

ciclo a la fase sanguínea, es indicativo que las cepas Americanas de *T. vivax* están siguiendo un novedoso camino evolutivo en su adaptación a la transmisión mecánica.

---

## GENÉTICA Y GENÓMICA DE FRUTALES

Coordinador: Hinrichsen P. Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Chile.  
Email: phinrichsen@inia.cl

El estudio a nivel genético de especies frutales ha tenido un fuerte desarrollo en la región, tanto en especies exóticas tradicionales como en otras nativas, de interés más restringido e incluso aún en proceso de domesticación. En este Simposio se presentarán las problemáticas y resultados de cinco grupos de investigación, abarcando desde el estudio de la diversidad genética y la caracterización del componente metabolómico, hasta la identificación de QTLs y el desarrollo de marcadores genéticos basados en la identificación de genes relacionados a caracteres productivos.

1

---

## PROGRESOS EN LA CARACTERIZACIÓN DEL GENOMA DE *Acca sellowiana* (BERG.) BURRET

Pritsch C.<sup>1</sup>, M. Quezada<sup>1,4</sup>, S. Vazquez<sup>1</sup>, C. Mazzella<sup>1</sup>, M. Vaio<sup>1</sup>, B. Vignale<sup>2</sup>, D. Cabrera<sup>3</sup>, A.A.F. García<sup>4</sup>. <sup>1</sup>Departamento Biología Vegetal, Facultad de Agronomía, UDELAR. <sup>2</sup>Departamento de Producción Vegetal, Facultad de Agronomía, UDELAR. <sup>3</sup>Programa de Investigación en Producción Fruticultura, INIA Las Brujas. <sup>4</sup>Departamento de Genética, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, USP.  
Email: clara@fagro.edu.uy

*Acca sellowiana* ( $2n=2x=22$ ) es una especie frutal autóctona de Brasil y Uruguay de alto valor nutracéutico. Los estudios genéticos y genómicos están poco desarrollados. En este trabajo describimos los avances en la caracterización de la estructura del genoma de *A. sellowiana* mediante: i) la evaluación del tamaño del genoma haploide (contenido C) y análisis cariotípico; ii) la caracterización del repertorio de secuencias repetidas nucleares; y iii) la construcción de un mapa genético integrado saturado en la especie. El genoma haploide de *A. sellowiana* es muy pequeño, de 382 Mbp y el cariotipo obtenido confirma la diploidía, con cromosomas metacéntricos pequeños (menores a 3  $\mu$ m) y cariotipo simétrico. Se observaron dos sitios ricos en GC (CMA+/DAPI-), que podrían corresponder con sitios ADN<sub>r</sub> 45S dado que se asocian al nucléolo en núcleos interfásicos. El repertorio de secuencias repetidas analizado mediante NGS (1x) y un enfoque de aglomerados implementado en *Repeat*

*Explorer* reveló que, pese a su pequeño genoma, 40% del genoma de *A. sellowiana* corresponde a ADN repetido. De este porcentaje, 70% está conformado por retrotransposones tipo LTR (*Ty3/Gypsy* y *Ty1/Copia*). Como tercer abordaje, se construyó el primer mapa genético saturado de la especie a partir de una población de 160 plantas  $F_1$  (cruzamiento dirigido, simple) utilizando marcadores ISSR, SSR, AFLP y SNPs (a través de *Genotyping by sequencing*). Los resultados obtenidos facilitarán las siguientes etapas enfocadas en la caracterización estructural y funcional del genoma de esta especie.

2

## THE FIRST INSIGHT INTO THE GENOME OF PASSION FRUIT AND ANALYSIS OF ITS TRANSCRIPTOME IN RESPONSE TO *Xanthomonas axonopodis* INFECTION

Carneiro Vieira M.L., C. de Freitas Munhoz, L.A. Cauz dos Santos.  
Email: mlcvieir@usp.br

*Passiflora edulis* is the major species of passionflowers grown worldwide, mainly for juice production and fresh fruit, in subtropical (purple variety) and warm tropical (yellow variety) climates. Passion fruit genomics and transcriptomics are still in their early stages. Our aim is to present the results of our laboratory regarding: i) the preliminary set of information on the passion fruit nuclear genome; ii) the complete chloroplast genome of *P. edulis*; and iii) the genes involved in defence responses to *Xanthomonas axonopodis* which causes the most severe disease that attacks the Brazilian orchards.

3

## GENES CLAVES EN EL DESARROLLO DE LAS CARACTERÍSTICAS MÁS RELEVANTES DE LA UVA VINÍFERA TANNAT: INTENSO COLOR PÚRPURA Y ALTA CAPACIDAD ANTIOXIDANTE

Da Silva C.<sup>1,2</sup>, A. Dal Molin<sup>3</sup>, A. Ferrarini<sup>3</sup>, E. Boido<sup>4</sup>, C. Gaggero<sup>2</sup>, M. Delledonne<sup>3</sup>, F. Carrau<sup>4</sup> PDU Biología Vegetal del Noreste, Centro Universitario de Tacuarembó, Universidad de la República, Uruguay.<sup>2</sup>Departamento de Biología Molecular, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Uruguay.<sup>3</sup>Dipartimento di Biotecnologie, Università degli Studi di Verona, Italia. Sección Enología, Facultad de Química, Universidad de la República, Uruguay.  
Email: dasilvacece@gmail.com

Tannat es la variedad de vid vinífera más cultivada en Uruguay. Sus bayas tienen altos niveles de polifenoles (antocianinas y taninos), produciendo vinos con intenso color púrpura y alto poder antioxidante. Los taninos dan estructura en boca al vino, se sintetizan en las semillas antes de envero y en Tannat más de un 40% están galoileados, lo que determina mayor poder antioxidante. Las antocianinas dan color a la piel de las uvas y al vino y su síntesis comienza durante el envero. Nuestro grupo secuenció el genoma de Tannat encontrando expansión de las familias génicas relacionadas con la biosíntesis de polifenoles. Aquí se analizan datos de RNA-Seq de diferentes tejidos en diferentes momentos del desarrollo de la baya. Durante el envero detectamos 625 genes que aumentan significativamente su expresión en cáscaras coloreadas ( $p < 1E-4$ ); siendo 123 los relacionados a la biosíntesis de polifenoles (Flavonoid-3',5'-hydroxylase, Flavonoid-3'-hydroxylase, Dihydroflavonol-4-reductase, Leucocyanidin oxygenase, Anthocyanidin-3-O-glucosyltransferase, Flavonoid-3',5'-methyltransferase; Glutathión S-transferasa, Antocianidin permeasa-AnthoMATE; MybA1, MybA2, MybA3). Al comparar semillas y cáscaras encontramos 3.544 genes cuya expresión es significativamente mayor en semillas ( $p < 1E-4$ ), de los cuales 14 están anotados como Serine Carboxypeptidase-Like (recientemente propuesta como Galloyltransferase) y dos genes sólo se encuentran en Tannat. La finalidad de este trabajo es descifrar las bases genéticas de las características más relevantes de Tannat utilizando la metodología de RNA-Seq.

4

## THE PEACH AROMA: THE GENETIC AND MOLECULAR BASES UNDERPINNING THE VOLATILOME NETWORK

Sánchez G.<sup>1</sup>, A. Monforte<sup>2</sup>, M.L. Badenes<sup>3</sup>, A. Granell<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), EEA San Pedro, San Pedro, Argentina. <sup>2</sup>Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (IBMCP), Valencia, España. <sup>3</sup>Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA), Valencia, España.  
Email: sanchez.gerardo@inta.gob.ar

The improvement of fruit aroma is currently one of the most sought-after objectives in peach breeding programs. In order to analyze holistically the genetic and molecular bases underlying the aroma-related volatiles we undertook complementary omics approaches. A high-throughput metabolomics platform for the identification and quantification of more than 100 compounds was established and