



Categoria: Doutorado

Biotecnologia e biossegurança

**Caracterização genômica, seleção e expressão heteróloga dos genes
cry de *Bacillus thuringiensis* subsp. *kurstaki* S76 para
o controle de pragas de interesse agrícola**

Leona Henrique Varial de Melo¹, Leonardo Magalhães Cruz², Jean Luiz Simões de Araújo³ e José Ivo Baldani³

¹Bolsista de Doutorado, Universidade Federal do Rio de Janeiro, Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia Vegetal, Embrapa Agrobiologia, leona@ufrj.br

²Professor Adjunto da UFPR, cruzmagalha@gmail.com

³Pesquisador Embrapa Agrobiologia, jean@cnpab.embrapa.br; ibaldani@cnpab.embrapa.br

Bacillus thuringiensis (*Bt*) deposita, no citoplasma de sua célula em esporulação, inclusões cristalinas protéicas com atividade entomopatogênica para larvas de insetos de diversas ordens. Os genes *cry*, que codificam as delta-endotoxinas constituintes desses cristais, normalmente estão localizados em plasmídeos. Na maioria dos casos, o sequenciamento se restringe a fragmentos contendo os genes *cry*. A estirpe S76 de *B. thuringiensis* mostrou alta atividade entomopatogênica contra o inseto *Diatraea saccharalis* que ataca a lavoura canavieira. Neste trabalho, foi realizado o sequenciamento do genoma desta estirpe, em parceria com a empresa FASTERIS S.A., utilizando o sequenciamento em larga escala (tecnologia Illumina). O programa VELVET foi utilizado para montagem de 1061 trechos de sequências contíguas (*contigs*), a partir de sequências mais curtas, e para a formação de um único *scaffold* (rascunho da sequência do cromossomo). Além disso, também foi realizado o sequenciamento dos plasmídeos dessa bactéria, utilizando a tecnologia SOLiD™ em parceria com a UFPR, obtendo-se um número de bases sequenciadas equivalente a 750 vezes o tamanho dos plasmídeos. Por meio de ferramentas de bioinformática, tais como ACT, SHRIMP, etc., estão sendo realizadas as análises dos genes relacionados com a síntese das delta-endotoxinas, bem como a caracterização de seu "contexto genômico" (cromossomo e plasmídeos), incluindo informações de *operons* e sequências regulatórias. Além disso, será possível isolar e clonar pelo menos três genes *cry* relacionados diretamente com a atividade entomopatogênica contra a *D. saccharalis*. A expressão heteróloga desses genes e os bioensaios dessas proteínas permitirão avaliar o seu potencial no controle biológico.

Palavras-chave:

Diatraea saccharalis; controle biológico; expressão de genes *cry*.