

DETERMINACIÓN DE LA PRESENCIA DE GENES *Cry* EN CEPAS NATIVAS DE *Bacillus thuringiensis*

ABRAHAM FUJA QUINTERO¹, JAIRO ALONSO CERÓN SALAMANCA²,
LUIS ALEJANDRO CHAPARRO GIRALDO³

¹Departamento de Biología, Facultad de Ciencias,

²Instituto de Biotecnología,

³Instituto de Genética,

Universidad Nacional de Colombia, Sede Bogotá.

RESUMEN

A partir de dos tipos de muestras, suelo asociado a cultivos de papa (*Solanum tuberosum*) y polvo asociado a sitios de almacenamiento de granos (cereales) colectado en las centrales de Corabastos y Paloquemao en Bogotá, se aislaron 88 cepas nativas de *Bacillus thuringiensis* bacilo grampositivo patógeno de insectos plaga de cultivos agrícolas. De las 88 cepas obtenidas 57 de ellas se escogieron para separarlas posteriormente mediante subcultivos en virtud a sus características fenotípicas al interior de la colonia llevando esto a obtener un número de 145 cepas nuevas para un total de 176 cepas de *B. thuringiensis* caracterizadas morfológicamente y por su patrón de formas de las ICPs mediante microscopía de contraste de fases, y de las proteínas *Cry* arrojado por los perfiles de SDS-PAGE; en el total de cepas hubo presencia predominante de ICPs con forma romboide acompañadas por al menos otras dos formas distintas, y mostraron perfiles electroforéticos de proteínas de peso molecular entre el rango de 130, 116 y 60 kDa. Del total de cepas *B. thuringiensis* nativas aisladas en este estudio, 59 (30 de suelos y 29 de polvo) fueron analizadas mediante la técnica PCR, encontrando que 100% de ellas son portadoras de alguno de los seis tipos de genes *cry1* estudiados *cry1Aa5* (71,2%), *cry1Ab9* (66,1%), *cry1Ac5* (45,8%), *cry1Ba1* (39%), *cry1Ca3* (49,1%), y *cry1Da1* (71,2%); adicionalmente se observó la presencia de productos génicos inespecíficos, posiblemente nuevos, amplificados por la PCR y relacionados con los genes *cry1C* (55,9%), *cry1B* (30,5%) y otros genes *cry1* no estudiados por este método en al menos el 50% de las cepas estudiadas. De acuerdo con estos resultados se estableció un total de 19 genotipos diferentes según los genes *cry1* estudiados, presentados por las cepas nativas en estudio determinando que estos son diferentes en composición genética según la fuente de procedencia del aislamiento, permitiendo establecer estrecha correlación entre el potencial bioinsecticida de las cepas de *B. thuringiensis* y su fuente de aislamiento. Mediante el estudio hecho con PCR en cepas que se separaron a partir de un aislamiento con variabilidad fenotípica al interior de la colonia, se logró establecer que existen diferencias en la composición genética de genes *cry* al interior de una misma colonia según se observa por variabilidad morfológica de la misma. Esto conllevó a la propuesta de una hipótesis de trabajo bajo el concepto ecológico de población de individuos de una misma especie, referida por una parte a una posible distribución de funciones al interior de una colonia de *B. thuringiensis* manifestada por la presencia de individuos que se pueden diferenciar morfológica y genéticamente en algún estadio de su crecimiento cuya interacción podría estar gobernada por principios de organización jerárquica.

Palabras clave: *Bacillus thuringiensis*, genes *cry*.