

## PROYECTO:

### **Desarrollo de herramientas genómicas y metabolómicas para una selección eficaz de variedades de uva de vinificación de alta calidad fenólica.**

**EQUIPO INVESTIGADOR:** Coordinadora: Rosa A Arroyo García  
Subproyecto 1: INIA  
Rosa A Arroyo García  
Eugenio Revilla  
Subproyecto 2: IMIDA  
Leonor Ruiz García  
José Ignacio Fernández Fernández

**ENTIDAD:** Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA)  
Instituto Murciano de Investigación y Desarrollo Agrario y Alimentario (IMIDA)

El objetivo fundamental del proyecto era identificar los genes y la variación nucleotídica que es responsable de las diferencias fenotípicas para caracteres de calidad de baya en vid, explotando las posibilidades que ofrecen la combinación de la información genómica con las distintas herramientas de análisis genético. El punto de partida de la estrategia experimental fue el análisis de la variación fenotípica natural bien en colecciones de accesiones de vid silvestres (*Vitis vinífera* ssp *sylvestris*), ancestro de la vid cultivada, o bien en poblaciones cultivadas segregantes (*Vitis vinífera* ssp *sativa*).

Fenotípicamente se analizó un carácter de calidad en uva de vinificación que fue el contenido y perfil fenólico en vides silvestres. Los resultados bioquímicos mostraron altos niveles de contenido de antocianinas en la maduración de las bayas silvestres en comparación con las variedades de vid cultivadas. Además, mostraron diferentes perfiles de antocianinas y flavonoles comparados con la vid cultivada. El estudio del metaboloma de compuestos flavonoideos de bayas maduras, en vides silvestres mostró un mayor contenido de ácido málico y de estilbenos. Este estudio bioquímico y metabolómico nos ha permitido obtener una visión general del importante potencial enológico de las vides silvestres para uso comercial.

La información de la diversificación fenotípica natural en contenido y perfil de antocianinas presentes en la vid silvestre nos permitió analizar la variación natural en la familia de genes del factor de transcripción VvMybA, responsables de la variación del contenido de antocianinas, en las bayas de vides silvestres de la cuenca Mediterránea. Los resultados mostraron una serie de alelos nuevos que no existen en la vid cultivada. Además, se detectó correlación entre la composición alélica y el contenido de antocianinas. Según el polimorfismo detectado en ambos genes, hemos podido identificar varios haplotipos. El haplotipo más ancestral fue encontrado en la región mediterránea occidental y correspondió a variedades de uva de vinificación, mientras que recientes haplotipos fueron detectados en las regiones orientales. En estas zonas orientales encontramos la mayor diversidad de haplotipos, que corresponden principalmente a uva de mesa. Estos resultados refuerzan la idea de que las

vides occidentales han conservado los haplotipos ancestrales, mientras que las vides del este son el resultado de continuas prácticas de mejora genética que han llevado a la pérdida de la diversidad inicial previa a la domesticación de la vid. Esta evidencia apoya la correlación entre la baja presión de selección para variedades de uva de vinificación en la región occidental, donde las uvas son mayoritariamente tintas, y una mayor selección para variedades de uva de mesa en la región oriental, donde existen mayor variedad de color de bayas. Así una conclusión de estos estudios es que los productores a lo largo de los siglos han seleccionado variedades de color distintas dentro de cada región de cultivo en función de su uso.

Por otro lado, también se analizó fenotípicamente el contenido y perfil de antocianinas y flavonoles en una población segregante cultivada derivada de cruzamientos dirigidos entre Monastrell y Syrah, dos variedades de uva para vinificación. Estos datos fenotípicos se utilizaron, junto con los datos disponibles de los respectivos mapas genéticos de ambas variedades, para identificar posibles regiones cromosómicas implicadas en el control del contenido y perfil de antocianinas y flavonoles. Los resultados muestran que los genes implicados en el control de estos caracteres se localizan principalmente en el cromosoma 2 de la vid, donde se ha posicionado la familia de genes VvMybA responsable de la variación del contenido de antocianinas en las bayas. Además, se han identificado otras posibles regiones cromosómicas, como en los cromosomas 5, 9, 11 y 18, en las que se podrían localizar otros genes que podrían tener un efecto menor en el control del contenido y perfil de antocianinas y flavonoles.