fondazione
banfi

VIII Edizione
SUMMER SCHOOL SANGUIS JOVIS

HERITAGE
Frontiera del valore tra terroir e storytelling

Il miglioramento genetico della vite e le applicazioni dell'RNAi

Prof. Gabriella De Lorenzis

Milano

gabriella.delorenzis@unimi.it

+39 02 50316565

fondazione banfi

SANGUIS JOVIS
ALTA SCUOLA DEL SANGHESE

Il concetto di miglioramento genetico

Il miglioramento genetico delle piante è definito come la scienza che modifica le caratteristiche genetiche delle piante allo scopo di creare tipi vegetali desiderati, meglio adattati alla coltivazione, ad esempio con resa più elevata, resistenza alle malattie o agli stress abiotici.

È una scienza e un'arte che mira a migliorare le piante coltivate attraverso lo studio e l'applicazione di:

- genetica,
- agronomia,
- statistica,
- fisiologia vegetale,
- patologia vegetale,
- e altre scienze affini.

Perche' fare miglioramento genetico?

2030 Targets for sustainable

PESTICIDES

50%

Reduce the overall use and risk of chemical and hazardous pesticides

NUTRIENT LOSSES

50%

Reduce nutrient losses by 50% whilst retaining soil fertility, resulting in 20% less fertilisers

ANTIMICROBIALS

50%

Reduce sales of antimicrobials for farmed animals and aquaculture

La strategia “Farm to Fork” è il cuore del European Green Deal che ha lo scopo di rendere il sistema alimentare giusto, sano e rispettoso dell'ambiente.

Il DNA: il libro di ogni organismo

Contiene tutte le istruzioni per costruire e far funzionare un essere vivente, come la vite

Come fare miglioramento genetico?

Breeding convenzionale

Limitato agli incroci tra specie uguali o molto affini

Nessuna garanzia di ottenere una combinazione genica specifica tra milioni di incroci

I geni indesiderati possono essere trasferiti insieme a quelli desiderati

Occorrono molti anni per ottenere i risultati sperati

Ingegneria genetica

Permette il trasferimento diretto o la mutazione di uno o pochi geni

Può avvenire in tempi più brevi rispetto al miglioramento convenzionale

Possibilità di disattivare o eliminare geni specifici

Simili, ma differenti!

Quanto puo' durare un programma di MG?

Breeding convenzionale

Circa 20-25 anni per ottenere un nuovo genotipo

Meno di 20-25 anni, se si utilizzano marcatori per la selezione assistita (MAS)

Meno di 20-25 anni, se è disponibile materiale di pre-breeding

Ingegneria genetica

Di sicuro meno di 20-25 anni!

In teoria, non più di 3 anni

Dipende dall'efficienza di trasformazione e rigenerazione

Come si fa il miglioramento genetico tradizionale?

Si base sull'incrocio!

<https://www.vinievitiresistenti.it/2021/02/01/come-nasce-una-variet%C3%A0-resistente-piwi/>

Come si fa il miglioramento genetico non tradizionale?

Si base sulla trasformazione del DNA!
Un protocollo non proprio semplicissimo

TEA: tecnologie di evoluzione assistita

La nuova frontiera del miglioramento genetico non tradizionale

Tramite le TEA (genome editing) è possibile disattivare uno specifico gene (**knock out; Non-homologous end joining**) o introdurre un gene esogeno in una cellula (**knock in; Homology directed repair**).

TEA: tecnologie di evoluzione assistita

Un premio Nobel

Emmanuelle
Charpentier e Jennifer
A. Doudna sono state
premiare con il Nobel
per la Chimica nel
2020

fondazione banfi

SANGUIS JOVIS
ALTA SCUOLA DEL SANGUE

Come si fa il miglioramento genetico non tradizionale?

campo piante uche
tramite le TEA

DI ANTE OGM,

menratazione di
lante
oerta
rione

• Decreto Legge Siccità

Approvato il 30 Maggio 2023

I primi esempi in Italia di prove TEA in campo

RISO

Vittoria Brambilla
24 giu 2024 · 🌐

Radio3 Scienza · Segui
24 giu 2024 · 🌐

Dopo anni di studi, le prime piantine di riso hanno messo radici a maggio. Ma pochi giorni fa, il primo campo sperimentale coltivat... Altro...

Clizia Villano e 47 Condivisioni: 3

Mi piace Commenta Invia Condividi

Vittoria Brambilla
10 nov 2024 · 🌐

Questa è la seconda sperimentazione di piante TEA in Italia, sono viti resistenti alla peronospora della bravissima Sara Zenoni dell' Università di Verona. Trapiantate in Valpolicella a settembre sono state coperte per ripararle dal freddo in attesa che ripartano in primavera. Ci piace questa Italia forte nella ricerca, nell' innovazione e capace di f... Altro...

VITE

Tu, Ignazio Verde Ragona e 117 Commenti: 6

Quando l'innovazione incontra il **RIFIUTO**

Ministero Nazionale Scienza e Tecnologia
Leonardo da Vinci · [Segui](#)

12/01/2024 · 🌐

Gravemente danneggiato il primo campo
nazionale italiano nel quale era stato
coltivato il riso TEA, sviluppato grazie a T... Altro...

**GRAVEMENTE DANNEGGIATO
IL PRIMO CAMPO DI RISO TEA.
QUALI CONSEGUENZE?**

Quali geni editare?

	Varietà resistenti	Varietà suscettibili
Gene di resistenza
Gene di suscettibilità

Quali geni editare?

Wan et al. *Horticulture Research* (2020)7:116
<https://doi.org/10.1038/s41438-020-0339-8>

Horticulture Research
www.nature.com/hortres

ARTICLE

Open Access

CRISPR/Cas9-mediated mutagenesis of *VvMLO3* results in enhanced resistance to powdery mildew in grapevine (*Vitis vinifera*)

Dong-Yan Wan^{1,2}, Ye Guo^{1,2}, Yuan Cheng^{1,2}, Yang Hu^{1,2}, Shunyuan Xiao³, Yuejin Wang^{1,2} and Yin

The grapevine cultivar Thompson Seedless is an ideal material for studying powdery mildew resistance in grapevine because it is amenable to transformation and susceptible to powdery mildew infection. There are 17 *VvMLOs* in Thompson Seedless. In this study, we used CRISPR/Cas9 technology to target two grapevine *MLO* genes, *VvMLO3* and *VvMLO4*, and obtained *VvMLO3*-edited grapevine lines with enhanced resistance to powdery mildew. Our work suggests that CRISPR/Cas9-targeted mutagenesis is a valuable tool for generating disease-resistant grapevines.

CRISPR/Cas9-mediated mutagenesis of *VvMLO3* results in enhanced resistance to powdery mildew in grapevine (*Vitis vinifera*)

Dong-Yan Wan^{1,2}, Ye Guo^{1,2}, Yuan Cheng^{1,2}, Yang Hu^{1,2}, Shunyu Xiao³, Yuejin Wang^{1,2} and Ying-Qiang Wen^{1,2}

e banfi
JOVIS
SANG OVESE

Quali geni editi

(see figure on previous page)

Fig. 6 *VvMLO3*-edited grapevine plants show infection-triggered cell death, H_2O_2 accumulation and CWAs. **a** The wild-type (WT) and two *VvMLO3*-edited heterozygous mutant grapevine lines grown under phytotron conditions for 6 months (bar = 10 cm). **b** Representative micrographs showing DAB- and trypan blue-stained epidermal cells of the WT and *VvMLO3*-edited lines at 5 or 7 dpi. Red arrowheads indicate trypan blue retention, and black arrowheads indicate H_2O_2 accumulation (bar = 50 μ m). **c** Representative images showing a trypan blue-stained leaf section of WT or CM3G2-40 with a focus on either the epidermal layer or the mesophyll cell layer at 7 dpi (bars = 50 μ m). **d** Histochemical analysis of infection-triggered CWAs of epidermal cells of the WT and the heterozygous CM3G2-40 mutant line at 7 dpi. Red arrowheads indicate haustoria (H), and black arrowheads indicate infection-triggered CWAs (bars = 50 μ m).

Le limitazioni delle TEA

- La rigenerazione da cellule e/o tessuti modificati rappresenta ad oggi il PRINCIPALE COLLO DI BOTTIGLIA!
- L'efficienza di rigenerazione è cultivar specifica.
- Un protocollo di rigenerazione non può essere universale.
- Ad oggi non disponiamo di protocolli per la rigenerazione di tutte le principali varietà italiane.
- Per applicare le TEA abbiamo bisogno di conoscere i geni responsabili di un determinato carattere.
- Molti di questi geni ad oggi sono ancora sconosciuti.

**Mi
arrendo**

A hand in a white shirt cuff holds a wooden stick with a white sign. The sign has the text 'Mi arrendo'. The hand is positioned over a large pile of crumpled white paper. To the left, a thought bubble contains the text 'Ci sono altre tecniche..'.

**Ci sono altre
tecniche..**

**Mi
arrendo**

Il flusso dell'informazione genica

Dal DNA alle proteine al fenotipo

fondazione banfi

SANGUIS JOVIS
ALTA SCUOLA DEL SANGUE

E' possibile modificare il flusso dell'informazione genica?

- Agendo sulle molecole di RNA attraverso l'**RNA interference** (RNAi).
- E' un meccanismo mediante il quale alcuni frammenti di RNA (**dsRNA**) sono in grado di interferire (spegnere) con l'espressione genica.
- E' un processo di silenziamento genico post trascrizionale.
- Questi frammenti di RNA sono complementari all'RNA espresso dalla cellula (gene target).
- **Il dsRNA può essere prodotto dalla pianta modificata geneticamente oppure applicato per via esogena.**

Il meccanismo dell'RNAi

Spray-Induced Gene Silencing (SIGS) in Crop Disease Resistance

Host-Induced Gene Silencing (HIGS) in Crop Disease Resistance

Applicazione esogena del dsRNA

Quali geni disattivare con l'RNAi?

	Varietà resistenti	Varietà suscettibili
Gene di resistenza
Gene di suscettibilità

Varieta' georgiane resistenti a *P. viticola*

Vitis 55, 121-128 (2016)

DOI: 10.5073/vitis.2016.55.121-128

Evidence of resistance to the downy mildew agent *Plasmopara viticola* in the Georgian *Vitis vinifera* germplasm

S. L. TORTOLATTI¹, G. MADDALENA¹, D. SALOMONI¹, D. MAGHERADZE², P. A. BIANCO¹ and O. FAILLA¹

¹Dipartimento di Scienze Agrarie e Ambientali, Università degli Studi di Milano, Milano, Italy
²Scientific – Research Center of Agriculture, Tbilisi, Georgia

Vitis 54 (Special Issue), 193-196 (2015)

Screening of Georgian grapevine germplasm for susceptibility to downy mildew (*Plasmopara viticola*)

N. BIFSADZE¹, M. AZNARASHVILI¹, A. VERCESI², R. CHIPASHVILI¹, O. FAILLA² and D. MAGHERADZE¹

¹ Institute of Horticulture, Viticulture and Oenology, Agricultural University of Georgia, Tbilisi, Georgia
² Dipartimento di Scienze Agrarie ed Ambientali, University of Milan, Milano, Italy

Table 3

Average values of sporangia $10^3/cm^2$ of the accessions and results of statistical analysis*

Accession	Sporangia/cm ²
N21F - Buza	1.2 a
L22A - Mgaloblishvili	1.5 ab
M22F - Jami Bakhvis	2.2 abc
L23A - Khushia Shavi	2.3 abc
M22E - Kamuri Shavi	2.4 abcd
N23E - Imeruli Shavi	2.6 abcd
M24C - Argvetula	3.2 abcd
O22B - Ubakluri	3.3 abcd
L23F - Vertkvitchalis Shavi	3.9 abcd
N24F - Acharuli Tetri	7.3 bcd
O23D - Didshavi	18.7 cd
L22B - Marguli Sapere	25.9 d

*Mean values within the column followed by the same letter are not significantly different at 0.05 significance level.

Riduzione incidenza della malattia e sporulazione

Mgaloblishvili

fond

SANCTI VITIS
ALTA SCUOLA DEL SANG. OVESE

Mgaloblishvili versus *P. viticola*

- Riconoscimento del patogeno
- Trasduzione del segnale basato sull'etilene
- Risposta di resistenza basata sulla sintesi di composti antimicrobici ed enzimi che degradano la parete fungina e rinforzo della parete cellulare della cellula

Il gene VvLBDIf7

	Varietà resistenti	Varietà suscettibili
Gene di resistenza
Gene di suscettibilità
LOB domain-containing Protein (LBD)
	Mgaloblishvili	Pinot noir

La famiglia genica degli LBD

50 genes in *Vitis vinifera*

Lateral organ development

Photomorphogenesis

Hormones response

Metabolism regulation

Heading date

Abiotic stress resistance

Pathogen resistance

In alcune specie, come *Citrus* e *Arabidopsis* sono stati già validati come geni di suscettibilità

Il silenziamento del gene *VvLBDIf7* con dsRNA

L'espressione del gene *VvLBDIf7* è ridotta a cinque giorni dopo il trattamento con dsRNA

Effetto del dsRNA sulla pianta

La sporulazione di *P. viticola* è ridotta a sette giorni dopo il trattamento con dsRNA

Effetto del dsRNA sul patogeno

Nuovi potenziali target LBD

dsRNA versus P. viticola

Geni target del patogeno

- dsRNA che ha come target il gene PvDCL1/2 applicato esternamente su foglie di vite staccate dalla pianta e inoculate con *P. viticola*.
- Progressione della malattia di *P. viticola* espressa come area fogliare coperta fino a 14 dpi (giorni dopo l'inoculazione).
- Le foglie sono state trattate con 50 ml di acqua (Ctrl) o dsRNA [75, 100 o 125 ng ml⁻¹ di dsRNA di BcDCL1/2 (BcDCL_75/100/125) e PvDCL1/2 (PvDCL_75/100/125)] prima di essere inoculate con 7,5 ml di una soluzione di sporangi 1 x 10⁵ ml⁻¹.

dsRNA versus Botrytis cinerea

Geni target del patogeno

- Geni: BcCYP51, Bcchs1, and BcEF2, siti d'azione dei fungicidi
- Varietà: Moscato
- Riduzione dell'incidenza della malattia in campioni trattati con Bc dsRNA

Non solo avversita' biotiche: dsRNA versus stress idrico

- ◉ Gene: VvGST40, glutatione S-transferase (responsabile dell'aumento dell'ABA)
- ◉ Varietà: Chardonnay
- ◉ Una volta reidratate, le piante trattate con dsRNA VvGST40 si sono riprese completamente, mostrando un fenotipo simile alle piante non stressate, senza alcun danno evidente dovuto alle condizioni di siccità applicate

Nerva et al. 2021

fondazione banfi

SANGUIS JOVIS
ALTA SCUOLA DEL SANGIOVESE

Ottimizzazioni dell'uso del dsRNA

Concentrazione, lunghezza e sequenza delle molecole di dsRNA

Formulazioni che dovrebbe prevenire la degradazione del dsRNA e consentirne l'assorbimento nelle cellule

Strategia di erogazione (bassa o alta pressione)

Le vescicole extracellulari

- ◉ Le vescicole extracellulari (EV) sono nanoparticelle naturali che trasportano e distribuiscono varie molecole bioattive
- ◉ Le EV possono attraversare le barriere tissutali
- ◉ Le EV hanno versatilità nel caricamento
- ◉ Rilasciano facilmente il carico all'interno della cellula
- ◉ Sono estratte da scarti vegetali o da alghe (<https://www.evebiofactory.com/>)

fondazione banfi

SANGUIS JOVIS
ALTA SCUOLA DEL SANGUE

dsRNA+nanovesicicole versus B. cinerea

- Utilizzo di nanovesicicole artificiali (AV).
- Il trattamento con AV-dsRNA fornisce una protezione prolungata contro *B. cinerea* nelle foglie di vite.
- Le foglie sono state pretrattate con dsRNA nudo o caricato sulle AV, per 1, 7, 14 e 21 giorni, quindi inoculate con *B. cinerea*.
- Sono state misurate le dimensioni relative delle lesioni sulle foglie.

dsRNA e agrofarmaci a confronto

Il dsRNA rappresenta una tecnologia innovativa e più sostenibile rispetto agli agrofarmaci chimici tradizionali. Offre **maggiore specificità e sicurezza per l'ambiente e la salute umana**, ma la sua applicazione è ancora in fase di sviluppo. Gli agrofarmaci rimangono ampiamente utilizzati, ma il loro impatto ambientale e il rischio di resistenza rappresentano sfide crescenti per l'agricoltura moderna.

- L'RNAi è altamente specifico: il dsRNA è progettato per colpire un gene specifico, riducendo l'effetto su organismi non target.
- I dsRNA non si accumulano nell'ambiente e non lasciano residui chimici, riducendo così l'inquinamento.
- La regolamentazione sui dsRNA è ancora in fase di sviluppo in molti Paesi.
- Gli agrofarmaci hanno un ampio spettro d'azione e possono colpire diversi tipi di organismi, incluse specie non target.
- Gli agrofarmaci possono lasciare residui chimici, con effetti a lungo termine su ecosistemi e salute umana.
- Il numero di principi attivi consentiti dalla legge si riduce sempre di più.

fondazione banfi

SANGUIS JOVIS
ALTA SCLÒLA DEL SANG OVESE

Take home messages

TEA e dsRNA esogeno sono opportunità per una viticoltura più sostenibile e competitiva

Abbiamo l'esigenza di trovare nuovi target per TEA e dsRNA

TEA e RNAi sono tecnologie giovani. Abbiamo margini di miglioramento

fondazione banfi

SANGUIS JOVIS
ALTA SCUOLA DEL SANGIOVESE

GRAZIE PER L'ATTENZIONE!

Milano

gabriella.delorenzis@unimi.it

+39 02 50316565

DiSAA
DIPARTIMENTO
di SCIENZE
AGRARIE e
AMBIENTALI