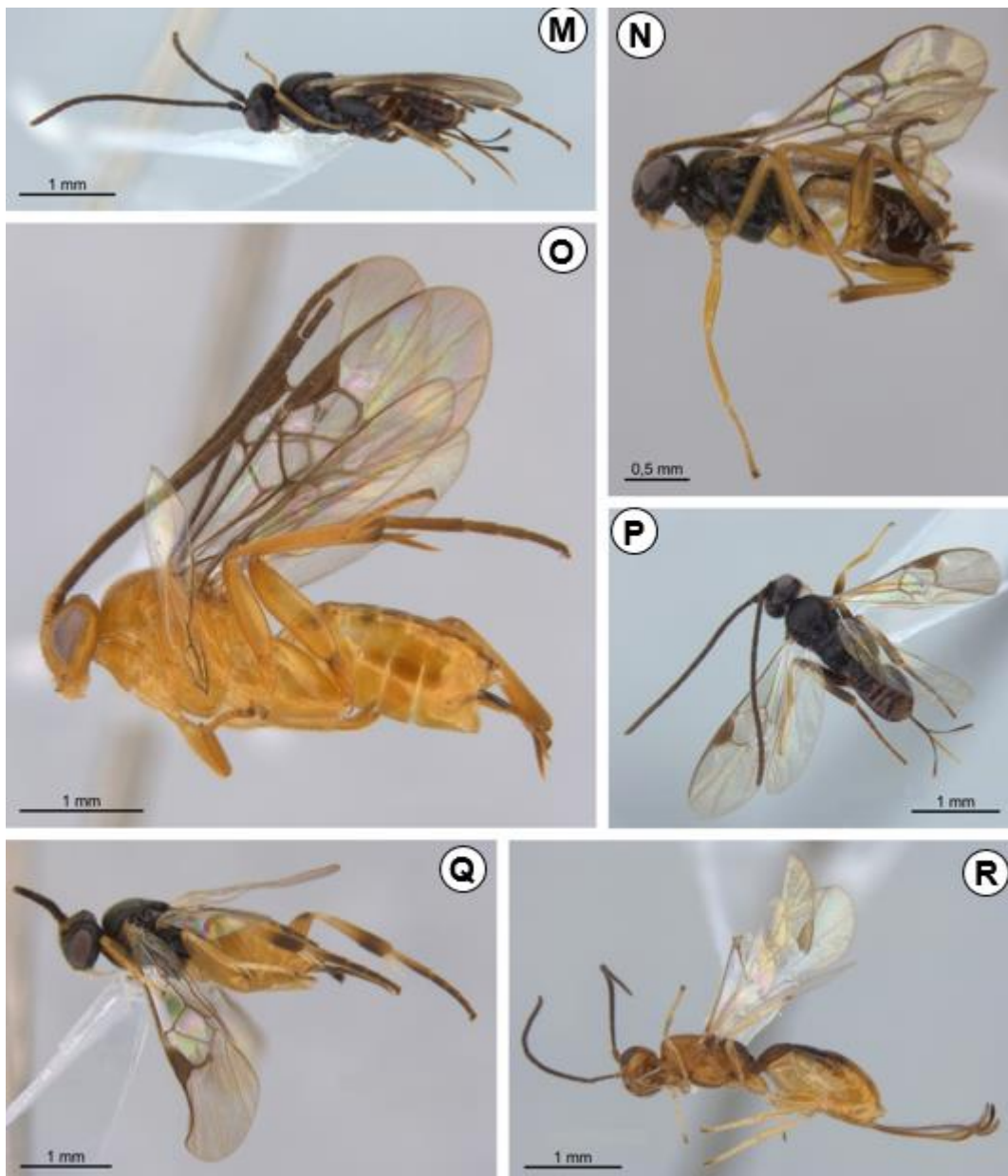
Figuras A-D. Aspecto geral de exemplares de gêneros de Braconidae. A, *Adialytus* sp. (Aphidiinae); B, *Heredius* sp. (Doryctinae); C, *Johnsonius* sp. (Doryctinae); D, *Alphomelon* sp. (Microgastrinae).



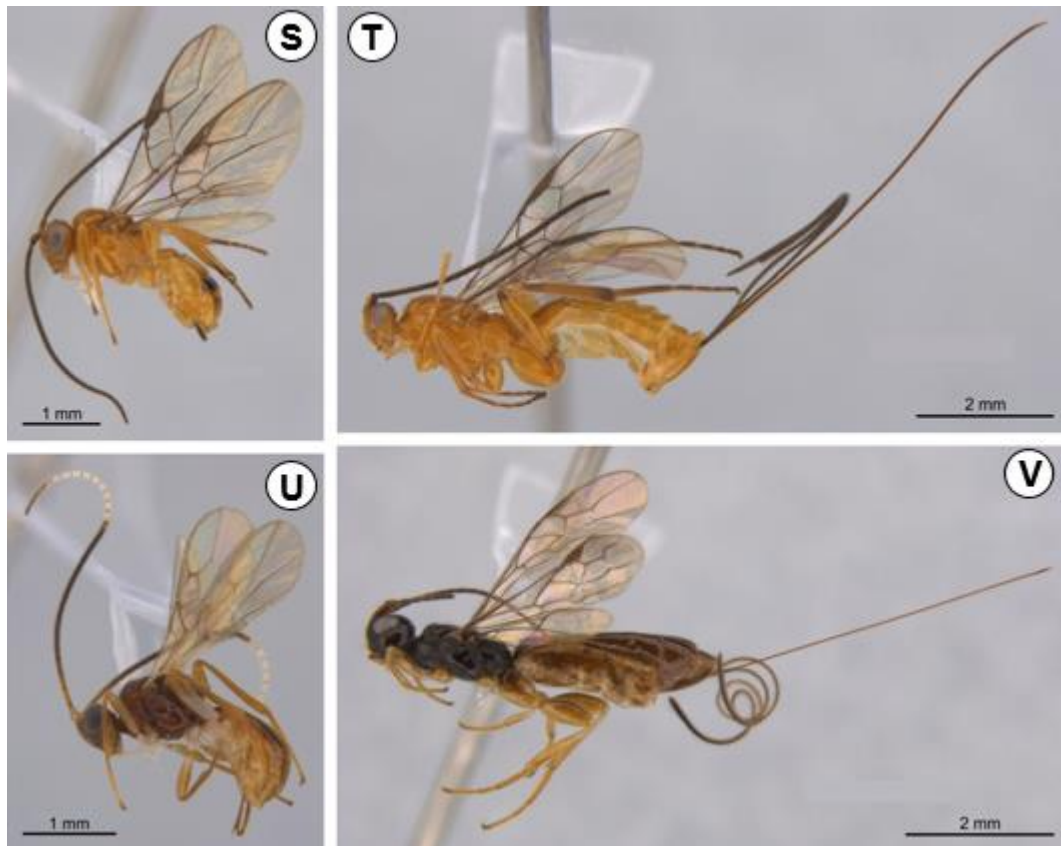
Figuras E-H. Aspecto geral de exemplares de gêneros de Braconidae. E, *Aleiodes* sp. (Rogadinae); F, *Asobara* sp. (Alysiinae); G, *Cenocoelius* sp. (Cenocoelinae); H, *Exasticolus* sp. (Homolobinae).



Figuras I-L. Aspecto geral de exemplares de gêneros de Braconidae. I, *Leptodrepana* sp. (Cheloninae); J, *Macrocentrus* sp. (Macrocentrinae); K, *Paroligoneurus* sp. (Ichneutinae); L, *Urosigalphus* sp. (Acampsohelconinae).



Figuras M-R. Aspecto geral de exemplares de gêneros de Braconidae. M, *Apanteles* sp. (Microgastrinae); N, *Cotesia* sp. (Microgastrinae); O, *Diolcogaster* sp. (Microgastrinae); P, *Dolichogenidea* sp. (Microgastrinae); Q, *Hypomicrogaster* sp. (Microgastrinae); R, *Neoheterospilus* sp. (Doryctinae).



Figuras S-V. Aspecto geral de exemplares de gêneros de Braconidae. S, *Opius* sp. (Opiinae); T, *Orgilus* sp. (Orgilinae); U, *Pambolus* sp. (Pambolinae); V, *Ptesimogastroides* sp. (Doryctinae).