

CARACTERIZAÇÃO DO PERFIL DE GENES DIFERENCIALMENTE REGULADOS DURANTE O DESENVOLVIMENTO DO FRUTO NAS CULTIVARES ISABEL E ISABEL PRECOCE

Gisele Passaia (iniciação científica-empresa), Luís Fernando Revers (orientador), Fernanda Sbeghen (bolsista de Iniciação Científica da Embrapa Uva e Vinho), Giancarlo Pasquali (Professor Adjunto da UFRGS) - Laboratório de Biologia Molecular Vegetal - Embrapa Uva e Vinho, Universidade do Vale do Rio dos Sinos - UNISINOS - gisapassaia@hotmail.com

As uvas americanas e híbridas representam mais de 80% do volume de uvas processadas no Brasil para a elaboração de vinhos de mesa e suco de uva. A cultivar Isabel responde por cerca de 50% desse volume. No entanto, independentemente da região de cultivo no Brasil, a cultivar Isabel Precoce apresenta maturação antecipada de 33 dias em relação à cultivar parental Isabel. A característica de antecipação da maturação na cultivar Isabel Precoce pode ser destinada para a ampliação do período de processamento na vitivinicultura tradicional, na região Sul, onde o clima é subtropical, e também para obtenção de duas colheitas durante o período de estiagem nas regiões tropicais. A compreensão da regulação da expressão gênica associada ao desenvolvimento do fruto faz-se necessária como pré-requisito essencial ao desenvolvimento de ferramentas aplicadas ao melhoramento genético - que possibilitem, por exemplo, elaboração de ferramentas para seleção assistida e modificação do amadurecimento. Este trabalho teve como objetivo, portanto, obter uma coleção de genes diferencialmente expressos durante o amadurecimento do fruto das cultivares Isabel e Isabel Precoce. A transcrição de genes diferencialmente expressos durante o desenvolvimento do fruto foi estudada nas duas cultivares, utilizando-se a tecnologia da cDNA-AFLP. RNA total de bagas de três estádios de desenvolvimento do fruto (coletados aos 10, 40 e 83 dias após o final da floração) foi utilizado para síntese de cDNA estádio-específicos. Vinte e seis combinações de iniciadores MseI (+1,+3) e EcoRI (+1,+2) foram utilizadas na amplificação final, gerando, 326 fragmentos derivados de transcritos, correspondendo à genes potencialmente diferentemente expressos durante o desenvolvimento do fruto. Os fragmentos identificados foram excisados do gel de poliacrilamida e reamplificados para posterior clonagem e seqüenciamento. As sequências resultantes serão organizadas em bancos de dados e analisadas utilizando-se as ferramentas de bioinformática disponíveis publicamente.

Palavras chave: Vitis, cDNA-AFLP, expressão gênica.

Apoio: FAPERGS, CNPq, EMBRAPA Uva e Vinho.