



Journal of Basic & Applied Genetics

(Formerly MENDELIANA)

JOURNAL OF THE ARGENTINE SOCIETY OF GENETICS
REVISTA DE LA SOCIEDAD ARGENTINA DE GENÉTICA

Proceedings

XV Latin American Congress of Genetics

XLI Argentine Congress of Genetics

XLV Congress of the Chilean Society of Genetics

II Regional SAG-Litoral Meeting

Actas

XV Congreso Latinoamericano de Genética

XLI Congreso Argentino de Genética

XLV Congreso de la Sociedad de Genética de Chile

II Reunión Regional SAG-Litoral

Cited by

BIOLOGICAL ABSTRACTS

GENETICS ABSTRACTS

SISTEMA LATINDEX

Included in **SciELO**





ACTAS



**XV CONGRESO LATINOAMERICANO DE GENÉTICA
XLI CONGRESO ARGENTINO DE GENÉTICA
XLV CONGRESO DE LA SOCIEDAD DE GENÉTICA DE CHILE
II REUNIÓN REGIONAL SAG – LITORAL**

ROSARIO, ARGENTINA, 28 AL 31 DE OCTUBRE DE 2012

ORGANIZAN



caracteres relacionados con la calidad de las uvas y el vino. Nuestra aproximación se basa en caracterizar y explotar la variación genética natural que existe en la vid para estos caracteres utilizando herramientas genéticas y genómicas. Para ello, trabajamos en la caracterización y análisis genético de distintos materiales de vid (variedades, clones, variantes somáticas y poblaciones de mapeo).

En particular nuestra actividad se centra en tres temas:

1) El estudio del control genético de la variación en los perfiles de antocianos en hollejos mediante la caracterización de colecciones de clones de Malbec con herramientas analíticas y genómicas. 2) El análisis genético y molecular de la familia génica estilbeno sintasa (STS) que regula la producción de resveratrol. Para ello evaluamos a los distintos integrantes de esta familia (aproximadamente 40) respecto de sus patrones de expresión y su regulación genética frente a diferentes estímulos bióticos y abióticos. 3) El estudio de genes que intervienen en determinación del tamaño de la baya mediante el análisis genético y genómico de variedades y clones que presentan tamaños contrastantes para este carácter.

and anthocyanin total contents and antioxidant capacity). Embryo rescue is used to obtain novel seedless cultivars. Recently, the two programs have searched for new biotechnological tools that could be incorporated into the routine to improve their efficiency. Genetic analysis of 1,500 accesses from the GGB was initiated using 30 SSR markers selected from the literature, multiplexed for three or more loci per amplification reaction. Six hundred and fifty entries of the GGB have been thus genotyped, contributing to the current knowledge of the genetic variation in the bank and to resolve genetic identity issues. Traits of interest, such as mildew resistance and seedlessness, are currently being mapped in a segregating population. It is expected that the incorporation of biotechnological tools in coming years will contribute to improve the efficiency of activities associated to the development of novel grape cultivars in Brazil.

Acknowledgments: This work is supported by the Brazilian Plant Genetic Resources Program and Grape Breeding Program (Embrapa-SEG-MP1 and MP2), AgroVerde (BID and Embrapa agreement) and CNPq.

GRAPE GENETICS AND BREEDING IN BRAZIL

Camargo UA¹, JDG Maia², LF Revers³, PCS Leão⁴, V Quecini³, ME Ferreira⁵, P Ritschel³.

¹Vino Vitis Consulting, Bento Gonçalves, RS, Brazil. ²Embrapa Grape and Wine-EVT, Jales, SP, Brazil. ³Embrapa Grape and Wine, Bento Gonçalves, RS, Brazil. ⁴Embrapa Tropical Semiárid, Petrolina, PE, Brazil. ⁵Embrapa Genetic Resources and Biotechnology, Brasília, DF, Brazil.

e-mail: patricia@cnpv.embrapa.br

The support of the Brazilian government for the development of new grape cultivars to contribute to the expansion of viticulture in the country was reinforced by the creation, in 1977, of two programs; the Grapevine Germplasm Bank (GGB) and Breeding Program. The results of these efforts are available online (www.cnpv.embrapa.br) and include the phenotypic characterization of 1,000 accessions maintained in the collection, development of a group of 400 advanced selections and release of 14 new grape cultivars for distinct purposes. The majority of the activities (phenological, agronomical and major-disease incidence evaluations) are carried out in the vineyard at phenotypic level. The quality and nutraceutical potential are also under evaluation (sugar content, pH, total acidity, polyphenol

GENÓMICA FUNCIONAL DE UVA DE MESA Y SU APLICACIÓN EN EL FITOMEJORAMIENTO DE LA ESPECIE EN CHILE

Hinrichsen P¹, M Pinto¹, M González-A¹, N Mejía¹, C Uquillas¹, M Mamani¹, MA García¹, S Silva¹, A Sánchez¹, D Laborie¹, J Correa², D Olivares², G Ravest², C Muñoz², A Riquelme², A Maass², A Di Genova², A Aravena², C Muñoz³, A Miyasaka³, A Orellana³. ¹INIA La Platina. ²Universidad de Chile. ³Universidad Andrés Bello. Santiago, Chile.

e-mail: phinrichsen@inia.cl

El fitomejoramiento de uva de mesa ha recibido un fuerte apoyo en Chile, dada su importancia para el negocio agro-exportador. En este afán, se han asociado instituciones de investigación y asociaciones de viveristas, productores y exportadores, desarrollando un programa de genómica funcional (transcriptómica, proteómica y análisis de metabolitos de interés) destinado a identificar los genes y variantes alélicas relacionados a caracteres tales como contenido de semillas y tamaño de bayas, estructura del racimo, contenido de azúcares y ácidos, y respuesta de estos caracteres a aplicaciones de giberelina (GA₃), usada en varias etapas del desarrollo de raquis y bayas. En esta presentación se destacarán los resultados alcanzados mediante la combinación de análisis