

A linhagem selvagem N123 de *Saccharomyces cerevisiae* foi mutagenizada com etil-metano-sulfonato (EMS) por Henriques e Moustacchi (Genetics 95:273-288., 1980) e as colônias resultantes foram selecionados para sensibilidade aumentada a psoralenos em relação à linhagem original. Os mutantes *pso1*, *pso2*, *pso3*, *pso5*, *pso6* e *pso7* assim selecionados foram estudados anteriormente e desempenham papéis importantes nos sistemas de reparação de DNA, recombinação, mutagênese e/ou proteção celular contra agentes adversos (Henriques e Brendel, Curr. Genet. 18:387-393, 1990; Querol et al., Curr. Genet. 25: 407-411, 1994). Dezoito novos mutantes desta mesma origem estão sendo analisados quanto à sensibilidade a fotoadição de psoralenos mono e bifuncionais, mustardas nitrogenadas, UV-254 nm, 4-NQO e agentes oxidantes como Peróxido de Hidrogênio e Paraquat. A caracterização genotípica destes mutantes dará uma indicação da importância dos respectivos genes quando em seu funcionamento, podendo ser utilizada posteriormente na estratégia de clonagem dos genes de maior interesse. A clonagem desses genes a partir do genoma selvagem de levedura permitirá a análise a nível molecular de seus produtos e consequentemente de suas funções no metabolismo celular.