

Caracterização molecular de cepas de *Bacillus thuringiensis* tóxicas ao pulgão-verde- dos- cereais (*Schizaphis graminum*)

Raquel O. Moreira ; Karine S. Carvalho; Daniele H. Pinheiro; Beatriz. A. Barros; Ubiraci G. de P. Lana; Fernando H. Valicente

Pulgão-verde-dos-cereais (*Schizaphis graminum*) (Rondani, 1852) (Hemiptera: Aphididae) é uma praga sugadora do floema de diversas espécies de importância econômica na agricultura. É de grande interesse a busca por plantas resistentes ao ataque, sendo a bactéria *Bacillus thuringiensis* (Bt) (Berliner) (Bacillaceae: Bacillales) uma potente doadora de genes inseticidas que podem ser direcionados à transformação genética de plantas com essa finalidade. O presente trabalho teve como objetivo analisar o perfil molecular de cepas de Bt tóxicas ao *S. graminum*. A presença dos genes *cry4A*, *cry11A*, *cry51* e *vip3A* nas cepas 1636, 1641, 1644, 1648 e HD1, pertencentes ao Banco de Microrganismos da Embrapa Milho e Sorgo, foi avaliada por PCR. Os DNAs das cepas de maior toxicidade para *S. graminum*, 1644 e 1648, foram amplificados com os *primers* referentes aos genes *cry1B*, *cry1C*, *cry1D* e *ecry2Ab*. O RNA total das cepas 1644 e 1648, além de uma cepa de menor efeito tóxico denominada 1636, foi submetido à análise de RT-qPCR para a quantificação de mRNAs correspondentes aos genes *cry2Ab* e *cry1Da* durante todo o ciclo celular de cada cepa. Apenas o gene *vip3A* foi confirmado por sequenciamento em todas as cepas estudadas. Nas cepas 1644 e 1648 foi possível confirmar as identidades dos genes *cry1C*, *cry1D* e *cry2Ab*. Para o gene *cry1B*, o sequenciamento revelou inespecificidade para a cepa 1648 enquanto que o da cepa 1644 apontou 97% de similaridade com o gene *cry9A*. Não foi possível detectar expressão de nenhum dos genes avaliados nas cepas 1644 e 1648. No entanto, foi possível observar a expressão do gene *cry2Ab* na cepa 1636 em todos os tempos avaliados, sendo que a expressão apresentou um aumento gradativo ao longo do tempo, com altos níveis em 48h. Os resultados demonstram a potencialidade dessas cepas como fonte de genes contra *S. graminum* além da necessidade de explorar os mecanismos de regulação para a alta expressão de proteínas Cry, otimizando os processos envolvendo Bt na agricultura.

Palavras-chave: Controle biológico; RT- qPCR; Regulação gênica

Apoio institucional: FAPED, EMBRAPA- CNPMS, UFLA, CNPq.

Filiação institucional: UFLA- Universidade Federal de Lavras E-mail:fernando.valicente@embrapa.br