

Alessandra Lanubile

Adriano Marocco

Lorenzo Stagnati

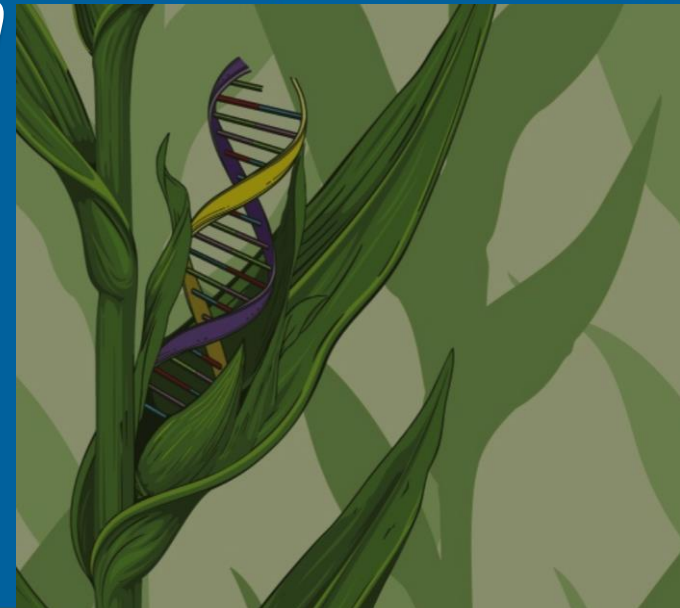
Dipartimento di Scienze delle Produzioni Vegetali Sostenibili

alessandra.lanubile@unicatt.it



UNIVERSITÀ
CATTOLICA
del Sacro Cuore

Miglioramento genetico per la resistenza a *Fusarium* *verticillioides* e alla contaminazione da fumonisine in mais



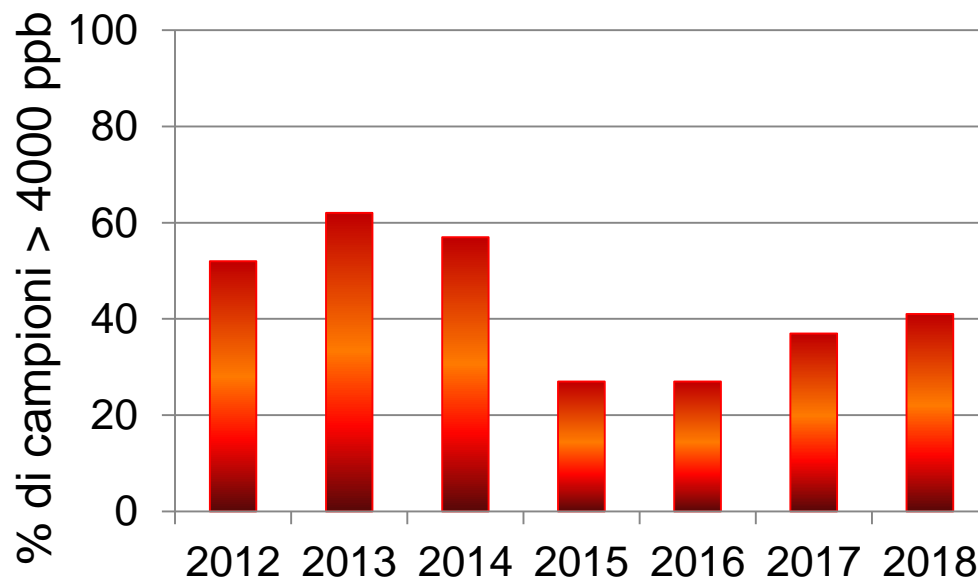
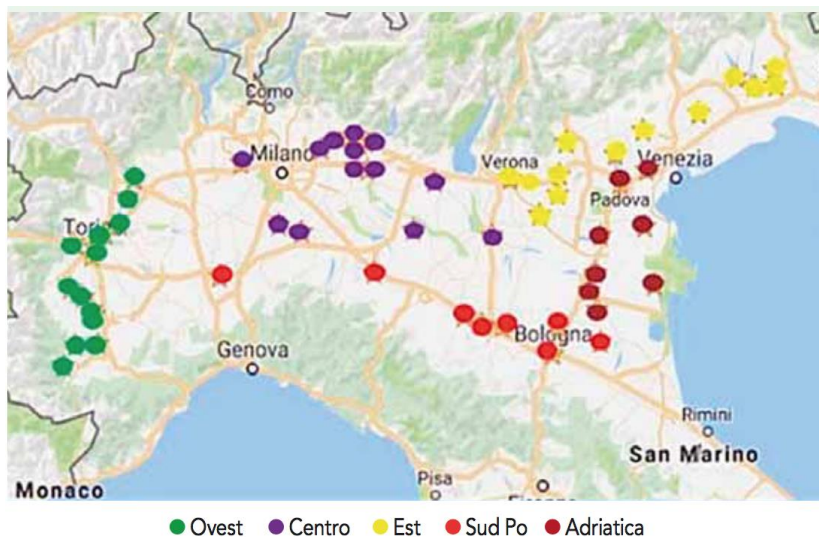
Il contributo della ricerca per la gestione delle micotossine nella filiera mais,
Piacenza, 8 Marzo 2019.



UNIVERSITÀ
CATTOLICA
del Sacro Cuore

Presenza di fumonisine ($\mu\text{g kg}^{-1}$) nel Nord Italia (2012-2018)

Nel 2018 il 41 % dei campioni di mais nel Nord Italia ha mostrato livelli di contaminazione da fumonisine $> 4,000 \mu\text{g kg}^{-1}$





UNIVERSITÀ
CATTOLICA
del Sacro Cuore

La prevenzione in campo

- **Effettuare tempestivamente la semina**
- **Contenere gli stress biotici e abiotici (piralide)**
- **Raccogliere con umidità della granella non inferiore al 22-24%**
- **Essiccare la granella portando l'umidità a valori prossimi al 14%**
- **Scegliere fonti di resistenza genetica**





UNIVERSITÀ
CATTOLICA
del Sacro Cuore

Genetica e Genomica a supporto della difesa

- Tecniche accurate per la fenotipizzazione del marciume della spiga provocato da *F. verticillioides* e contaminazione da fumonisine.
- Tecnologie genomiche per programmi di selezione assistita da marcatori (MAS) e studi di associazione genome-wide (GWAS).
- Marcatori, QTL e geni candidati per la resistenza.





Efficaci metodi di inoculazione

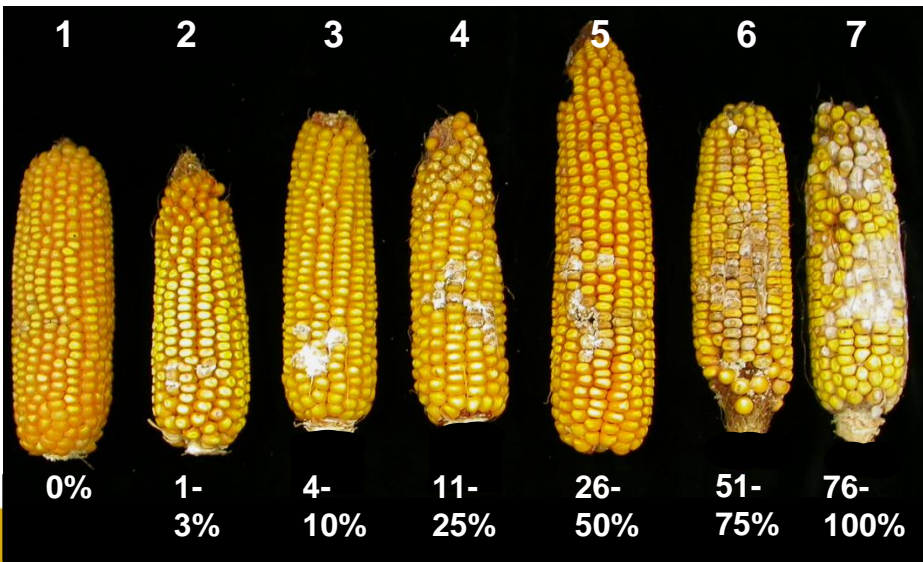
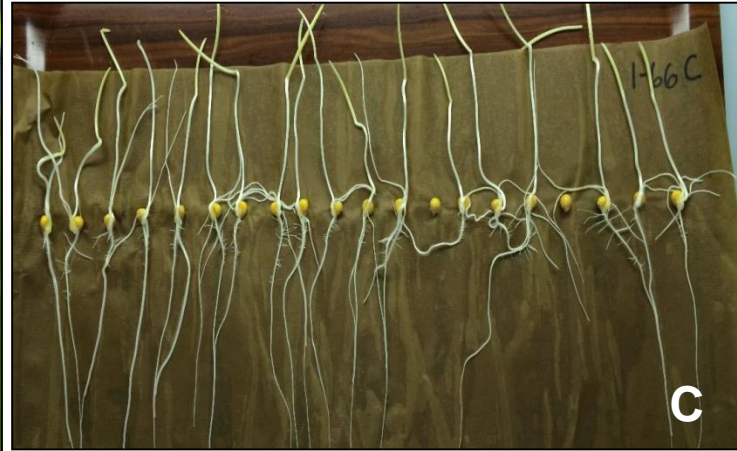
Forchetta



Stuzzicadenti



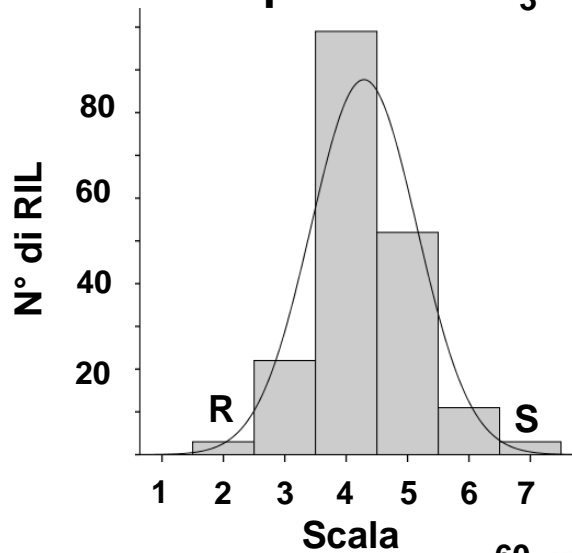
Saggio su plantula



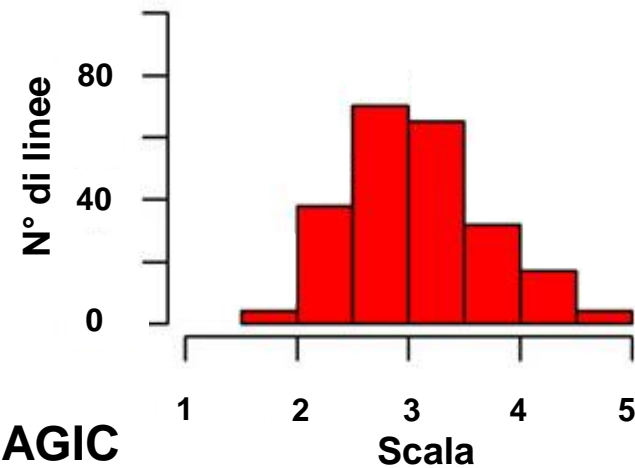


Ampia variabilità fenotipica per la resistenza a *Fusarium* in tre popolazioni di mais

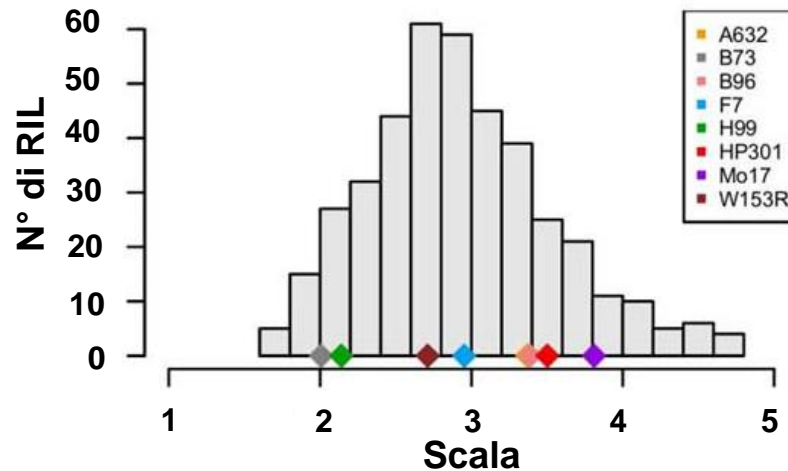
188 linee della popolazione biparentale F₃



302 linee del pannello Goodman



401 linee MAGIC



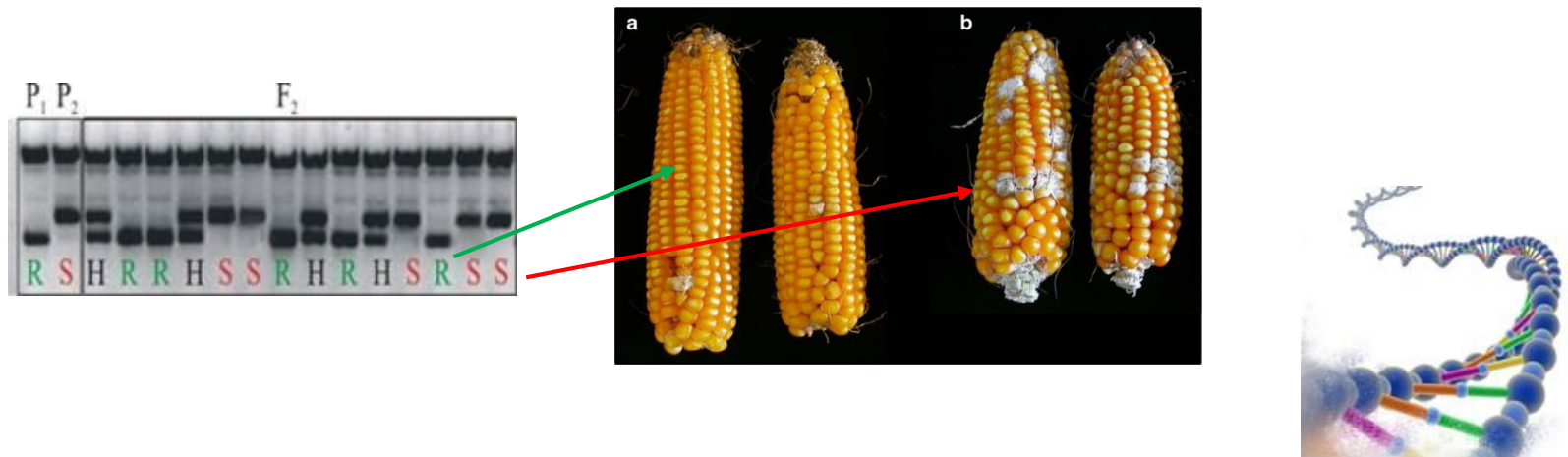


UNIVERSITÀ
CATTOLICA
del Sacro Cuore

MIGLIORAMENTO GENETICO E GENOMICA: SELEZIONE ASSISTITA DA MARCATORI (MAS)

Le analisi **genetiche** e **genomiche** consentono di identificare i **geni** responsabili per il carattere di interesse, nonché i **marcatori** ed i **QTL** ad essi associati.

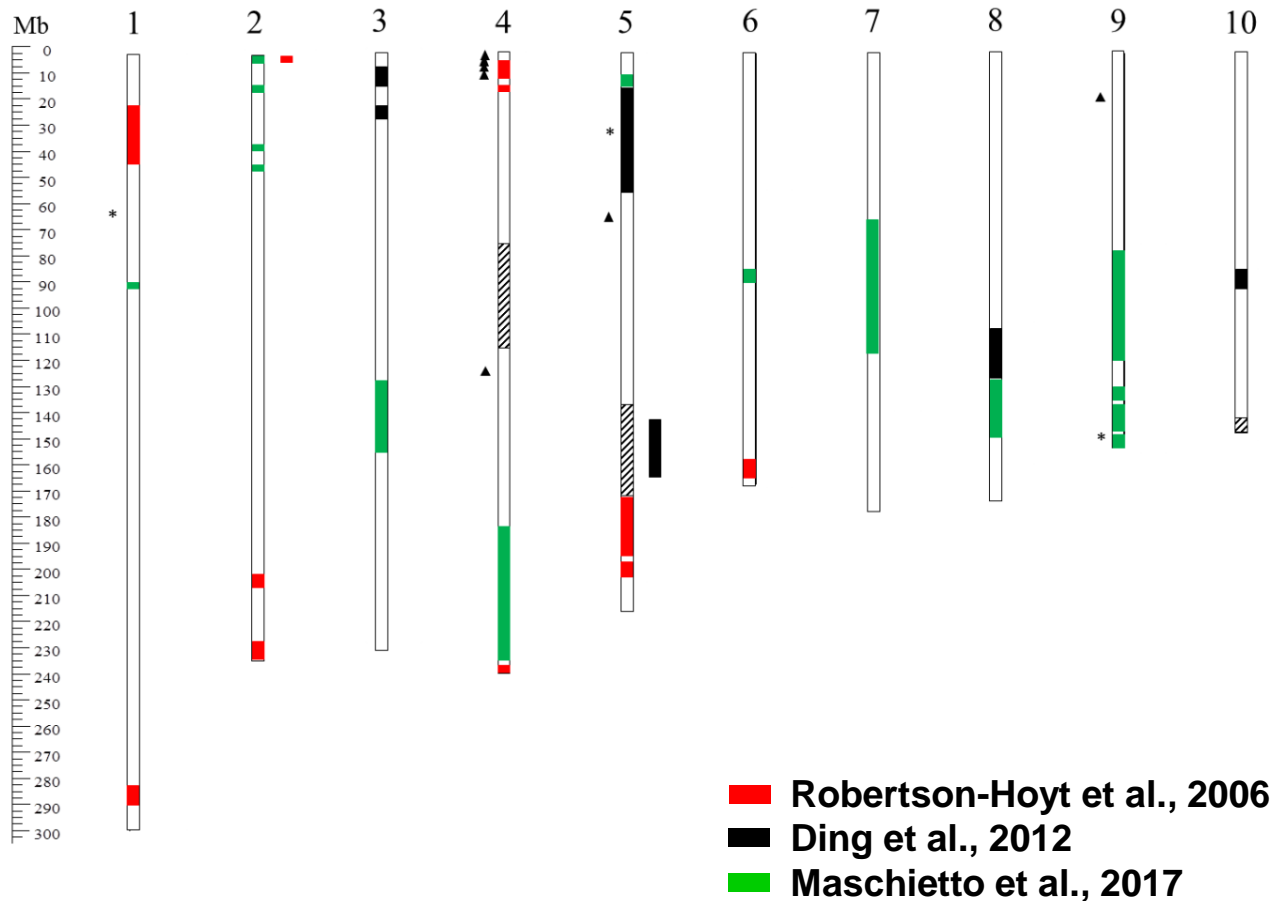
In questo modo con la MAS si possono mettere a punto metodi di selezione basati sul genotipo invece che sul fenotipo, individuando i geni di interesse e tracciandone la presenza nella discendenza attraverso i marcatori molecolari e i QTL.





UNIVERSITÀ
CATTOLICA
del Sacro Cuore

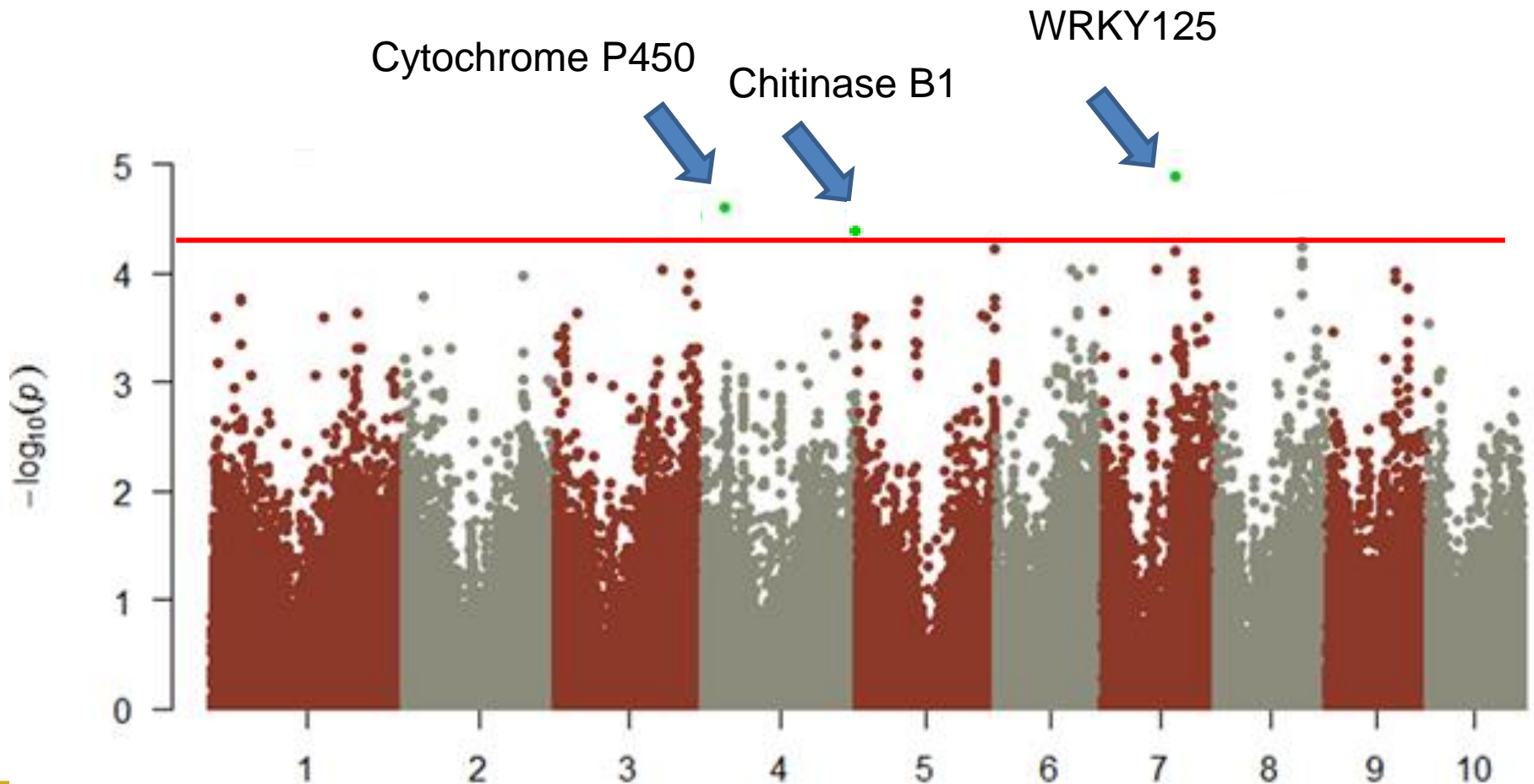
QTL PER LA RESISTENZA ALLA FUSARIOSI DELLA SPIGA





STUDI DI ASSOCIAZIONE GENOME-WIDE

- È un metodo che permette di effettuare in modo rapido una ricerca dei marcatori a livello di intero genoma associati a un particolare fenotipo di interesse.
- Nel GWAS il tipo di marcatore utilizzato è lo SNP.





UNIVERSITÀ
CATTOLICA
del Sacro Cuore

Step successivo: Testare la resistenza a *Fusarium* negli ibridi in condizioni di campo

Produzione degli ibridi:

- 50 derivanti dall'incrocio di linee resistenti di diversa origine (CO, Lo e Mp)
- 430 incroci inbred ricombinanti (RIX) derivanti dall'incrocio a catena di RIL (MAGIC)



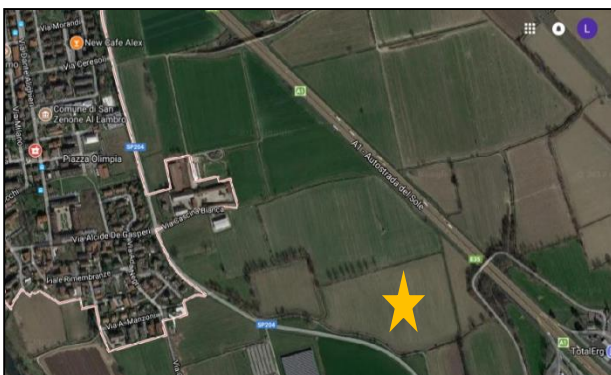


UNIVERSITÀ
CATTOLICA
del Sacro Cuore

50 ibridi testati in campi sperimentali

La valutazione delle spighe di mais inoculate artificialmente è avvenuta in prove replicate, in due località, per due anni consecutivi (2017/2018)

S. Zenone, Lodi

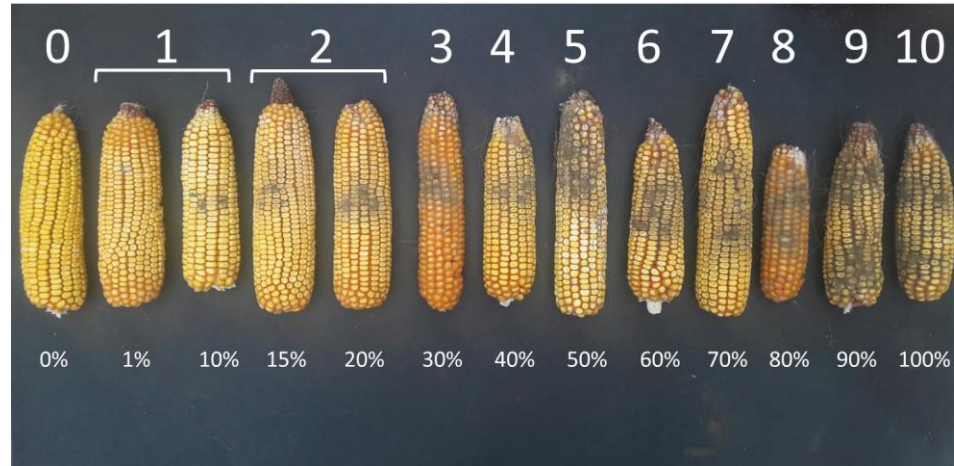


Tribiano, Milano



Fusarium verticillioides

Aspergillus flavus

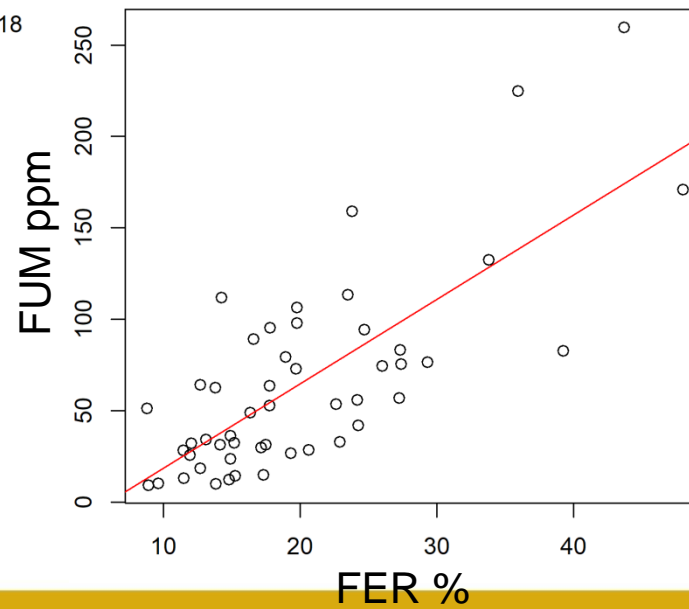
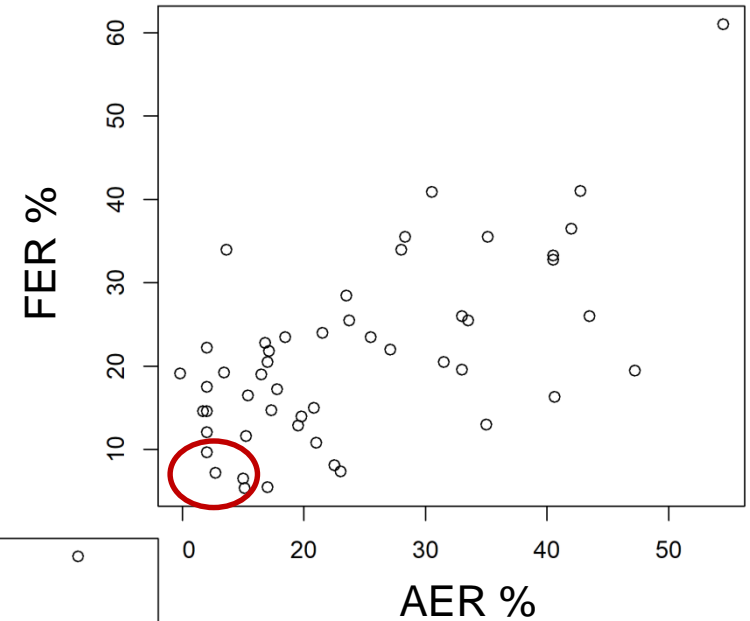
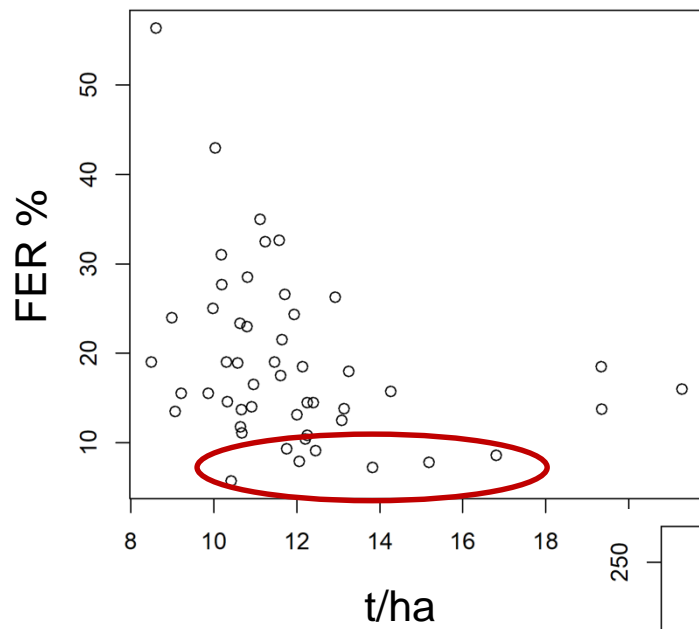




UNIVERSITÀ
CATTOLICA
del Sacro Cuore

Step successivo:

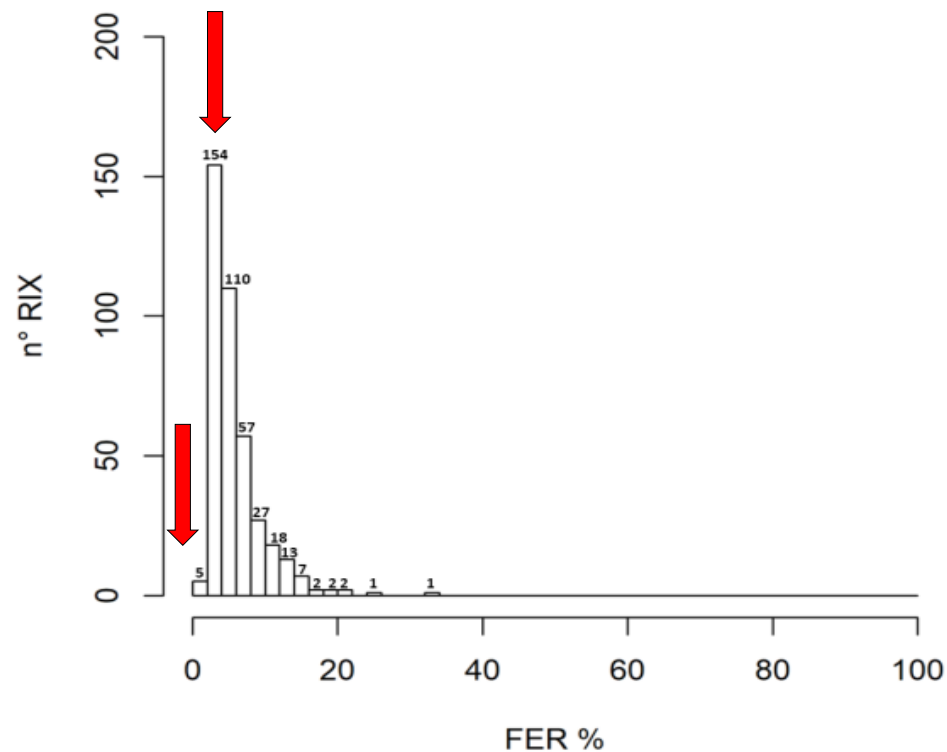
Fusariosi ed accumulo di micotossine negli ibridi





Step successivo: Valutazione della resistenza al *Fusarium* nei 430 RIXs

1/3 dei RIX mostrava una resistenza al FER < al 4%.





Prospettive future

- ✓ Numerosi marcatori e QTL associati a geni candidati per la resistenza a *Fusarium* sono stati identificati e potranno essere piramidati in un singolo background genetico.
- ✓ Molti dei geni identificati sono connessi a vie metaboliche chiave per la riduzione dell'infezione da *Fusarium*, supportando il loro uso diretto attraverso approcci biotecnologici, come il genome editing.
- ✓ Le informazioni sui marcatori genetici, le linee e gli ibridi di mais resistenti all'infezione da *Fusarium* e all'accumulo di fumonisine sono disponibili ai breeders per programmi di miglioramento genetico.





UNIVERSITÀ
CATTOLICA
del Sacro Cuore

Ringraziamenti

Paola Battilani
Paola Giorni

Scuola Superiore S. Anna (Pisa, Italy)
Mario Enrico Pè
Matteo Dell'Acqua



Scuola Superiore
Sant'Anna
di Studi Universitari e di Perfezionamento



Department of Plant Biotechnology and
Bioinformatics, Ghent University, Belgium
Dirk Inzé



Department of Crop & Soil Sciences, North
Carolina State University, Raleigh, USA
Jim B. Holland



Integrated and innovative key
actions for **mycotoxin management**
in the food and feed chains



Thank You