

33 **Avaliação da expressão e identificação de genes diferencialmente regulados durante o desenvolvimento do fruto das cultivares de uva Isabel e Isabel Precoce (*Vitis labrusca*)**

Gisele Passaia^{1,2,3}; *Fernanda Sbeghen*²; *Márcia Margis-Pinheiro*^{1,3}; *Luis Fernando Revers*

A maturação precoce é uma característica agrônômica desejada nos programas de melhoramento genético de uvas, 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 seleção assistida e 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 a genes potencialmente diferentemente expressos durante o desenvolvimento do fruto. Os TDFs foram excisados do gel de poliacrilamida, reamplificados, clonados em vetores apropriados e sequenciados. Através das ferramentas de bioinformática disponíveis publicamente, foram analisados onze clones, sendo que destes, quatro clones apresentaram seqüências homólogas a outras espécies do gênero *Vitis* e relacionadas a transcritos presentes no processo de floração e no estágio de maturação conhecido como verasião, 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).

¹ Programa de Pós-Graduação em Biologia Celular e Molecular, Centro de Biotecnologia, UFRGS. gisapassaia@gmail.com

² Laboratório de Biologia Molecular Vegetal, Embrapa Uva e Vinho, Caixa Postal 130, 95700-000 Bento Gonçalves, RS. fsbeghen@gmail.com; luis@cnpuv.embrapa.br

³ Departamento de Genética, IB/UFRGS. marcia.margis@ufrgs.br