

Universidade de São Paulo (USP)
 Processo 2000/09049-2
 Vigência: 1/2/2001 a 28/2/2003

O estudo visa à descoberta de novos genes que condicionem resistência à antracnose em milho e feijoeiro por meio do uso de *genomics* funcional e expressão do gene COK-4 previamente clonado em feijoeiro. Os objetivos específicos deste projeto são os seguintes: 1) estudar a expressão do gene COK-4 localizado no *locus* de resistência à antracnose do feijoeiro por meio do uso de técnicas moleculares e localizar outros genes de importância para a função do *locus* Co-4; 2) mapear o gene de resistência à antracnose Co-42 com uso de clones homólogos de Artificial Bacterial Chromosome (BAC) em feijoeiro e saturar esse *locus* com marcadores moleculares de alto polimorfismo, tais como AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) e SNP (Single Nucleotide Polymorphism); 3) isolar genes de resistência à antracnose em milho, utilizando mapas de ligação em milho juntamente com análise de sequências homólogas baseadas no gene Co-4 em feijoeiro e EST (Expressed Sequence Tag) de clones disponíveis em bases de dados; e 4) usar homólogos associados por meio da técnica de *chromosome walk* para subclonar genes funcionais de resistência à antracnose em milho. O trabalho proposto encontra-se estruturado na descoberta recente de que genes de resistência à doença possuem estrutura molecular e função similares mesmo em diferentes espécies.

244 Mapeamento genômico do cromossomo Y bovino

Mônica Regina Vendrame Amarante
 Universidade Estadual Paulista (Unesp)
 Campus de Dracena
 Processo 2000/03917-2
 Vigência: 1/8/2000 a 31/3/2004

O mapeamento genômico comparativo ajuda a elucidar a estrutura do genoma, bem como a evolução cromossômica. Sabendo-se que o genoma de mamíferos é bastante conservado e que há mapas genômicos detalhados para a espécie humana, o estudo do genoma humano permite a extrapolação indireta da informação para muitas espécies, incluindo bovinos. A análise genética de células somáticas é um método largamente empregado na construção de mapas sintênicos. A análise do painel SC permite determinar se um ou mais marcadores estão presentes em um cromossomo bovino específico, porém não é possível determinar a localização precisa dos marcadores em regiões cromossômicas, nem sua ordenação. Isso só é possível com o emprego do painel de células somáticas híbridas irradiadas (Whole Genome-Radiation Hybrid Panel=WG-RH). O método WG-RH é baseado

na análise das quebras cromossômicas ocorridas após os fibroplastos serem submetidos a raios X. Estimando-se a frequência de quebras, e conseqüentemente a distância entre marcadores, é possível determinar sua ordem no cromossomo. Este projeto tem por objetivo o desenvolvimento do mapeamento genético comparativo de bovinos por meio da construção do mapa do cromossomo Y bovino com microssatélites e genes. Para tanto, serão empregados os painéis SC e WG-RH, previamente descritos.

245 Aspectos moleculares de *Magnaporthe grisea* do trigo

Alfredo Seiiti Urashima
 Centro de Ciências Agrárias
 Universidade Federal de São Carlos (UFSCar)
 Processo 1999/12269-5
 Vigência: 1/12/2000 a 31/3/2005

A brusone (*Magnaporthe grisea*) do trigo é uma doença recente e somente encontrada no Brasil. O potencial de dano para a triticultura nacional é de 10% a 11% na produtividade. Não existe nenhuma variedade resistente ou fungicida eficiente para o seu controle. Além disso, o agente causal é diferente da brusone do arroz. Por todas essas características, fica evidenciado que cabe aos pesquisadores do Brasil obter as informações necessárias para o manejo dessa doença. Esse patógeno é o foco deste projeto, que enfoca diversos aspectos moleculares e está subdividido em três partes, a saber: 1) reprodução sexual de *M. grisea* do trigo analisada por meio de técnicas moleculares. Neste estudo, DNA *fingerprints* combinados ao perfil RFLP com sondas de cópia única serão produzidos com isolados de um mesmo campo, a fim de se analisar se a reprodução sexual ocorre nesse patógeno; 2) estudo filogenético de *M. grisea* do trigo. A fim de se estudar a origem dessa doença, RFLP de DNA microcondrial e sonda de cópia simples de *M. grisea* do trigo e de várias gramíneas serão analisadas quanto ao relacionamento entre eles; 3) mapa genético de *M. grisea* do trigo: identificação e mapeamento de marcadores Rapd e Scar ligados a gene de avirulência e *mating type*. Este será o primeiro mapa genético em *M. grisea* do trigo com o objetivo posterior de clonar genes de interesse.

246 Identificação e análise molecular de genes patogênicos envolvidos na interação citros-*Xylella fastidiosa*

Cláudia de Mattos Bellato
 Centro de Energia Nuclear na Agricultura (Cena)
 Universidade de São Paulo (USP)
 Processo 1999/00395-6
 Vigência: 1/8/1999 a 31/8/2004