



## Isolamento e caracterização molecular de *Bacillus thuringiensis* extraídos em solo da Amazônia brasileira

André H. C. Mourão<sup>1</sup>; Arthur A.G. Torres<sup>1</sup>; Rosane B. Silva<sup>3</sup>; Fernando M. Lanza<sup>1</sup>; Priscilla T. Nascimento<sup>1</sup>; Camila S. F. Souza<sup>1</sup>; Donald Manigat<sup>1</sup>; Fabrício O. Fernandes<sup>1</sup>; Daniele H. Pinheiro<sup>3</sup>; Jessika L. O. Baum<sup>4</sup>; Fernando H. Valicente<sup>2</sup>

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

O *Bacillus thuringiensis* é uma bactéria gram-positiva que é encontrada nos mais diversos ecossistemas, podendo ser isolados de poeira, solo e água. Objetivou-se analisar a diversidade genética de *Bt*, em diferentes formas de ocupação do solo na região amazônica do Brasil. Foram coletadas 72 amostras de solo, sendo 24 amostras de Área Agrícola Anual (AAA), 24 de Área Agrícola Perene (AAP) e 24 de Vegetação Nativa (VN). Desta extração foram isoladas 474 colônias, das quais 265 foram identificadas como sendo *Bt*. 43,77% foram isoladas na AAP, 29,43% da AAA e 26,8% da VN. Deste total, 31 cepas foram sorteadas aleatoriamente, para análise de presença ou ausência de genes, através da técnica da PCR. Para a caracterização molecular foram utilizados primers para os genes cry (cry1Aa/cry1Ad, cry1Ab/cry1Ac, cry 1C, cry1Ea/cry1Eb, cry1Fa/cry1Fb, cry1Fa1/cry1Fb, cry 1I, cry 2Aa, cry 2Ab, cry2Ac, cry9B), vip ( vip1, vip2, vip3, vip3Aa1, vip3Ah1, vip3Ae1, vip3Ba1, vip3Aa2, vip3Af1) e cyt ( cyt1, cyt1Ab, cyt1Aa, cyt2Ba). A possível toxicidade das proteínas codificadas por estes genes os torna potenciais agentes a serem utilizados no controle biológico de diversas pragas não só de interesse agrônomo como também de saúde pública, tais como *Spodoptera frugiperda*, *Helicoverpa zea*, *Diatrea saccharalis*, *Culex spp.*, *Aedes aegypti*, dentre outras. Foram observadas 22 ampliações no bioma Amazônia sendo que a região com maior percentual de amplificação, foi a Área Agrícola Perene com 54,2% e curiosamente a com menor quantidade de genes detectados foi a Vegetação Nativa com 20,8%, tendo a Área Agrícola Anual 25%. O gene *vip2* foi o mais comum encontrado nas amostras, sendo 7 cepas com a presença deste, seguido pelo gene *cry1I* com 6 ampliações. Os genes cry1Ab/cry1Ac, cry1C, cry1Fa1/cry1Fb, cry2Aa, cry2Ac, cry9B, vip1, vip3Aa1, vip3Ae1, vip3Ba1, vip3Aa2, vip3Af1, cyt1Ab e cyt1A não foram amplificados em nenhuma cepa analisada.

**Palavra – chave:** PCR, Primers, Ocupação do solo

**Apoio:** CNPq, FAPEMIG, Funarbe