



Caracterização molecular de genes *cry 1, 2 e 9* e eficiência de *Bacillus thuringiensis* no controle de *Helicoverpa zea*

André H. C. Mourão¹; Arthur A.G. Torres¹; Rosane B. Silva³; Fernando M. Lanza¹; Priscilla T. Nascimento¹; Camila S. F. Souza¹; 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 (*Bt*) é uma bactéria gram positiva encontrada no solo, na água e em restos vegetais. Devido a sua alta especificidade, e produção de cristais protéicos com atividade inseticida, seu uso se torna uma alternativa eficiente no controle de pragas. Este trabalho teve como objetivos a caracterização molecular de 20 isolados de *Bt* quanto à presença de genes tóxicos à *Helicoverpa zea* e a realização de testes de toxicidade. Foi realizado um teste preliminar para avaliar a presença de Beta-exotoxina, não sendo constatada esta proteína em nenhuma das amostras testadas. Para o teste de toxicidade após crescimento dos isolado de bactéria por 72 horas, em meio LB+sais sólido, e posterior liofilização, foi inoculado em dieta artificial 165 µl da suspensão contendo *Bacillus* na concentração de 5mg/ml. A dieta foi oferecida individualmente para lagartas com três dias de idade durante 5 dias. Para a caracterização molecular foi utilizada a técnica da PCR. Os *primers* utilizados para a detecção dos genes foram *cry1Ab/cry1Ac*, *cry1Aa/cry1Ad*, *cry1Ab*, *cry1I*, *cry2Ab*, *cry1Ac*, *cry2Aa* e *cry9Aa*. Foi possível observar uma variação de mortalidade de 0,00% a 95,83% e presença no mínimo de um e máximo de sete genes por isolado. Observou-se uma mortalidade acima de 60% em sete dos isolados testados, sendo que dois isolados apresentaram mortalidade acima de 86%. Destes sete isolados, quatro apresentaram de seis a sete genes, sendo três com mortalidade acima de 75%. Os dados indicam uma possível correlação entre o número de genes detectados e a eficiência do isolado no controle da *H. zea*, embora um dos isolados com presença de apenas um gene (*cryI*) tenha apresentado eficiência de 70,83%. O gene *cry1I* ocorreu em 75% dos isolados, os genes *cry9Aa* e *cry2Aa* foram os menos comuns, presentes em apenas 10% das amostras. Dessa forma, entre os 20 isolados testados, dois são promissores no controle da *H. zea*, tanto pela quantidade de genes presentes quanto pela alta eficiência.

Palavra - chave: Lagarta-da-espiga, Controle Biológico, Toxicidade, PCR

Apoio: CNPq, PAPEMIG, Funarbe