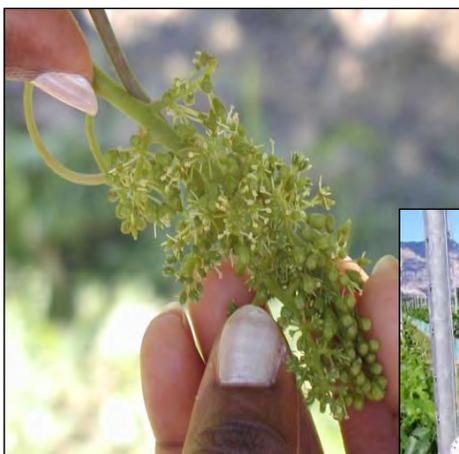
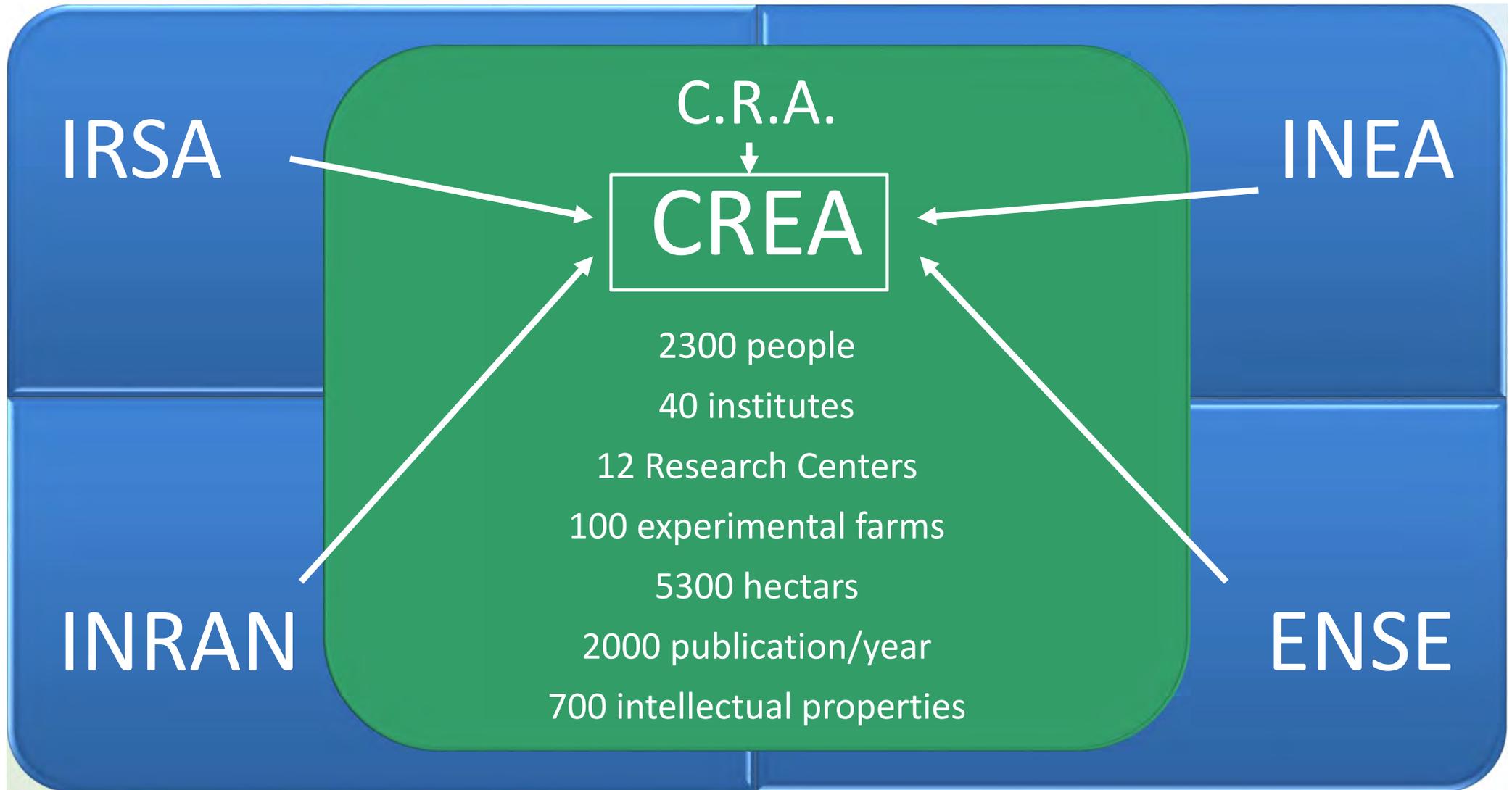
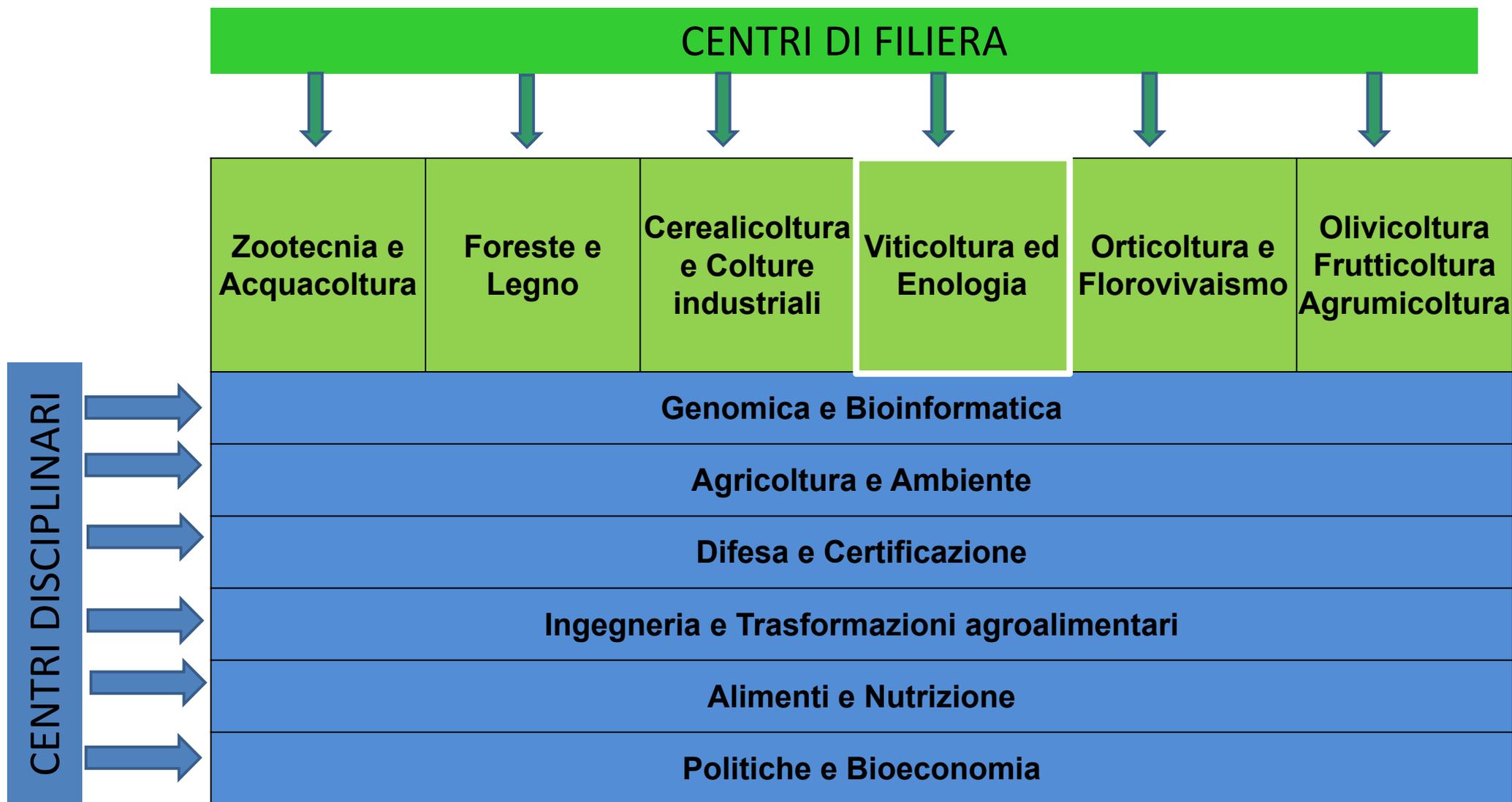


Esplorare la biodiversità: quale importanza in viticoltura



*Riccardo Velasco, PhD
Direttore CREA-Viticultura ed Enologia*





La nuova struttura

12 Centri di ricerca
40 sedi

- GB** Genomica e Bioinformatica
- AA** Agricoltura e Ambiente
- DC** Difesa e Certificazione
- IT** Ingegneria e Trasformazioni agroalimentari
- AN** Alimenti e Nutrizione
- PB** Politiche e Bioeconomia
- ZA** Zootecnia e Acquacoltura
- FL** Foreste e Legno
- CI** Cerealicoltura e Colture Industriali
- VE** Viticoltura ed Enologia
- OF** Orticoltura e Florovivaismo
- OFA** Olivicoltura, Frutticoltura e Agrumicoltura



5 principali Aree di Ricerca

1. Scoperta, conservazione e caratterizzazione della biodiversità nella vite coltivata

Esplorare la biodiversità

2. Miglioramento genetico e applicazione delle nuove biotecnologie per il miglioramento della vite

Nuove varietà resistenti

3. Viticoltura digitale, applicazione di high-tech alla moderna agricoltura

Alta efficienza, basso input

4. Sostenibilità in viticoltura ed enologia

5. Qualità, tracciabilità e valorizzazione dei prodotti tipici

Prodotto italiano di alta qualità



Biodiversità:

‘recupero, caratterizzazione e valorizzazione del germoplasma viticolo’

Il patrimonio viticolo mondiale: **10.000 – 20.000 vitigni**
(Ambrosi H. et al. 1997)

In Europa, l'**Italia** è forse il paese più ricco di ampelo-diversità:

- ✓ posizione geografica, al centro del Mediterraneo;
- ✓ frammentazione ecologica;
- ✓ frammentazione socio-economica e politica, sviluppo tecnico ed economico più lento;
- ✓ avvento più tardivo dei parassiti della vite di origine neartica.



AMPLIAMENTO DELLA BASE AMPELOGRAFICA

Miglioramento qualitativo: tipicità e unicità;
sanità del materiale di moltiplicazione (*selezione clonale*)

Iscrizione al Registro Nazionale delle Varietà di Vite
(Art. 10, DM 8.2.2005 – DM 6.10.2004)



Istituzioni pubbliche, *et al.*

Classificazione delle varietà di vite per fini colturali
(Accordo 25.7.2002 in sede di Conferenza Stato-Regioni)



Operatori di settore: aziende vitivinicole

Selezione clonale della vite
(DM 24.6.2008 – DM 22.12.1997)



Operatori di settore: aziende viti-vivaistiche



AGLIANICO BIANCO – CASSANO – COLATAMURRO

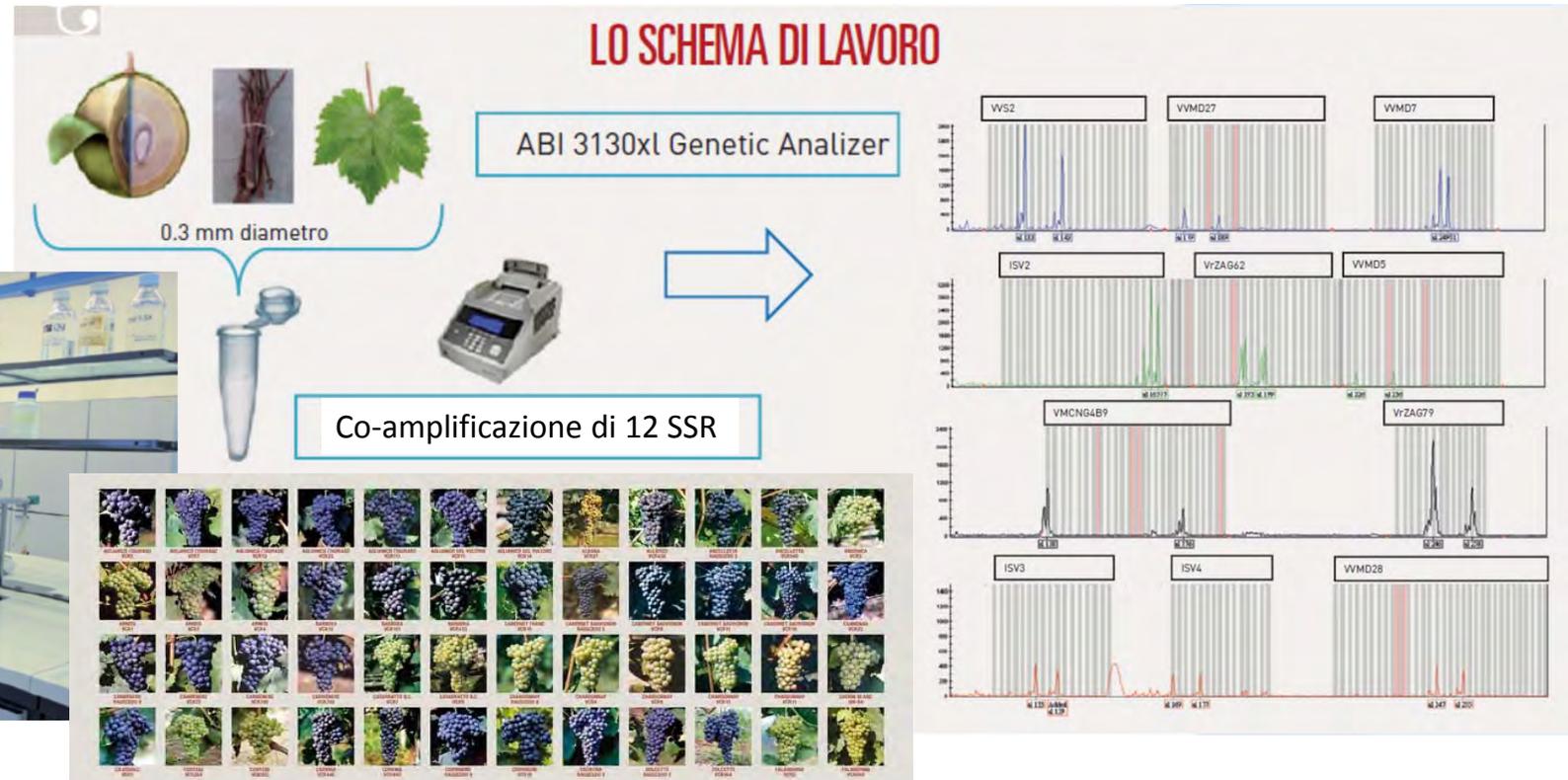


GIOSANA – IUSANA – MALVASIA AD ACINO PICCOLO



NEGRO DOLCE – PLAVINA – SANTA SOFIA

**Collezione di oltre
2,000 varietà**

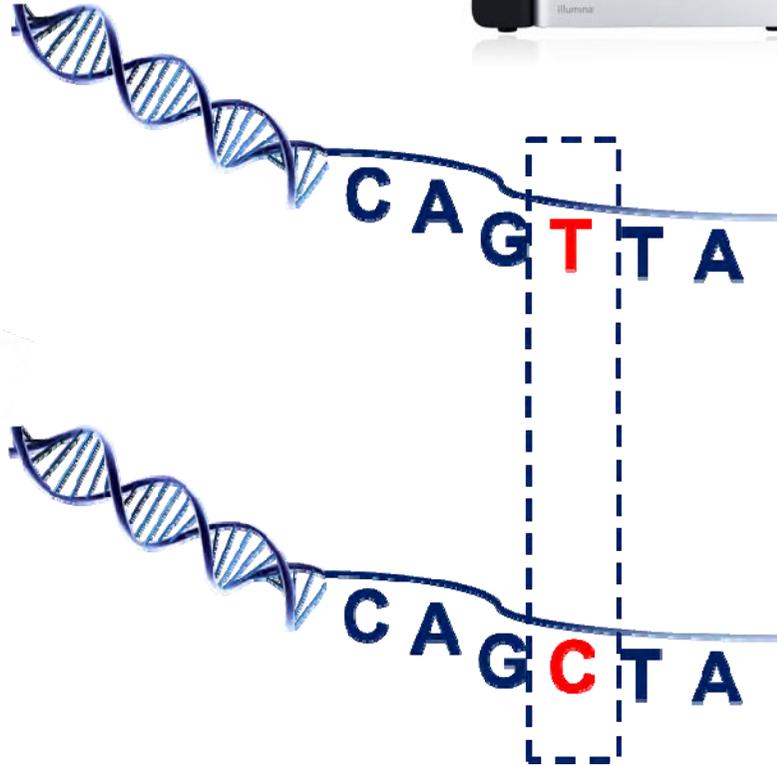


1. Scoperta, conservazione e caratterizzazione della biodiversità nella vite





Genotipizzazione ad alta resa



Cutting-edge array scanner

Highest Data Quality
Highest Sample Throughput
Flexible Platform



**Grapevine
SNPs array
(18,000 SNPs)**

The goal of plant scientist is to explain natural phenotypic variation in terms of simple change in DNA sequence (Myles et al. 2009)

Transcriptome and metabolite profiling reveals that prolonged drought modulates the phenylpropanoid and terpenoid pathway in white grapes (*Vitis vinifera* L.)

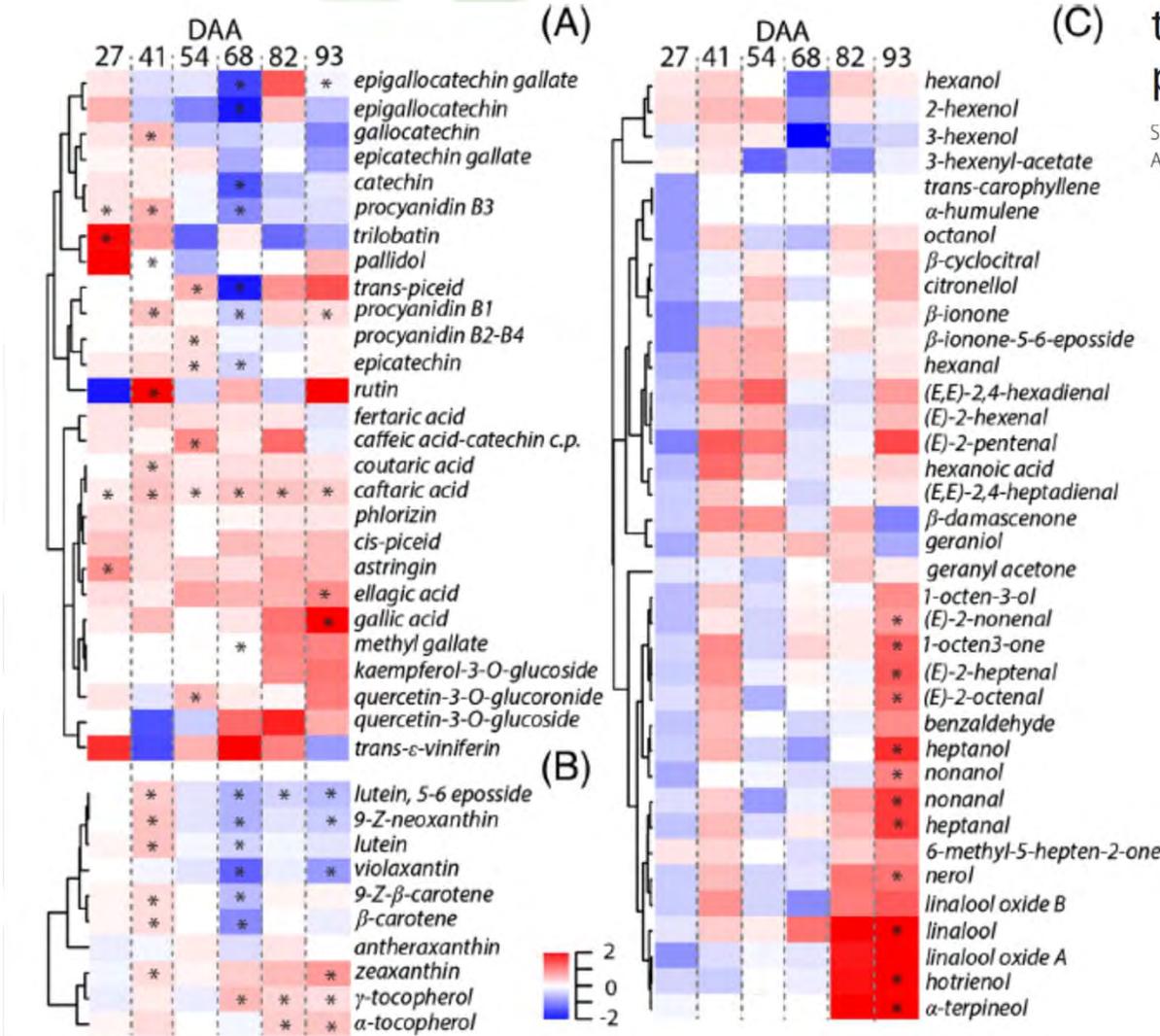
Stefania Savoi^{1,2}, Darren C. J. Wong³, Panagiotis Arapitsas¹, Mara Miculan^{2,4}, Barbara Bucchetti², Enrico Peterlunger², Aaron Fait⁵, Fulvio Mattivi¹ and Simone D. Castellarin^{2,3*}

(A) Phenolics

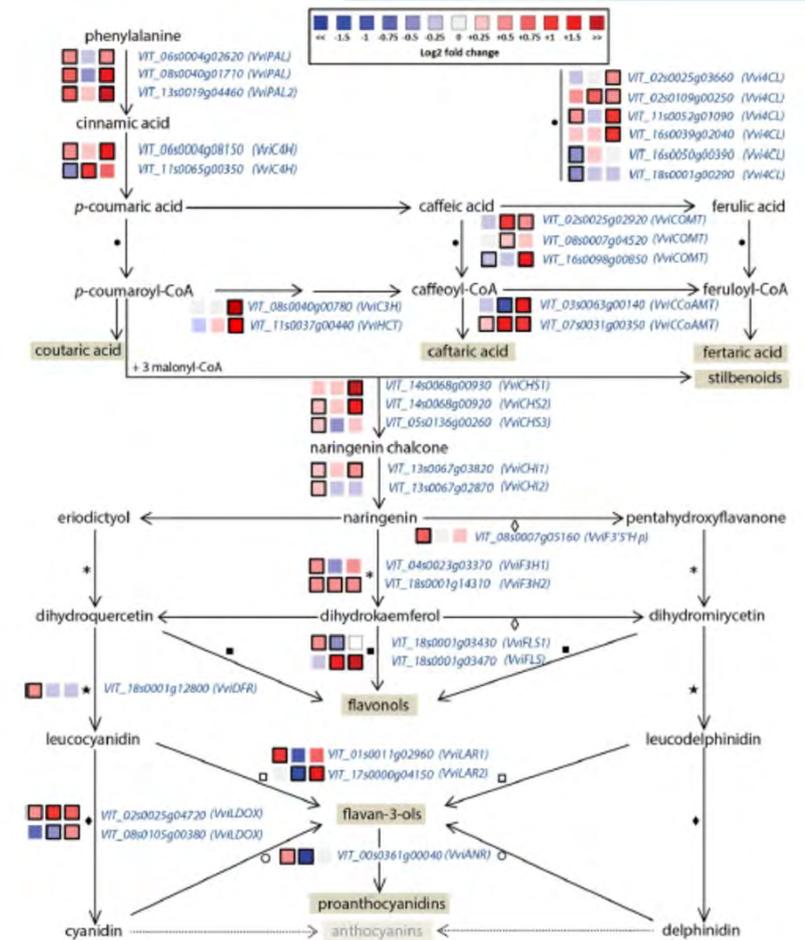
(C) VOCs

(A)

(C)

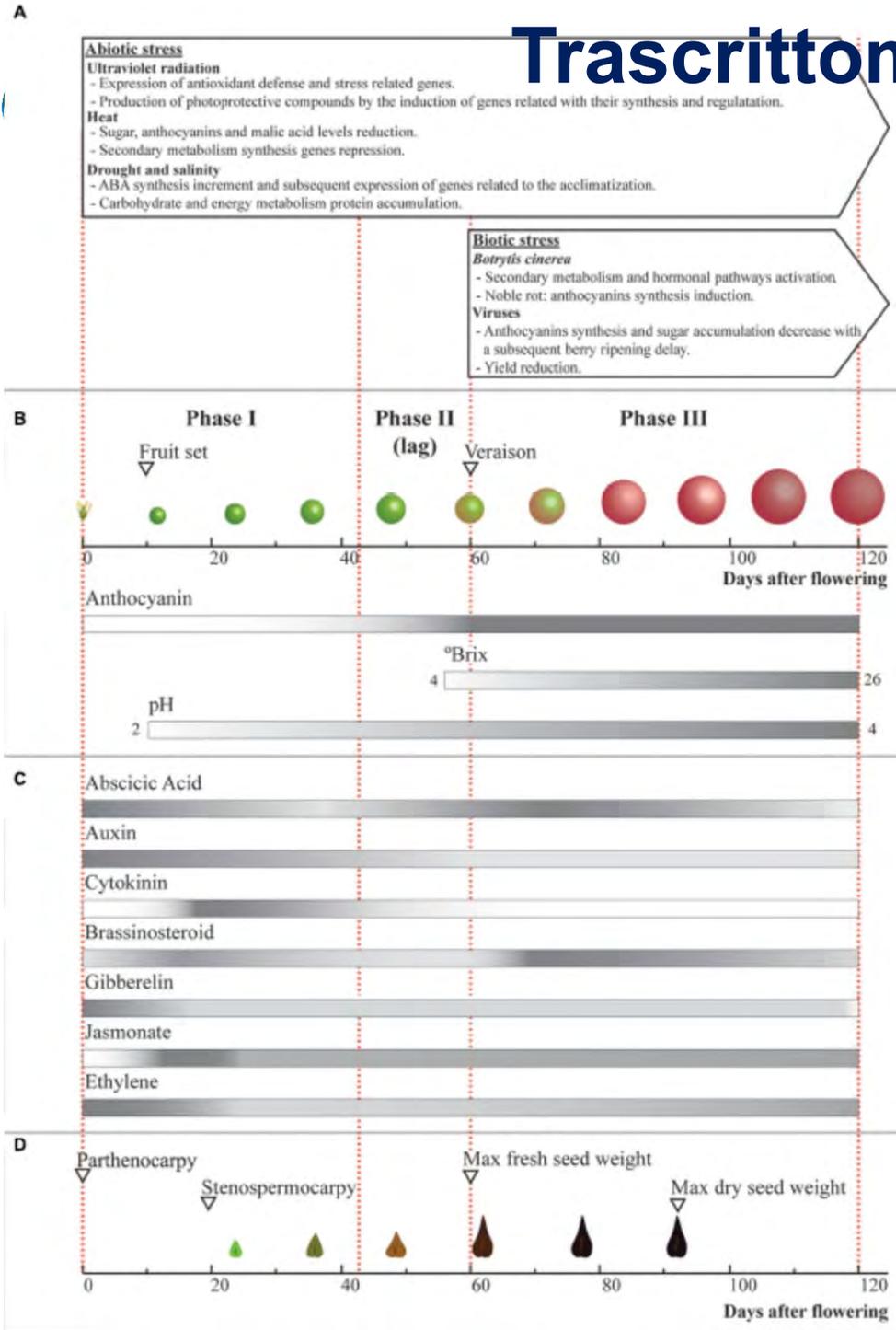


(B) Carotenoids





Trascrittomica e cambiamenti climatici



Omics Approaches for Understanding Grapevine Berry Development: Regulatory Networks Associated with Endogenous Processes and Environmental Responses

Alejandra Serrano¹, Carmen Espinoza¹, Grace Armijo¹, Claudio Inostroza-Blancheteau², Evelyn Poblete¹, Carlos Meyer-Regueiro¹, Anibal Arce¹, Francisca Parada¹, Claudia Santibáñez^{1,3} and Patricio Arce-Johnson^{1*}

The current challenge is the generation of new tools that integrate large-scale data (trascryptomics, proteomics, metabolomics) to assess new questions and support agronomical practices

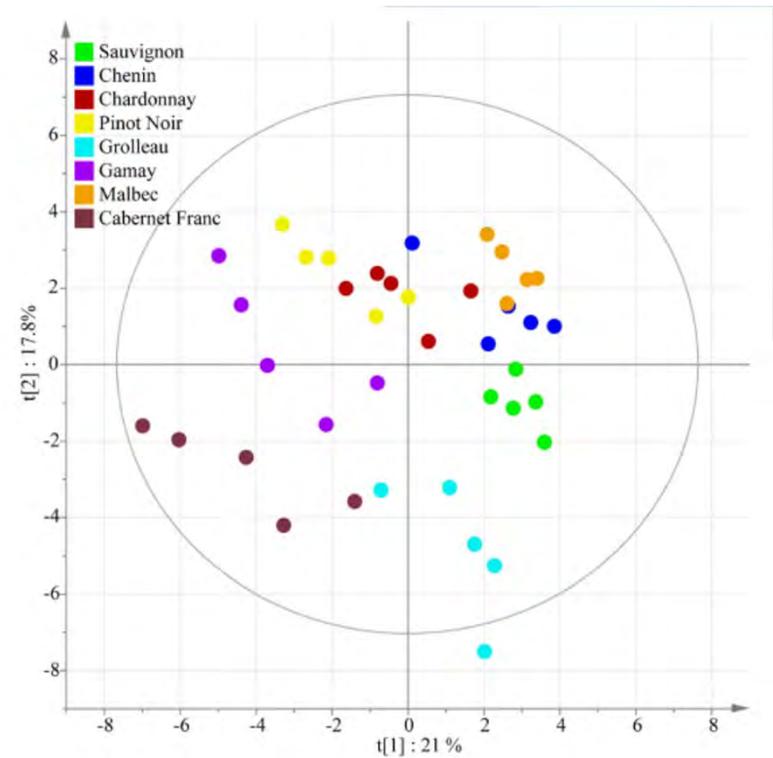
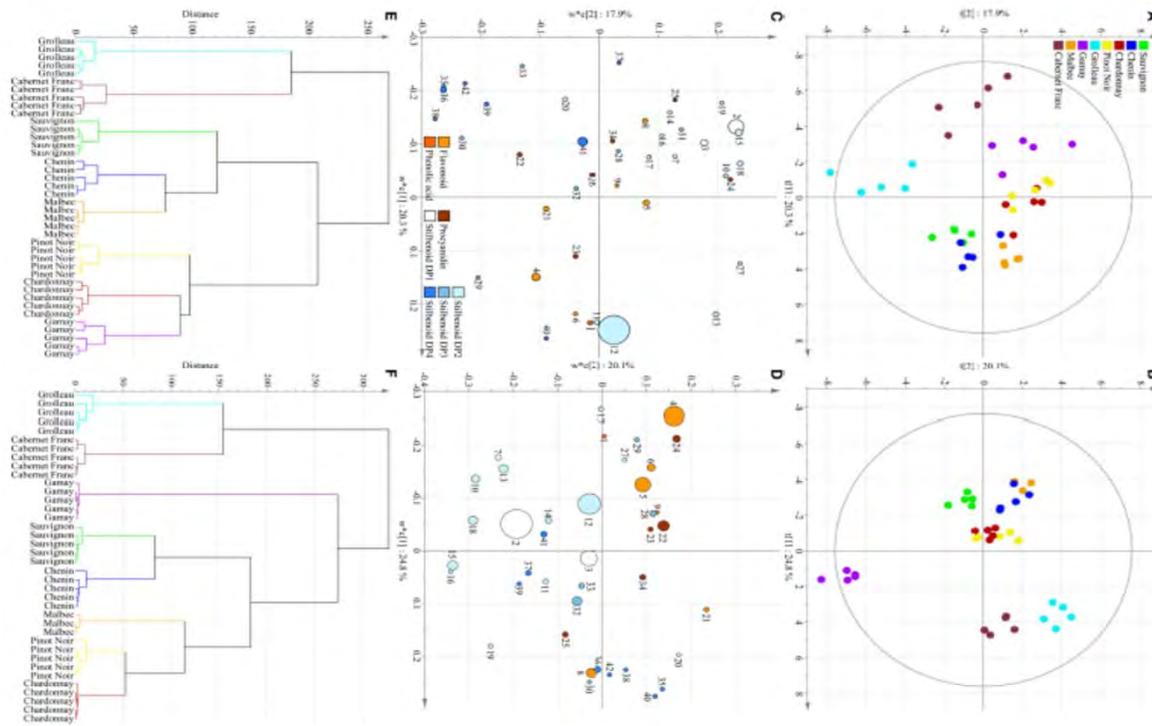


Metabolomica e biodiversità

UPLC-MS targeted analysis discriminates 42 polyphenols in 8 different *V. vinifera* varieties. Varietal signature was defined by polyphenolic profiles in agreement with 22 microsatellite markers. Polyphenol «metabotyping» may assist grape breeding programs improving secondary metabolites.

Field-Based Metabolomics of *Vitis vinifera* L. Stems Provides New Insights for Genotype Discrimination and Polyphenol Metabolism Structuring

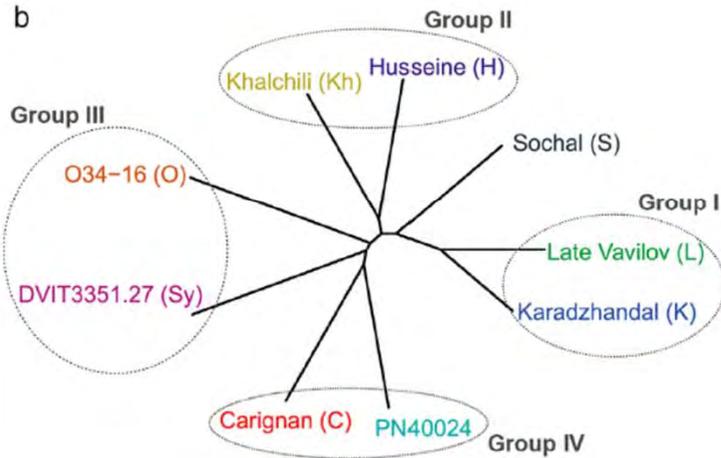
Kévin Billet^{1†}, Benjamin Houillé^{1†}, Thomas Dugé de Bernonville¹, Sébastien Besseau¹, Audrey Oudin¹, Vincent Courdavault¹, Guillaume Delanoue², Laurence Guérin², Marc Clastre¹, Nathalie Giglioli-Guivarc'h¹ and Arnaud Lanoue^{1*}



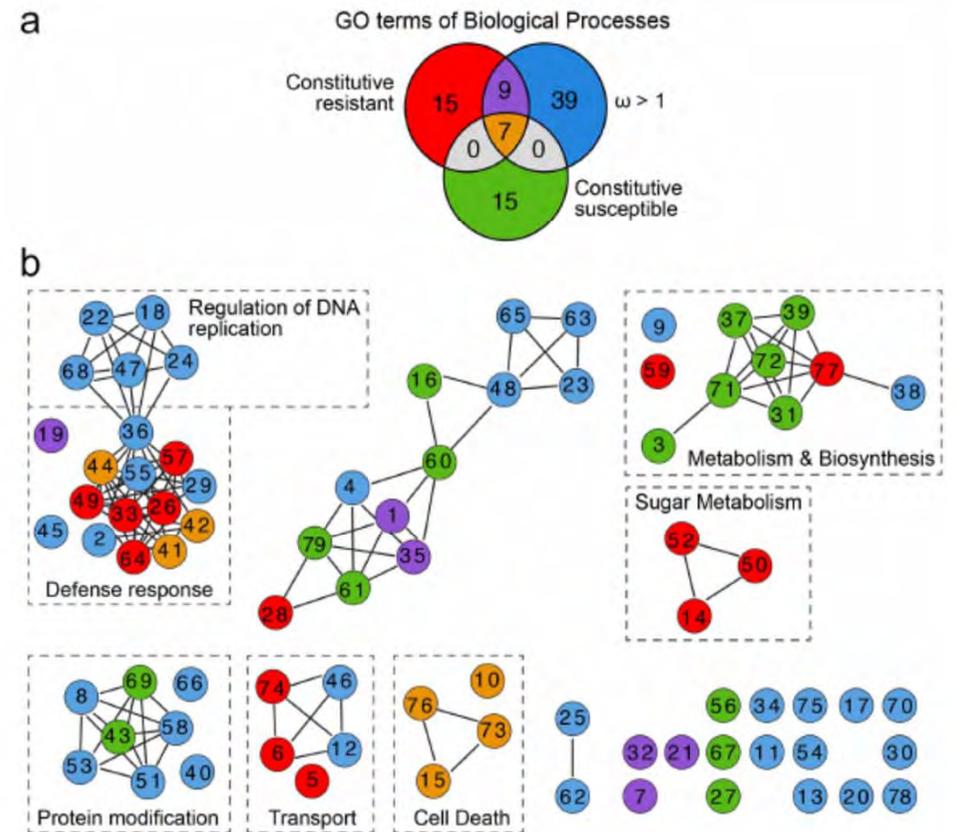
ARTICLE

Comparative transcriptomics of Central Asian *Vitis vinifera* accessions reveals distinct defense strategies against powdery mildew

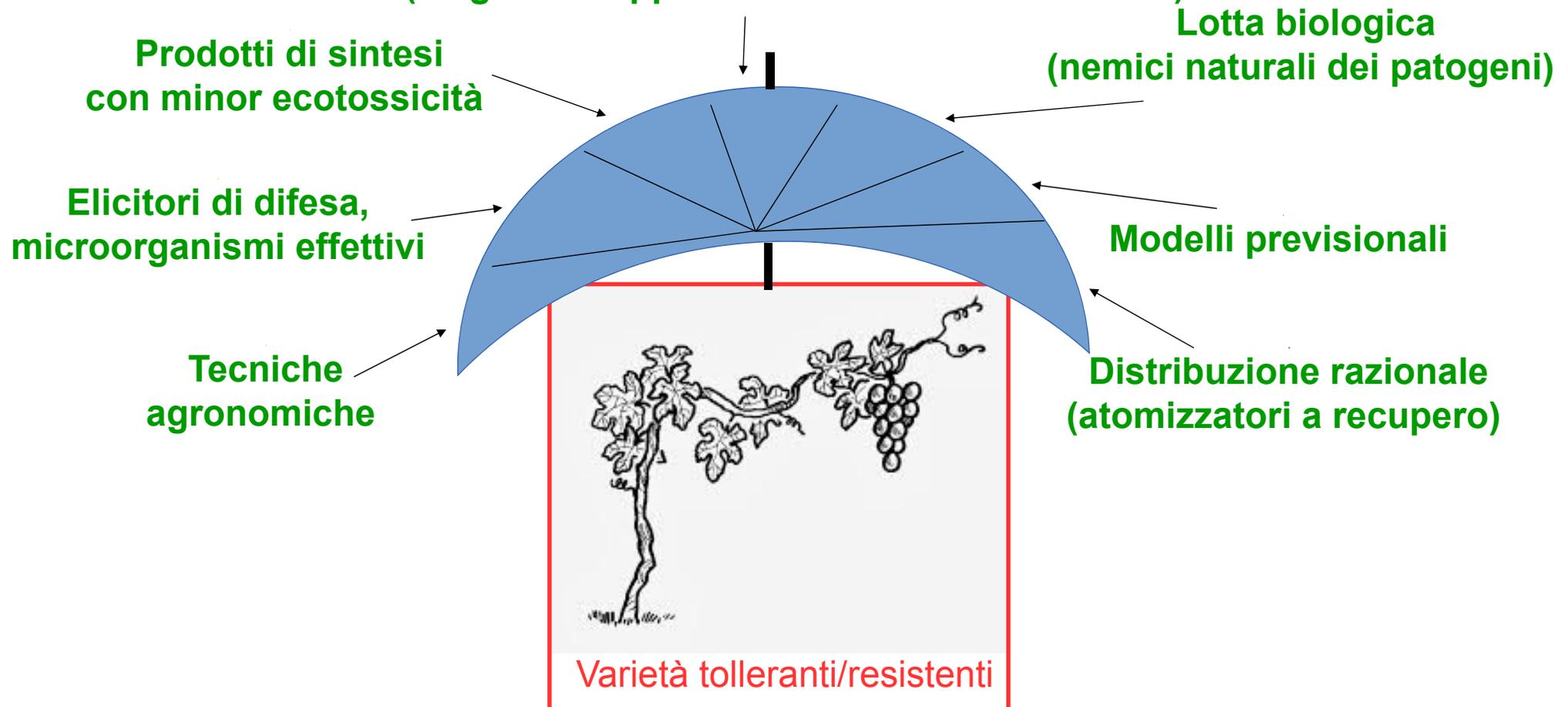
Katherine CH Amrine¹, Barbara Blanco-Ulate¹, Summaira Riaz¹, Dániel Pap^{1,2}, Laura Jones¹, Rosa Figueroa-Balderas¹, M Andrew Walker¹ and Dario Cantu¹



8 different varieties from Central Asia *V. vinifera* accessions with different degree of resistance to oidium express differentially once attacked by the pathogen



Viticultura di precisione (diagnosi/mappatura tramite telerilevamento)



Breeding moderno

Mappe genetiche e marcatori molecolari



Istituzioni Europee impegnate nel miglioramento genetico



MAS, selezione assistita inserita nel breeding molecolare da oltre 30 anni:

- Resistenze ai funghi
- Maturazione
- Terpeni e aromi
- Apirenia



Le prime 12 varietà in fase di valutazione presso le imprese:



Breeding per uva da tavola:

- **Accordo CREA - Consorzio NUVAUT siglato nel 2018;**
- **Realizzazione di 15 campi di valutazione dei 36 incroci;**
- **Trasferimento di 20 nuovi incroci selezionati su due portinnesti;**
- **Ottenimento di nuovi incroci per il prosieguo delle attività di breeding;**
- **Avvio di attività d'incroci con parentali portatori di resistenze multiple (*pyramiding*);**
- **Trasferimento in campo di 5 selezioni ottenute fra uve da tavola e varietà resistenti;**
- **Accordi nazionali ed internazionali per approvvigionamento fonti di resistenza;**
- **N. incroci realizzati nel 2017: n. 13 per un totale di 1600 semi;**
- **N. incroci realizzati nel 2018: n. 37 per un totale di 6700 semi;**
- **N. semi già germinati e trasferiti in aprile e maggio 2019: Circa 1600.**



1. Castrazione e
impollinazione

**2. Miglioramento
genetico o nuove biotech**

2. Copertura



3. Collezione

7. Selezione
di nuove
varietà
resistenti



6. Screening

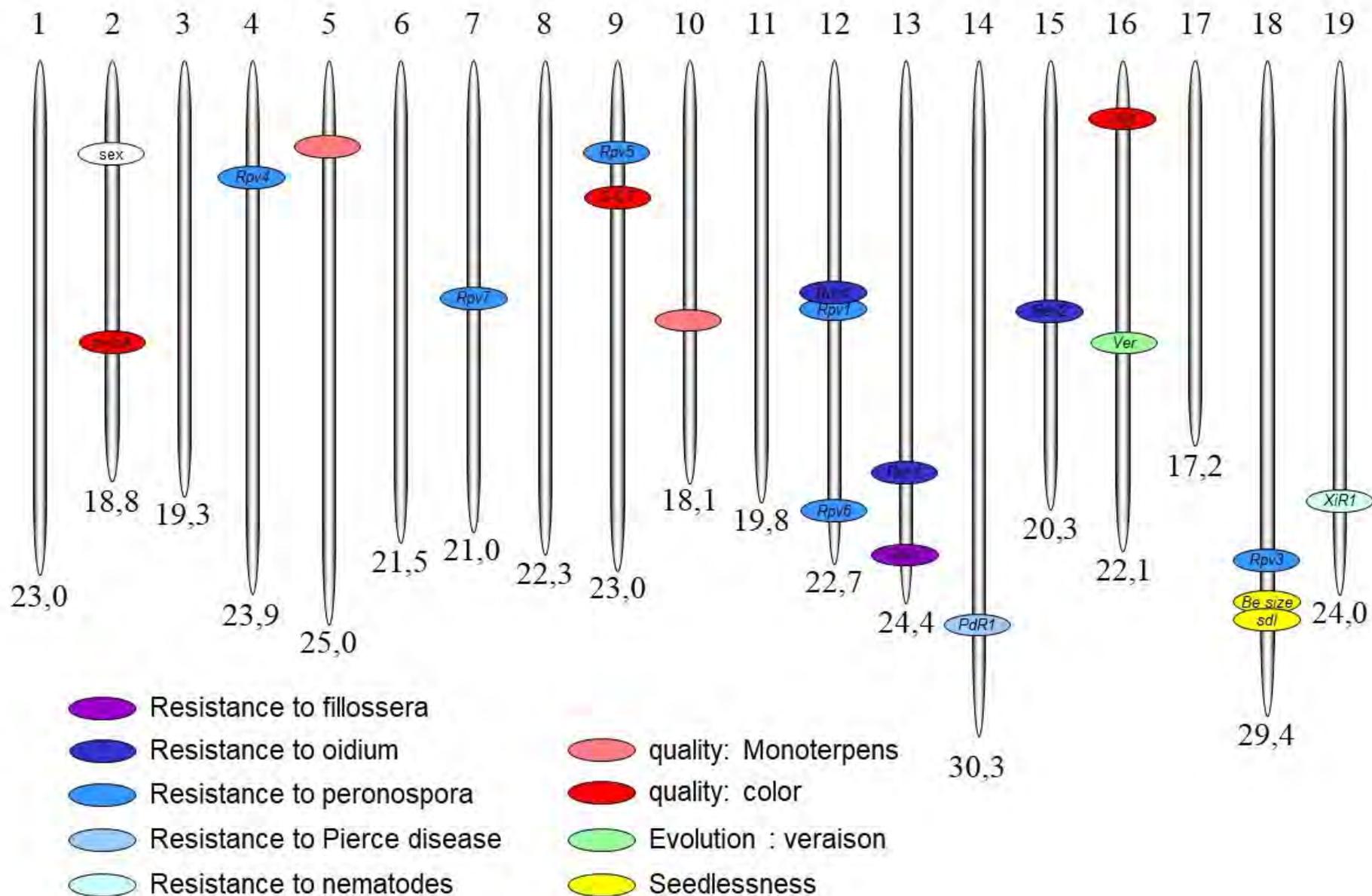


5. Germinazione

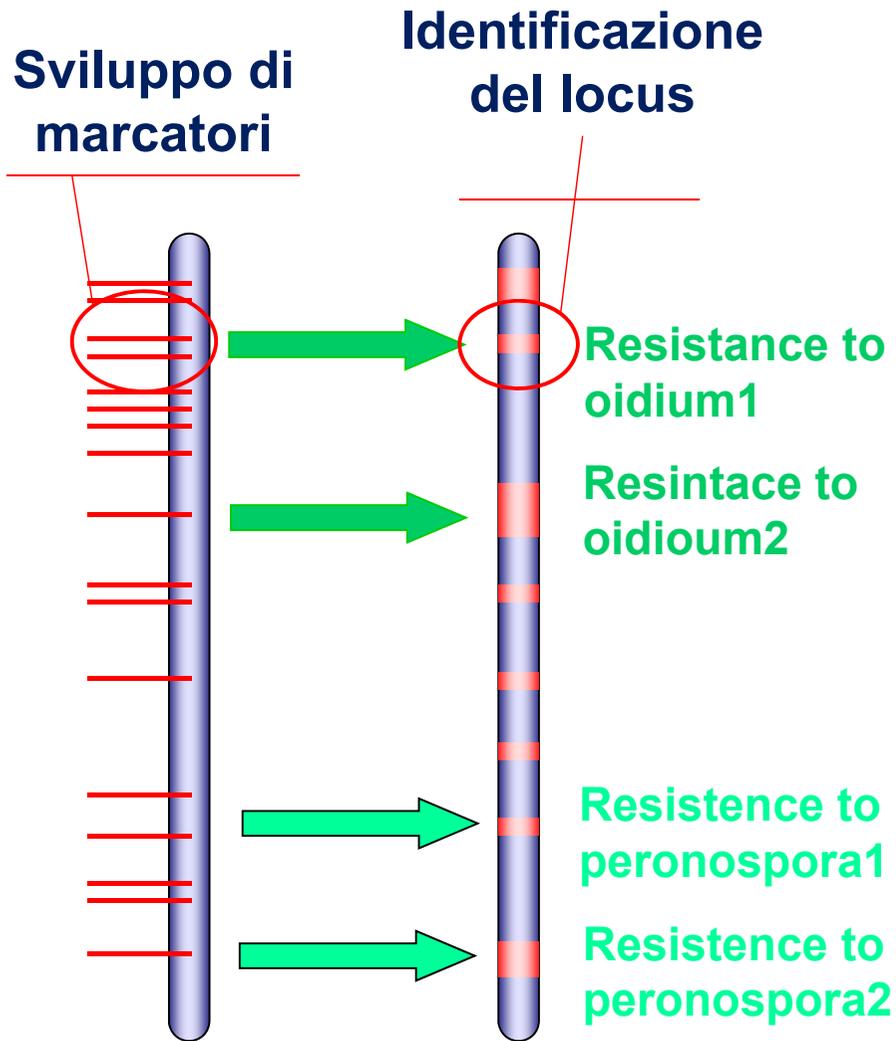


4. Recupero vinaccioli e vernalizzazione

Resistance traits combined with quality traits



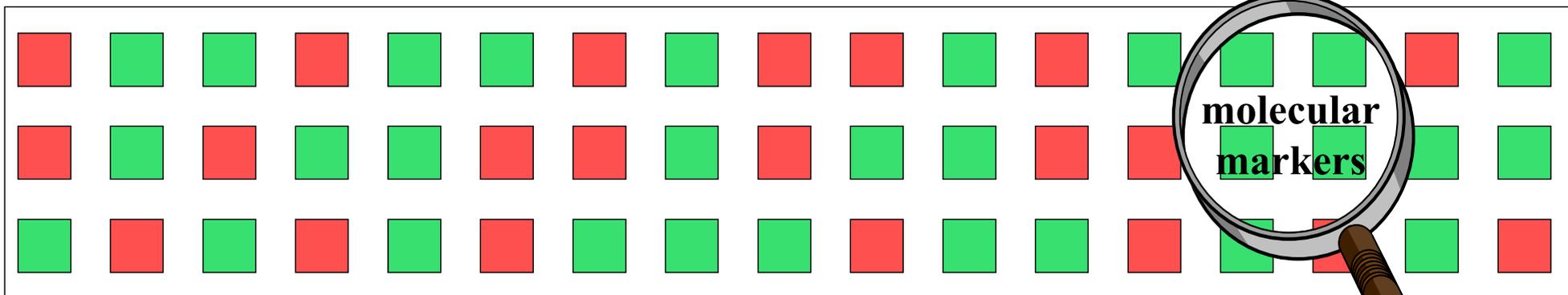
Sviluppo di marcatori molecolari (fino all'isolamento del gene)



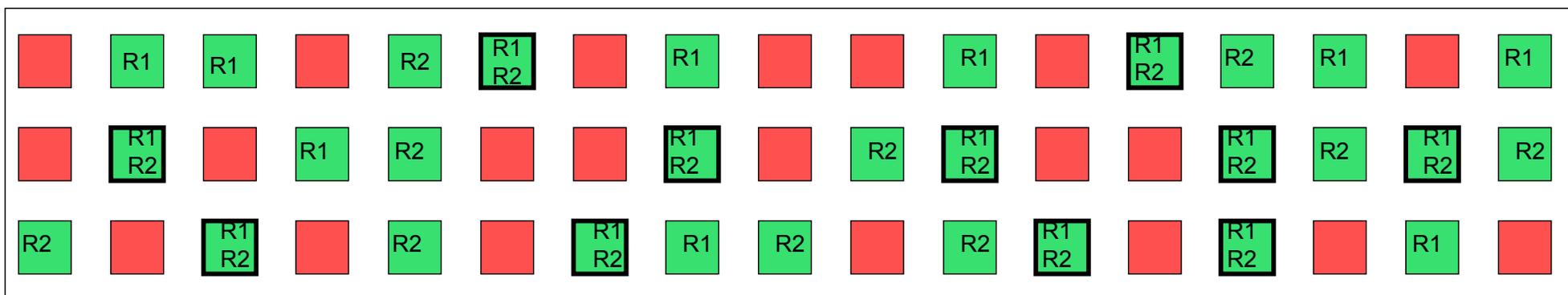
Selezione ad alta resa

Resistance (R1) x Resistance (R2)

Phenotypic selection: res. to oidium



Genotypic selection
via markers (MAS)

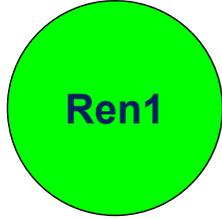
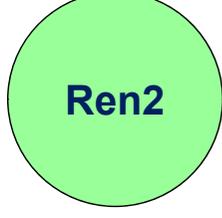
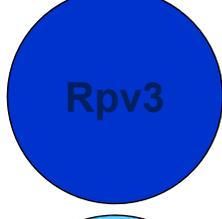
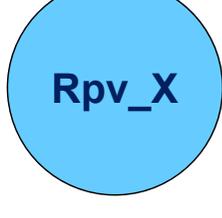


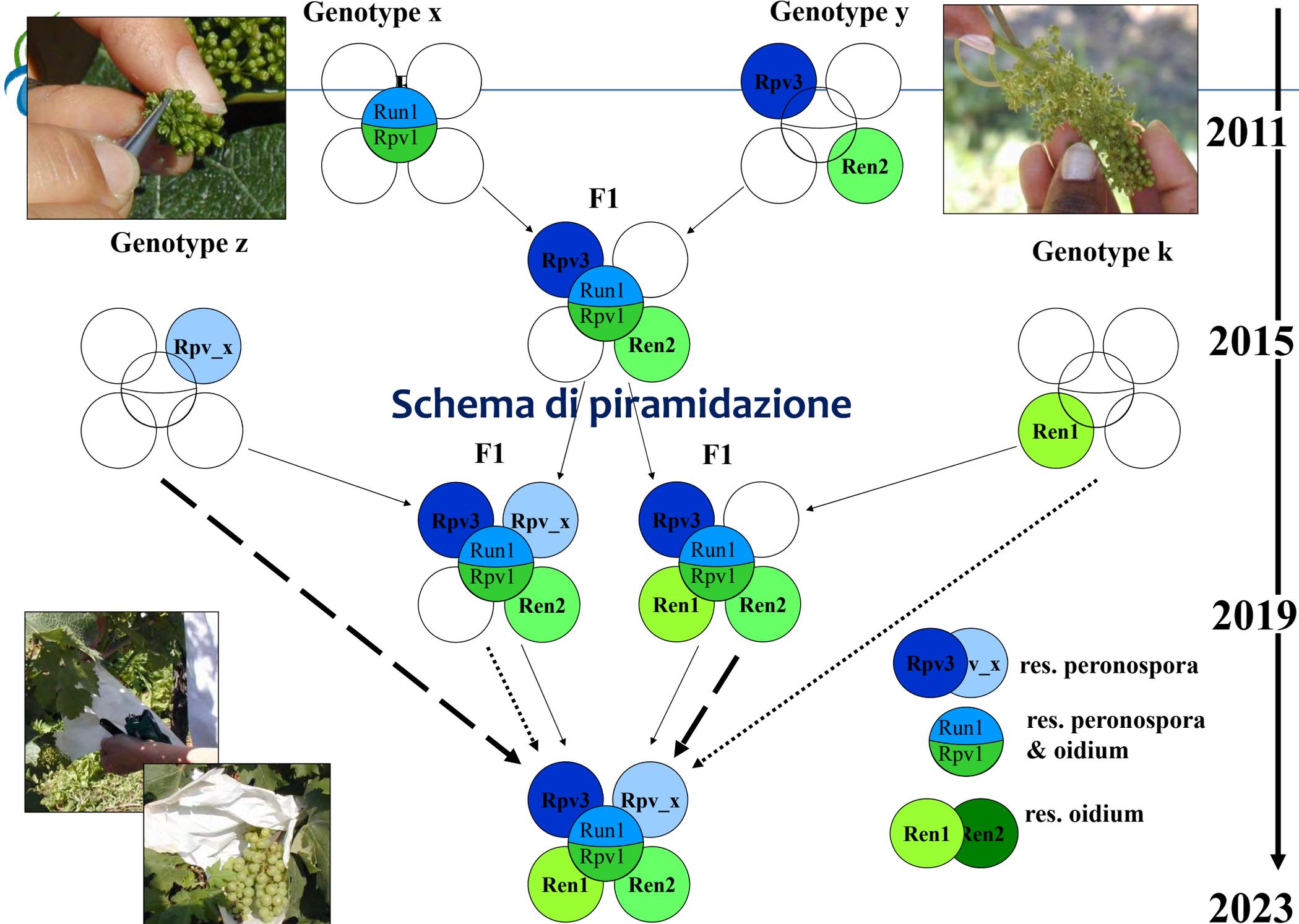
Effetto additivo in presenza di geni diversi (peronospora)



Rpv1	-	+	+
Rpv3	-	-	+

Diversi marcatori disponibili per predirre la resistenza a:

-  **Run1, Rpv1** = resistance to oidium and peronospora in *Vitis muscadinia*
-  **Ren1** = resistance to oidium in „Kishmish vatkana“
-  **Ren2** = resistance to oidium in „Regent“
-  **Rpv3** = resistance to peronospora in „Regent“
-  **Rpv_X** = resistance to peronospora in „Solaris“ (*Vitis amurensis*)



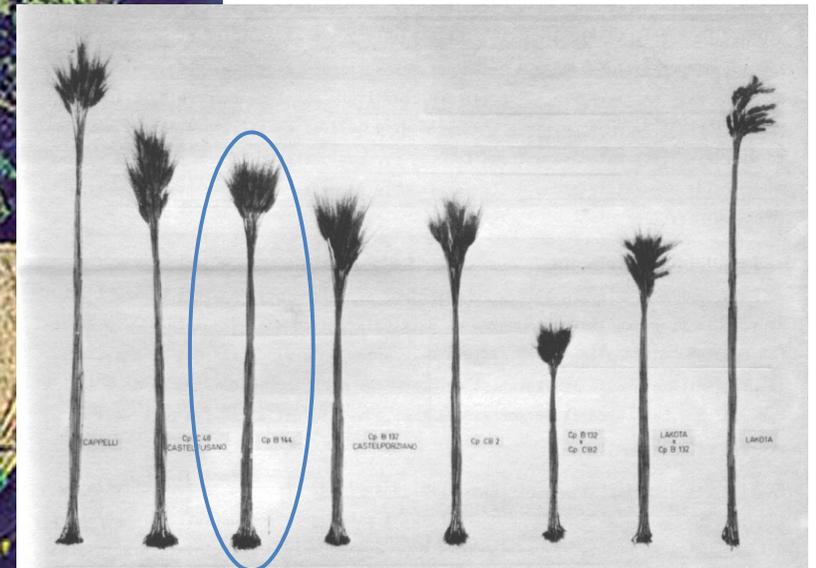
***Creare biodiversità:
È possibile senza produrre OGM?***



Radiation mutagenesis: plant CP B144

Experimental field ENEA ('50-'60)

The grain → CRESO



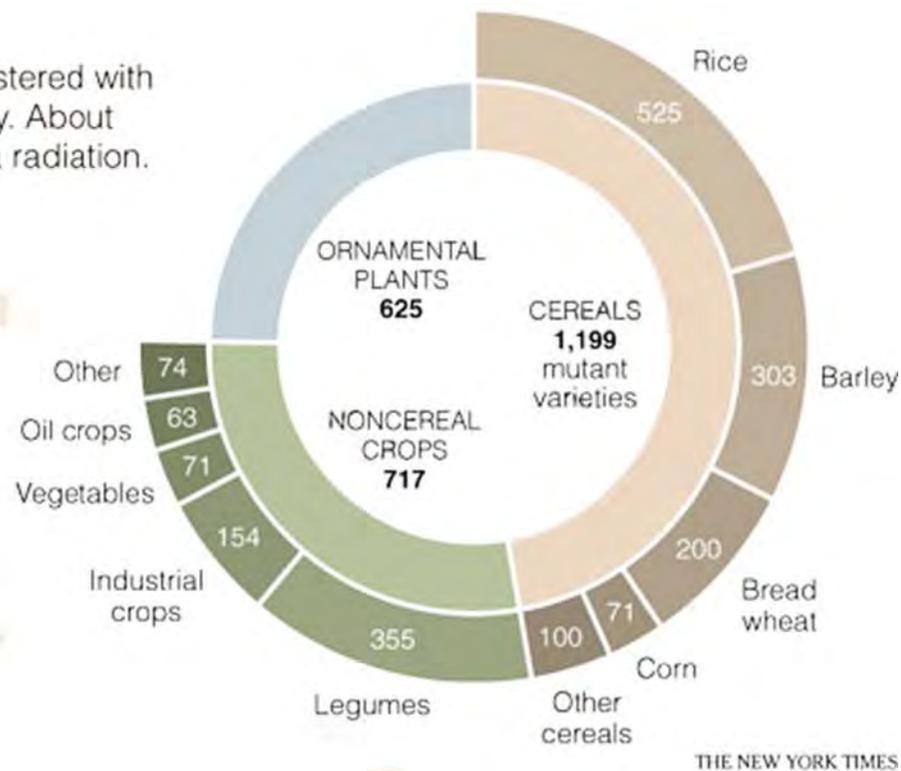
Varietà mutate ottenute in numerose specie di uso agricolo: **2500 varietà coltivate di cereali, industriali e ornamentali**

Here to Stay

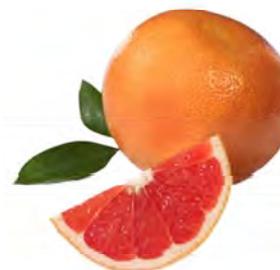
More than 2,500 mutant crop varieties have been officially registered with the United Nations and the International Atomic Energy Agency. About three-quarters of the varieties were directly induced by gamma radiation.

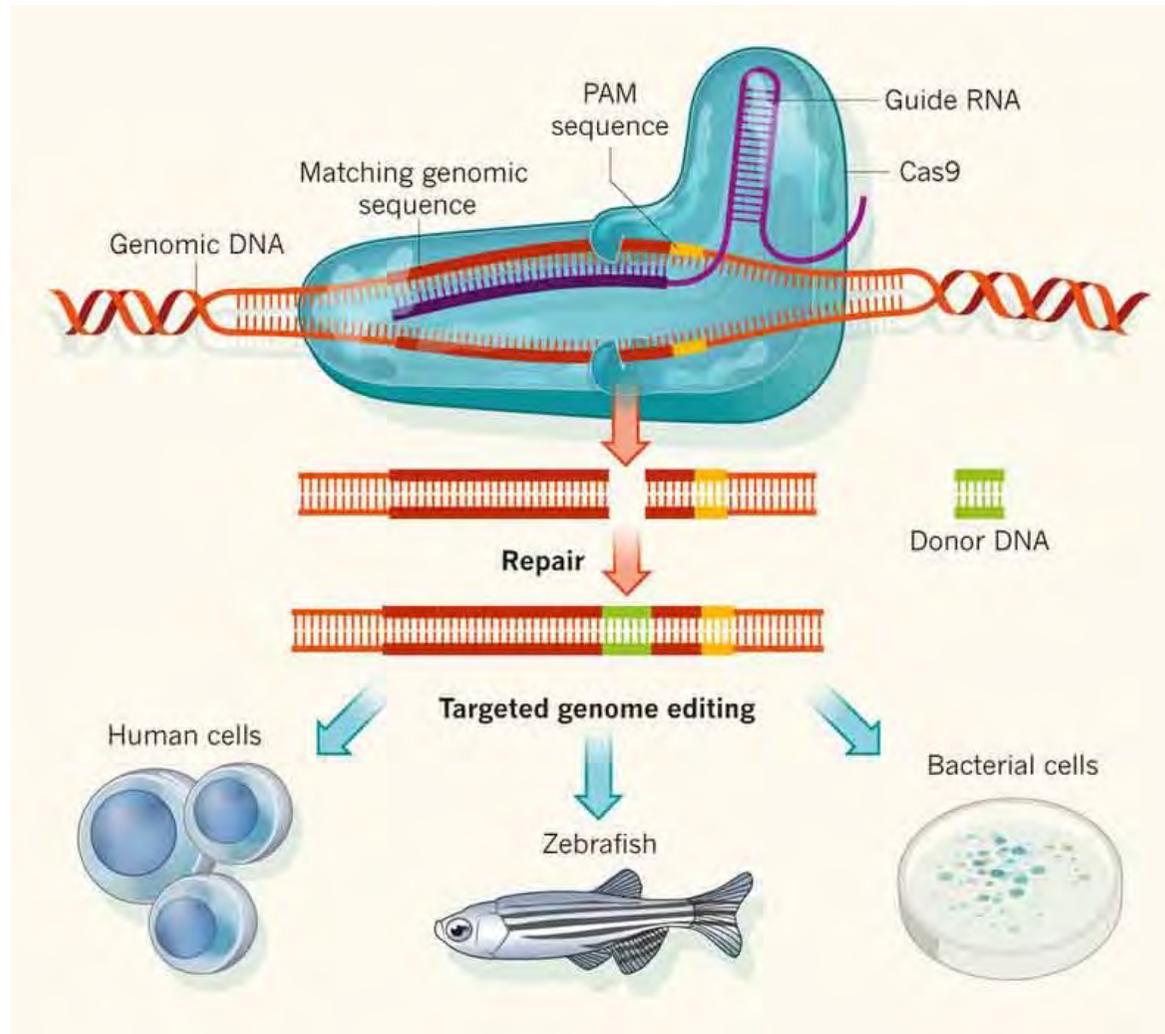


Source: F.A.O./I.A.E.A. Mutant Variety Database



Il pompelmo rosa
È un agrume ottenuto per mutagenesi

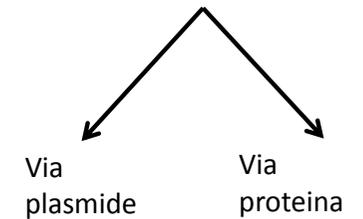
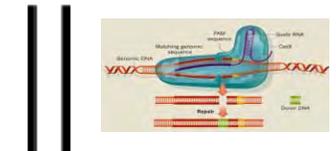




Genome Editing (mutagenesi)



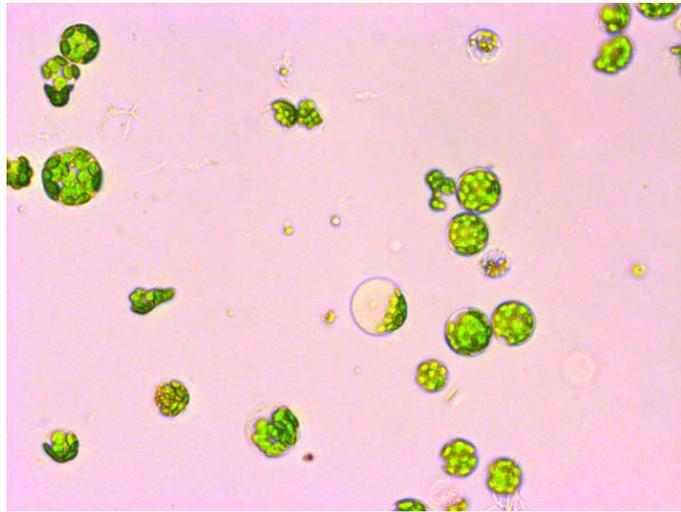
Crispr/cas9



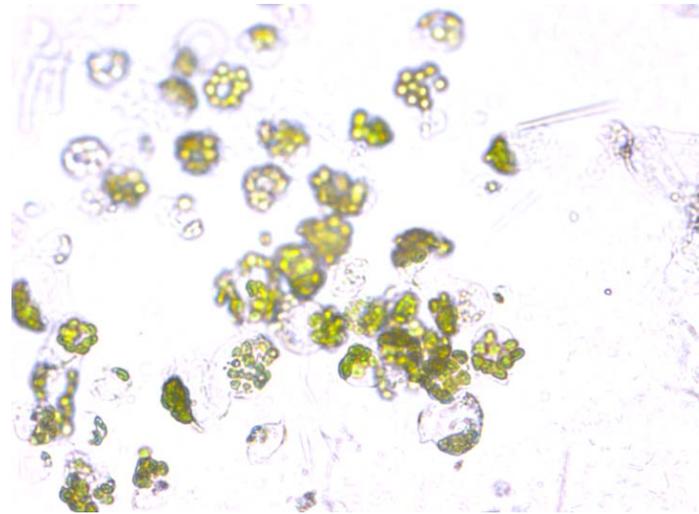
Espressione transitoria e non introducendo DNA

3 anni

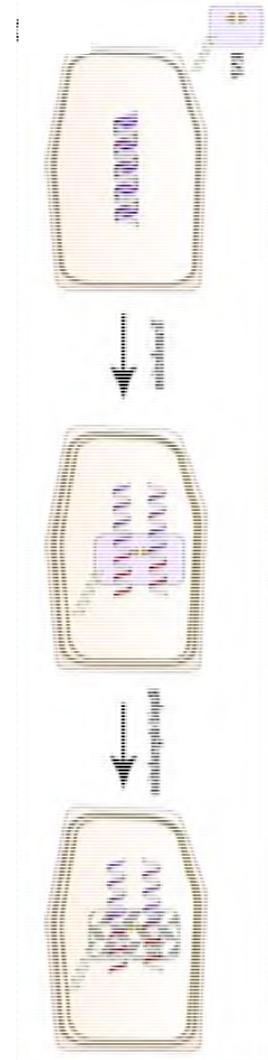
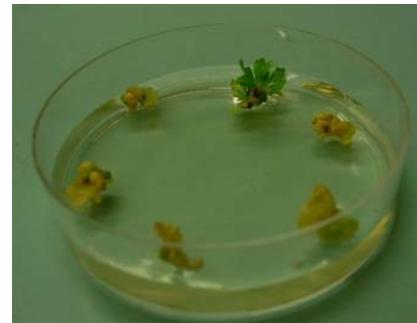
RNA guide + Cas9
endonuclease protein



Chardonnay



New variety(?)
(Chardonnay
clone)



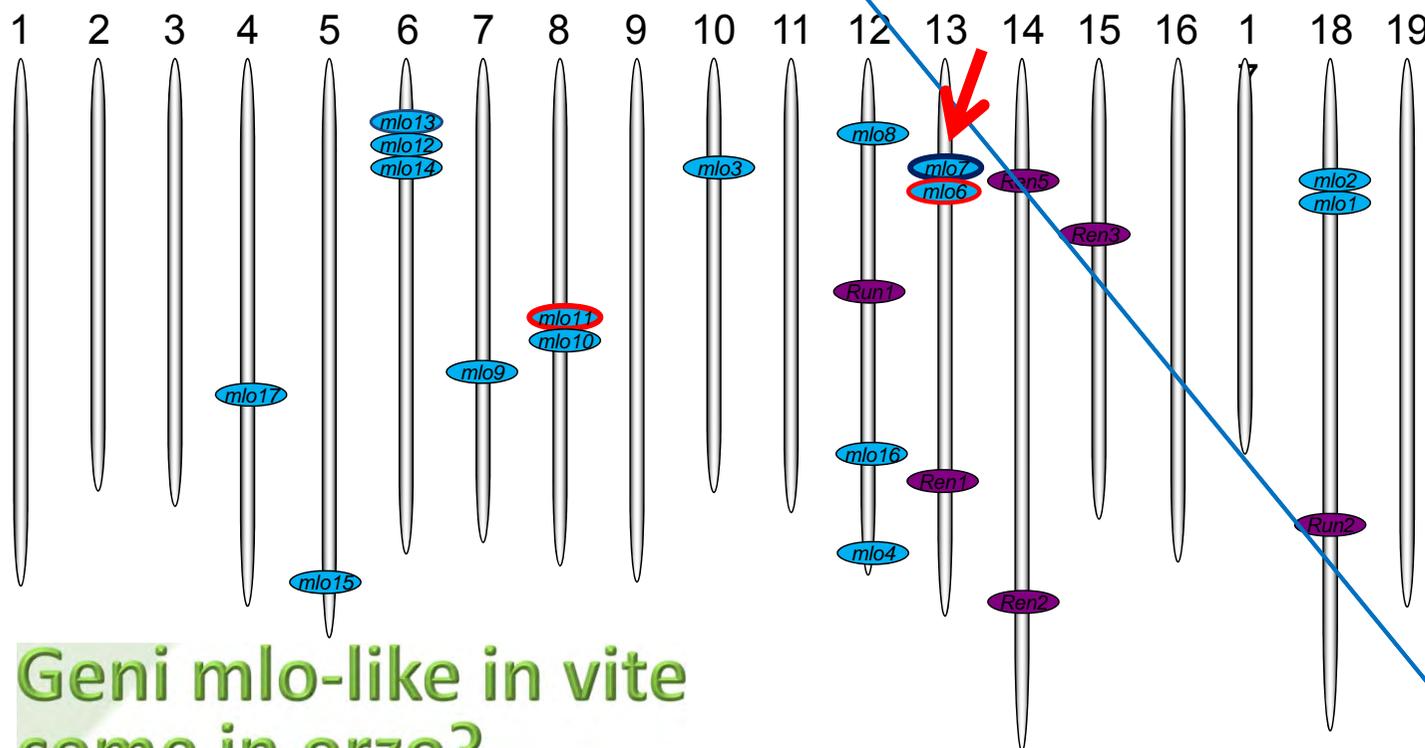
Büschges, R. et al., (1997)
The barley *Mlo* gene: a novel control element of plant pathogen resistance. *Cell* 88: 695-705

Pessina, S. et al., (2016)
Knock out of *Mlo* genes reduce susceptibility to powdery mildew in grapevine. *Hort Research* 3: 16016



Orzo *Mlo* vs. *mlo*

Mlo gene family in grapevine – distribution along the 19 chromosomes



Geni *mlo*-like in vite
come in orzo?



Brachetto vite suscettibile



Brachetto-*mlo7* mutata



Grazie dell'attenzione

