

IDENTIFICAÇÃO DE GENES DIFERENCIALMENTE REGULADOS DURANTE O DESENVOLVIMENTO DO FRUTO DAS CULTIVARES DE UVA ISABEL E ISABEL PRECOCE (*Vitis labrusca*)

Passaia, Gisele^{1,2,3}; Sbeghen, Fernanda.²; Margis-Pinheiro, Márcia^{1,3}; Revers, Luís Fernando²

¹ Programa de Pós-Graduação em Biologia Celular e Molecular – Centro de Biotecnologia/UFRGS – e-mail: gisapassaia@gmail.com

² Laboratório de Biologia Molecular Vegetal - Embrapa Uva e Vinho – e-mail: fsbeghen@gmail.com, luis@cnpuv.embrapa.br

³ Departamento de Genética - IB/UFRGS – e-mail: marcia.margis@ufrgs.br

A maturação precoce é uma característica agrônômica desejada em cultivares de videira, pois permite a ampliação do período de processamento na vitivinicultura tradicional, e também a obtenção de duas safras por ano em regiões tropicais. Portanto, a compreensão da regulação da expressão gênica associada à maturação do fruto torna-se um pré-requisito essencial ao desenvolvimento de ferramentas aplicadas ao melhoramento genético que possibilitem, por exemplo, a modificação do amadurecimento. Este trabalho teve como objetivo, obter uma coleção de genes diferencialmente expressos durante a maturação do fruto das cultivares Isabel e Isabel Precoce, utilizando-se a tecnologia da cDNA-AFLP. RNA total de frutos em três estádios de maturação (coletados aos 10, 40 e 83 dias após o final da floração) foi utilizado para síntese de cDNAs estágio-específicos. Trinta combinações de iniciadores *MseI* (+1,+3) e *EcoRI* (+1,+2) foram utilizadas na amplificação final, gerando, 326 fragmentos derivados de transcritos (TDFs), correspondendo à genes com perfil de expressão diferencial durante o desenvolvimento do fruto. Os TDFs foram excisados do gel de poliácridamida, reamplificados, clonados em vetores apropriados e sequenciados. Utilizando ferramentas de bioinformática disponíveis publicamente, foram analisados 11 clones, destes, quatro clones apresentaram seqüências homólogas a outras espécies do gênero *Vitis* e relacionadas à transcritos presentes no processo de floração e no estágio de maturação conhecido como *verasión*, três clones apresentaram homologia com seqüências de outras espécies vegetais como arroz, milho e *Arabidopsis thaliana*, dois clones apresentaram similaridade com seqüências de bactérias, como *Escherichia coli*, por exemplo, e outros dois clones não obtiveram similaridade identificada com seqüências depositadas nos bancos de dados e, portanto, podem representar seqüências novas para o gênero *Vitis*. (Apoio financeiro - FAPERGS, CNPq e EMBRAPA Uva e Vinho).

Palavras chave: *Vitis*, cDNA-AFLP, expressão gênica, desenvolvimento do fruto