

CONSTRUÇÃO DE BIBLIOTECAS REPRESENTANDO GENES ESTÁDIO-ESPECÍFICOS DURANTE O DESENVOLVIMENTO INICIAL DO FRUTO DA CULTIVAR DE UVA SEM SEMENTE THOMPSON SEEDLESS

Silva, Danielle Costenaro da^{1, 4, *}; Henriques, João Antônio Pegas^{1, 2, 3, *}; Pasquali, Giancarlo^{1,4, *}; [Revers, Luís Fernando](#)⁵

¹Programa de Pós-Graduação em Biologia Celular e Molecular, Centro de Biotecnologia – UFRGS - e-mail: danielleccs@cbiot.ufrgs.br

²Departamento de Biofísica – IB-UFRGS- e-mail: pegas@cbiot.ufrgs.br

³Instituto de Biotecnologia, Universidade de Caxias do Sul –UCS

⁴Laboratório de Biologia Molecular Vegetal – Departamento de Biotecnologia – IB-UFRGS – email: pasquali@cbiot.ufrgs.br.

⁵Laboratório de Biologia Molecular Vegetal - Embrapa Uva e Vinho – e-mail: luis@cnpuv.embrapa.br.

Devido à importância agro-econômica da ausência de sementes para a obtenção de novas cultivares de uvas de mesa, a compreensão da regulação da expressão gênica, associada à formação da semente, torna-se um pré-requisito essencial para o desenvolvimento de ferramentas aplicadas ao melhoramento genético. O objetivo desse projeto foi obter uma coleção de genes diferencialmente expressos durante o desenvolvimento inicial de frutos da cultivar apirênica Thompson Seedless, fazendo uso da metodologia de representação diferencial de transcritos (RDA). Frutos da cultivar Thompson Seedless, coletados a partir do estabelecimento do fruto (FS) e em intervalos regulares de duas semanas até a oitava semana de desenvolvimento (DF2, DF4, DF6 e DF8 respectivamente) foram utilizados para a extração de RNA total e síntese de cDNAs. Seis bibliotecas representando genes estádio-específicos foram construídas: três utilizando-se uma etapa de subtração e três utilizando-se duas etapas de subtração sucessivas. Em ambos os casos a estratégia de subtração foi: FS vs. mistura equimolar de DF4 +DF8; DF4 vs. mistura equimolar de FS + DF8 e DF8 vs. mistura equimolar de FS + DF4. Até o momento, 833 clones sequenciados foram analisados utilizando-se ferramentas de bioinformática, permitindo a identificação de 377 fragmentos derivados de transcritos (TDFs) estádio-específicos (FS: 264, DF4: 67 e DF8: 45). No estádio FS, 169 TDFs formaram 10 agrupamentos (clusters) e 95 foram classificados como únicos (singletons), no estádio DF4, 45 TDFs formaram 6 clusters e 23 formaram singletons; e no estádio DF8, 32 TDFs formaram 6 clusters e 13 formaram singletons. 456 TDFs foram identificados e classificados em mais de um estádio de desenvolvimento. Essas bibliotecas serão utilizadas para identificação de uma coleção de genes estádio-específicos cujo perfil de expressão será avaliado em genótipos diferentes e ao nível tissular. (Apoio financeiro: Embrapa Uva e Vinho, CNPq e FAPERGS).

Palavras-chave: apirenia, RDA, *Vitis vinifera*, expressão diferencial.