



## CREACIÓN DE VARIEDADES DE VID RESISTENTES A PATÓGENOS CRIPTOGÁMICOS

Emilce Prado, Christophe Joseph Schneider, Sabine Merdinoglu-Wiedemann,  
Anne A. Poutaraud Naidenov, Christine Onimus, Elisa Peressotti, Didier  
Merdinoglu

### ► To cite this version:

Emilce Prado, Christophe Joseph Schneider, Sabine Merdinoglu-Wiedemann, Anne A. Poutaraud Naidenov, Christine Onimus, et al.. CREACIÓN DE VARIEDADES DE VID RESISTENTES A PATÓGENOS CRIPTOGÁMICOS. XV Latin American Congress of Genetics, SciELO., Oct 2012, Buenos Aires, Argentina. pp.352. hal-02745999

**HAL Id: hal-02745999**

**<https://hal.inrae.fr/hal-02745999>**

Submitted on 3 Jun 2020

**HAL** is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



## GMV 1

### CREACIÓN DE VARIEDADES DE VID RESISTENTES A PATÓGENOS CRIPTOGÁMICOS

Prado EA, C Schneider, S Weidemann-Merdinoglu, A Poutaraud, C Onimus, E Peressotti, D Merdinoglu. UMR 1131 Santé de la vigne et qualité du vin INRA-Unistra.  
e-mail: prado@colmar.inra.fr

Las dos enfermedades principales que amenazan el viñedo francés son el mildéu y el oídio. Si bien el control químico es eficaz, este medio de protección tiene efectos negativos sobre el ambiente, la salud humana, el beneficio del productor y la calidad del vino. La creación de variedades resistentes adaptadas a las condiciones de las diferentes zonas de producción permitirá el desarrollo de una viticultura respetuosa del ambiente, preservando la calidad del producto y la rentabilidad de la explotación. Nuestro proyecto se basa en el conocimiento previo de fuentes de resistencia naturales derivadas de accesiones de especies de *Vitis* americanas y asiáticas. Esto implica el análisis del determinismo genético de la resistencia en cada accesión, del espectro de la interacción con respecto a la variabilidad de la virulencia de cada patógeno, de los mecanismos de defensa asociados a cada QTL. Así, las obtenciones de nuestro programa de mejoramiento combinan dos o más factores de resistencia: genes a efecto mayor y factores cuantitativos a efecto parcial, de origen y mecanismos diferentes, de manera a aumentar el potencial de durabilidad de la protección. El proceso de creación de ese tipo de variedades dura 15 años. Esto es posible gracias a uso combinado de la selección asistida por marcadores moleculares, de tests de inoculación artificial y un método de cultivo forzado, tanto en la etapa de introgresión de factores de resistencia en un fondo genético de la especie cultivada (*Vitis vinifera*), como durante el piramidaje de esos factores en un mismo genotipo.

## GMV 2

### CARACTERIZACIÓN DE LA CASCADA DE REACCIONES DE DEFENSA INDUCIDA POR LA INOCULACIÓN CON *Plasmopara viticola* EN PLANTAS DE VID QUE POSEEN EL QTL DE RESISTENCIA Rpv1

Prado E, E Peressotti, A Poutaraud, L Schmidlin, S Weidemann-Merdinoglu, D Merdinoglu. UMR 1131 Santé de la Vigne et Qualité du Vin INRA-USD  
e-mail: prado@colmar.inra.fr

*Plasmopara viticola* induce una reacción de defensa evidente en plantas de vid que poseen el QTL de resistencia Rpv1 (Merdinoglu *et al*, 2003), derivado de *Muscadinia rotundifolia*, especie emparentada con *Vitis vinifera*. Sin embargo, la cascada de reacciones asociadas no se conoce aún. A fin de caracterizar los mecanismos asociados a esta resistencia hemos elaborado una estrategia experimental que incluye análisis complementarios comparando una muestra de genotipos Rpv1+ y Rpv1-. La comparación del transcriptoma de hojas de tres genotipos resistentes al mildiu de la vid y tres genotipos sensibles, en dos condiciones: 6 horas post-inoculación con el patógeno o pulverizadas con agua estéril, se llevó a cabo mediante la hibridación de microarray «Grape» de Affimetrix. El análisis de 14000 sondas, considerando aquellas que presentan un diferencial superior a 1 (en lod 2), revela la inducción de 558 y la represión de 576 en las hojas de plantas resistentes inoculadas con respecto a las sanas. Entre las secuencias inducidas 208 lo son específicamente en las plantas resistentes. Estos resultados fueron comprobados mediante tests de qPCR a partir de una muestra más importante de genotipos Rpv1+ y Rpv1-. Finalmente, la cuantificación de productos del metabolismo secundario y la inhibición de vías de señalización, fueron asociados a observaciones de cinética de desarrollo del patógeno en cada condición, para verificar la implicación de esas vías metabólicas en la resistencia.

## GMV 3

### EFFECTO DE DOS REGIONES GENÓMICAS SOBRE LA FORMA Y LA CALIDAD DEL FRUTO EN TOMATE

Green GY<sup>1</sup>, GR Pratta<sup>1,2</sup>, R Zorzoli<sup>1,3</sup>, GR Rodríguez<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, UNR, Campo Experimental J. F. Villarino CC N° 14 (S2125ZAA) Zavalla, Santa Fe, Argentina, <sup>2</sup>CONICET, <sup>3</sup>CIUNR.  
e-mail: gisela.green@unr.edu.ar

Cuatro *QTLs* (*Quantitative Trait Loci*) mayores controlan la forma de fruto alargado en el tomate cultivado (*Solanum lycopersicum*): *ovate*, *sun*, *fs8.1* y *fs2.1*. La región genómica que contiene a *fs2.1*, también estuvo asociada a otros caracteres de calidad de fruto en varios cruzamientos interespecíficos. El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto individual y la interacción de *fs8.1* y *fs2.1* sobre