

### CO.03.06

#### ANÁLISE DA DIVERSIDADE GENÉTICA DE 65 ISOLADOS DE *Bacillus thuringiensis* UTILIZANDO A TÉCNICA DE AFLP

Valicente FH<sup>1</sup>; SILVA RB<sup>1</sup>; Rodrigues TB<sup>2</sup>; Mourão HCM<sup>3</sup>; Boregas KGB<sup>1</sup>; Souza CSF<sup>3</sup>; Silva CGM<sup>3</sup>; Silva CGM<sup>3</sup>; Barros E C<sup>1</sup>; TORRES AAG<sup>3</sup>; MENDONÇA RS<sup>3</sup> - <sup>1</sup>Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Embrapa Milho e Sorgo - Controle Biológico; <sup>2</sup>Universidade Federal de Lavras - UFLA - Biotecnologia; <sup>3</sup>Universidade Federal de São João Del Rei – Agronomia

A variabilidade genética existente entre diferentes isolados de *Bacillus thuringiensis* tem sido estudada principalmente por meio da utilização de técnicas que têm como base a reação da polimerase em cadeia (PCR). Vinte e seis isolados com identificação de subespécie e pertencentes às seguintes Instituições: USDA (United States Department of Agriculture - 9), Instituto Pasteur (9) e Embrapa Milho e Sorgo (8) e outros 39 isolados sem identificação de subespécie, pertencentes à Embrapa Milho e Sorgo foram submetidos a análises da relação genética por meio de AFLP (Polimorfismo de comprimento de fragmentos amplificados com a utilização de iniciadores com corantes fluorescentes), com objetivo de determinar a diversidade genética existente em um grupo de cepas de Bt. Amostra do DNA genômico de cada isolado foi duplamente digerida com as enzimas de restrição EcoRI e MseI, e os fragmentos obtidos foram ligados a adaptadores especiais. Reações de amplificação seletiva foram realizadas utilizando cinco combinações de primers e os fragmentos amplificados foram separados por eletroforese em um sequenciador ABI377. As distâncias genéticas foram obtidas pelo complemento do coeficiente de Jaccard e os agrupamentos foram realizados pelo método UPGMA. As cinco combinações de primers geraram 495 fragmentos dos quais 12 foram monomórficos. Dos vinte e seis isolados com identificação de subespécie, o 344 e o T09 pertencentes à subespécie *tolworthi*, apresentaram maior similaridade (15%), enquanto os isolados HD3 *Bt finitimus* e T24 *Bt neoleonensis* foram os mais distantes geneticamente (92%). Dos isolados sem identificação de subespécie, os que foram coletados no Estado de Goiás apresentaram maior similaridade, formando um grupo com uma distância média de 6%; a subespécie mais próxima deste grupo foi o *thuringiensis* (HD2) com 52% de similaridade. Formaram-se grupos com grande similaridade constituídos de isolados coletados em um mesmo Estado, e outros com isolados coletados em diferentes regiões ou estados. Essa similaridade pode ser devido ao fato de esses organismos receberem material genético por conjugação, pois é comum trazerem de seus ancestrais características evolutivas e adaptativas para a espécie.

**Palavras-chaves:** AFLP, divergência genética, *Bacillus thuringiensis*