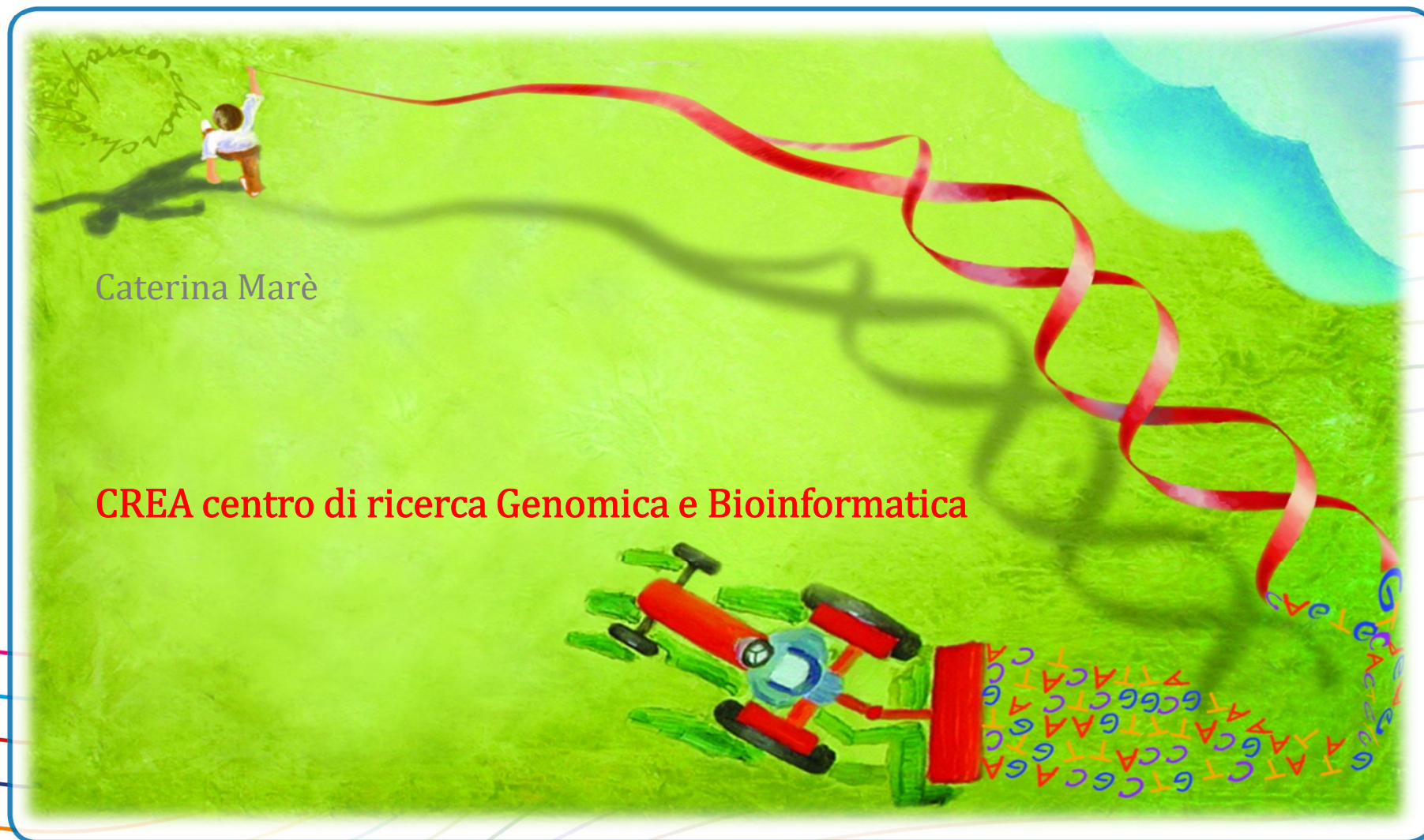


La genetica molecolare adatta il riso al futuro: miglioramento genetico per la sostenibilità agro-ambientale e risposta ai cambiamenti climatici

Caterina Marè

CREA centro di ricerca Genomica e Bioinformatica

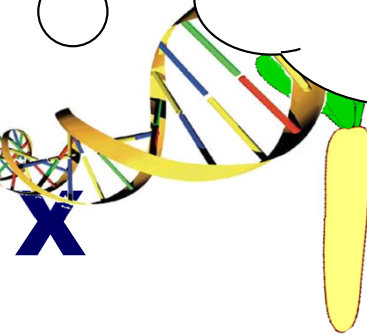
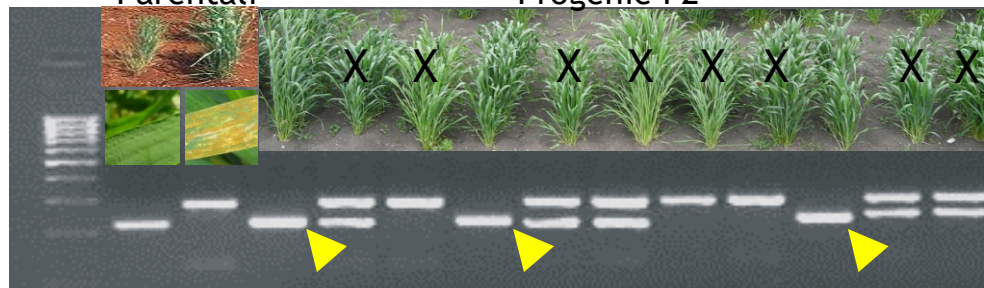


Qualità tradizionale, piante “smart”

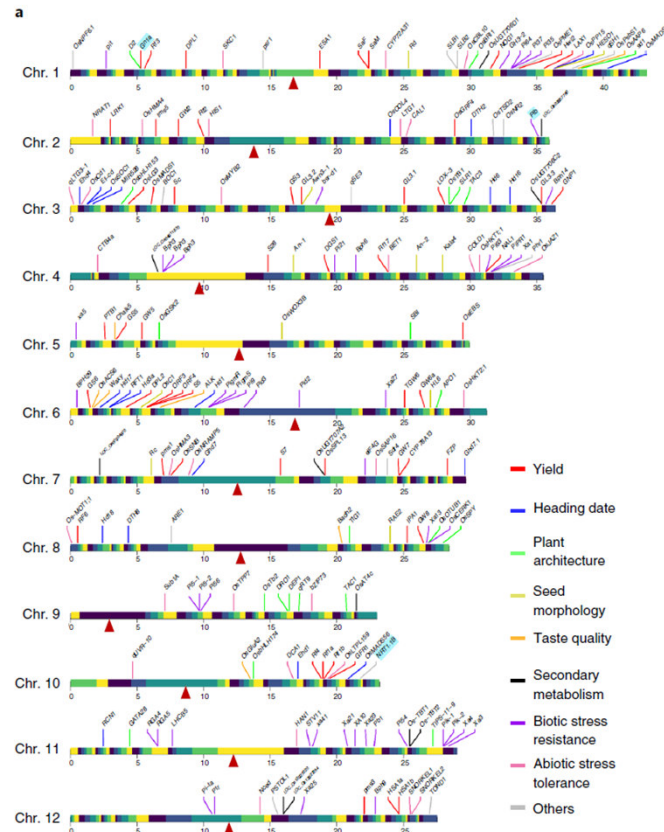
- La qualità del riso dipende dalle caratteristiche del seme (seme lavorato)
- La sostenibilità della coltura dipende dalle caratteristiche della pianta
 - Resistenza alle malattie
 - Adattamento alle nuove condizioni climatiche
- Pochi geni possono rendere la pianta di riso più “smart”



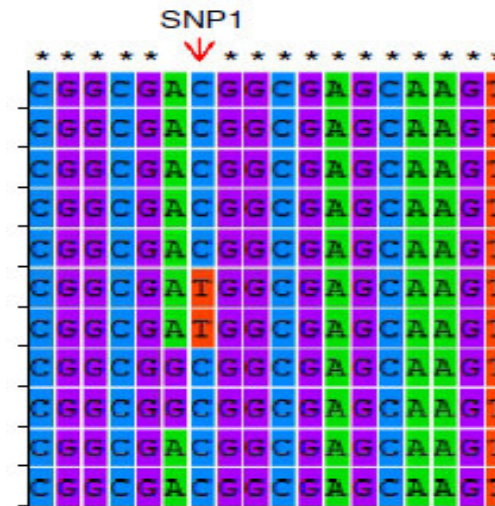
Miglioramento genetico tradizionale vs Marker Assisted Selection (MAS)



Marcatori molecolari disegnati per identificare i polimorfismi nelle sequenze dei geni



Wei et al., 2021: NATURE
GENETICS VOL 53, 243-263

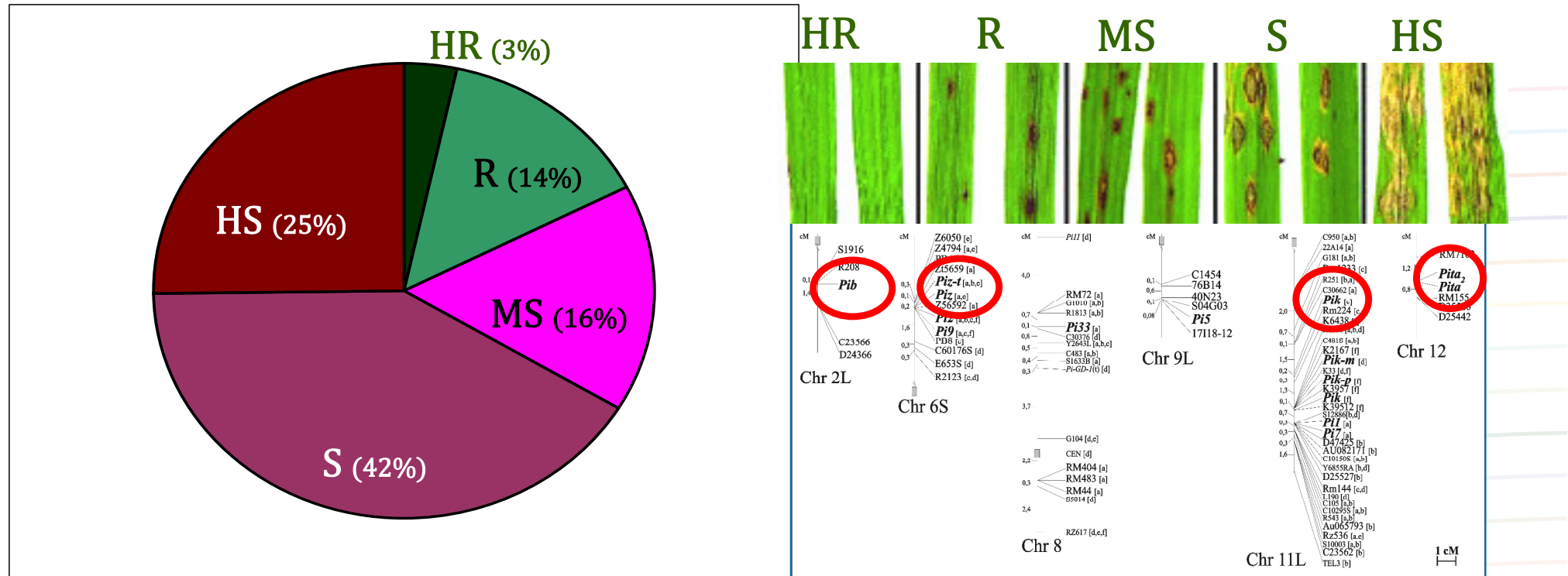


Single Nucleotide
Polymorphism (SNP)

Sequenziamento del Genoma



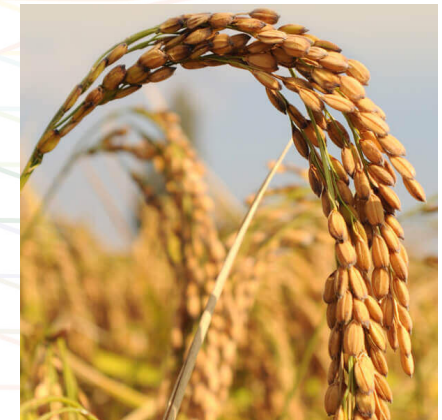
Risposta a brusone in 180 varietà italiane (2011), il brusone è ancora un problema, soprattutto per le varietà storiche



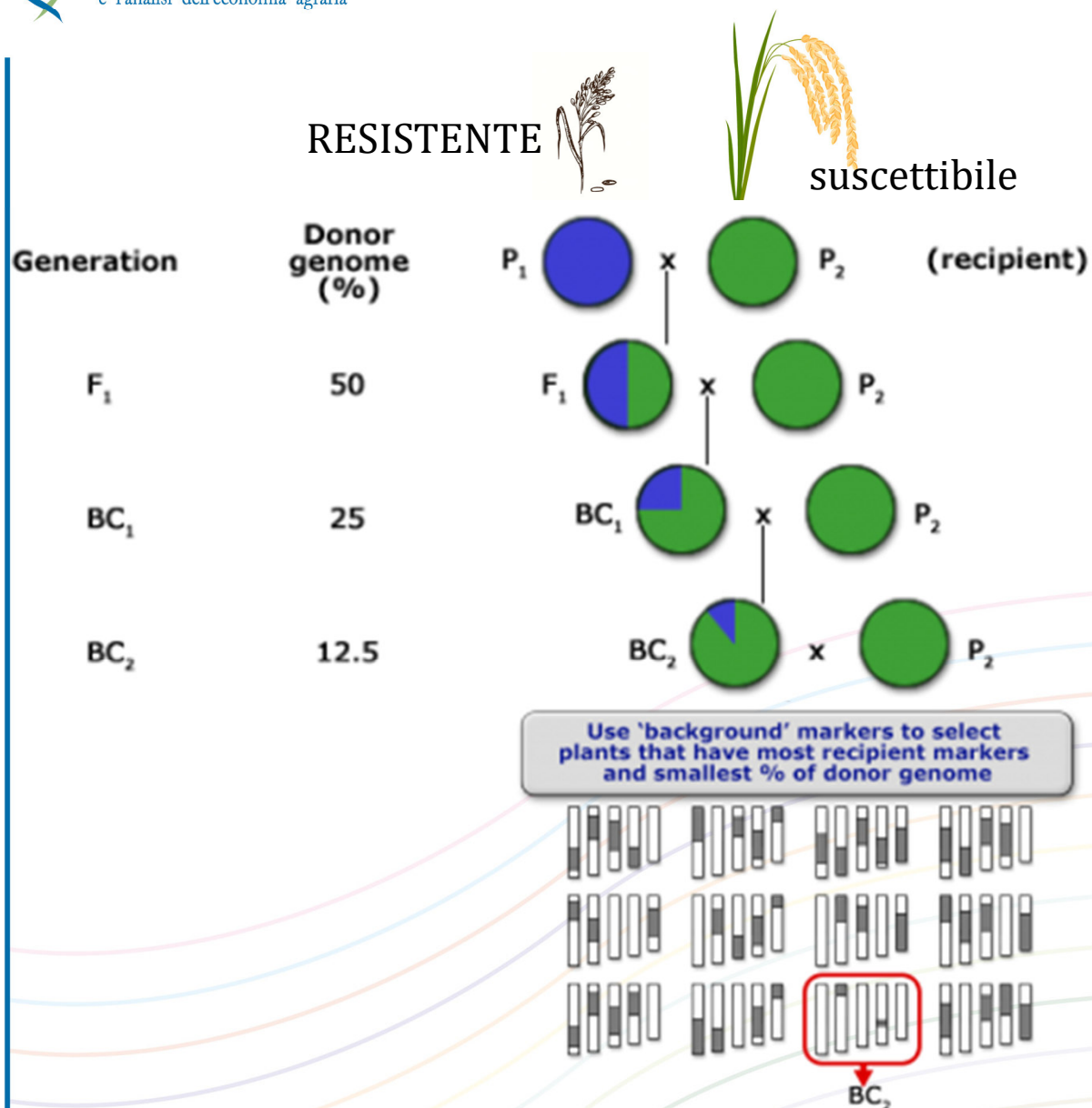
Article

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 Marè ⁴, Gabriele Orasen ⁵, Francesca Desiderio ⁴, Chiara Biselli ⁶, Marco Canella ¹, Lorena Carmagnola ¹, Joëlle Milazzo ^{7,8}, Henri Adreit ^{7,8}, Didier Tharreau ^{7,8}, Nicolas Poncelet ^{7,8}, Patrizia Vaccino ¹ and Giampiero Valè ^{1,9,*}



Un po di genetica: REINCROCIO



Un gene rende il riso tollerante al sale

PROBLEMA: la riduzione della portata dei fiumi in estate determina un cuneo salino (movimento di acqua dal mare verso l'entroterra attraverso il sottosuolo)

SOLUZIONE GENETICA: in riso è nota una varietà (IR64) dotata di resistenza al sale, determinata da un gene chiamato *Saltol1* (Ren et al., Nature Genetics 2005)



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

RESEARCH

Open Access

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

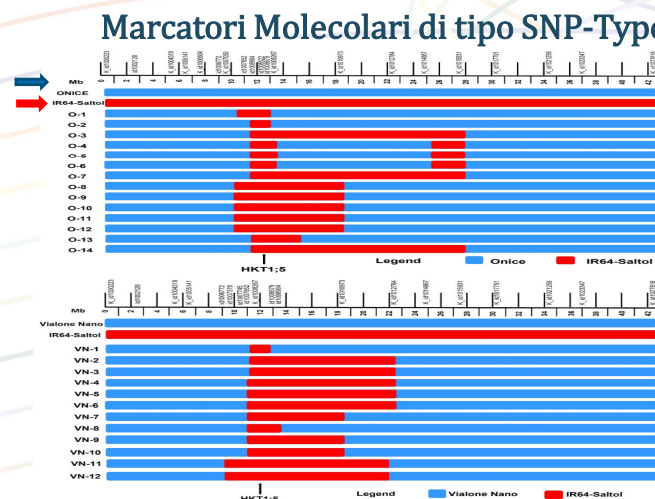
Caterina Marè^{1*}, Elisa Zampieri^{2,3}, Viviana Cavallaro⁴, Julien Frouin^{5,6}, Cécile Grenier^{5,6}, Brigitte Courtois^{5,6}, Laurent Brottier^{5,6}, Gianni Tacconi¹, Franca Finocchiaro¹, Xavier Serrat⁷, Salvador Nogués⁷, Mireia Bundo⁸, Blanca San Segundo^{8,9}, Noemi Negrini⁴, Michele Pesenti⁴, Gian Attilio Sacchi⁴, Giacomo Gavina¹⁰, Riccardo Bovina¹⁰, Stefano Monaco^{2,11}, Alessandro Tondelli¹, Luigi Cattivelli¹ and Giampiero Valè^{12*}



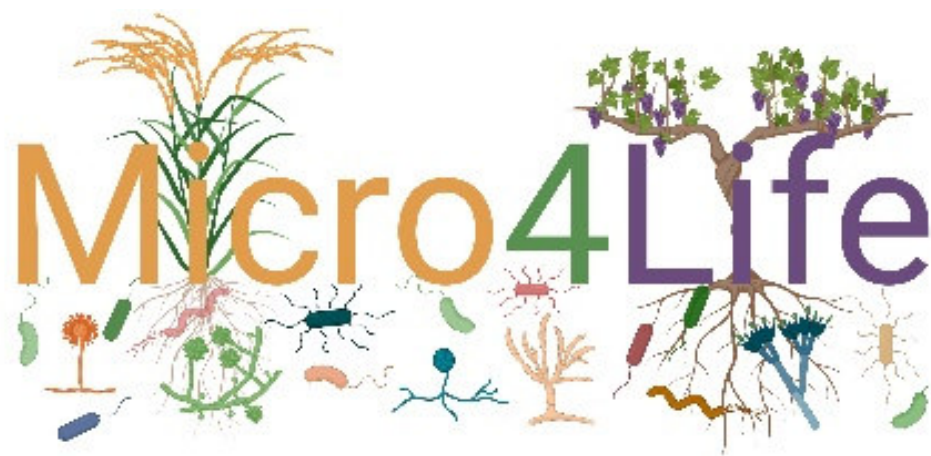
NEURICE PROJECT - Horizon
2020 Call: H2020-SFS-015-2

Rice

Linee di VN e ON con 1-5% di DNA di IR64 comprendente il gene *Saltol*



Tollerante alla
salinità e media
resistenza al
brusone



Come sfruttare il potenziale inesplorato del suolo?

Migliorare l'efficienza di utilizzo dell'azoto: una combinazione di genetica e microrganismi

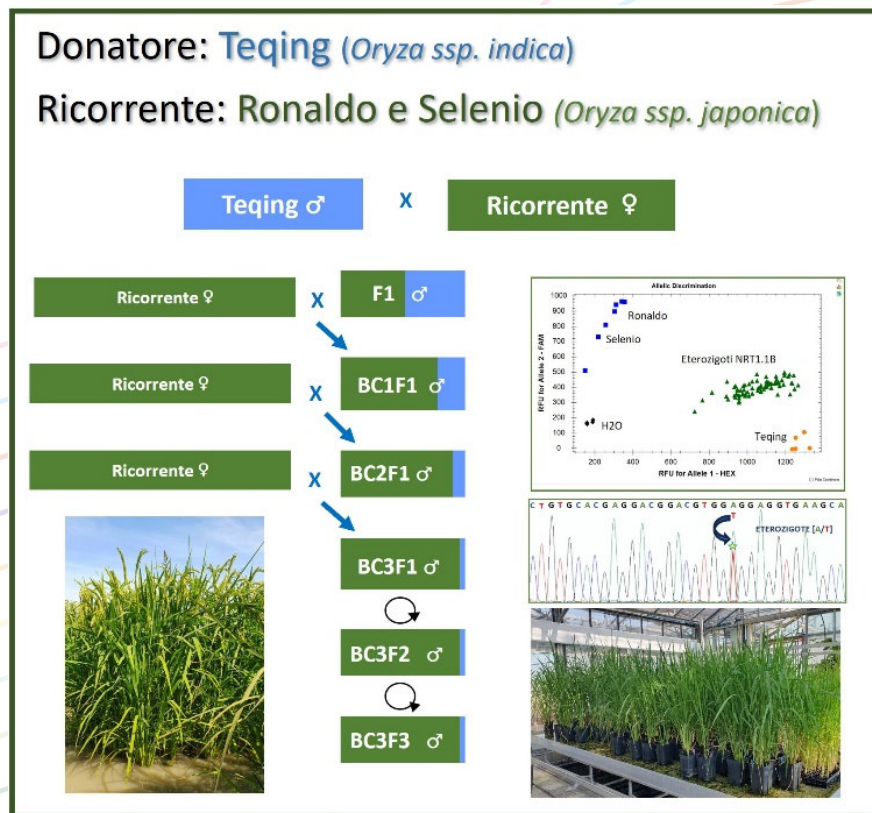


FONDAZIONI IN RETE
PER LA RICERCA
AGROALIMENTARE

Sviluppo di materiali genetici per lo studio dell'associazione pianta-microbiota per incrementare la sostenibilità in riso

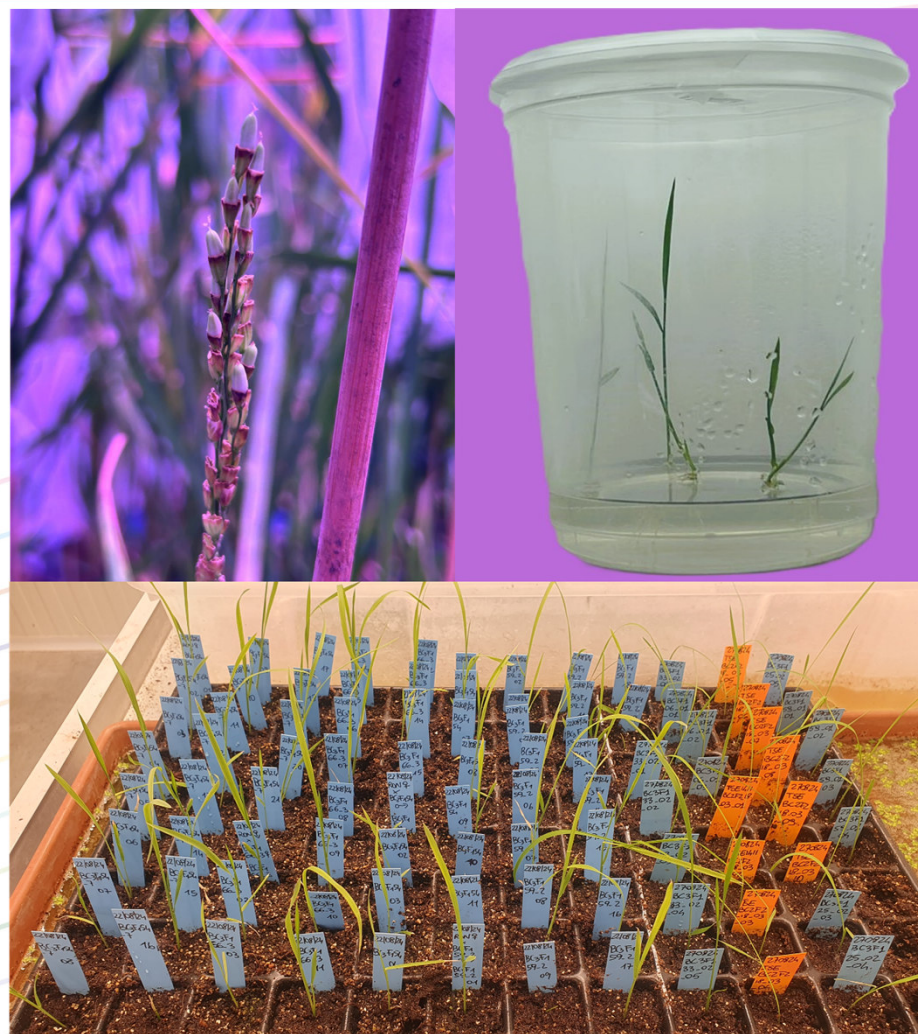
- Il gene *NRT1.1B* codifica un trasportatore della sostanza azotata aumentando l'efficienza dell'utilizzo dei composti azotati (NUE)
- Favorisce l'insediamento del microbiota radicale che migliora i processi di ammonificazione

Nelle varietà della *ssp. indica* il gene è attivo mentre in *ssp. japonica* le varietà portano una versione mutata (non funzionale) del gene



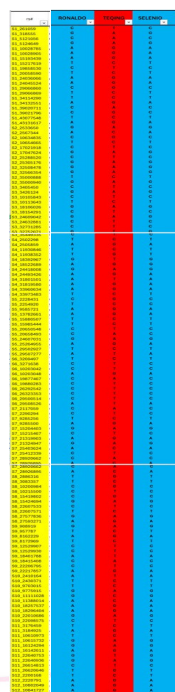
Schema di backcross assistito da marcatori molecolari (MABC) e immagine della sequenza di DNA del gene *NRT1.1B* nelle progenie eterozigoti e selezione della progenie BC per l'allele efficace *NRT1.1B* con marcatori molecolari SNP-Type

Embryo rescue (ER) è una tecnica *in vitro* per ridurre il tempo tra le generazioni di BC. Le piante si rigenerano dall'embrione sviluppato a 15 giorni dall'incrocio. Le piantine crescono *in vitro* in 7 giorni e sono pronte da trasferire in pot per essere genotipizzate per la presenza degli alleli di interesse.

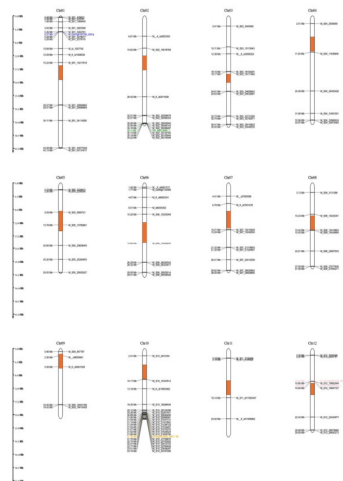


Selezione delle linee con maggior % del genoma del parentale ricorrente

**Marcatori SNP-type
polimorfici**



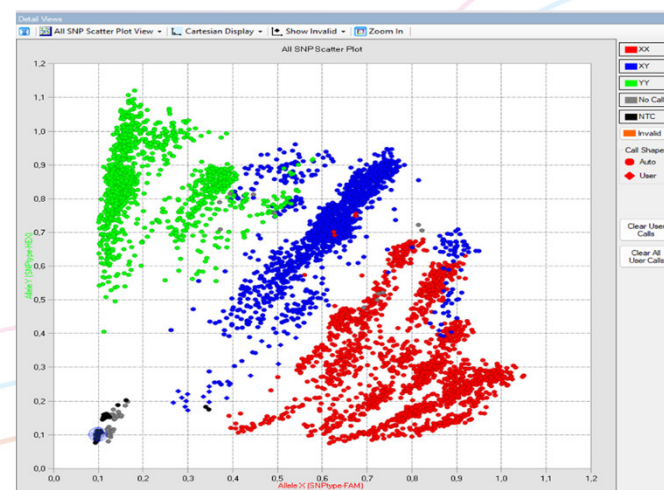
Distribuzione di mappa



96 campioni di DNA x 96 saggi SNP-type
assays (IFC)

Regione di DNA introgressa 3Mb
0,7 % sul genoma totale (450 Mb)

**Genotyping di 190 ILs con marcatori SNP-Type allele specifici tramite
piattaforma Biomark HD - RealTime PCR based (StandardBioTools)**



Le BEST ILs BC3F3 linee saranno fenotipizzate
in condizioni controllate e in campo nel 2026



+ Sviluppo + Resilienza + Produzione



- Sviluppo
- Resilienza
- Produzione



Rappresentazione dell'associazione favorevole pianta-microbiota radicale. Schema di attività di fenotipizzazione mediante inoculi batterici «endofiti» che grazie alla loro associazione positiva con le radici promuovono la crescita in riso (i disegni della figura sono realizzati con BioRender, software per illustrazioni scientifiche)



INOCULI

Batteri del microbiota «Plant Growth-promoting Bacteria» (PGPB)

SynComs = Synthetic microbial communities

PARAMETRI MORFOLOGICI/FENOLOGICI

Altezza della pianta, data di fioritura e maturazione, tillering

PARAMETRI DI PRODUZIONE

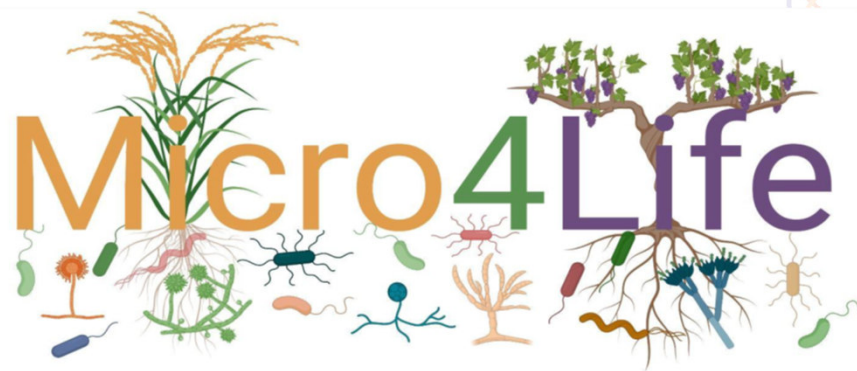
Numero di semi per pianta e peso dei semi

PARAMETRI FISIOLOGICI

Contenuto di clorofille e flavonoidi, Water Use Efficiency (WUE) e Nitrogen Use Efficiency (NUE) a diversa disponibilità di azoto e di stress idrico in prove di campo

PARAMETRI MOLECOLARI

Analisi dell'espressione genica per geni coinvolti nei meccanismi molecolari per la risposta a stress idrico e ossidativo



Work Package 2: Increasing rice aptitude to associate with beneficial microbiota

- **Caterina Marè**, Franca Finocchiaro, Daniela Palma, Marianna Pasquariello, Alice Povesi, Luigi Cattivelli, Agostino Fricano (CREA-GB Genomica e Bioinformatica, Fiorenzuola)
- **Stefano Monaco**, Carmela A. Migliori, Grazia Federica Bencresciuto (CREA-IT Ingegneria e Trasformazioni Agro-alimentare, Torino)

Giampiero Valè, Erica Mica, Giorgia Siviero, Francesca Juretic
(Università Piemonte Orientale, Department for Sustainable
Development and Ecological Transition (DiSSTE), Vercelli)

Carmelina Bianco (Istituto Bioscienze e BioRisorse (IBBR), Napoli)
Elisa Zampieri (Istituto Protezione Sostenibile delle Piante(IPSP), Torino)

Coordinatrice: Raffaella Maria Balestrini



Micro4Life è sostenuto da Ager-Agroalimentare e ricerca che è un'associazione di Fondazioni di origine bancaria a scopo filantropico- finanziamento progetto: Grant 2022-2903




RISORSE A SOSTEGNO DI AGER



PROGETTO "MICRO4LIFE" 2022-2903





**Pochi geni possono
ridisegnare la pianta di
riso e renderla sostenibile,
senza cambiare la qualità
tradizionale**

**GRAZIE PER
L'ATTENZIONE!**