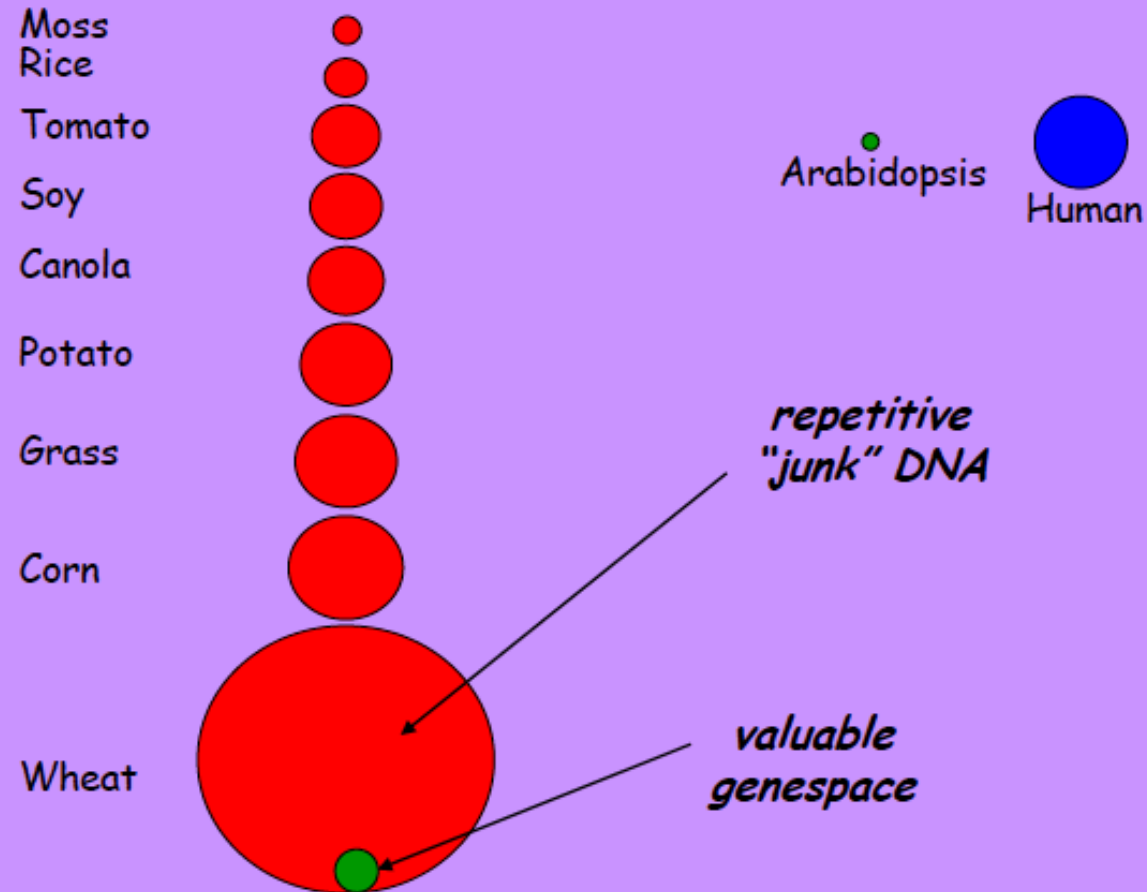


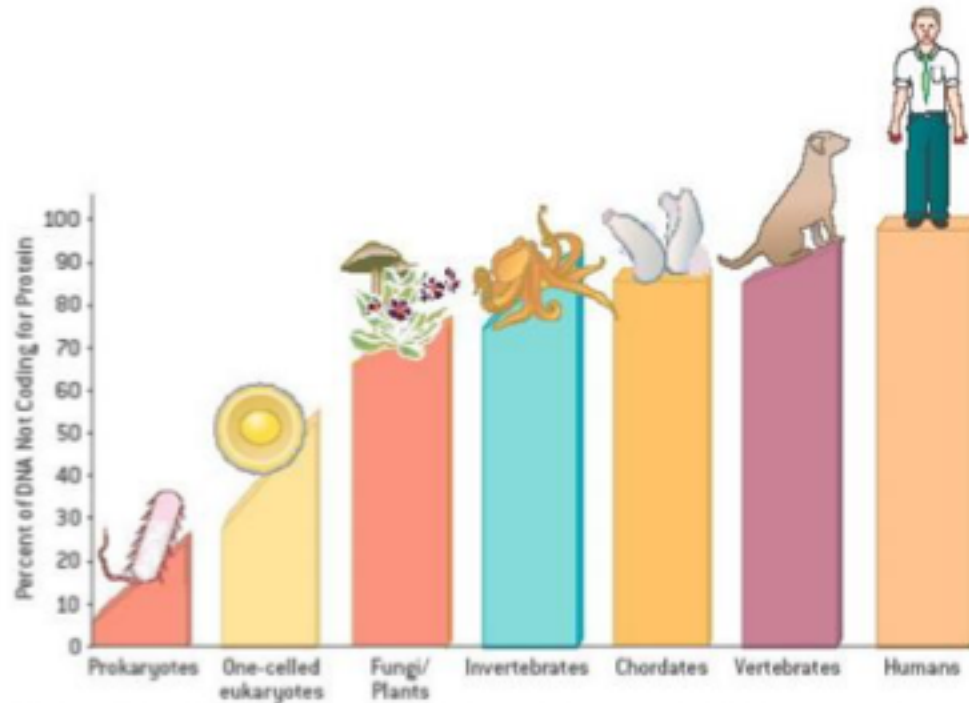
Il genoma non
codificante

Solo una piccola parte del genoma contiene geni

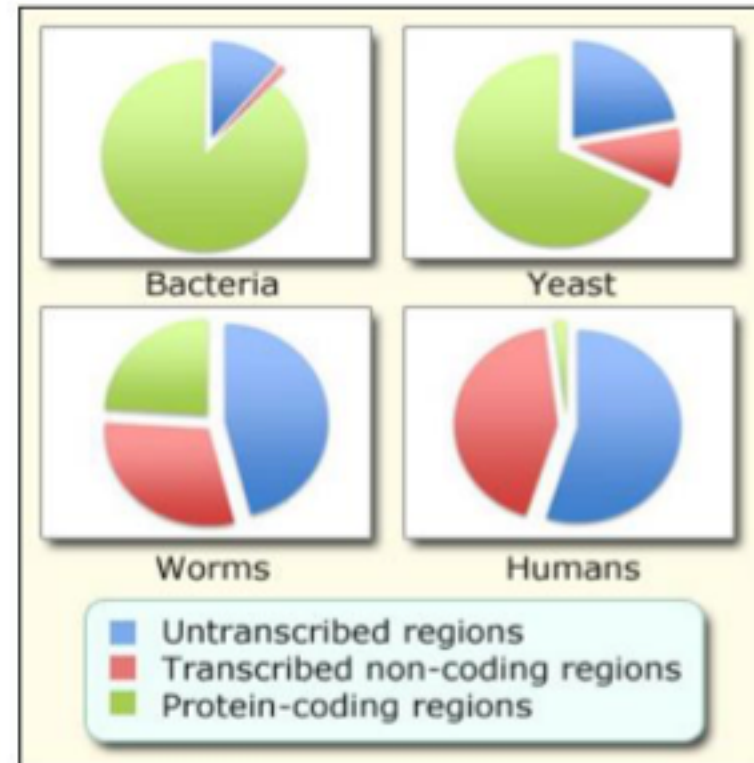
Plant Genome Composition: Junk vs. Genes



Il DNA non codificante aumenta con la complessità dell'organismo

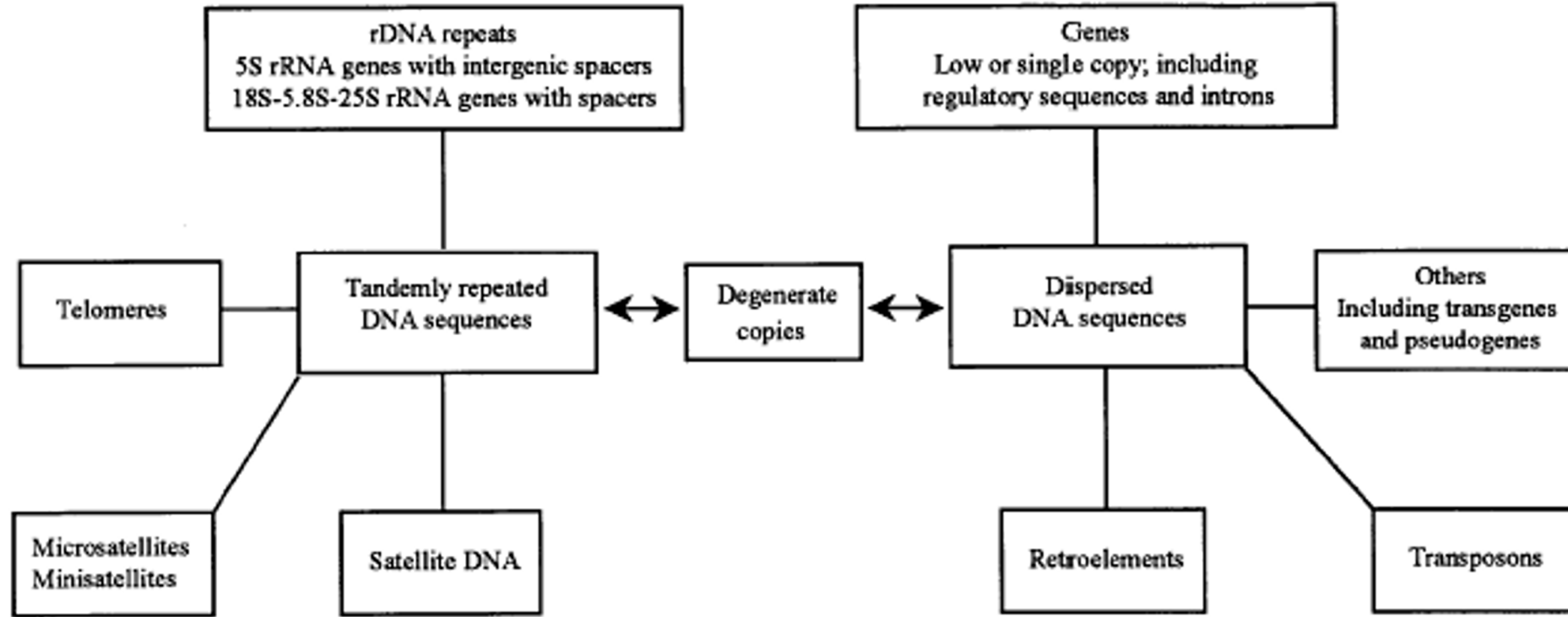


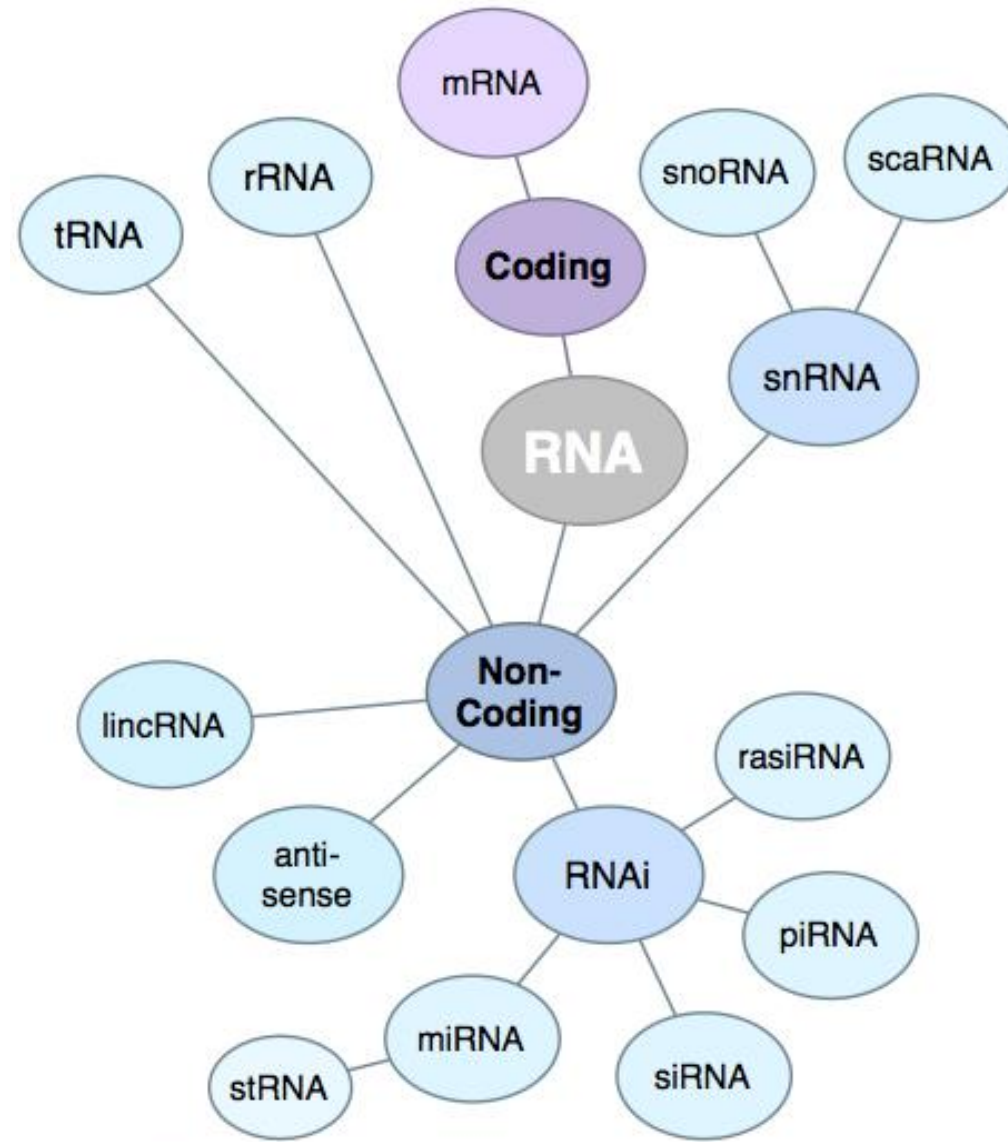
NONPROTEIN-CODING SEQUENCES make up only a small fraction of the DNA of prokaryotes. Among eukaryotes, as their complexity increases, generally so, too, does the proportion of their DNA that does not code for protein. The noncoding sequences have been considered junk, but perhaps it actually helps to explain organisms' complexity.



- Il DNA «spazzatura» serve
- Più del 90% dell'intero genoma è composto da sequenze che **non esprimono proteine**, e per questo motivo è stato considerato per lungo tempo privo di qualsiasi funzione e DNA spazzatura, come una sorta di relitto dell'evoluzione
- Il progetto internazionale Encode ha permesso di attribuire una **funzione al DNA non codificante**
- Il DNA non codificante funge da **modulatore della trascrizione genica, ma anche della traduzione**

La struttura dei genomi



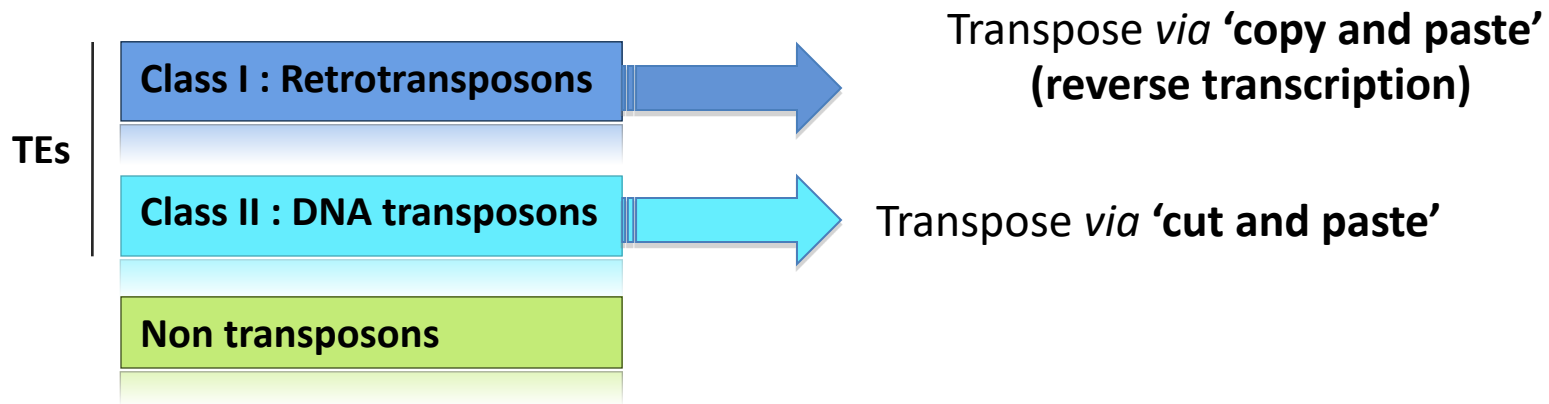
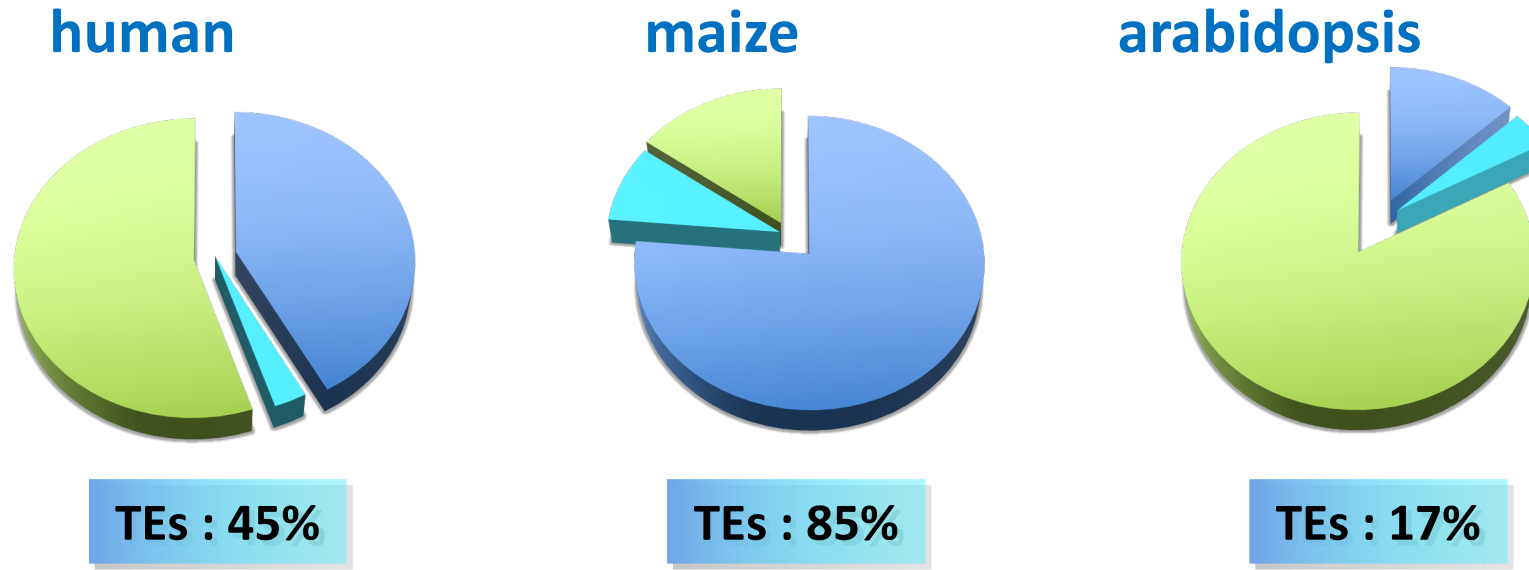


Il genoma delle piante

- Il DNA ripetuto consiste di sequenze di diversa dimensione a partire da ripetizioni di due nucleotidi (GAGAGA) a motivi fino a 10.000 pb ripetuti 100-100000 volte che possono costituire fino al 75% del DNA contenuto nel nucleo.
- Definito anche DNA inutile, il DNA ripetuto è ritenuto avere una importante ruolo per la funzionalità ed evoluzione dei genomi.
- Il DNA RIPETUTO IN TANDEM costituisce i satelliti (10-50pb) e microsatelliti (1-5pb) identificabili in alcune regioni dei cromosomi.



Transposable elements (TEs) in the genome:



Elementi Trasponibili o TRASPOSONI

- La presenza dei **trasposoni** nel genoma di mais fu proposta nel 1956 da B. McClintock
- Ella postulò la presenza di geni “attivatori” in grado di promuovere la trasposizione di loro stessi e di altri geni.
- La teoria dei **trasposoni** non fu accettata dalla comunità scientifica di quegli anni più propensa a credere ad un genoma estremamente stabile.
- Nel 1980 i biologi molecolari dimostrarono la presenza nei genomi di sequenze in grado di trasportare e B. McClintock ricevette il Premio Nobel nel 1982.
- *IL DNA ripetuto delle regioni intergeniche*

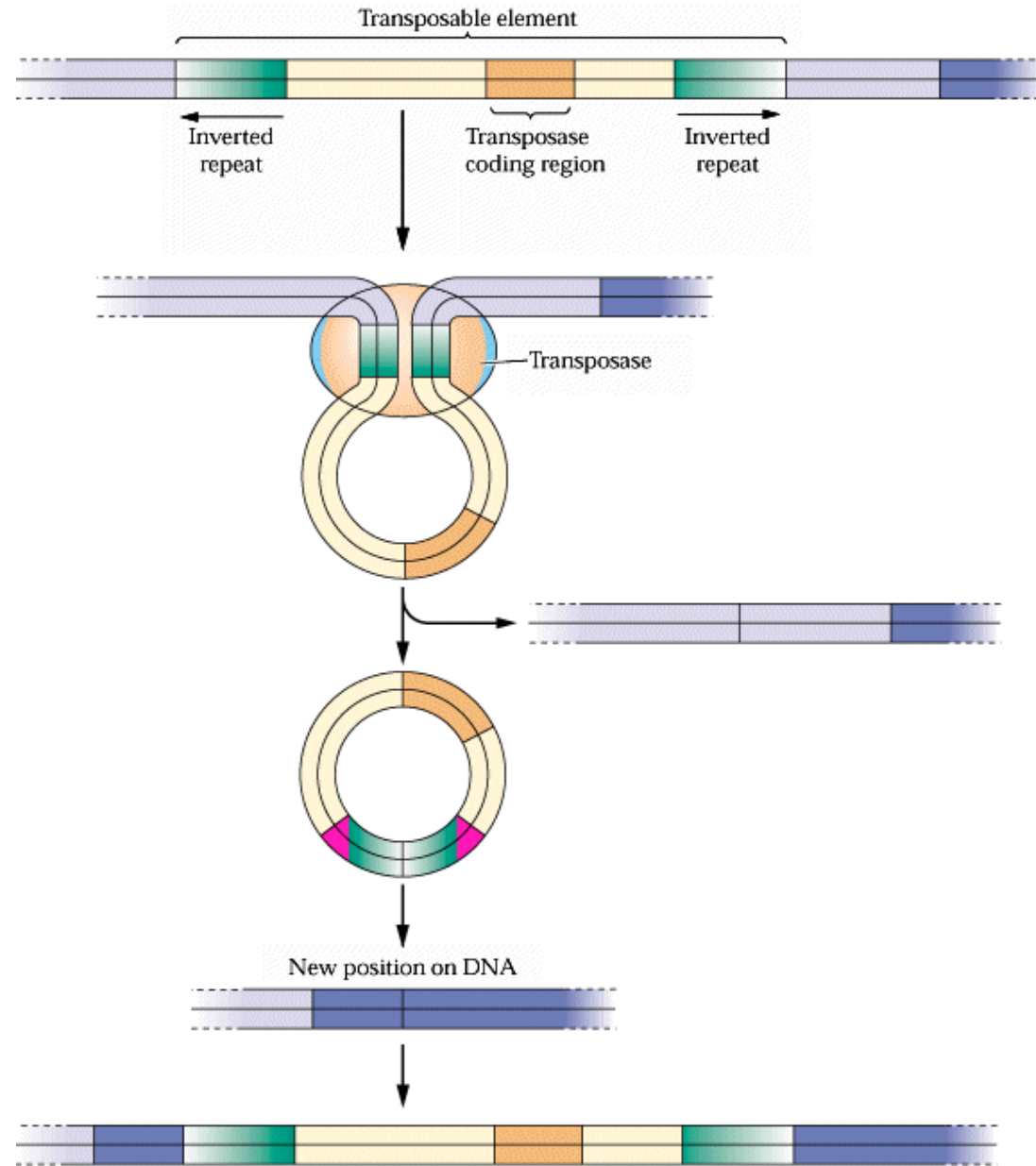
Elementi trasponibili

Sono sequenze mobili di DNA che muovono (o traspongono) da un sito del genoma ad un altro.

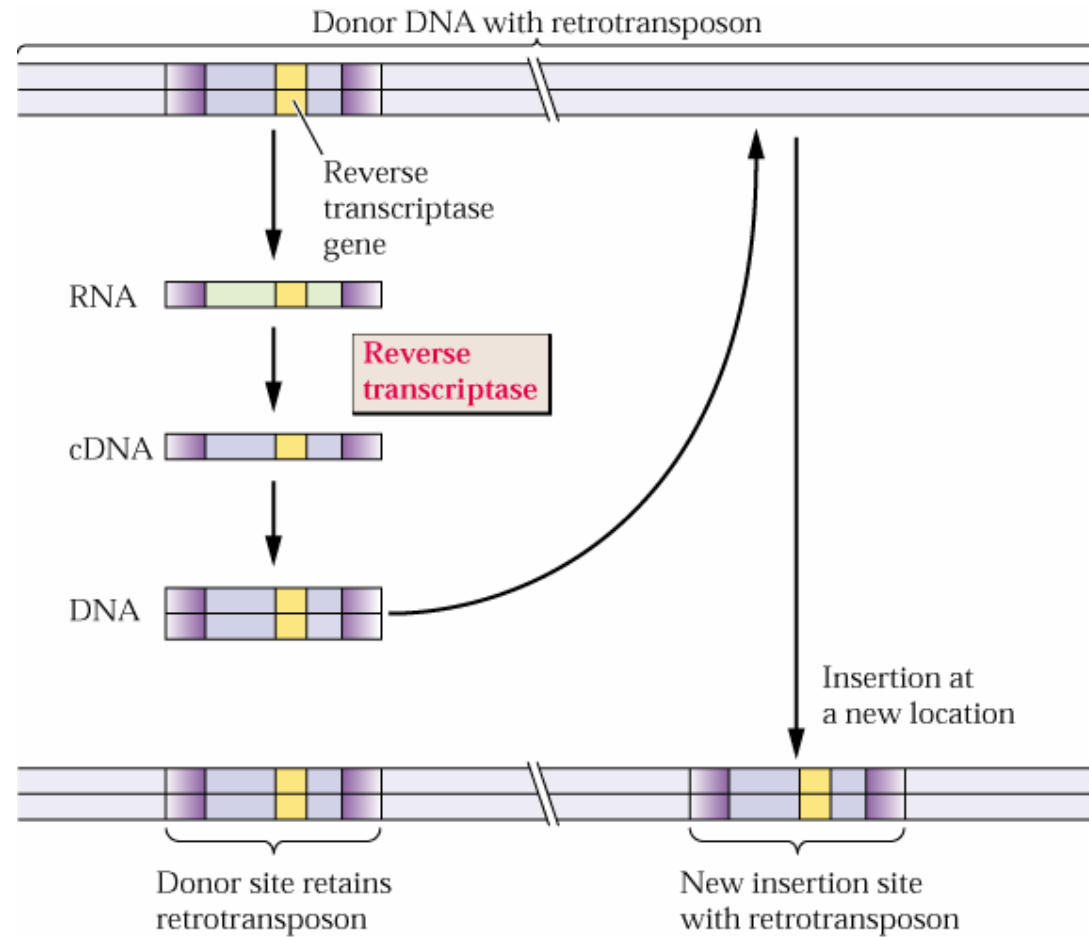
Esistono essenzialmente due tipi diversi di elementi trasponibili:

- Gli **elementi mobili** caratterizzati da B. McClintock i quali codificano per uno o più prodotti genici necessari alla loro trasposizione i quali sono inoltre caratterizzati da “inverted repeats” di circa 10 basi alle estremità;
- I **retrotrasposoni** ai quali si attribuisce origine virale. Essi infatti presentano la struttura di virus tumorali a RNA integrati nel genoma e la loro trasposizione prevede il passaggio attraverso una molecola di RNA.

Elementi Trasponibili



Retrotrasposoni



I Retroelementi

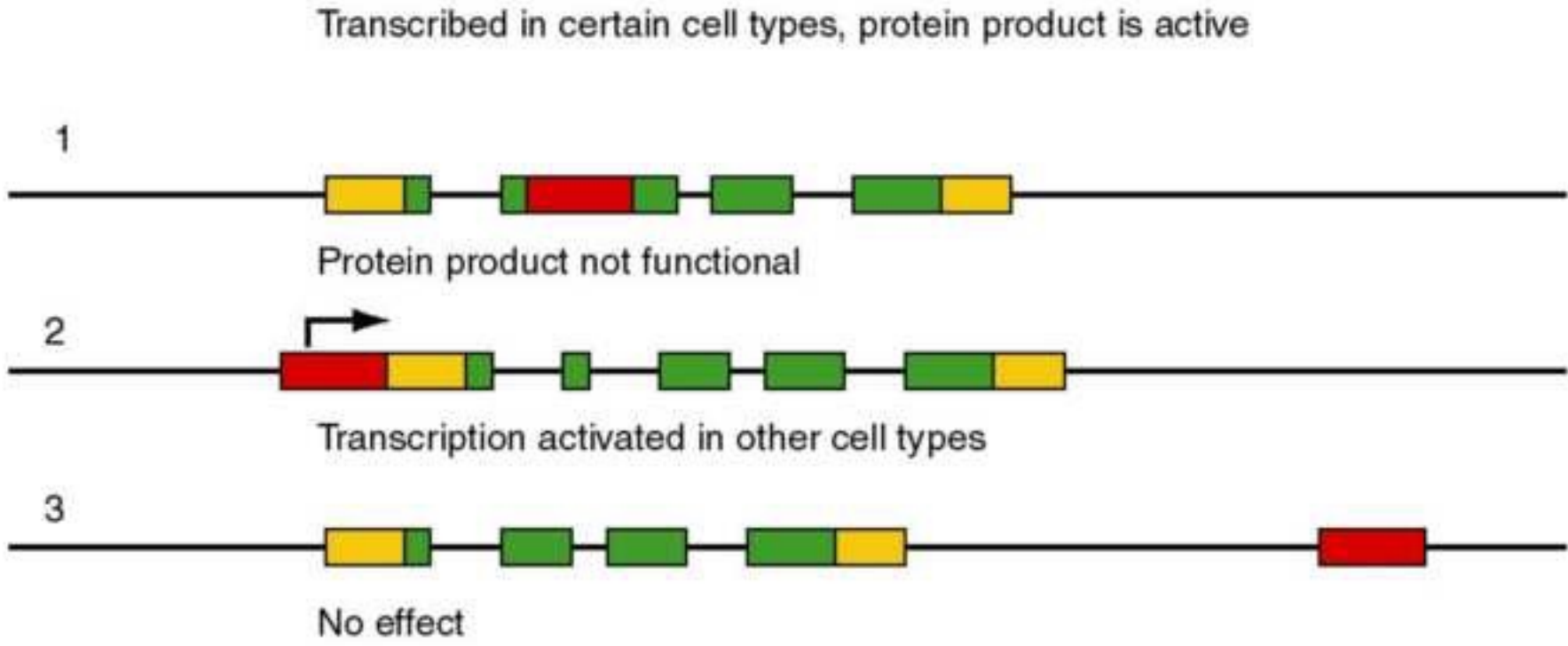
Ci sono due tipi diversi di retroelementi

- Retrotrasposoni LTR (hanno “long terminal repeats” cioè sequenze ripetute fiancheggianti lunghe da 300 a 2200bp) e codificano per gli enzimi necessari alla trasposizione.
- Retrotrasposoni NON-LTR sono classificati in LINEs (long interspersed nuclear elements) e SINEs (short interspersed nuclear elements). I LINEs sono caratterizzati da una coda polyA terminale e codificano per una proteina in grado di legare il DNA e per gli enzimi necessari alla trasposizione. I SINEs sono brevi e solitamente non codificano.

Trasposoni di recente individuazione

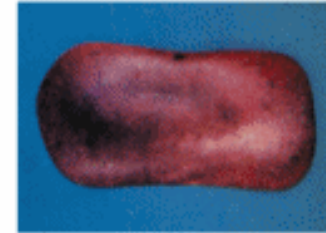
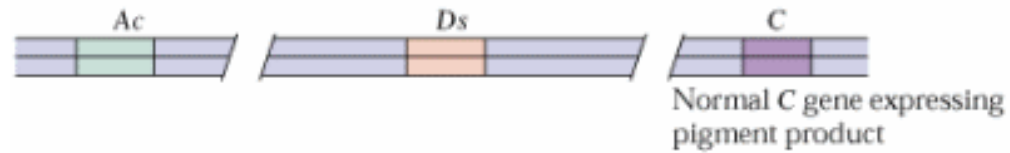
- **Elitroni**: trasposoni eucariotici privi di sequenze ripetute terminali, che non determinano la duplicazione della sequenza quando traspongono; spesso contengono Open Reading Frames (ORFs) necessarie alla loro duplicazione e trasposizione.
- Mutator-like DNA elements (**MULES**)

I trasposoni possono interrompere i geni e le loro sequenze regolatrici

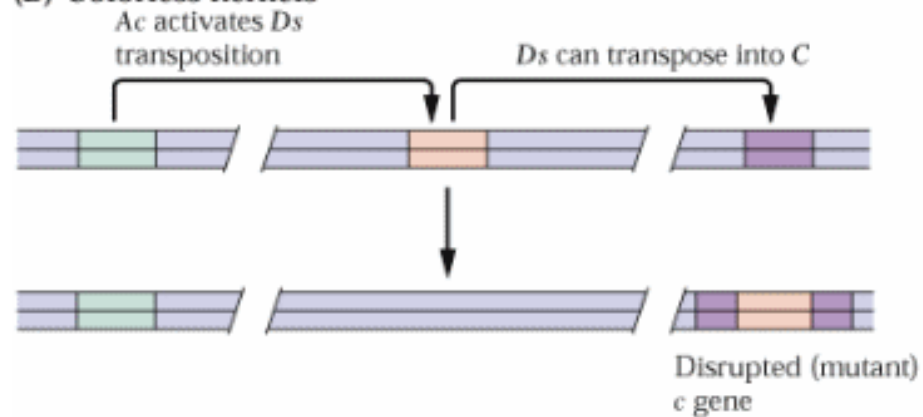


Gli elementi Ac/Ds di mais

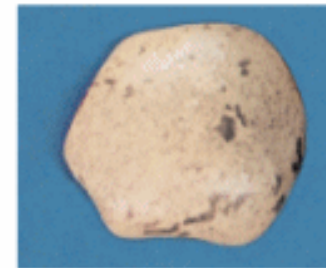
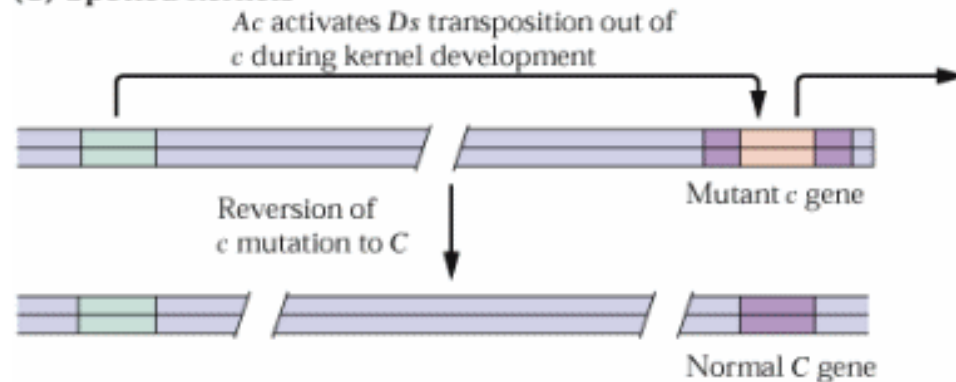
(A) Purple kernels



(B) Colorless kernels



(C) Spotted kernels



TEs in grape

- The grapevine berry colour is one of the striking examples of gene expression modulation mediated by TEs. The berry colour ranges in a wide spectrum of colours, varying between white and black. The coloured phenotype is controlled by two transcription factors, *MybA1* and *MybA2*, which control the anthocyanin biosynthesis pathway. White varieties, which lack the anthocyanin pigments, are characterized by an inactivation of the *MybA1* transcription factor, caused by the insertion of *Gret1* (transposable element of class I) in the promoter region of the gene.

TEs in grape

- White varieties are homozygous for the *Gret1* insertion, while coloured cultivars carry at least one functional allele at the *MybA1* locus. As reported in 2004 by Kobayashi, 10 out of 10 white varieties carried the homozygous white haplotype, while all red varieties were heterozygous at the colour locus, proving the coexistence of the inactivated *MybA1* gene (white haplotype) with the functional or coloured haplotype. These observations were confirmed also in a later work of Fournier-Level A and colleagues: out of 137 grapevine varieties, only nine varieties were homozygous at the colour locus (carrying both coloured haplotypes) and produced darker berries.

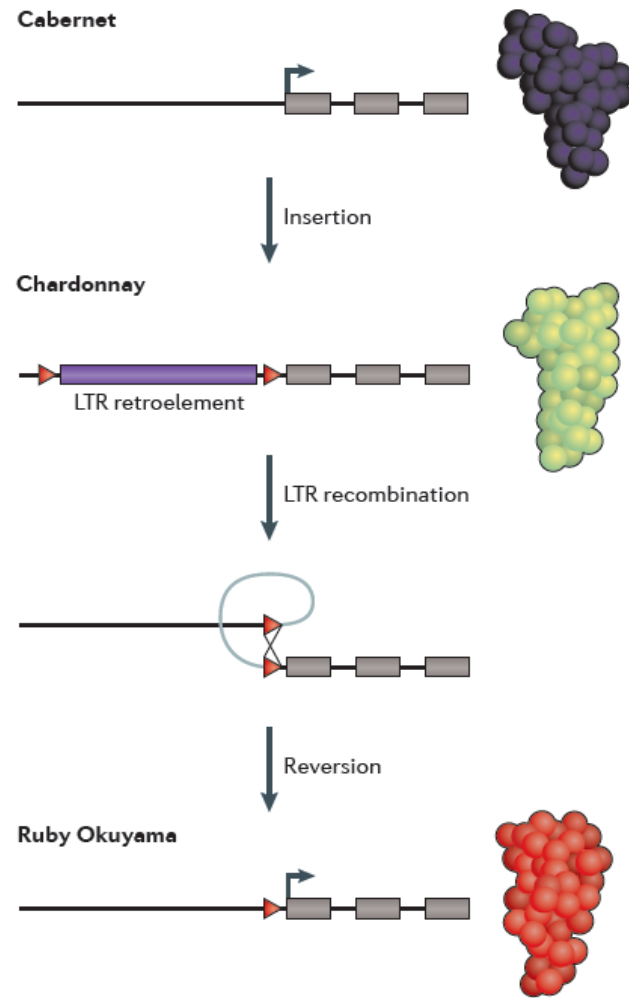


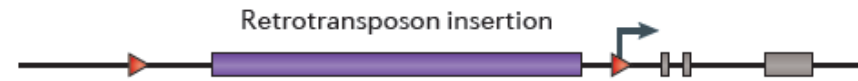
Figure 2 | **Transposable element insertions associated with changes in grape colour.** An initial insertion of a *Gret1* long terminal repeat (LTR) retrotransposon (not present in the Cabernet variety) resulted in a loss-of-function allele of the *Vvmyb1A* gene, leading to a loss of colour in the fruit of the Chardonnay variety. A subsequent rearrangement in *Gret1* results in revertant, coloured grapes in varieties such as Ruby Okuyama. Exons are depicted as grey boxes. The LTRs flanking *Gret1* just upstream of the *Vvmyb1A* gene are depicted as red triangles.

b

Navalina



Tarocco



Maro (I)



Jingxian

