

# XII CONGRESSO BRASILEIRO DE VITICULTURA E ENOLOGIA

## ANAIS

NOVOS HORIZONTES PARA A

VITIVINICULTURA BRASILEIRA

22 A 24 DE SETEMBRO DE 2008  
BENTO GONÇALVES, RS

**Embrapa**

Uva e Vinho



*Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária  
Embrapa Uva e Vinho  
Ministério da Agricultura, Pecuária e do Abastecimento*

# **XII Congresso Brasileiro de Viticultura e Enologia**

## **Anais**

22 a 24 de setembro de 2008  
Bento Gonçalves, RS

Editores

*Patrícia Ritschel  
Sandra de Souza Sebben*

Bento Gonçalves, RS  
2008

Exemplares desta publicação podem ser adquiridos na:

**Embrapa Uva e Vinho**

Rua Livramento, 515  
Caixa Postal 130  
95700-000 Bento Gonçalves, RS, Brasil  
Fone: (0xx)54 3455-8000  
Fax: (0xx)54 3451-2792  
<http://www.cnpuv.embrapa.br>  
[sac@cnpuv.embrapa.br](mailto:sac@cnpuv.embrapa.br)

**Comitê de Publicações**

Presidente: Henrique Pessoa dos Santos  
Secretária-Executiva: Sandra de Souza Sebben  
Membros: Kátia Midori Hiwatashi, Luiz Antenor Rizzon, Osmar Nickel, Viviane Maria Zanella Bello Fialho

Normalização bibliográfica: Kátia Midori Hiwatashi  
Produção gráfica da capa: Luciana Mendonça Prado

**1ª edição**

1ª impressão (2008): 500 exemplares

**Todos os direitos reservados.**

A reprodução não-autorizada desta publicação, no todo ou em parte, constitui violação dos direitos autorais (Lei nº 9.610).

CIP. Brasil. Catalogação-na-publicação  
Embrapa Uva e Vinho

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)  
Embrapa Uva e Vinho

---

Congresso Brasileiro de Vitivinicultura e Enologia (12. : 2008 : Bento Gonçalves, RS).  
Anais / XII Congresso Brasileiro de Vitivinicultura e Enologia, Bento Gonçalves, RS, 22 a 24 de setembro de 2008 ; Editores, Patrícia Ritschel, Sandra de Souza Sebben. – Bento Gonçalves : Embrapa Uva e Vinho, 2008.  
185 p.

1. Viticultura. 2. Enologia. 3. Uva. 4. Vinho. I. Ritschel, Patrícia, ed. II. Sebben, Sandra de Souza, ed. III. Título.

CDD 634.8 (21. ed.)

---

## Perfil transcricional de genes associados ao desenvolvimento inicial do fruto da cultivar de uva sem sementes Thompson Seedless (*Vitis vinifera* L.)

Danielle Costenaro da Silva<sup>1</sup>; Luís Fernando Revers<sup>2</sup>; Giancarlo Pasquali<sup>1</sup>; João Antonio Pegas Henriques<sup>1</sup>

A compreensão da regulação da expressão gênica, associada à morfogênese do fruto e da semente, é um pré-requisito para o desenvolvimento de ferramentas aplicadas ao melhoramento genético de uva de mesa. Pelo presente trabalho, tivemos como objetivo obter uma coleção de genes diferencialmente expressos durante o desenvolvimento inicial de frutos da cultivar apirênica de uva Thompson Seedless, fazendo uso da metodologia de representação diferencial de transcritos (RDA). Frutos coletados a partir dos seus estabelecimentos (FS) e em intervalos regulares de duas semanas até a oitava semana de desenvolvimento (DF2, DF4, DF6 e DF8) foram utilizados para a extração de RNA total e síntese de cDNAs. Seis bibliotecas representando genes estágio-específicos foram construídas. A partir dessas bibliotecas, 1.554 clones foram seqüenciados e analisados utilizando-se o conjunto de ferramentas de bioinformática disponíveis no SisGen, permitindo a identificação de 590 fragmentos derivados de transcritos estágio-específicos (FS: 100, DF4: 120 e DF8: 370). Foram selecionados 23 genes-candidatos para a confirmação do perfil transcricional durante o desenvolvimento dos frutos empregando-se RT-PCR quantitativa. Os perfis transcricionais obtidos foram calculados a partir de curvas de calibração e normalizados usando-se genes constitutivamente expressos (Actina e Tubulina). Entre os genes identificados com a estratégia proposta, foram confirmados os perfis transcricionais de genes regulados por fito-hormônios, proteínas com afinidade e ligação ao DNA, genes com funções metabólicas e fatores de transcrição. Ortólogos dos genes identificados atuam na morfogênese do fruto e da semente, na germinação e nas respostas a fito-hormônios. Os resultados obtidos neste estudo representam um avanço no entendimento das bases genéticas e moleculares da morfogênese de frutos de cultivares de uva sem sementes.

Palavras-chave: apirenia; *Vitis vinifera*; expressão diferencial.

<sup>1</sup> Programa de Pós-graduação em Biologia Celular e Molecular, Centro de Biotecnologia, UFRGS, Porto Alegre, RS, Brasil, e-mail: danicostenaro@gmail.com; daniellecass@cbiot.ufrgs.br; pasquali@cbiot.ufrgs.br.

<sup>2</sup> Embrapa Uva e Vinho, Bento Gonçalves, RS, Brasil, e-mail: luis@cnpuv.embrapa.br.

## The use of molecular tools to improve the genetic understanding of the resistance to powdery mildew (*Erysiphe necator*) and downy mildew (*Plasmopara viticola*) in grapevine (*Vitis* spp.)

Leocir J. Welter<sup>1</sup>; Ilkhom Salakhutdinov<sup>1</sup>; Murat Akkurt<sup>1</sup>; Nilgün Göktürk-Baydar<sup>1</sup>; Rudolf Eibach<sup>1</sup>; Reinhard Töpfer<sup>1</sup>; Eva Zyprian<sup>1</sup>

Powdery mildew, caused by *Erysiphe necator*, and downy mildew, caused by *Plasmopara viticola*, are the two most important diseases in Brazilian viticulture. Genetic analysis employing crosses between susceptible and resistant grapevine varieties are contributing to better comprehend the genetic basis of the resistance to the mildew diseases. In the present investigation a segregating population derived from the cross between the resistant variety 'Regent' and the susceptible variety 'Lemberger' was used for genetic analysis. Initially, 144 individuals derived from the cross were screened with polymorphic molecular markers obtained by various techniques, such as RAPD, AFLP, SSR and SCARs. Based on this information a genetic map covering the 19 chromosomes of the grapevine genome was constructed. The same segregating population was scored for resistance to powdery and downy mildew under field conditions during several years. This phenotypic data in combination with the genetic information obtained from the genetic map was then used to localize genomic regions associated to the resistance against powdery and downy mildew (QTL analysis). Through this analysis one major QTL on linkage group (LG) 15, conferring resistance to powdery mildew, and one major QTL on LG 18, conferring resistance to downy mildew, were identified. SSR and SCAR markers linked to these two resistance-associated regions were successfully used in marker-assisted selection in the grapevine breeding program of the institute. To get insights about the functional role of these QTLs, the candidate gene approach was complementarily applied. This consisted in the selection and genetic mapping of structural and functional disease resistance-related genes. The strategy allowed us to detected genes co-located with the two resistance QTLs. These genes show high similarity to resistance (R)-genes isolated from other plants. Sequence analysis confirmed the identity of these genes and revealed single nucleotide polymorphisms (SNP) between parental types of two crossing populations.

Palavras-chave: grapevine (*Vitis*); powdery mildew (*E. necator*); downy mildew (*P. viticola*); genetic mapping; quantitative trait analysis (QTL).

<sup>1</sup> Julius Kühn Institute (JKI), Federal Research Centre for Cultivated Plants Institute for Grapevine Breeding Geilweilerhof, Siebeldingen, Germany, e-mail: leocirwelter@yahoo.com.br.