

### CO.03.05

#### DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE ISOLADOS DE *Bacillus thuringiensis* BASEADA NAS SEQUÊNCIAS REP-PCR

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

*Bacillus thuringiensis* é uma bactéria entomopatogênica Gram-positiva que ocorre naturalmente no solo e produz proteínas na forma de cristais, que são tóxicas a uma variedade de insetos das ordens Lepidoptera, Diptera, e Coleóptera. O aprimoramento de metodologias baseadas em PCR possibilitou a inserção de técnicas para caracterização de microrganismos. Elementos repetitivos intergênicos têm sido descritos em diversas espécies bacterianas, sendo denominados de REP, ERIC e BOX. O presente trabalho foi realizado para avaliar a divergência genética de 26 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 pertencente à Embrapa Milho e Sorgo, com base nas sequências repetitivas REP, ERIC e BOX. Os fragmentos gerados foram analisados por eletroforese em géis de agarose. As distâncias genéticas foram obtidas pelo complemento do coeficiente de Jaccard e os agrupamentos foram realizados pelo método UPGMA. O primer BOX foi o mais informativo, com 26 fragmentos, seguido pelo ERIC (19) e REP (10) totalizando assim 55 fragmentos. No dendograma pode-se observar a formação de dois grupos distintos, sendo um grupo constituído por três isolados com identificação de subespécie pertencentes à Embrapa Milho e Sorgo e o segundo grupo constituído pelos demais isolados. Considerando a média da distância da população, foi definido um ponto de corte de 45%; com isso houve a formação de dez grupos, sendo o grupo 1 com 41,5% dos isolados, incluindo dois isolados do USDA e um da Embrapa Milho e Sorgo com identificação de subespécie; 33,8% dos isolados estão distribuídos nos demais grupos, 24,6% não formaram grupos. Dos isolados pertencentes à Embrapa milho e Sorgo, 53,2% estão em um mesmo grupo com uma distância genética de 45%, outros 29,8% estão distribuídos nos demais grupos e 17,0% não formaram grupos. Os isolados pertencentes aos outros institutos apresentaram maior variabilidade sendo os isolados do USDA mais distantes entre si. REP-PCR mostrou-se uma ferramenta molecular sensível, informativa e rápida, identificando a diversidade genética existente entre isolados de *B. thuringiensis*.

**Palavras-chaves:** REP-PCR, divergência genética, *Bacillus thuringiensis*