

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