

Detecção molecular do gene *Cry4* e *Cry11* e atividade larvicida de bacilos isolados de ambientes Amazônicos para o controle de *Aedes aegypti* Linnaeus, 1762

Ricardo M. Katak¹; Elerson M. Rocha²; Juan C. de Oliveira³; Veranilce A. Muniz⁴; Joelma S. da Silva⁵, Rosemary A. Roque⁶; Antonia Q.L de Sousa⁷; Wanderli P. Tadei⁸.

^{1,2} Programa de Pós-Graduação Multiinstitucional em Biotecnologia. Universidade Federal do Amazonas (UFAM), 69067-005 Manaus-AM, Brasil. E-mail: ricardokatak@hotmail.com ^{3,4} Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia e Recursos Naturais. Universidade do Estado do Amazonas (UEA), 69050-010 Manaus, AM, Brasil. ⁵ Programa de Pós-Graduação em Entomologia. Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia. 69.067-375, Manaus, AM, Brasil. ^{6,8} Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia. ⁶ Faculdade de Ciências Agrárias. Universidade Federal do Amazonas (UFAM), 69067-005 Manaus, AM, Brasil.

Aedes aegypti é considerado o principal vetor dos vírus Dengue, Chikungunya, Zika vírus e Febre amarela urbana. O objetivo deste trabalho foi detectar a presença dos genes *Cry4* e *Cry11* e avaliar o potencial larvicida de bacilos contra larvas de *Ae. aegypti*. Foram utilizadas 21 linhagens, as quais foram selecionados fenotipicamente pelo método de Gram e posteriormente analisadas a presença dos genes *Cry4* e *Cry11*, por PCR. A atividade inseticida foi analisada, a partir de testes de larvas de terceiro estágio de *Ae. aegypti* obtidos das desovas das colônias de *Ae. aegypti*. As condições do experimento foram feitas em temperatura controlada em $26 \pm 2^\circ\text{C}$, umidade relativa de aproximadamente 80% e fotoperíodo de 12 horas. Os resultados dos testes foram avaliados no período de 24 h, 48 h e 72 horas. As linhagens foram caracterizadas fenotipicamente como bacilos e destas 21 linhagens, apenas 11 apresentaram amplicons para os genes *Cry4* e *Cry11*, com tamanho, de 350 pb. As linhagens codificadas como K4, 103PHA, BtAM220, ALPI2, BtAM141, 2w, BtAM74, PHA50, SPLBIO, BtAM61, BtAM6 foram as que codificaram para o gene *Cry4*, enquanto que para o gene *Cry11* apenas a linhagem Bio19 codificou para este gene. O gene *Cry* que codifica proteínas CRY, tem o potencial para controlar populações de diversas ordens de insetos. Considerando os resultados dos bioensaios seletivos no intervalo de 24 horas, somente a linhagem Bio19 apresentou 50,8% de mortalidade. No intervalo de 48 horas, as linhagens BtAM125LB, R11IS2, R13, Bio03, BCLBIO apresentaram respectivamente 51,1%, 87,7%, 62,2%, 51,6% e 55,5%. No intervalo de 72 horas, as linhagens Bio01 e Bio11 apresentaram respectivamente mortalidade de 64,4% e 67,7%. Nos intervalos de leitura. Foi observado também que a maior mortalidade de leitura em 72 horas para as linhagens R11 e Bio19 apresentando, respectivamente 94,4% e 92,2% de mortalidade. Somente as linhagens codificadoras do gene *Cry4* apresentaram o potencial larvicida.

Palavras-chave: Microbiota Amazônica, controle biológico, vetores

Apoio: CAPES/PRO-AMAZÔNIA/ADAPTA/PPI-INPA