



ANÁLISE DA DIVERSIDADE GENÉTICA DE *BACILLUS THURINGIENSIS* UTILIZANDO REP-PCR (REPETITIVE ELEMENT POLYMORPHISM) E PERFIL PLASMÍDIAL

Autores:

Rosane Bezerra da Silva (Rua Dom Pedro I 681 casa 2 Progresso Sete Lagoas/MG 35701088 robsl.bio@gmail.com Embrapa Milho e Sorgo) , Edgard Augusto de Toledo Picoli (Universidade Federal de Viçosa- UFV) , Ubiraci Gomes de Paula Lana (Embrapa Milho e Sorgo) , Fernando Hercos Valicente (Embrapa Milho e Sorgo)

Os insetos constituem uma das principais causas de danos à produção agrícola no mundo. O controle de insetos tem sido realizado por meio de agroquímicos e, em menor escala, pelo emprego de inseticidas biológicos. A bactéria entomopatogênica *Bacillus thuringiensis* tem sido utilizada como alternativa nesse controle sendo uma bactéria gram-positiva de solo que produz grandes quantidades de proteínas na forma de cristais, estas que são tóxicas a uma variedade de insetos entre as ordens Lepidoptera, Diptera, e Coleóptera. Apresentam alta variabilidade genética e estão amplamente distribuídas na natureza. O presente trabalho foi realizado para a caracterização de cepas, pertencentes ao banco de *Bacillus thuringiensis* EMBRAPA-CNPMS, quanto ao perfil plasmídial e avaliar a diversidade genética com base nas sequências repetitivas ERIC e Bc-REP. O perfil plasmídial foi avaliado pela migração das bandas em gel de agarose sendo possível visualizar o perfil de 49 das 60 cepas utilizadas. Cepas pertencentes à mesma subespécie apresentaram diferentes migrações de plasmídeos, com exceção das cepas 348L e 462A pertencentes à subespécie *galleriare*. A cepa T09 Bt *tolworthi* apresentou idêntica migração plasmídial com as duas cepas *galleriare* citadas à cima. Assim obtivemos 46 cepas com perfil plasmidiais distintos, fazendo desta técnica uma valiosa ferramenta para discriminar cepas específicas, tornando-se uma ferramenta valiosa em termos de propriedade intelectual e reivindicações. A divergência genética foi avaliada entre 56 cepas utilizando ferramenta com base em PCR utilizando primers específicos para as sequências ERIC e Bc-REP e os fragmentos gerados foram analisados por eletroforese em géis de agarose ou poliacrilamida, dependendo do primers. As distâncias genéticas foram obtidas pelo coeficiente de Jaccard e os agrupamentos foram realizados pelo método UPGMA. Os primers ERIC e Bc-REP detectaram grande divergência genética entre as 56 cepas de *Bacillus thuringiensis* com formação de 21 grupos quando considerado uma distância de 60%. Com essas análises obtemos grupos que parecem estar relacionados com mortalidade e local de coleta, necessitando mais estudos para confirmação.