

## 001 Struttura e diversità molecolare della regione genomica che determina il sesso del fiore in vite

Silvia LORENZI, Juri BATTILANA, Paula MORENO SANZ, Francesco EMANUELLI, Maria Stella GRANDO\*

Dipartimento Genomica e Biologia delle Piante da Frutto, Centro Ricerca ed Innovazione, Fondazione Edmund Mach-Istituto Agrario San Michele all'Adige (FEM-IASMA) - Via Edmund Mach, 1 - 38010 San Michele all'Adige, (TN), I

\*Corrispondente: [stella.grando@fmach.it](mailto:stella.grando@fmach.it)

Le cultivar da vino e da tavola hanno generalmente fiori ermafroditi autofertili mentre la *Vitis vinifera* ssp. *sylvestris* e le *Vitis* americane ed asiatiche presentano fiori maschili e femminili in piante separate. Il sesso del fiore costituisce un ostacolo al *breeding* efficiente di nuove varietà di vite, se si considera che certe combinazioni di incrocio possono produrre fino al 75% dei semenzali con fiori unisessuali.

In accordo con studi precedenti, in questo lavoro il sesso del fiore è stato mappato come singolo *major locus* nel Gruppo di *linkage* 2, usando una popolazione segregante di origine ibrida e una progenie derivata dall'incrocio di due cultivar di *V. vinifera*. Il *locus* del sesso è stato collocato in entrambe le mappe tra gli stessi marcatori *SNP* e *SSR*. L'analisi della regione cromosomica delimitata da questi marcatori nel genoma di riferimento ha rivelato la presenza di alcuni geni candidati per il controllo dello sviluppo del fiore che sono stati indagati ulteriormente.

Il polimorfismo di tre marcatori molecolari mappati nell'intorno del *locus* del sesso in una popolazione di 132 accessioni di *V. sylvestris* e 171 *V. vinifera* ha permesso di ricostruire gli aplotipi che includono i determinanti del sesso del fiore e di visualizzarne le interconnessioni. Uno dei 55 aplotipi osservati è risultato molto frequente (65%) tra le varietà coltivate e potrebbe essere un risultato del processo di domesticazione della vite. Specifiche varianti del microsatellite trovato nella regione 3'-UTR di un putativo fattore di trascrizione YABBY1 sono risultate significativamente associate ai tre alleli che nella gerarchia di dominanza  $M > H > f$  determinano il fenotipo sessuale. Questi marcatori vengono proposti sia per assistere la selezione di piante ermafrodite nei programmi di miglioramento genetico che per identificare casi di ibridazione con le viti coltivate tra i materiali di *V. sylvestris*.