



crea

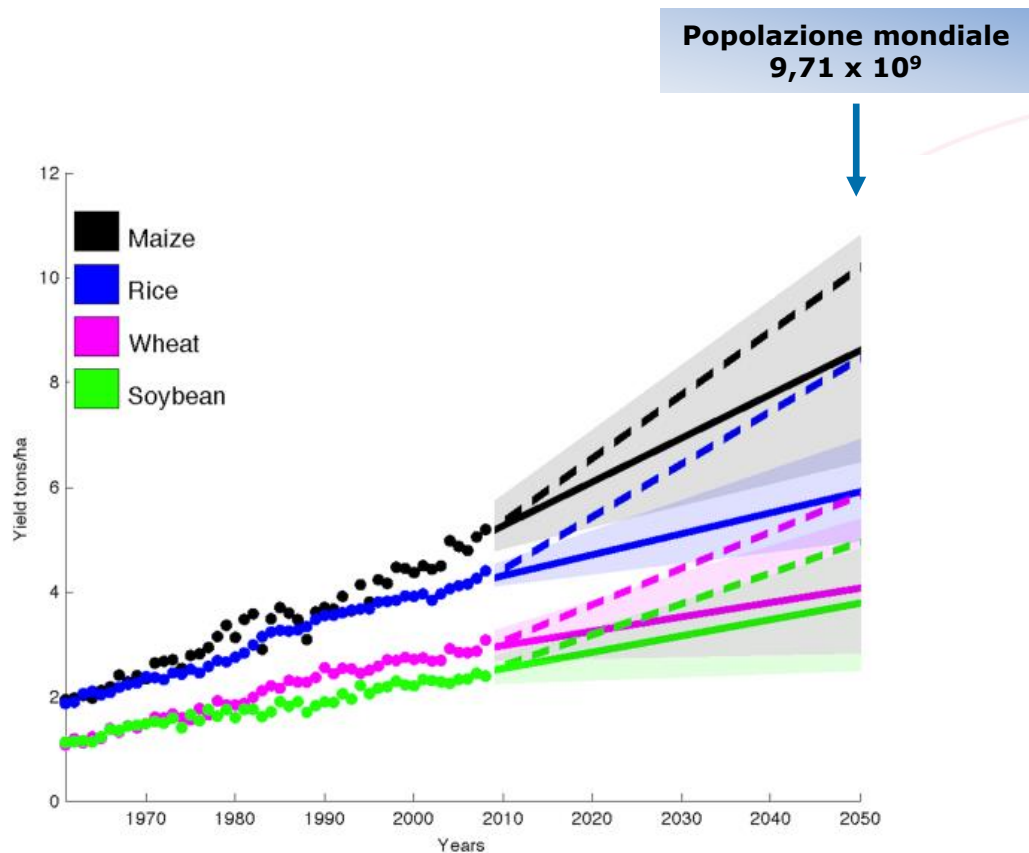
Consiglio per la ricerca in agricoltura
e l'analisi dell'economia agraria

MIGLIORAMENTO GENETICO IN RISAIA CON LE NUOVE TECNOLOGIE DI EVOLUZIONE ASSISTITA, MA NON SOLO!

Patrizia Vaccino

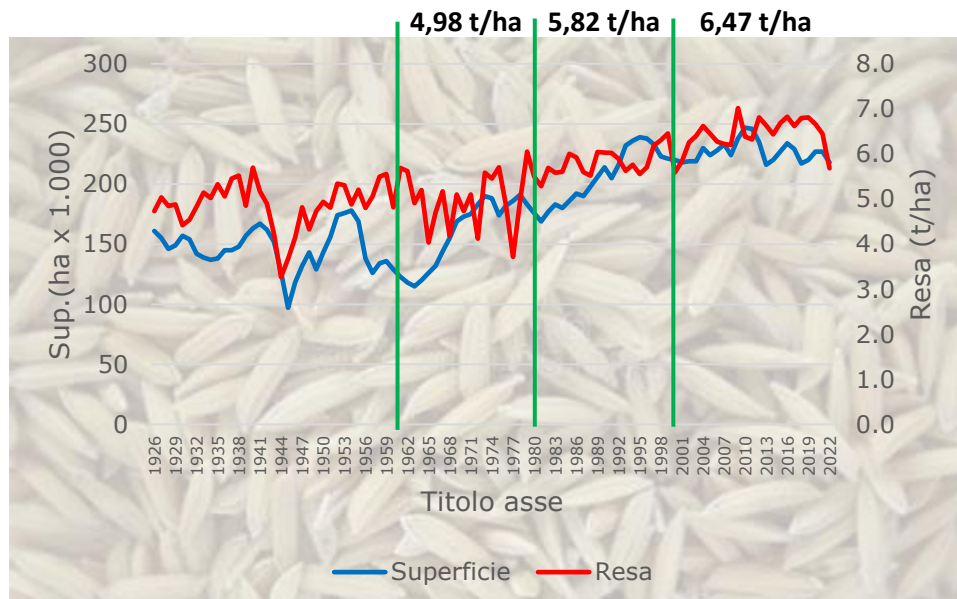
Consiglio per la ricerca in agricoltura e l'analisi dell'economia agraria (CREA)
Centro di ricerca Cerealicoltura e Colture Industriali

SICUREZZA ALIMENTARE PER UNA POPOLAZIONE MONDIALE IN CRESCITA



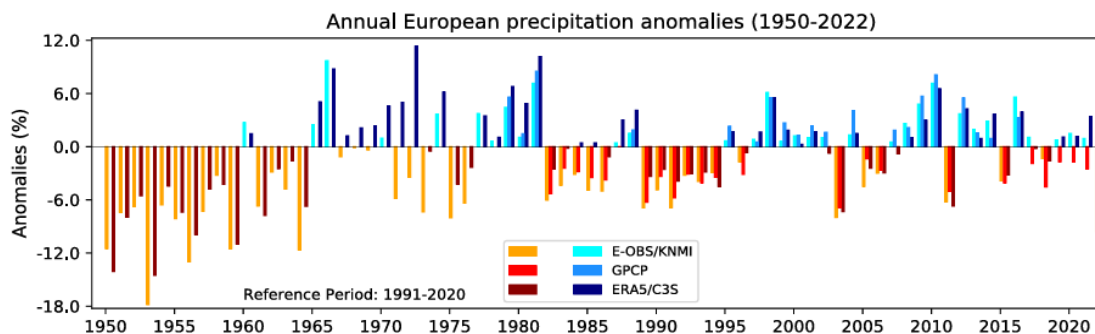
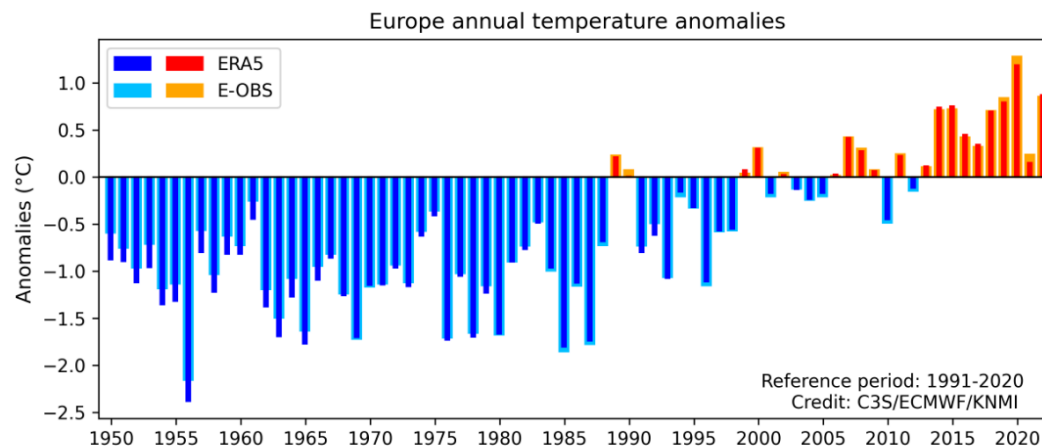
Ray et al 2013, Plos One

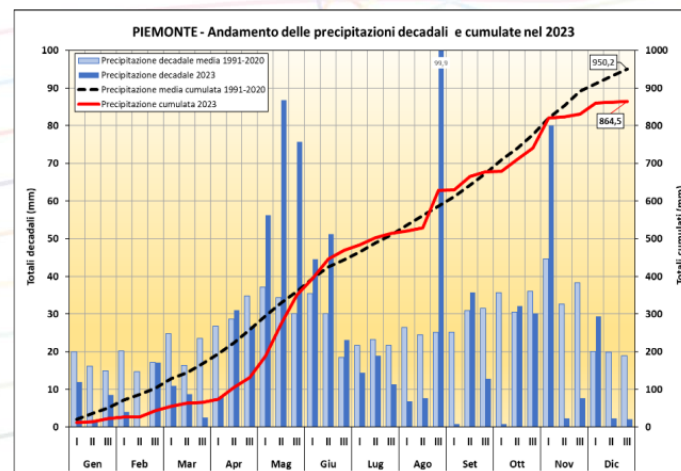
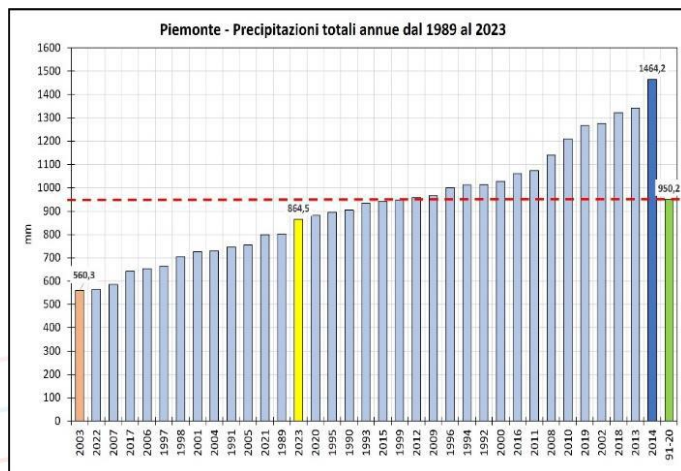
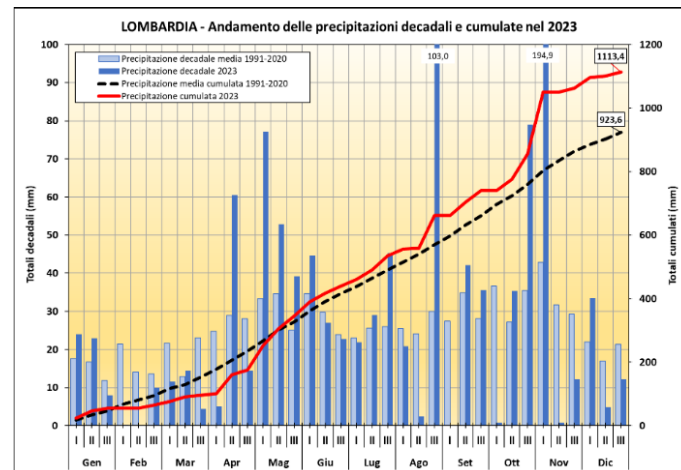
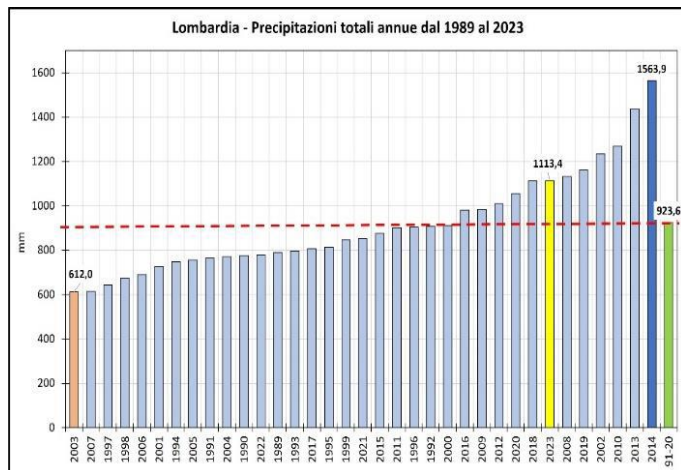
RESE E SUPERFICI



FONTE: ISTAT

ANOMALIE ANNUALI DELLA TEMPERATURA DELL'ARIA E DELLE PRECIPITAZIONI IN EUROPA DAL 1950 AL 2022 RISPETTO AL PERIODO DI RIFERIMENTO 1991-2020





La tendenza generale indica che mentre le piogge a livello italiano tendono a rimanere **costanti, diminuiscono i giorni piovosi** ed **aumenta l'intensità** dei singoli eventi

Il Mediterraneo risulta l'area **maggiormente esposta** sia a **variazioni di temperature** che di **piovosità**

50-60% **Miglioramento Genetico**



40-50% **Agronomia**





Anni '60

Mutagenesi

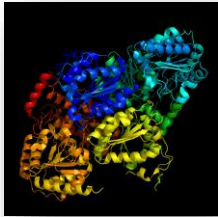


Inizi XX sec.

Incroci e
selezione



MUTAGENESI: APPLICAZIONI



Acetolattato sintasi (**ALS**)

EMS

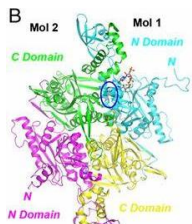


GGG	---	GAG
gly654		glu

AGT	---	AAT
ser653		asn

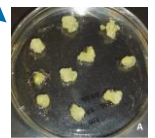
GCG	---	ACG
ala122		thr

ALS insensibile a imidazolinone
IMI-RICE



Acetil -coA carbossilasi (**ACC**)

cycloxydim



iso1781	leu
---------	-----

ACC insensibile a DIM e AOPP
HPHI2 - Provisia®

DIM: cyclohexanediones
AOPP: aryloxyphenoxypropionate

31/01/1934

**Il Giornale
di Riscicoltura**

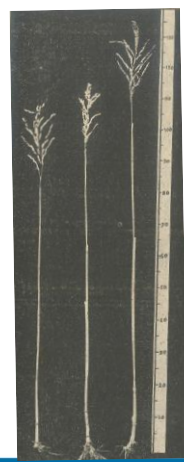
La luce bianca quale fattore di variazione sul riso

È noto che le vie attualmente impiegate per ottenere nuove varietà di cereali ai fini pratici dell'agricoltura sono la selezione per linee pure, l'ibridazione artificiale e l'acclimatazione di varietà esotiche.

Il campo dell'ibridazione artificiale va sempre più estendendo coll'introduzione di nuovi metodi per influenzare variamente l'idioplasma dell'una o dell'altra cellula riproduttiva e portare quindi nel seme e nella pianta derivante un cambiamento permanente, ereditario.

È dovere di ricordare qui il nome illustre di Alberto Provano, che è stato lo scopritore di una di queste branche della genetica artificiale e particolarmente quella che si vale dei trattamenti elettromagnetici.

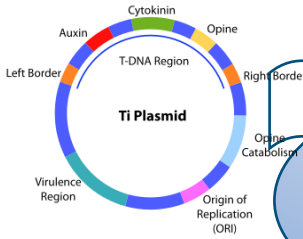
Noi che siamo stati alla sua scuola non abbiamo mancato di seguire le orme e nel nostro laboratorio da alcuni anni si esperimentano campi magnetici, raggi X, raggi ultravioletti, ecc. Abbiamo però aggiunto di nostra iniziativa due nuovi trattamenti speciali, per





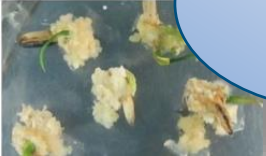
Anni '90

Selezione assistita da marcatori molecolari



Anni '80
Trasformazione genetica

Anni '70
Colture *in vitro*



Anni '60
Mutagenesi



Inizi XX sec.
Incroci e selezione

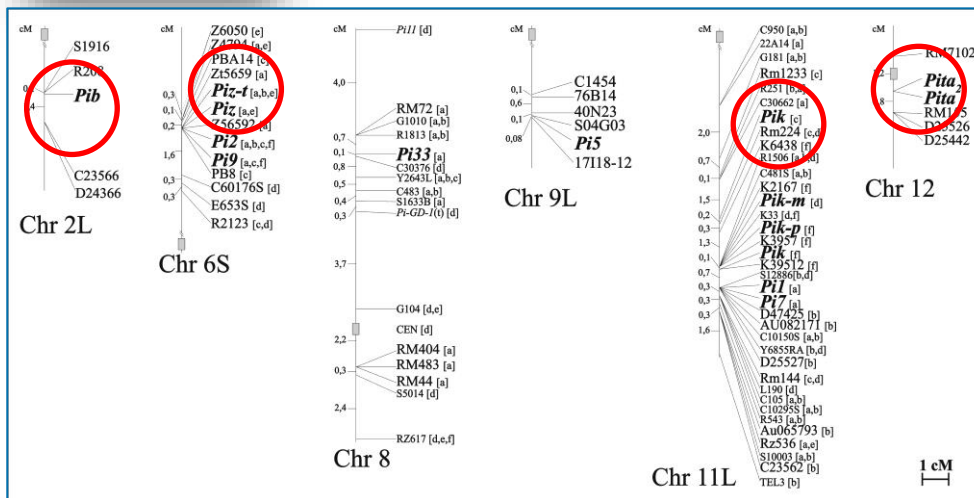




CREA GB Fiorenzuola



PYRAMIDING



Mare et al. Rice (2023) 16:2
https://doi.org/10.1186/s12284-023-00619-2

Rice

RESEARCH Open Access

Marker-Assisted Introgression of the Salinity Tolerance Locus *Saltol* in Temperate *Japonica* Rice

Caterina Mare^{1*}, Elisa Zampieri^{2,3}, Viviana Cavallaro⁴, Julien Frouin^{5,6}, Cécile Grenier^{5,6}, Brigitte Courtois^{5,6}, Laurent Brottier^{5,6}, Gianni Tacconi¹, Franca Finocchiaro¹, Xavier Serrat⁷, Salvador Nogués⁷, Mirela Bundo⁸, Blanca San Segundo^{8,9}, Noemi Negrini⁴, Michele Pesenti⁴, Gian Attilio Sacchi⁴, Giacomo Gavina¹⁰, Riccardo Bovina¹⁰, Stefano Monaco^{2,11}, Alessandro Tondelli¹, Luigi Cattivelli¹ and Giampiero Vale^{1,2*}

Plants 2023, 12, 757. <https://doi.org/10.3390/plants12040757>



Article

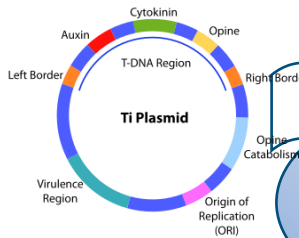
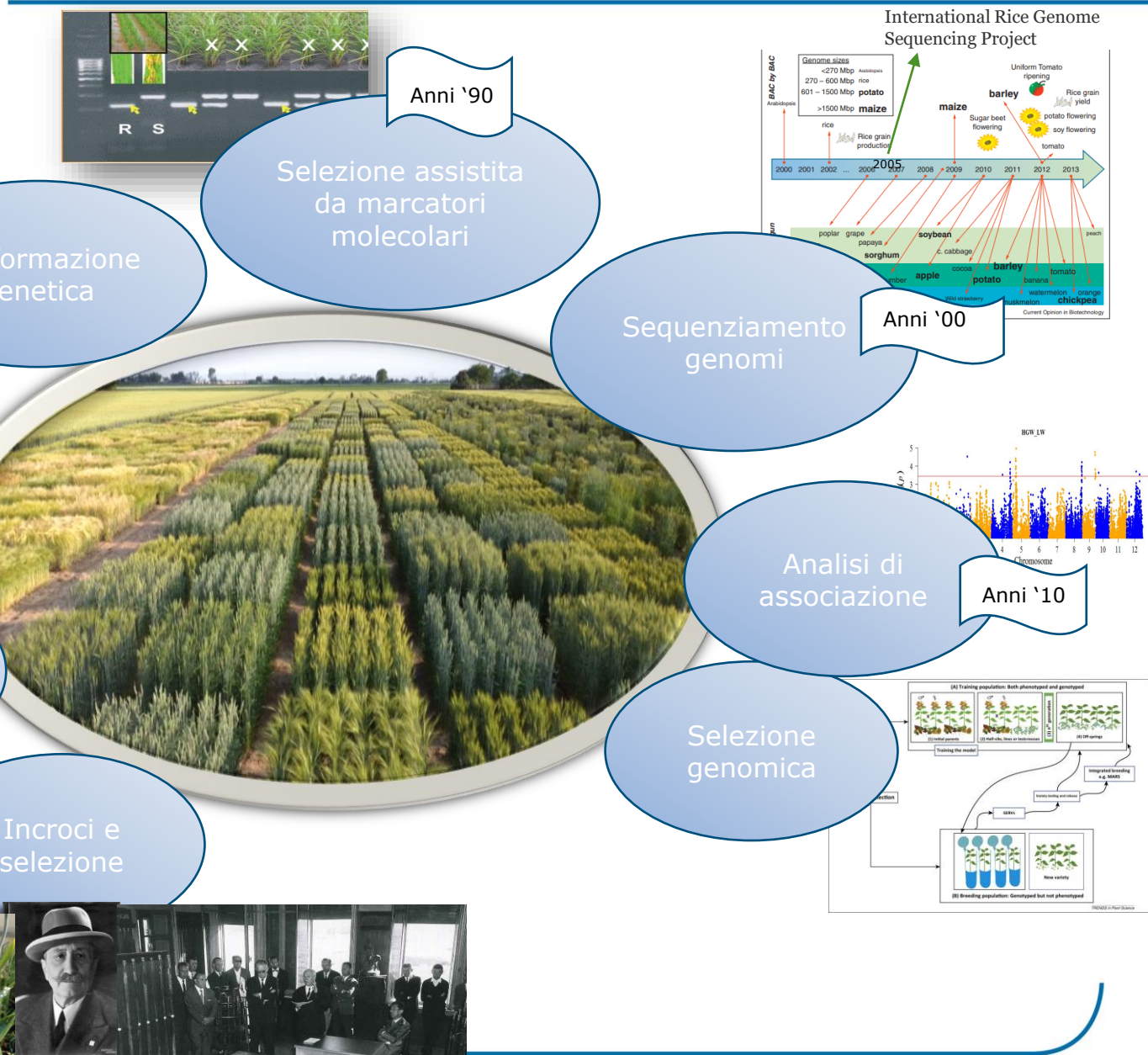
Marker-Assisted Pyramiding of Blast-Resistance Genes in a *japonica* Elite Rice Cultivar through Forward and Background Selection

Elisa Zampieri^{1,2*}, Andrea Volante^{1,3}, Caterina Mare⁴, Gabriele Orasen⁵, Francesca Desiderio⁴, Chiara Biselli⁶, Marco Canello¹, Lorena Carmagnola¹, Joelle Milazzo^{7,8}, Henri Adreï^{7,8}, Didier Tharreau^{7,8}, Nicolas Poncelet^{7,8}, Patrizia Vaccino¹ and Giampiero Vale^{1,9,*}

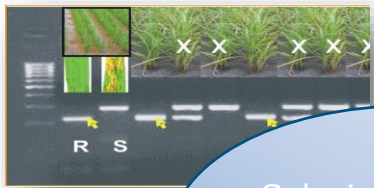


CREA GB Fiorenzuola

MIGLIORAMENTO GENETICO



Anni '80
Trasformazione genetica



Anni '90
Selezione assistita da marcatori molecolari

Anni '70
Colture *in vitro*



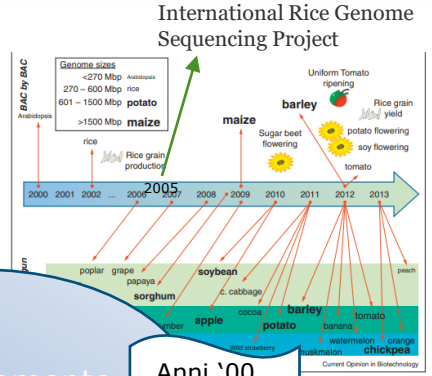
Anni '60
Mutagenesi



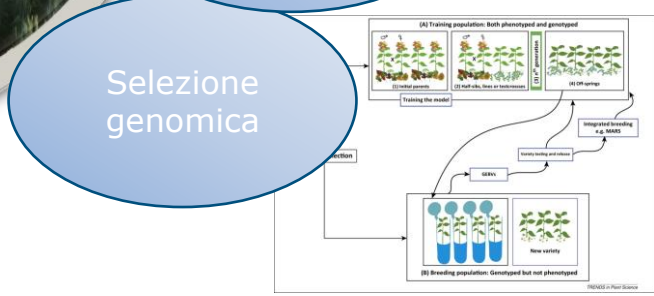
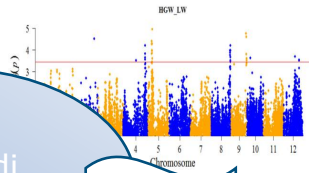
Inizi XX sec.
Incroci e selezione



Anni '00
Sequenziamento genomi



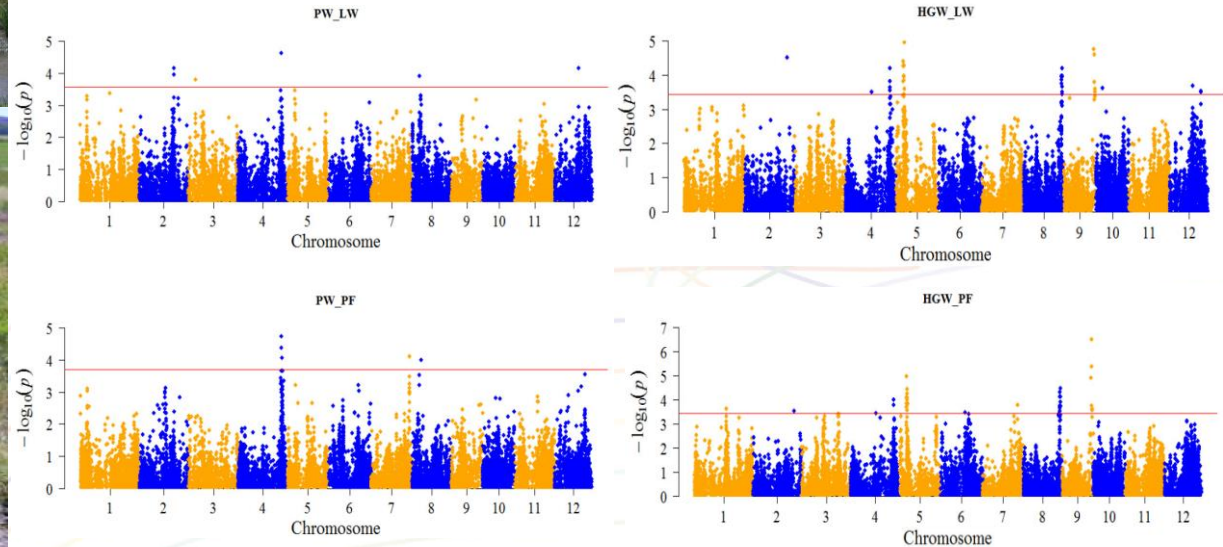
Anni '10
Analisi di associazione





Genome-Wide Analysis of *japonica* Rice Performance under Limited Water and Permanent Flooding Conditions

Andrea Volante^{1*}, Francesca Desiderio^{2*}, Alessandro Tondelli², Rosaria Perrini¹, Gabriele Orasen³, Chiara Biselli², Paolo Riccardi⁴, Alessandra Vattari⁴, Daniela Cavalluzzo¹, Simona Urso², Manel Ben Hassen³, Agostino Fricano², Pietro Piffanelli⁴, Paolo Cozzi⁴, Filippo Biscarini⁵, Gian Attilio Sacchi², Luigi Cattivelli² and Giampiero Valè^{1*}



Peso 50 pannocchie

Peso 100 semi

Volante et al. *Rice* (2020) 13:71
<https://doi.org/10.1186/s12284-020-00431-2>

ORIGINAL ARTICLE

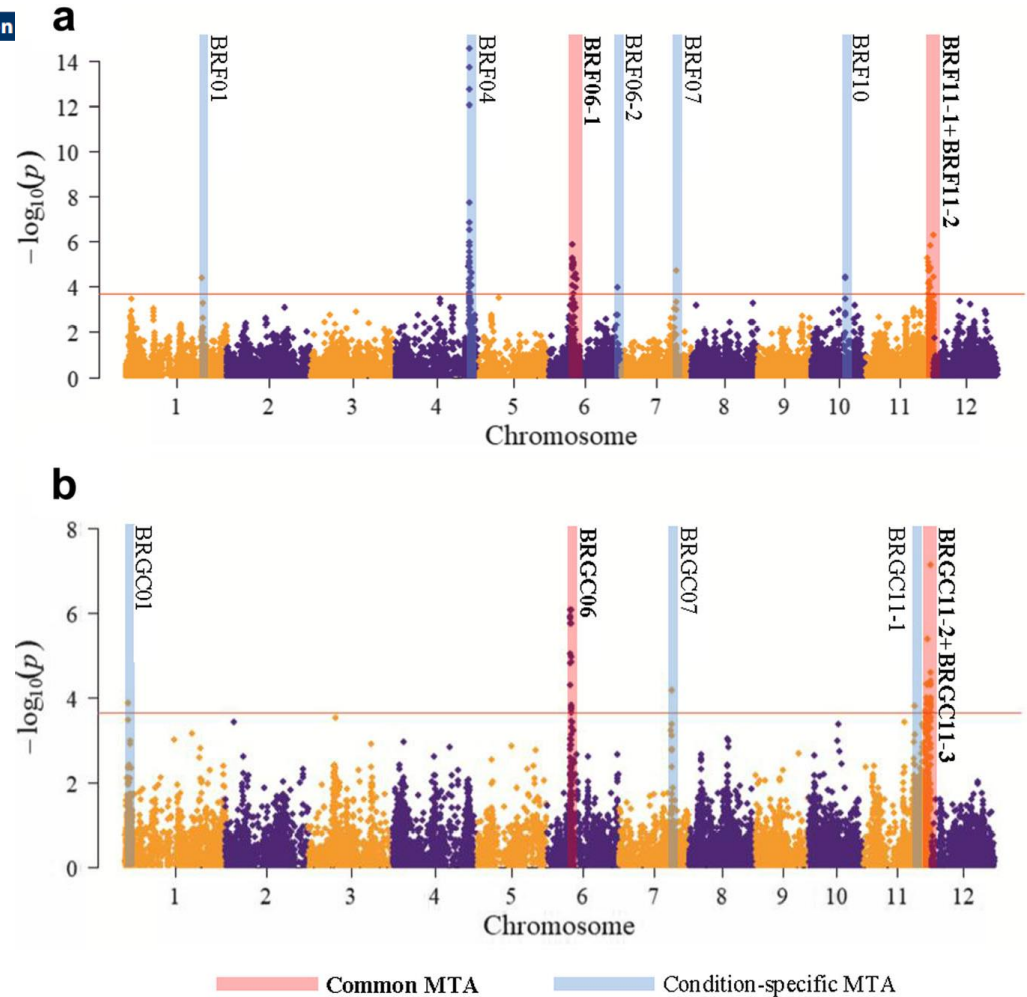
Open

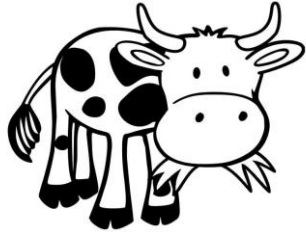
Genome wide association studies for *japonica* rice resistance to blast in field and controlled conditions



Foto: G. Orasen

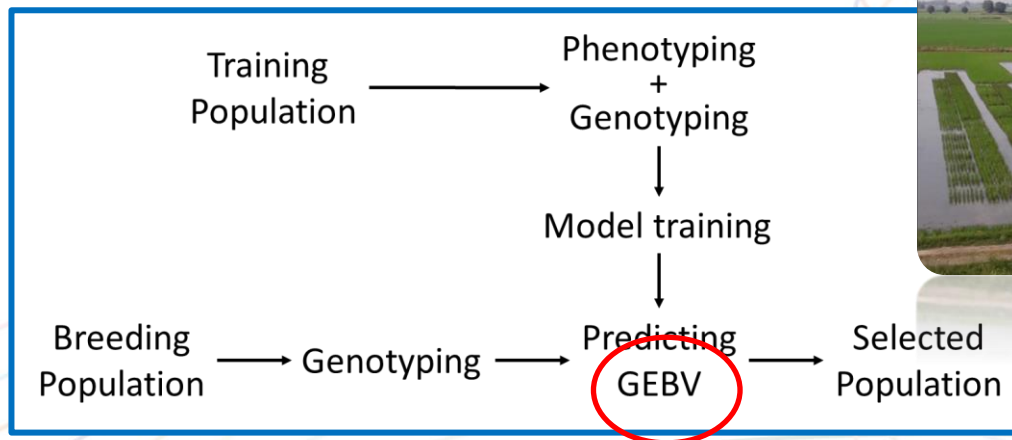
Rice





Non è mirata a singoli geni **-untargeted-**

Mira ad identificare le **combinazioni migliori** tra le decine di migliaia di geni in una pianta



Valore Genomico Complessivo Stimato

Genomic selection: A breakthrough technology in rice breeding

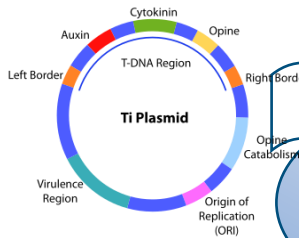
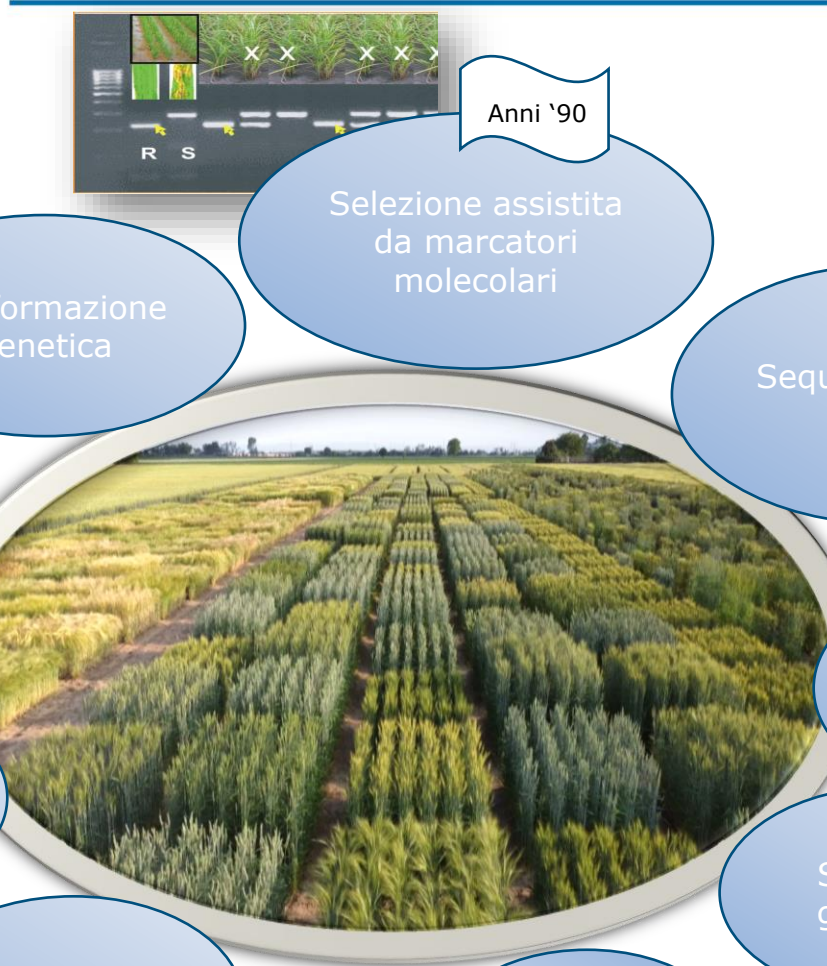


Yang Xu^a, Xexin Ma^a, Yue Zhao^a, Xin Wang^a, Kai Zhou^a, Guangning Yu^a, Cheng Li^a, Pengcheng Li^a, Zefeng Yang^a, Chenwu Xu^{a,c}, Shizhong Xu^{b,*}

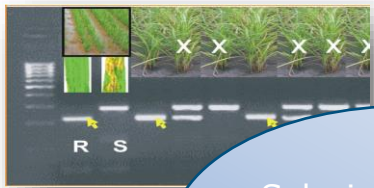
^aKey Laboratory of Plant Functional Genomics of the Ministry of Education/Jiangsu Key Laboratory of Crop Genomics and Molecular Breeding/Jiangsu Co-Innovation Center for Modern Production Technology of Grain Crops, College of Agriculture, Yangzhou University, Yangzhou 225009, Jiangsu, China
^bDepartment of Botany and Plant Sciences, University of California, Riverside, CA 92507, USA

Population	Genotype	Statistical model	Trait (predictive ability)	Reference
110 Japanese cultivars	3071 SNPs	BL, EN, RF, GBLUP, wBSR, LASSO, RKHS	Flowering date (0.7–0.85), panicle length (0.5–0.7), panicle number (0.35–0.45), grain length (0.35–0.45), grain width (0.5–0.7)	Onogi et al. [38]
413 diversity inbred lines	36,901 SNPs	GBLUP	Florets per panicle (0.6), flowering time (0.6), plant height (0.7), protein content (0.45)	Isidro et al. [39]
386 inbred lines 363 elite breeding lines	1311 SNPs 73,147 SNPs	PLS, Kernel PLS, RR, Kernel RR BL, RKHS, RRBLUP, RF	Grain shape (0.55–0.62) Grain yield (0.15–0.31), flowering date (0.35–0.63), plant height (0.15–0.34)	Iwata et al. [40] Spindel et al. [111]
343 S2:4 lines	8336 SNPs	BL, BRR, GBLUP, LASSO, RRBLUP	Grain yield (0.31), flowering date (0.30), plant height (0.54), panicle weight (0.33)	Grenier et al. [41]
284 inbred lines and 97 F ₅ –F ₇ lines	43,686 SNPs	GBLUP, RKHS, BayesB	Flowering date (0.35), nitrogen balance index (0.33), 100 panicle weight (0.38), Grain weight distribution (0.28–0.53)	Hassen et al. [42]
128 Japanese cultivars 161 African accessions and 162 USDA accessions	42,508 SNPs 36,901 SNPs	GBLUP, PLS GBLUP, BayesA, BayesC	Rice blast (0.15–0.72)	Yabe et al. [12] Huang et al. [43]
210 recombinant inbred lines and 278 hybrids	1619 bins	GBLUP, LASSO, SSVS	Grain yield (0.31–0.36), grain number (0.59–0.61), tiller number (0.45–0.48), 1000 grain weight (0.82–0.83)	Xu et al. [9]
120 inbred lines and 575 hybrids	2,395,866 SNPs	GBLUP	Grain yield (0.39), grain number (0.64), plant height (0.86), 1000 grain weight (0.88)	Wang et al. [7]
120 inbred lines and 575 hybrids	116,482 SNPs	BayesB, GBLUP, PLS, LASSO, SVM, RKHS	Grain yield (0.38–0.41), grain number (0.64–0.65), plant height (0.86), 1000 grain weight (0.87–0.88)	Xu et al. [10]
1495 hybrids derived from incomplete NC II design and 100 hybrids derived from half diallel crosses	102,795 SNPs	GBLUP	Grain yield (0.54), grain number (0.62), plant height (0.58), 1000 grain weight (0.54)	Cui et al. [46]

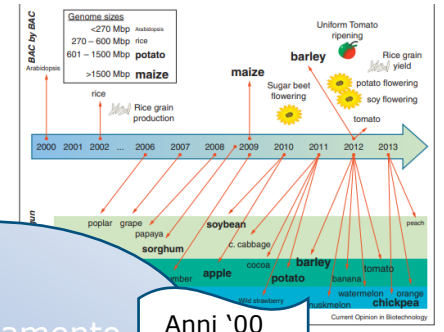
MIGLIORAMENTO GENETICO



Anni '80
Trasformazione genetica



Anni '90
Selezione assistita da marcatori molecolari

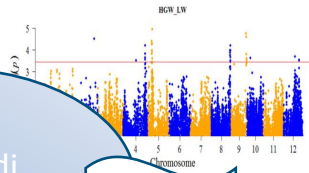


Anni '00
Sequenziamento genomi

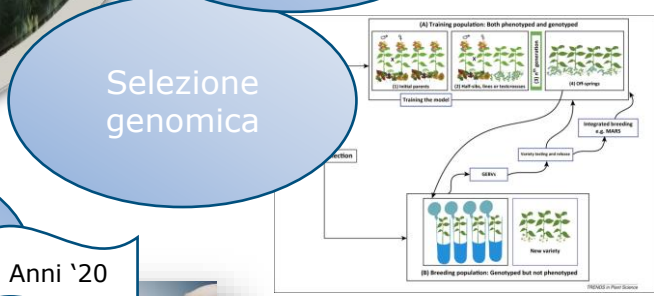
Anni '70
Colture *in vitro*



Anni '10
Analisi di associazione



Anni '60
Mutagenesi



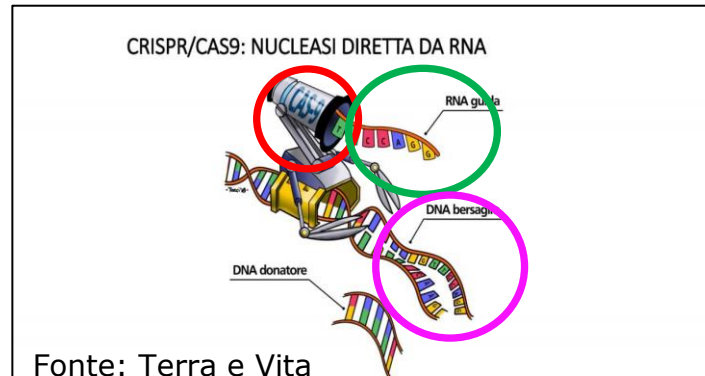
Inizi XX sec.
Incroci e selezione



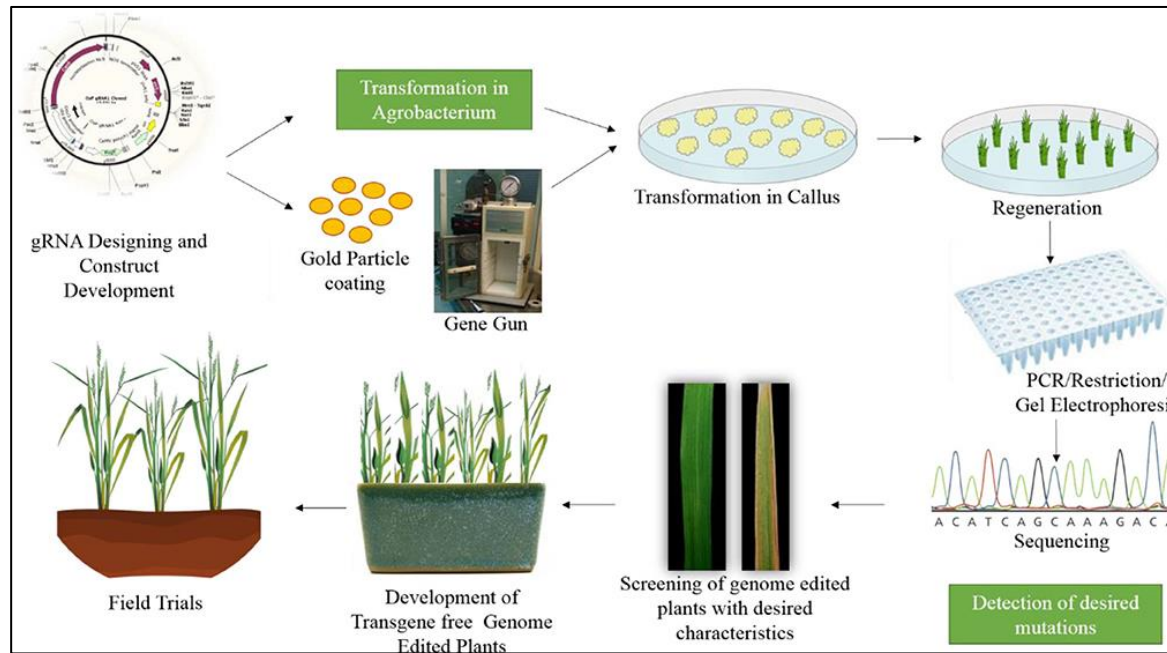
Anni '20
Editing genomico



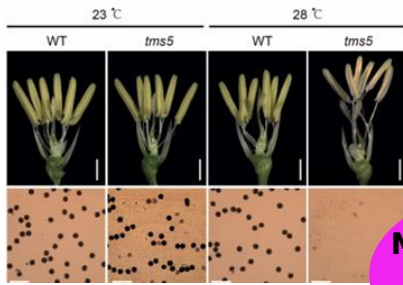
Forbice molecolare programmabile



Nobel per la chimica 2020

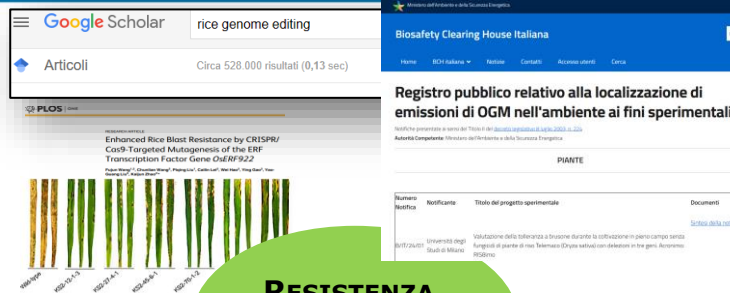


Editing genomico in riso



Li et al 2019

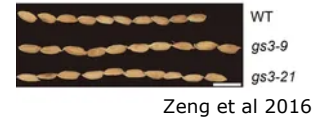
MASCHIOSTERILITA' PER IBRIDI



RESISTENZA STRESS BIOTICI

EDITING GENOMICO

AUMENTO RESA



Zeng et al 2016
Gn1a (numero granelli)
DEP1 (pannocchia densa ed eretta)
GS3 (dimensione granello)
IPA1 (architettura pianta)
PYL (recettore acido abscissico)

QUALITA' E VALORE NUTRIZIONALE

TOLLERANZA AD ERBICIDI

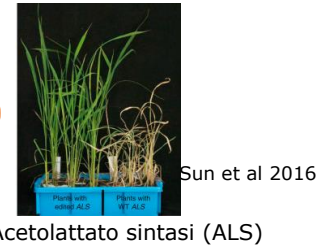
~~FAD2~~
 Ac. oleico → Ac. Linoleico
 ↑ Acido oleico

~~Badh2~~
 → 2-acetyl-1-pyrroline
 ↑ 2AP

SBE1, SBEIIb ↑ contenuto in amilosio

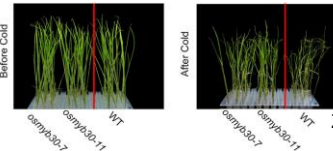
~~Cd~~ Trasportatore ~~OsNramp5~~
 ↓
 < 0,05 mg/kg vs 0,33-2,9 mg/kg

RESISTENZA STRESS ABIOTICI



Sun et al 2016
 Acetolattato sintasi (ALS)

Freddo

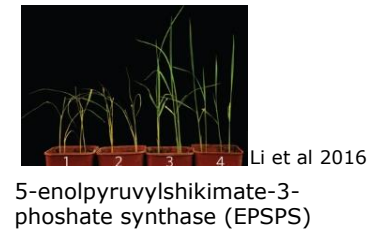


Zeng et al 2020

Salinità



Zhang et al 2019



Li et al 2016
 5-enolpyruvylshikimate-3-phosphate synthase (EPSPS)

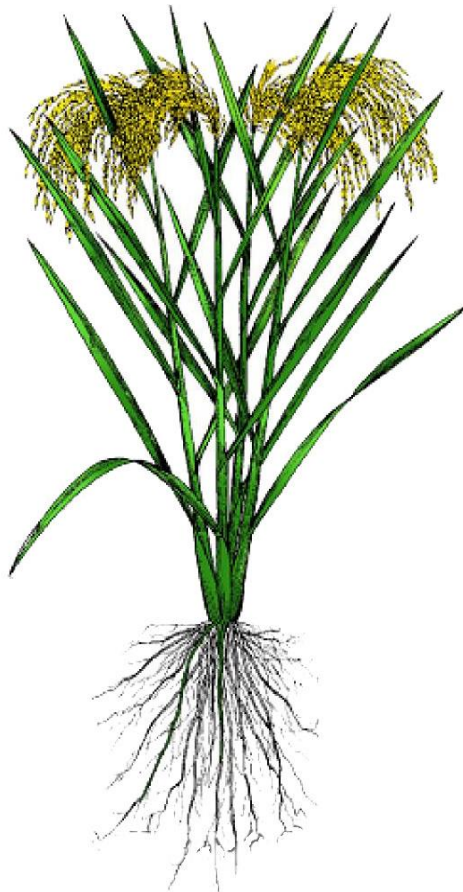
Realizzazione di un nuovo ideotipo di pianta di riso con migliorata resilienza e sostenibilità tramite l'inserimento di caratteri che influenzano la adattabilità della coltura

Target 1: Migliorare l'efficienza dell'uso dell'acqua (WUE) attraverso modificazioni dell'angolo radicale

Target Gene: *Deeper Rooting 1 (DRO1)*; cromosoma 9

Target 2 : Migliorare l'efficienza dell'uso dell'azoto (NUE) utilizzando un allele per un trasportatore più efficiente

Target Gene: *Nitrate transporter (NRT1.1B)*; cromosoma 10

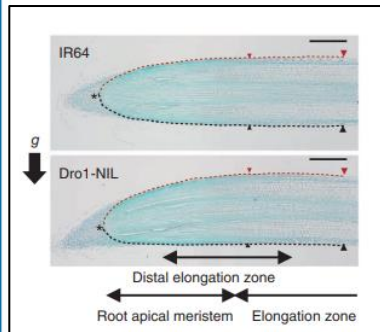


Target 3: Migliorare l'architettura della pianta (maggiore resistenza ad allestimento e produzione)

Target Gene: *Ideal Plant Architecture (IPA1)* codificante la *OsSPL14 (SQUAMOSA PROMOTER BINDING PROTEIN-LIKE 14)*; cromosoma 8



DRO1 fa allungare la radice. Attivo negli apici radicali, ma **bloccato** nell'espressione dall'ormone vegetale **Auxina**



Uga et al. 2013

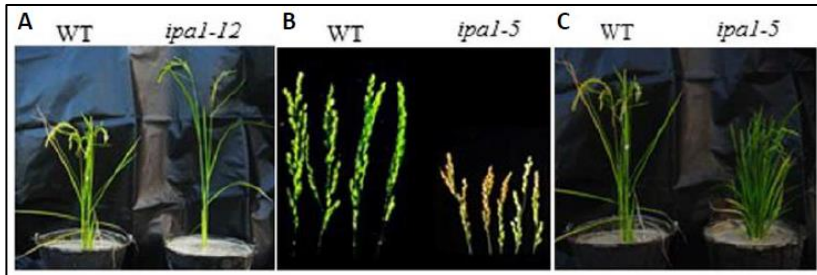
Usare le TEA per renderlo **insensibile al blocco di espressione** (di funzione)



Vialone nano *dro1*

Vialone nano *wt*

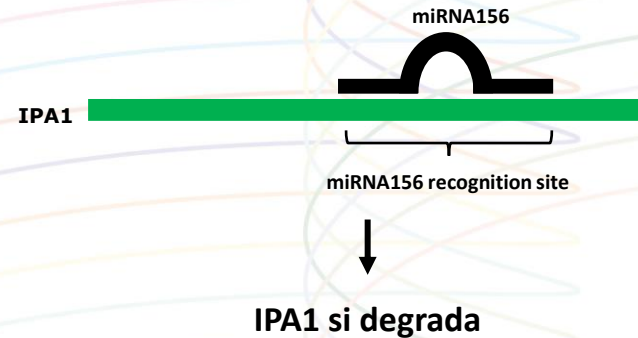




Li, M. et al. 2016

IPA1 regola più caratteri della **forma di pianta e pannocchia**. E' mantenuto meno attivo da un «blocco» ad opera di un «miRNA»

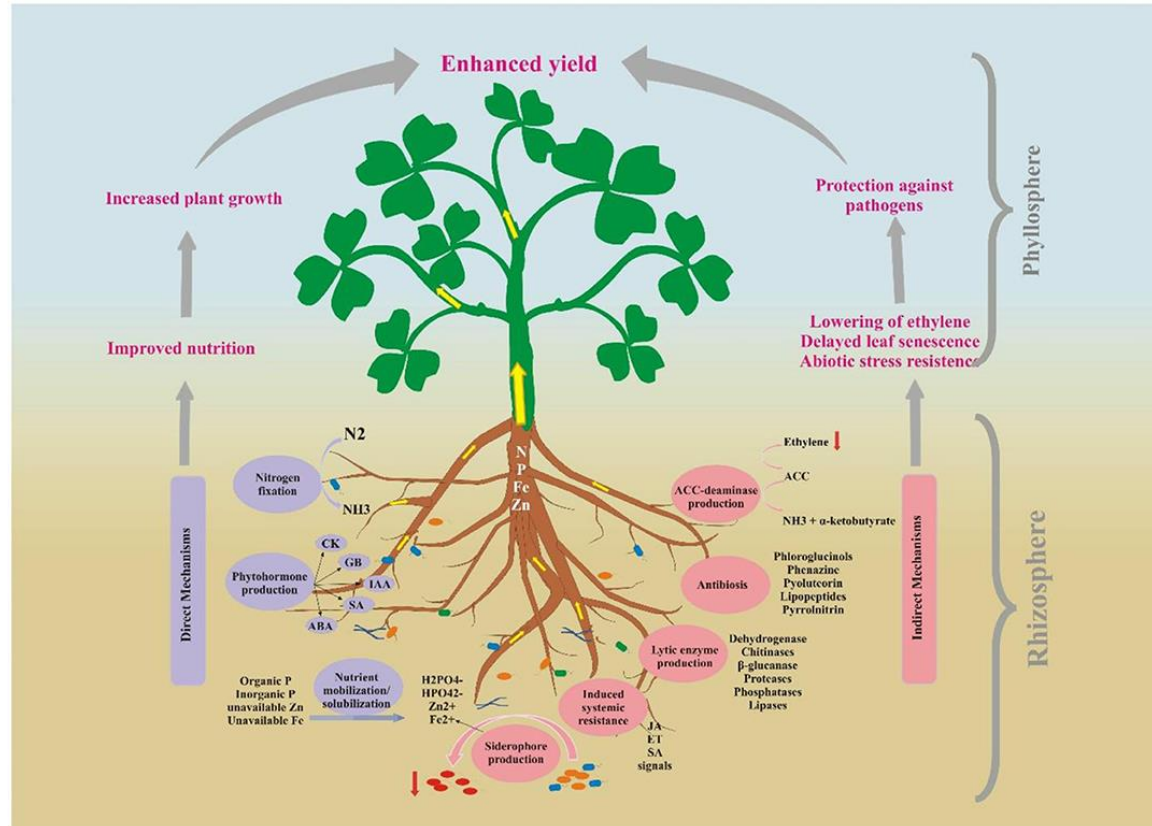
Usare le TEA per non fare aderire il miRNA ad IPA1, mutando il «sito di riconoscimento», quindi «sbloccare» la funzione di IPA1

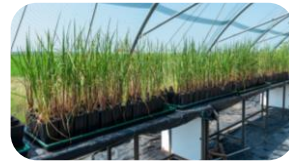




ECOLOGY mechanism concept

- Uso di Varietà con **resistenze** innate
- Sfruttamento di nuova **biodiversità**
- Uso di **molecole *plant-based***
- Sfruttamento dell'Interattoma positivo (soil-soil, soil-plant, plant-plant, etc.)
- Aumento del **Carbonio organico**
- **Sistemi agricoli** orientati alla **mitigazione**
- **Agricoltura di precisione** orientata dalle informazioni
- Nuovi metodi di **fertilizzazione** (recupero del fosforo, digestati, etc)
- Utilizzo mirato della **risorsa idrica**



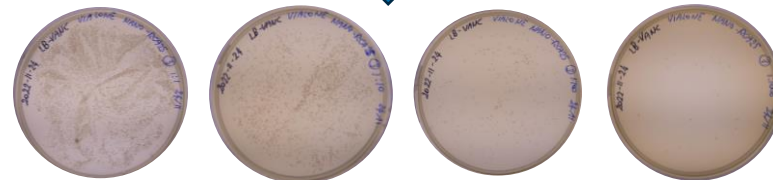
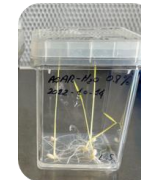


RisinNOVA

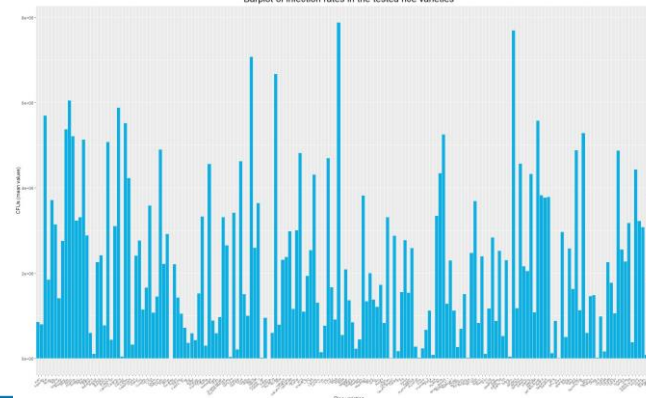
300 accessions



Kosakonia sacchari -
RCA25



Barplot of infection rates in the tested rice varieties



- La **stagnazione delle rese** dei cereali è aggravata dagli effetti del **cambiamento climatico**
- Le soluzioni per la cerealicoltura sono costituite dalle **innovazioni** nel **miglioramento genetico** e nel **management agronomico**
- **Nuova diversità genetica** utile può essere estratta dalla conoscenza approfondita della Biodiversità
- La **selezione genomica** è promettente per la costituzione di varietà più produttive
- Le **TEA** (Tecnologie di Evoluzione Assistita) sono promettenti per la generazione precisa di nuova diversità utile
- I metodi di **intensificazione agroecologica** sono promettenti per affiancare i progressi genetici e dare risposte di mitigazione da parte dei sistemi cerealicoli
- E' necessario **investire maggiormente in ricerca**, e fare in modo che ogni risultato della ricerca giunga al sistema agricolo e sia realmente utilizzato

CREA-CI, CREA-IT, CREA-GB, CREA-DC



Cornell University



UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO
DIPARTIMENTO DI SCIENZE AGRARIE E AMBIENTALI
PRODUZIONE, TERRITORIO, AGROENERGIA



International Centre for Genetic
Engineering and Biotechnology



UNIMORE
UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI
MODENA E REGGIO EMILIA



Grazie speciale al prof. **Giampiero Valè** (UniUPO Sede di Vercelli)
e a tutto il personale della sede del CREA di Vercelli

Grazie per l'attenzione!



Foto: L. Sena