



Ocorrência de genes *cry*, *vip* e *cyt* em cepas de *Bacillus thuringiensis* isoladas de solos proveniente do Cerrado brasileiro

Arthur A.G. Torres¹; Rosane B. Silva³; Camila S.F. Souza¹; André H.C. Mourão¹; Priscilla T. Nascimento¹; Donald Manigat¹; Fabrício O. Fernandes¹; Daniele H. Pinheiro³; Jessika L.O. Baum⁴; Fernando H. Valicente²

¹ Universidade Federal de São João del-Rei, Rodovia MG 424 Km 47 35701-970, Sete Lagoas, MG, Brasil. ² Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Embrapa Milho e Sorgo, Rod MG 424 Km 45, Zona Rural, Sete Lagoas, MG, Brasil. ³ Universidade Federal de Lavras – Biotecnologia, - 37200-000, Lavras, MG, Brasil. ⁴ Centro Universitário de Sete Lagoas, R. Pedra Grande, 2268, 35701-970, Sete Lagoas, MG, Brasil.

Bacillus thuringiensis é uma bactéria que pode ser isolada de diferentes ecossistemas. O projeto SISBIOTA tem como objetivo fazer a caracterização da diversidade genética de cepas de *Bt* provenientes de solos em diferentes áreas do Brasil. A PCR (Reação da Cadeia da Polimerase) tem se mostrado uma técnica com elevado nível de eficiência e praticidade na identificação de genes. Setenta e duas amostras de solo foram coletadas em três ecossistemas diferentes dentro do bioma Cerrado, sendo vinte e quatro amostras da área agrícola anual, vinte e quatro da área agrícola perene e vinte e quatro da vegetação nativa. A caracterização molecular foi feita utilizando *primers* específicos para os genes *cry* (*cry1Aa/cry1Ad*, *cry1Ab/cry1Ac*, *cry1C*, *cry1Ea/cry1Eb*, *cry1Fa/cry1Fb*, *cry1Fa1/cry1Fb*, *cry 1I*, *cry 2Aa*, *cry 2Ab*, *cry2Ac*, *cry9B*), genes *vip* (*vip1*, *vip2*, *vip3*, *vip3Aa1*, *vip3Ah1*, *vip3Ae1*, *vip3Ba1*, *vip3Aa2*, *vip3Af1*), e genes *cyt* (*cyt1*, *cyt1Ab*, *cyt1Aa*, *cyt2Ba*). Foram isoladas 521 colônias, das quais 354 foram classificadas como *Bt*, sendo 46,61% provenientes da área agrícola anual, 27,4% da área agrícola perene e 25,98% da vegetação nativa. A caracterização molecular foi feita em 36 amostras selecionadas aleatoriamente. Das 48 ampliações observadas, 37,5% foram encontradas na área agrícola anual a perene. A vegetação nativa apresentou o menor número de ampliações com total de 25%. Os genes *vip2* e *cry1I* foram os mais frequentes (25%), com 12 ampliações cada um, seguidos pelo gene *cry1Aa/cry1Ad* com 5 ampliações (10,4%). Os genes *cry1C*, *cry1Fa/cry1Fb*, *cry2Ac*, *cry9B*, *vip3Ae1*, *vip3Ba1*, *vip3Aa2*, *cyt1*, *cyt1Aa*, *cyt1Ab* e *cyt2Ba* não apresentaram nenhuma amplificação. Amostras de solos provenientes do Cerrado apresentaram uma elevada concentração de *Bt* e uma grande diversidade genética, sendo assim uma ferramenta no controle biológico de insetos-pragas agrícolas, podendo ser utilizados como biopesticidas ou em futuros trabalhos com plantas transgênicas.

Palavras-chave: diversidade genética, controle biológico, *Bacillus thuringiensis*

Apoio: FAPEMIG, ESALQ/USP/FAPESP/CNPq.