

aos componentes de produção e verificar a associação de marcadores RFLPs-PCRs (polimorfismos de restrição de fragmentos amplificados), desenvolvidos a partir de ESTs correspondentes a genes expressos durante a interação com *Puccinia melanocephala*, com a resistência a ferrugem em cana-de-açúcar. A construção de um mapa genético utilizando materiais elites do programa Cana IAC auxiliará a validação de marcadores genômicos e funcionais associados a características agrônomicas de interesse (ou lócus de características quantitativas - QTLs), identificadas em outros mapas de cana-de-açúcar, dando suporte na aplicação desses marcadores para a seleção assistida.

006

Interações hospedeiro-parasitoide no desenvolvimento de técnicas para o controle biológico de pragas

Fernando Luís Consoli

Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (Esalq)

Universidade de São Paulo (USP)

Processo 2005/00355-7

Vigência: 1/3/2006 a 28/2/2010

As interações fisiológicas entre hospedeiro e parasitoide são reconhecidas como uma fonte potencial de informações para o aprimoramento e/ou desenvolvimento de novas técnicas no controle de insetos. Para otimizar a exploração do hospedeiro como recurso nutricional, parasitoides desenvolveram estratégias para a regulação do hospedeiro, adequando-o ao seu próprio desenvolvimento. As estratégias utilizadas atuam como mecanismos reguladores de diversos processos fisiológicos e endócrinos ligados à resposta imunológica, ao crescimento, absorção de nutrientes, síntese de proteínas, metabolismo e alocação de recursos energéticos pelo hospedeiro. A regulação desses processos fisiológicos é obtida por meio da inoculação ou secreção de substâncias reguladoras pela fêmea do parasitoide ou pelo imaturo em desenvolvimento. A regulação também pode ser obtida pela secreção de moléculas por tipos celulares específicos associados aos parasitoides ou pela utilização de partículas virais simbiotes que alteram a expressão gênica de tecidos do hospedeiro. Esses mecanismos são, portanto, uma fonte de moléculas reguladoras de processos fisiológicos importantes ao crescimento e desenvolvimento dos insetos. A caracterização e identificação desses mecanismos levarão ao reconhecimento de novas moléculas e/ou à descoberta de novas vias metabólicas e sítios-alvo de ação que poderão ser utilizadas no desenvolvimento e aprimoramento de estratégias de controle de insetos-praga.

007

Leprose dos citros: abordagem molecular e funcional da planta, vírus, vetor e suas interações

Juliana de Freitas Astua

Instituto Agrônomico (IAC)

Secretaria de Agricultura e Abastecimento

Processo 2004/10511-3

Vigência: 1/5/2005 a 30/4/2009

O Brasil, maior produtor mundial de citros, tem na citricultura uma das suas principais atividades do agropênis, gerando um faturamento anual da ordem de US\$ 1,5 bilhão com a exportação de suco concentrado congelado e outros produtos e cerca de 400 mil empregos diretos e indiretos. No entanto, a produtividade da citricultura brasileira ainda é bastante baixa, em grande parte devido a problemas de ordem fitossanitária, com o controle de pragas e doenças representando mais de 60% dos custos de produção. A leprose dos citros, causada pelo *Citrus leprosis virus* (CiLV), tem sido considerada a doença viral de maior importância econômica para a citricultura paulista, devido aos custos associados ao controle do ácaro e ao limitado volume de informações disponíveis sobre o vírus e outros componentes do patossistema. Além da sua relevância na citricultura brasileira, a leprose dos citros vem aumentando de importância no cenário internacional, uma vez que foi recentemente relatada em pomares na América Central e, aparentemente, vem-se disseminando em direção ao norte do continente. Vários grupos de pesquisadores têm tentado, ao longo dos anos, obter informações sorológicas e moleculares acerca desse patógeno, com poucos resultados em função do baixo título do vírus nos tecidos e dificuldades de purificação. No entanto, o grupo dos solicitantes tem-se dedicado a uma abordagem de caracterização molecular do vírus com resultados bastante promissores. Vale ressaltar a obtenção das primeiras sequências do genoma do CiLV, o desenvolvimento do primeiro método molecular para a diagnose da leprose, além de dados preliminares sobre a detecção do vírus no interior de ácaros vetores e sobre a variabilidade do CiLV. No entanto, há ainda um volume de questões que precisam ser respondidas sobre vários aspectos do patossistema. Por isso, propõe-se estudar cada componente desse patossistema isoladamente, bem como suas interações. Pretende-se com este projeto completar o sequenciamento do CiLV, determinar as ORFs envolvidas em patogenicidade e/ou virulência do vírus, sequenciar parcialmente o genoma do ácaro vetor, *Brevipalpus phenicis*, avaliar a manifestação de sintomas em diferentes genótipos de citros e a expressão gênica diferencial de plantas de citros resistentes e suscetíveis à leprose. Propõe-se também determinar qual o papel da bactéria endossimbionte associada ao *Brevipalpus* na transmissão do CiLV. Vale ressaltar que o grupo preponente já possui infraestrutura de sequenciamento, como participante dos projetos Genoma FAPESP e, mais recentemente, no Instituto do Milênio do MCT. No entanto, o sequenciamento de ESTs de plantas infestadas com ácaro e/ou infectadas com o vírus não se encontra incluído no referido projeto.

Acredita-se que, com os resultados obtidos a partir deste projeto, grande quantidade de informação coordenada será obtida sobre a leprose dos citros, possibilitando um entendimento maior e chegando a possíveis estratégias mais racionais para seu controle. Uma vez que este projeto envolve diferentes áreas do conhecimento como acarologia, genética, biologia básica, biologia molecular, ecologia, fitopatologia, virologia vegetal, bioinformática, entre outras, acredita-se que os benefícios trazidos pelo projeto serão evidentes, por meio da formação de uma equipe competente dedicada a compreender e ajudar a resolver um dos maiores problemas da citricultura paulista. Também a presença de estudantes de graduação e pós-graduação, além de pós-doutores no projeto, será de grande utilidade para a formação de pessoal capacitado nas diversas áreas envolvidas, com o objetivo de se resolver problemas reais e importantes mediante auxílio da biologia molecular e outras áreas.

008

Efeitos do algodão geneticamente modificado para resistência a insetos em organismos não alvo

Ítalo Delalibera Júnior

Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (Esalq)

Universidade de São Paulo (USP)

Processo 2003/00077-1

Vigência: 1/12/2003 a 30/11/2008

Um dos fatores pelo qual plantas geneticamente modificadas (GM) ainda não estão disponíveis aos agricultores brasileiros é a exigência por parte dos órgãos competentes do governo federal de ampla avaliação sobre os riscos de impactos ambientais das diferentes alterações genéticas. Uma das alterações genéticas com maior aplicação atualmente é a inserção de genes da bactéria *Bacillus thuringiensis* que produzem toxinas inseticidas em plantas. Espera-se com os estudos propostos neste projeto abordar importantes questões científicas sobre o impacto do algodão geneticamente modificado para resistência a insetos (algodão Bt) em ácaros predadores generalistas e na diversidade de bactérias e ácaros do solo. Estes grupos bioindicadores foram selecionados pelas importantes funções que exercem no agroecossistema, pelos riscos potenciais elevados que apresentam devido à exposição direta a essas toxinas e por serem organismos pouco representados nas análises de impacto de transgênicos. Bactérias e ácaros do solo estarão expostos às toxinas Bt presentes em exudatos radiculares e também quando atuarem na decomposição dos restos culturais das plantas transgênicas. Ácaros predadores da família Phytoseiidae são importantes no controle natural de ácaros fitófagos e também se alimentam de pólen e exudatos de plantas que podem conter as toxinas ativas do Bt. Alterações induzidas pelo plantio de algodão Bt na diversidade bacteriana global e diversidade

das bactérias fixadoras de nitrogênio dos solos serão analisadas pela comparação dos padrões do DNA ribossômico de bactérias amplificadas diretamente do complexo de DNA de solos cultivados com variedades transgênicas e com variedades não transgênicas utilizando-se as técnicas T-RFLP e Ardra (do inglês, *terminal restriction fragment length polymorphism* e *amplified rDNA restriction analysis*), respectivamente. As densidades de bactérias decompositoras de celulose serão quantificadas em meios de cultura contendo carboximetilcelulose e corante vermelho congo para visualização de celulasas. O impacto do algodão Bt em ácaros predadores será determinado comparando-se a sobrevivência, desenvolvimento, reprodução, preferência e capacidade predatória de ácaros alimentados de pólen e exudatos de plantas transgênicas e não transgênicas. A execução deste projeto proporcionará a formação de um laboratório de avaliação de riscos de organismos geneticamente modificados localizado no prédio de quarentena da Embrapa Meio Ambiente em Jaguariúna-SP.

009

Análise molecular do *Lettuce mottle virus* (LMoV) e levantamento do *Lettuce mosaic virus* (LMV) nos campos de produção de alface do Estado de São Paulo utilizando técnicas moleculares

Renata Krause Sakate

Faculdade de Ciências Agrônomicas de Botucatu

Universidade Estadual Paulista (Unesp)

Processo 2001/07140-5

Vigência: 1/10/2001 a 31/10/2005

O vírus do mosqueado da alface (*Lettuce mottle virus*, LMoV) e o vírus do mosaico da alface (*Lettuce mosaic virus*, LMV) são considerados duas das principais viroses que comprometem o cultivo da alface no Estado de São Paulo. Baseado em propriedades biológicas e sorológicas, o LMoV está classificado no gênero sequivirus, porém não existe nenhum dado em nível molecular para este vírus. Diante disso, um dos objetivos deste trabalho é de caracterizá-lo molecularmente. A clonagem e sequenciamento de partes do genoma do LMoV fornecerão dados sobre a constituição e organização do genoma deste vírus, facilitando o seu posicionamento taxonômico. Os clones do LMoV serão utilizados como sonda em testes de hibridação molecular. Este teste será utilizado para a realização de um levantamento epidemiológico nos campos de produção de alface do Estado de São Paulo, para presença do LMoV. Estas mesmas amostras serão testadas por PCR para a presença de isolados de LMV do grupo Most (*mol-breaking seed transmitted*), que constituem um sério entrave à produção de alface. Este projeto também prevê a estruturação de um laboratório de Virologia Vegetal Molecular, voltado para o estudo das interações moleculares vírus-planta, com caráter interdisciplinar, auxiliando em