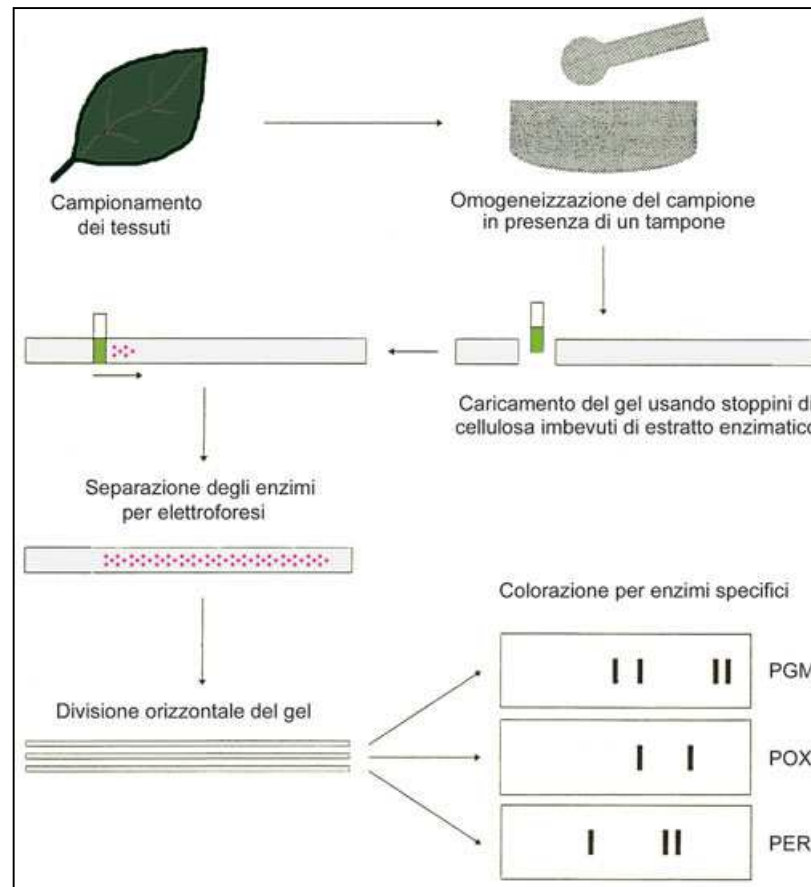
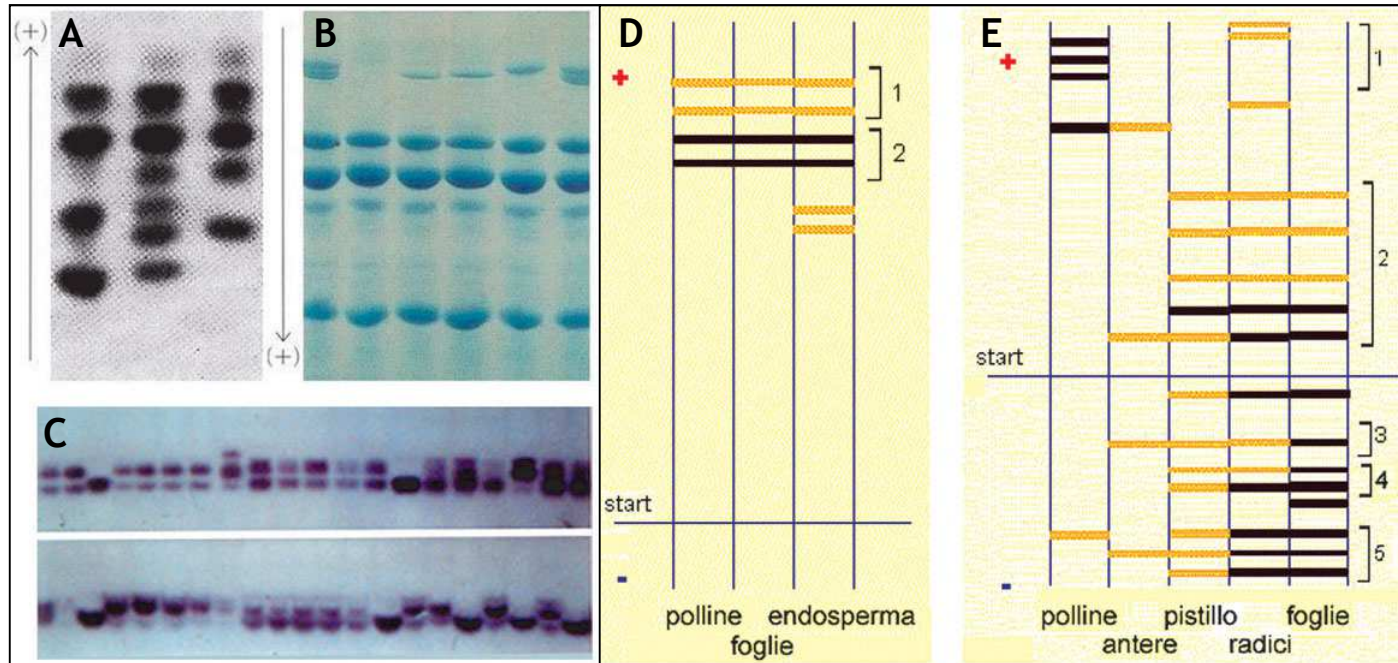


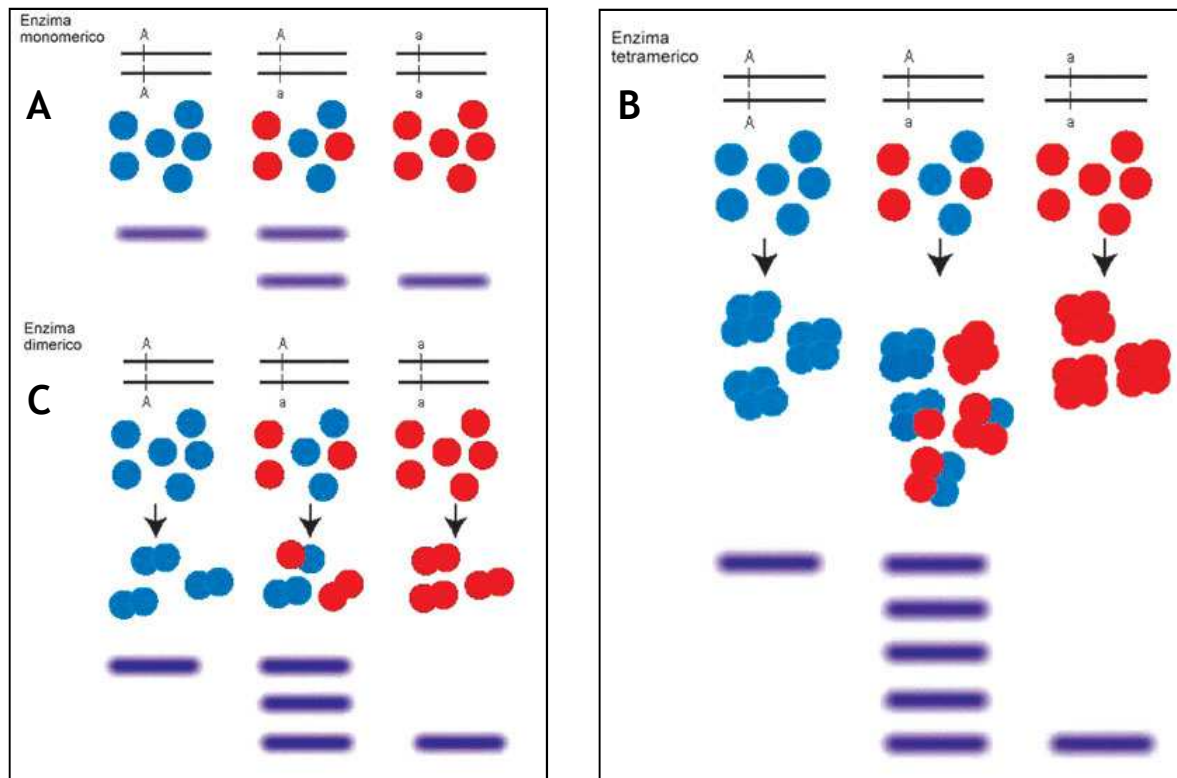
# **MARCATORI MOLECOLARI**

# MARCATORI ENZIMATICI



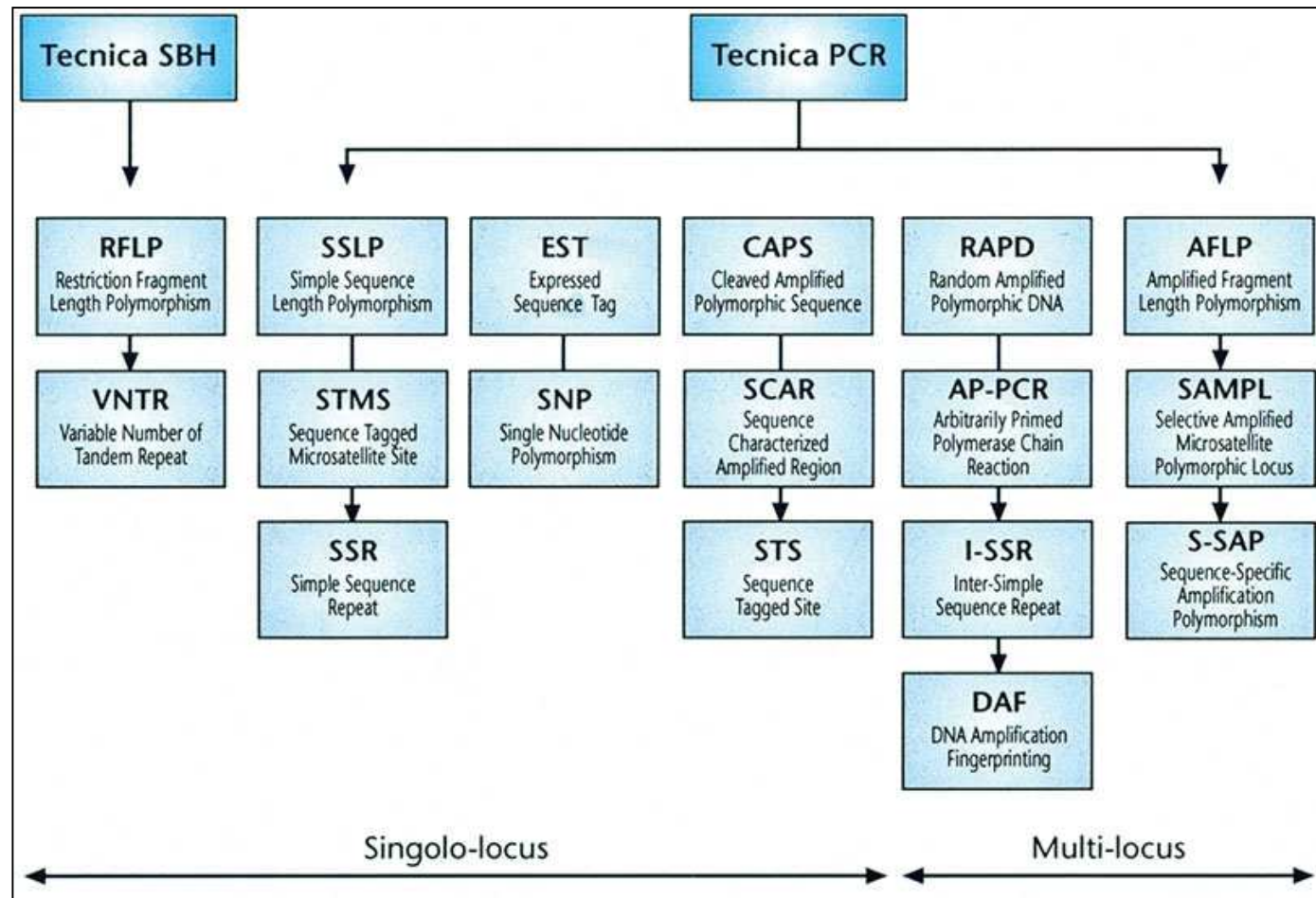


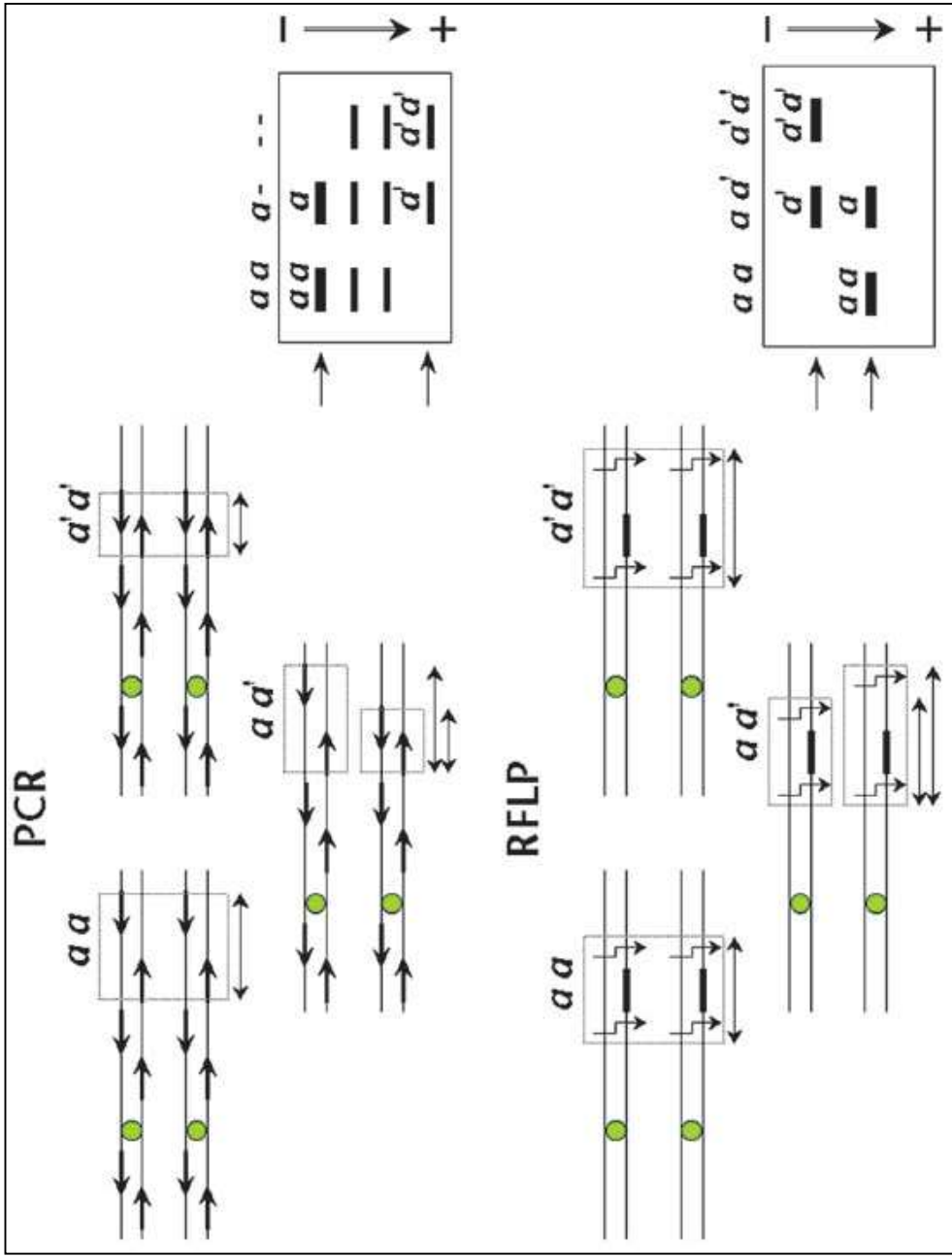
Marcatori biochimici: (A) fosfo-gluco-mutasi (*PGM*); (B) lipoossigenasi (*LOX*) in soia; (C) esterasi (*EXT*) in poa pratense; (D,E) rappresentazioni schematiche di isoenzimi e alloenzimi del sistema leucinoammino-peptidasi (*LAP*) e perossidasi (*POX*) in mais che mettono in evidenza la tessuto-specificità di questi marcatori.

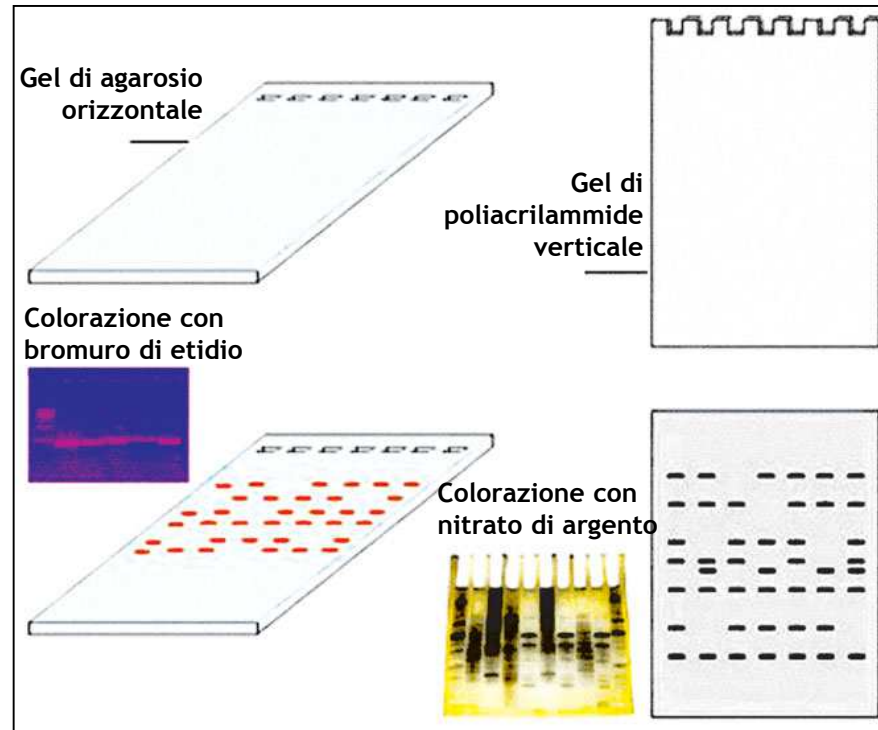


Rappresentazione schematica delle possibili combinazioni di catene polipeptidiche e di profili elettroforetici ottenibili con enzimi monomerici (A), dimerici (B) e tetrameric (C) in organismi diploidi.

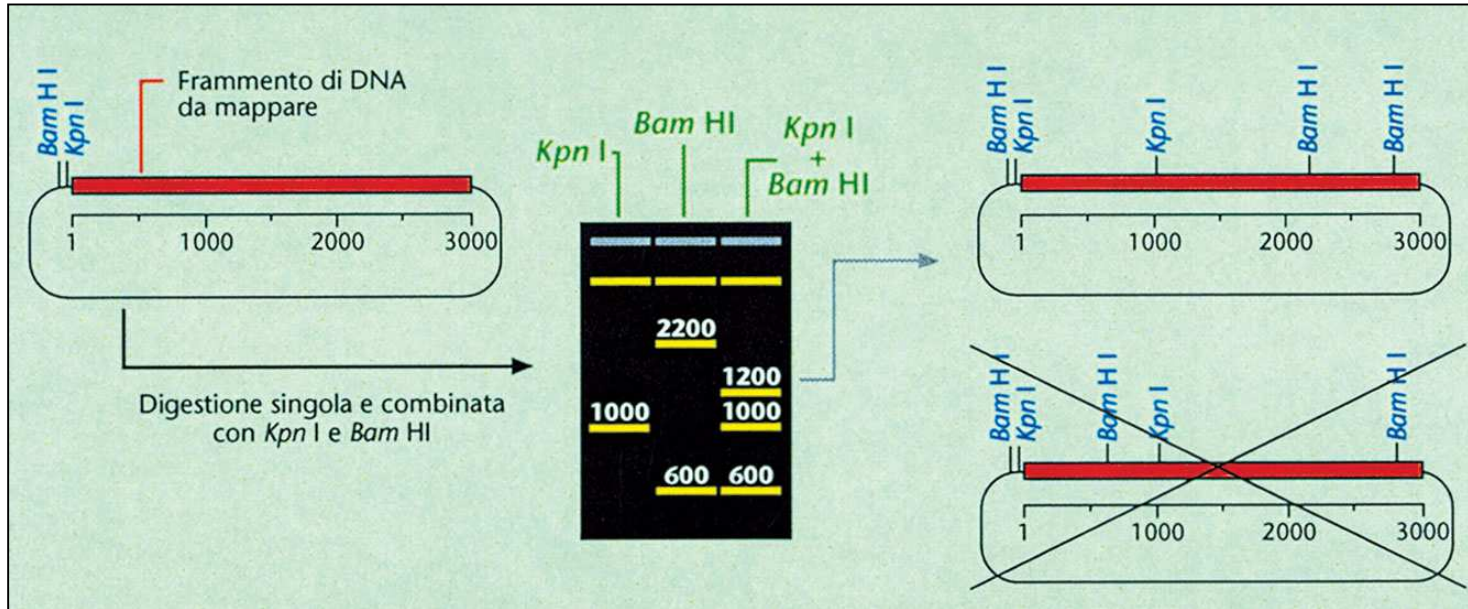
# MARCATORI MOLECOLARI



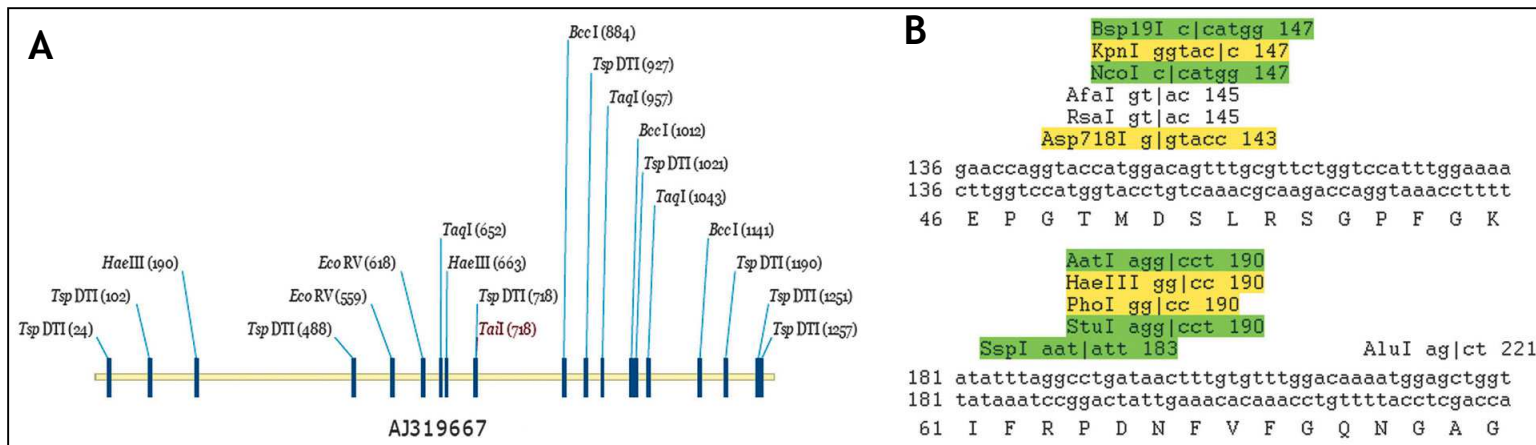




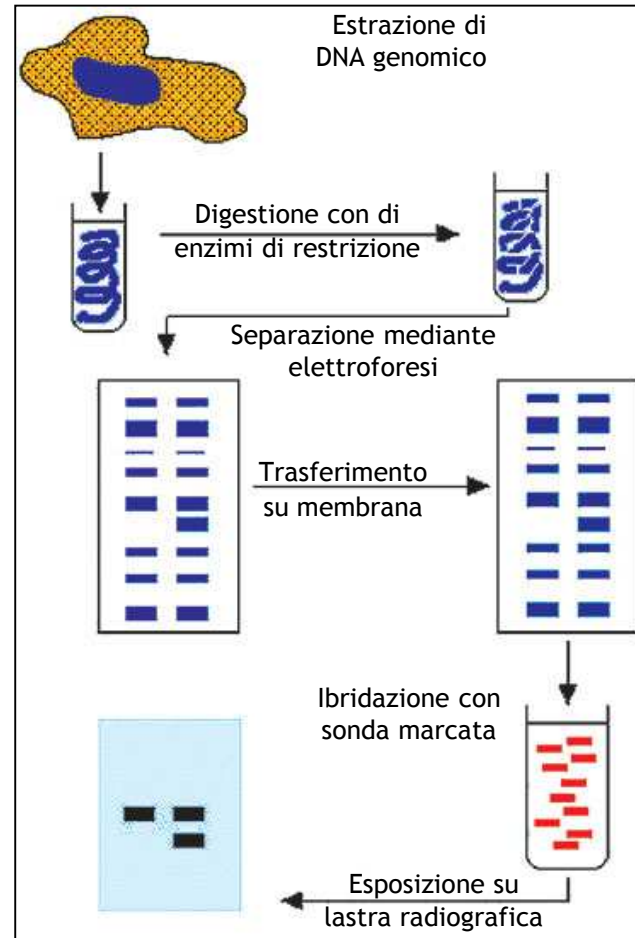
# MAPPE DI RESTRIZIONE



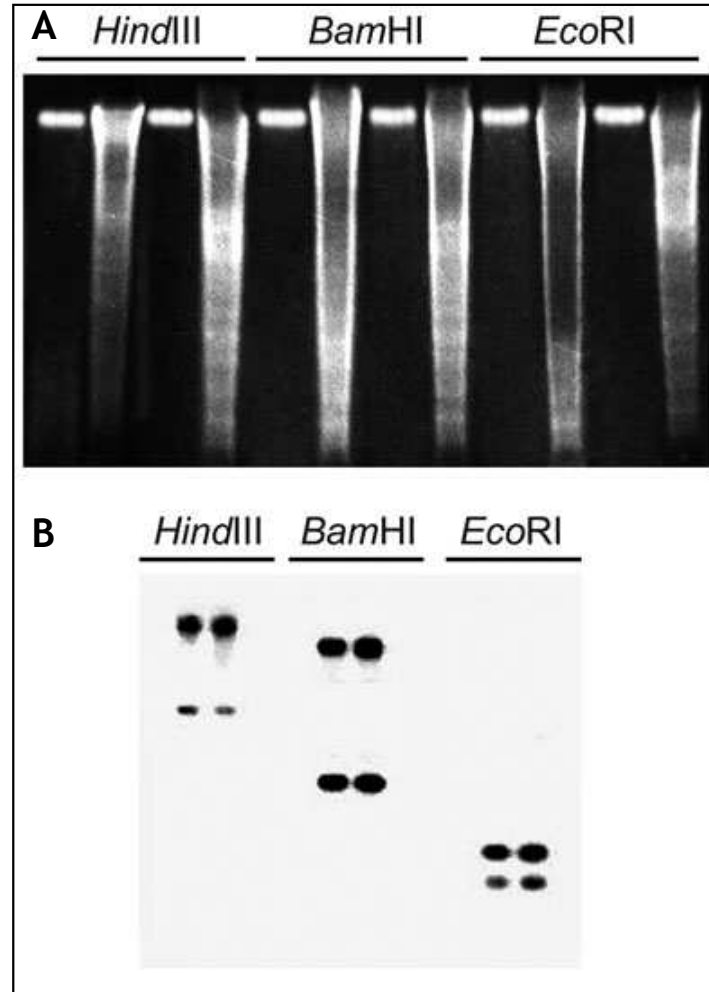




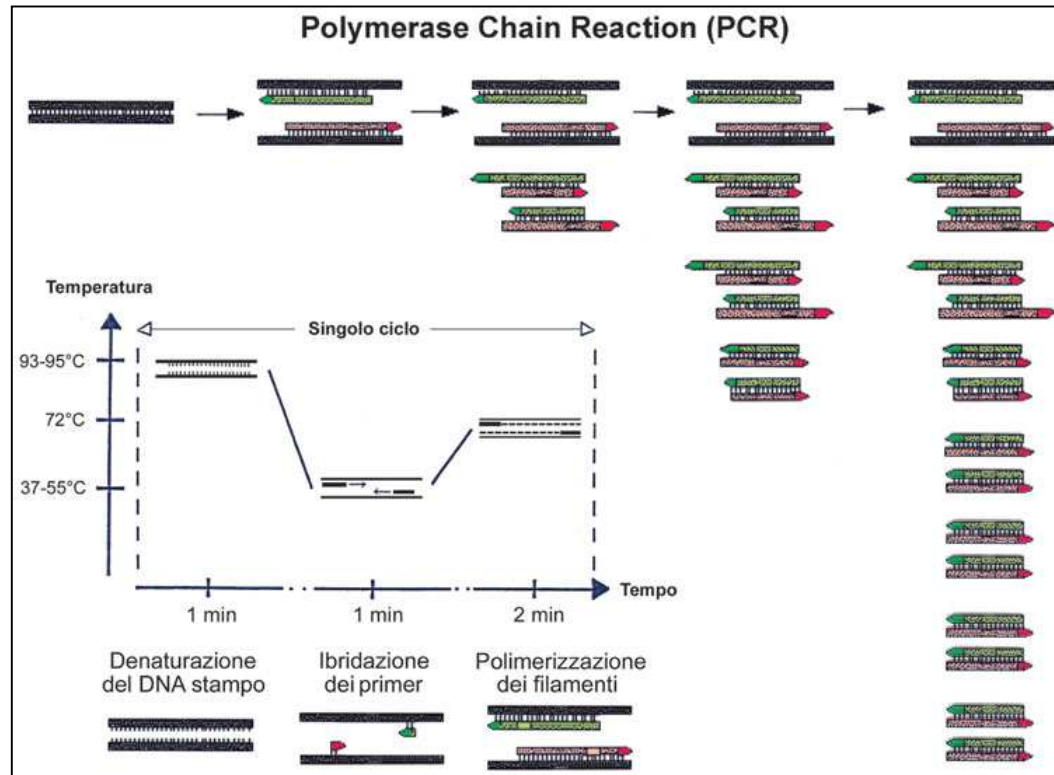
# IBRIDAZIONE TIPO SOUTHERN BLOT (SBH)



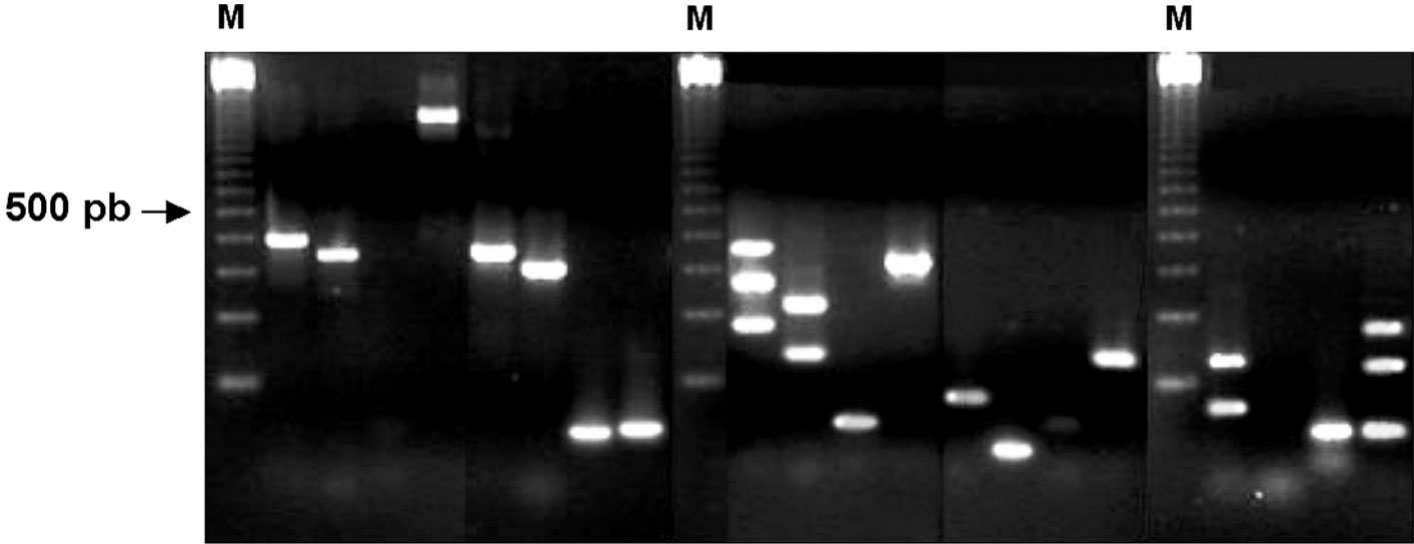
## IBRIDAZIONE TIPO SOUTHERN BLOT (SBH)



# REAZIONE A CATENA DELLA POLIMERASI (PCR)

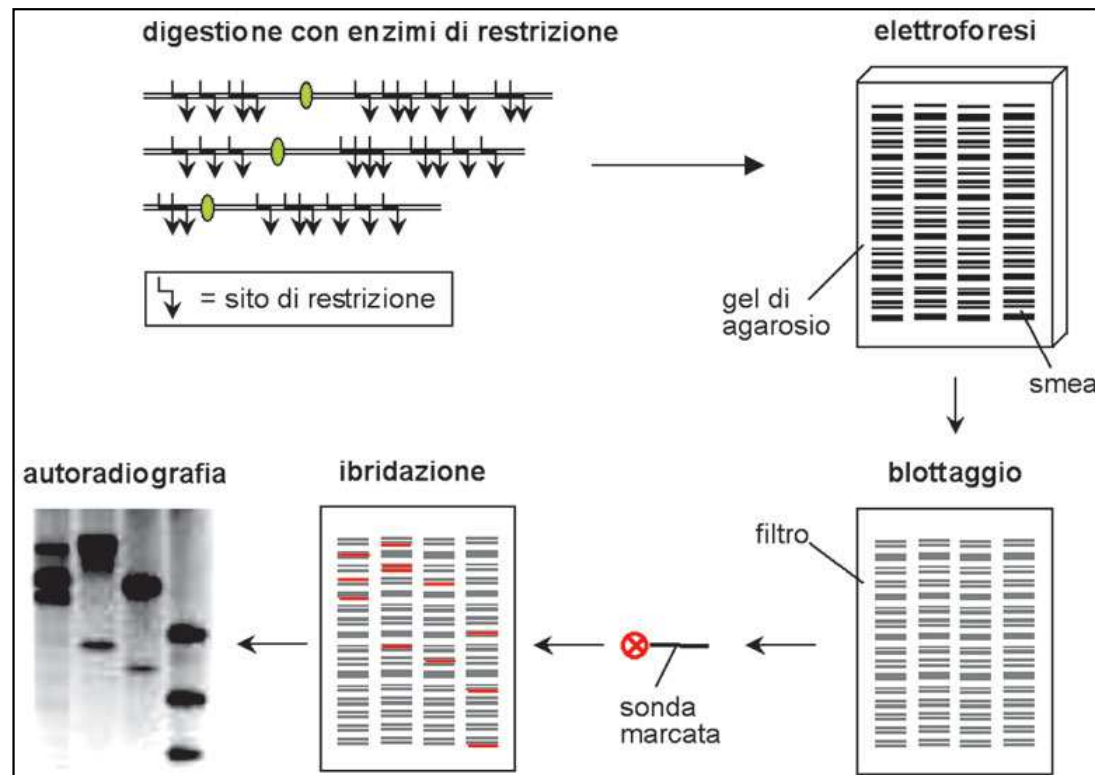


# REAZIONE A CATENA DELLA POLIMERASI (PCR)

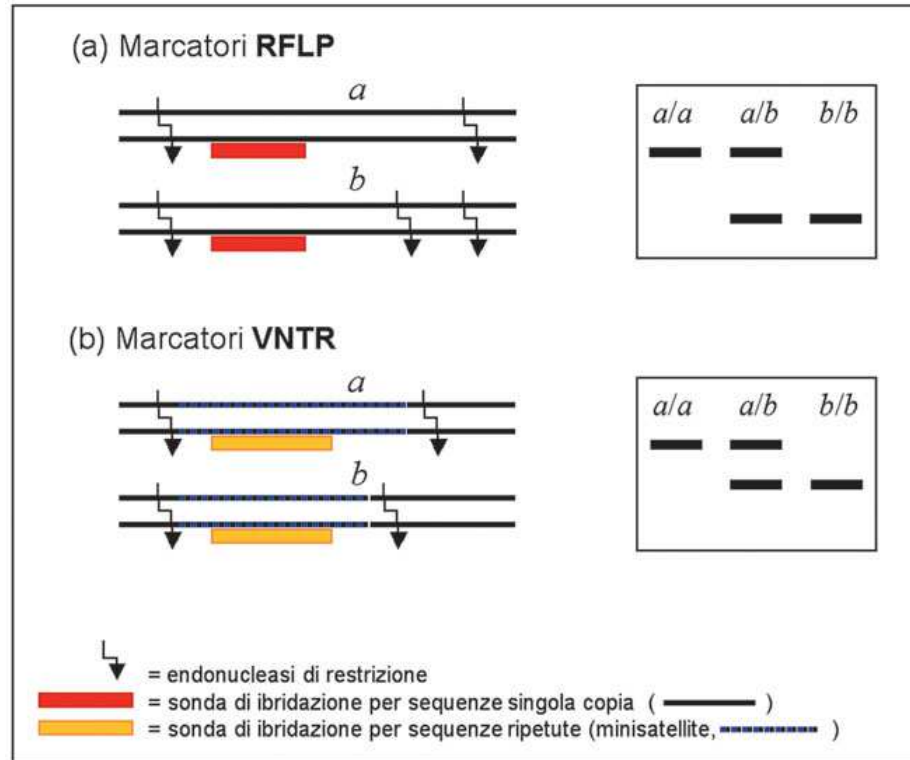


# MARCATORI MOLECOLARI BASATI SU TECNICHE DI RESTRIZIONE E IBRIDAZIONE

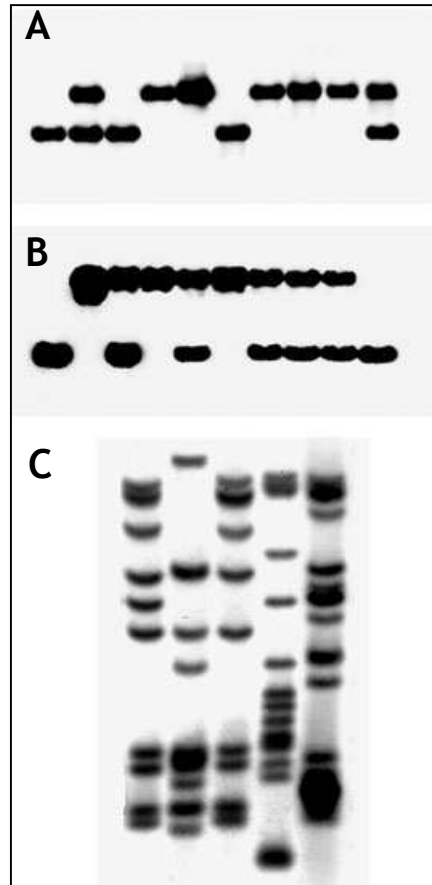
## MARCATORI RFLP



## MARCATORI RFLP



## MARCATORI RFLP

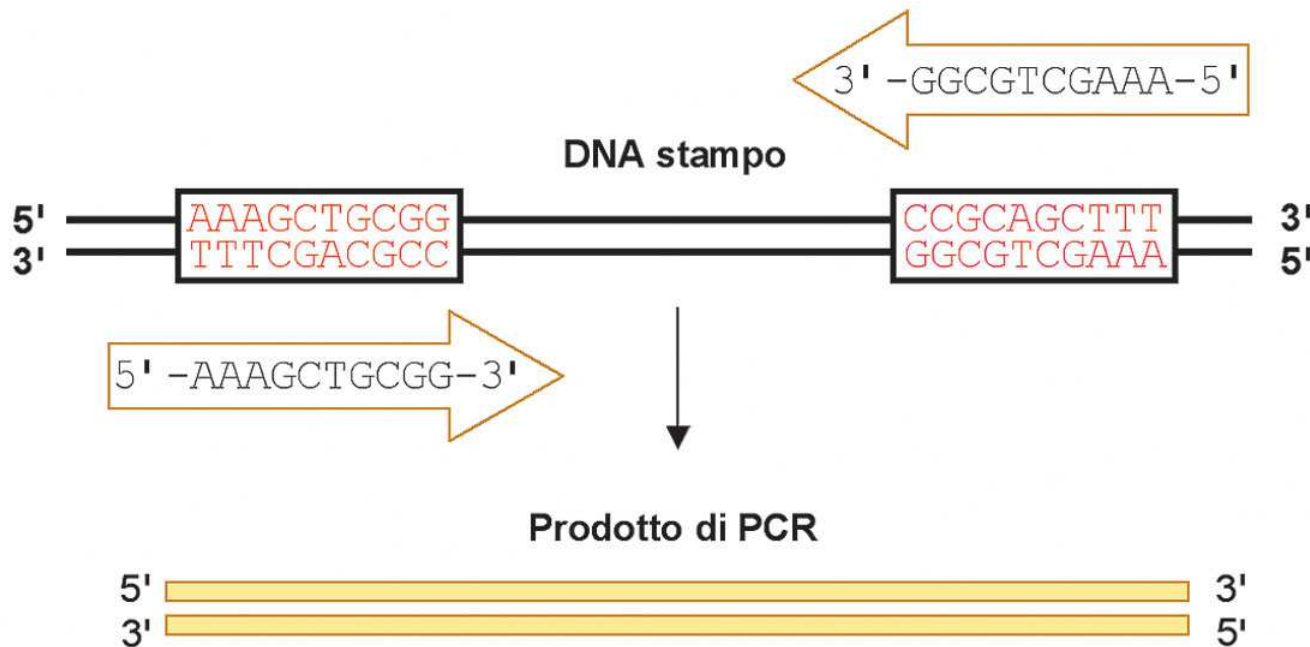


Esempi di profili RFLP  
Ottenuiti con sonde singolo-locus  
in una popolazione segregante (A, B)  
e con sonda multi-locus (C).



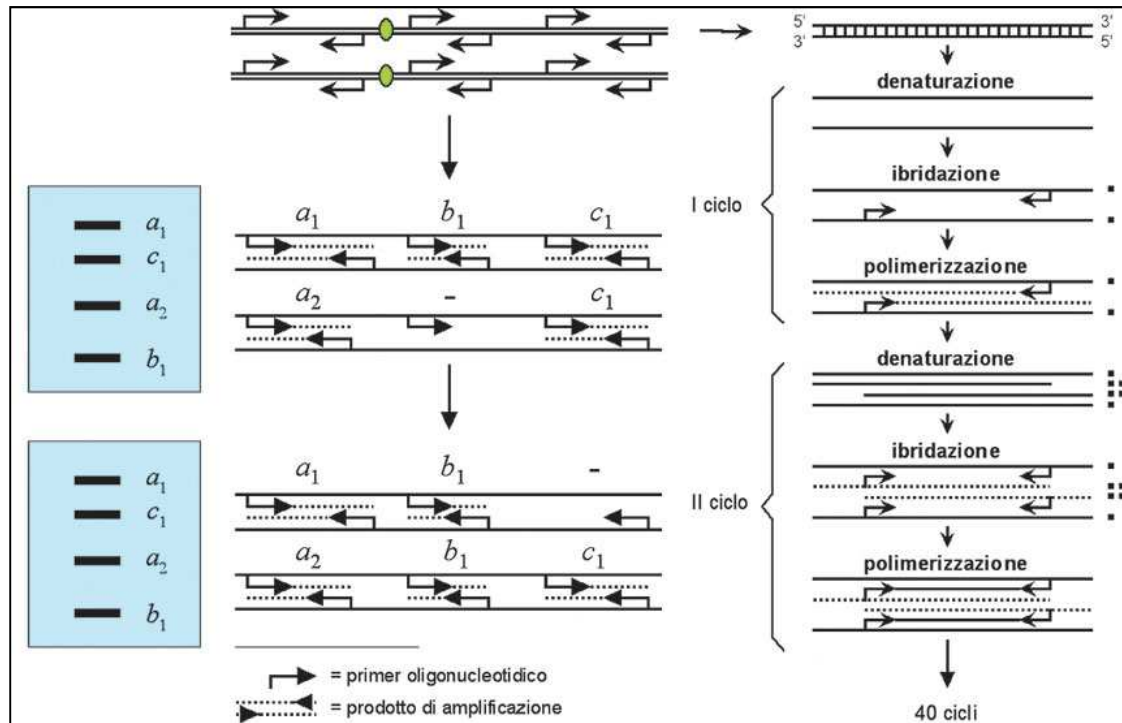
# MARCATORI MOLECOLARI BASATI SU TECNICHE DI AMPLIFICAZIONE (PCR-DERIVATI)

## MARCATORI RAPD e AP-PCR

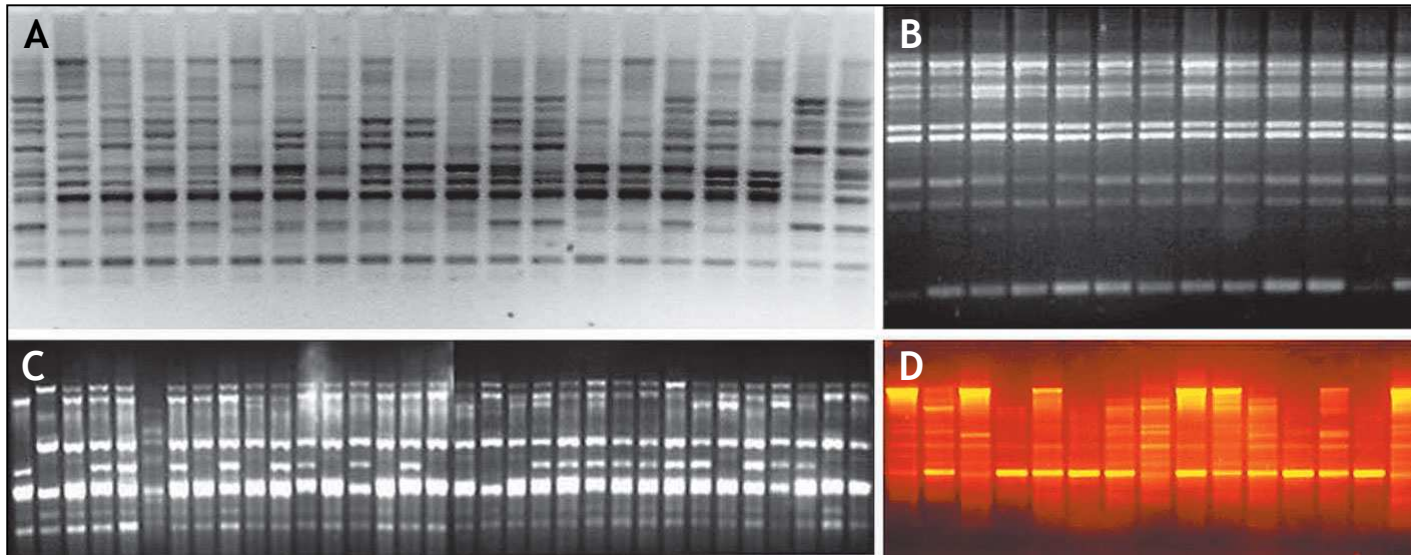


Analisi di marcatori RAPD  
con primer decamerici (10-mer) casuali.

## MARCATORI RAPD e AP-PCR



## MARCATORI RAPD e AP-PCR



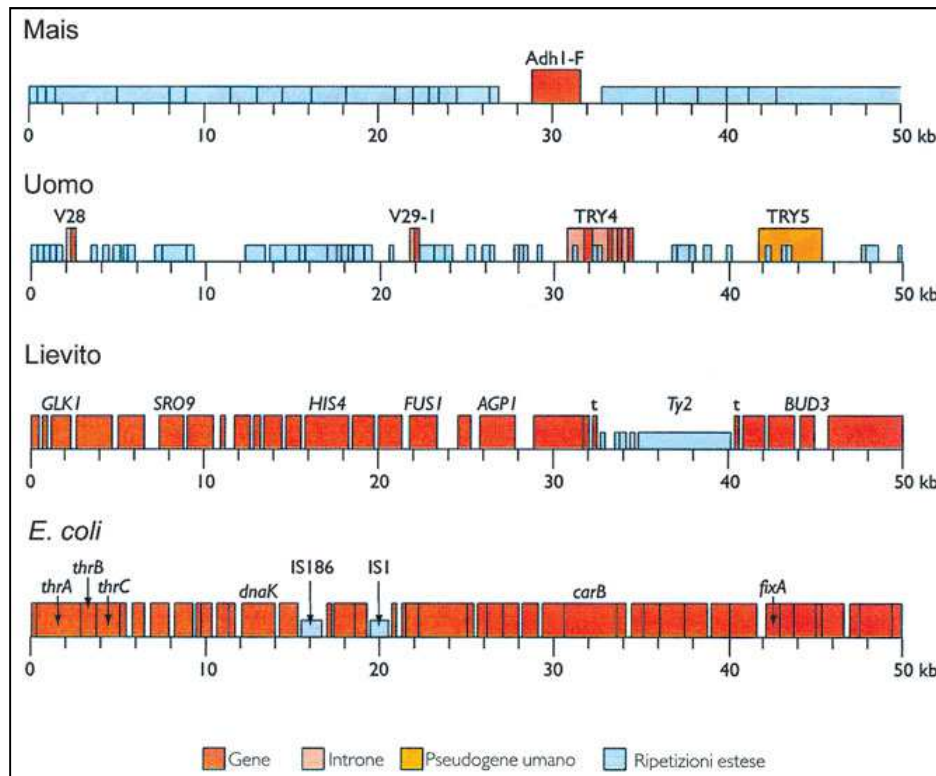
Esempi di profili RAPD:

- A) landrace di radicchio (primer OPA1);
- B) popolazione segregante di mais (primer OP-B20);
- C) linea inbred di mais (primer OP-C7);
- D) landrace di radicchio (primer M13).

<b>Specie</b>	<b>Motivo ripetuto</b>
<i>Arabidopsis</i>	AT, AG, GA, CT, TC, CA
Orzo	AT, CT, TG TCT, CTT, TGC, ATT
<i>Citrus spp.</i>	ATT, (TAT) (TAG)
Conifere	CA
Vite	GA, GT, AG
Mais	CT, AG, CA, AC, GA
Riso	GA, GT, AT, AG, AC GGT, AAC, AAG
Sorgo	AT, ATT
Soia	AT, CA, CT, TA, TAT
Girasole	GT, GA, ATT, GATA
Pomodoro	CAA, CAG
Frumento	GA, CT, CA, (AT) (GT)

## 17.7 MARCATORI MOLECOLARI BASATI SU TECNICHE DI AMPLIFICAZIONE (PCR-DERIVATI)

### MARCATORI SSR



**Figura 17.22**  
Confronto tra regioni di 50 kb appartenenti ai genomi di mais, uomo, lievito e *E. coli* (modificata da: T.A. Brown 1999).

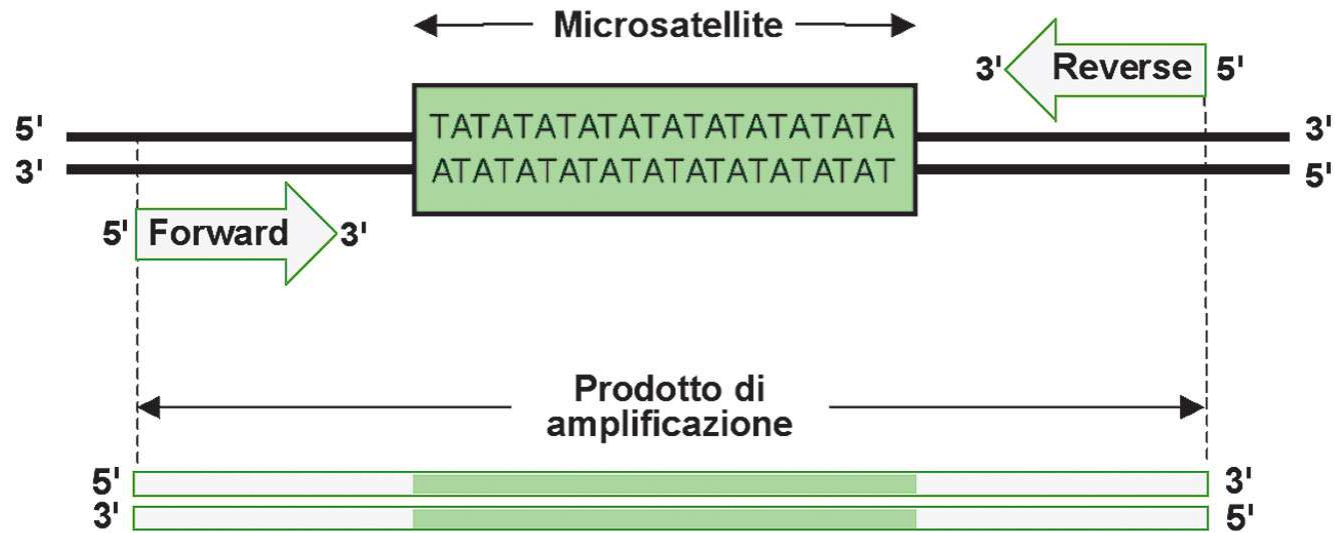
## 17.7 MARCATORI MOLECOLARI BASATI SU TECNICHE DI AMPLIFICAZIONE (PCR-DERIVATI)

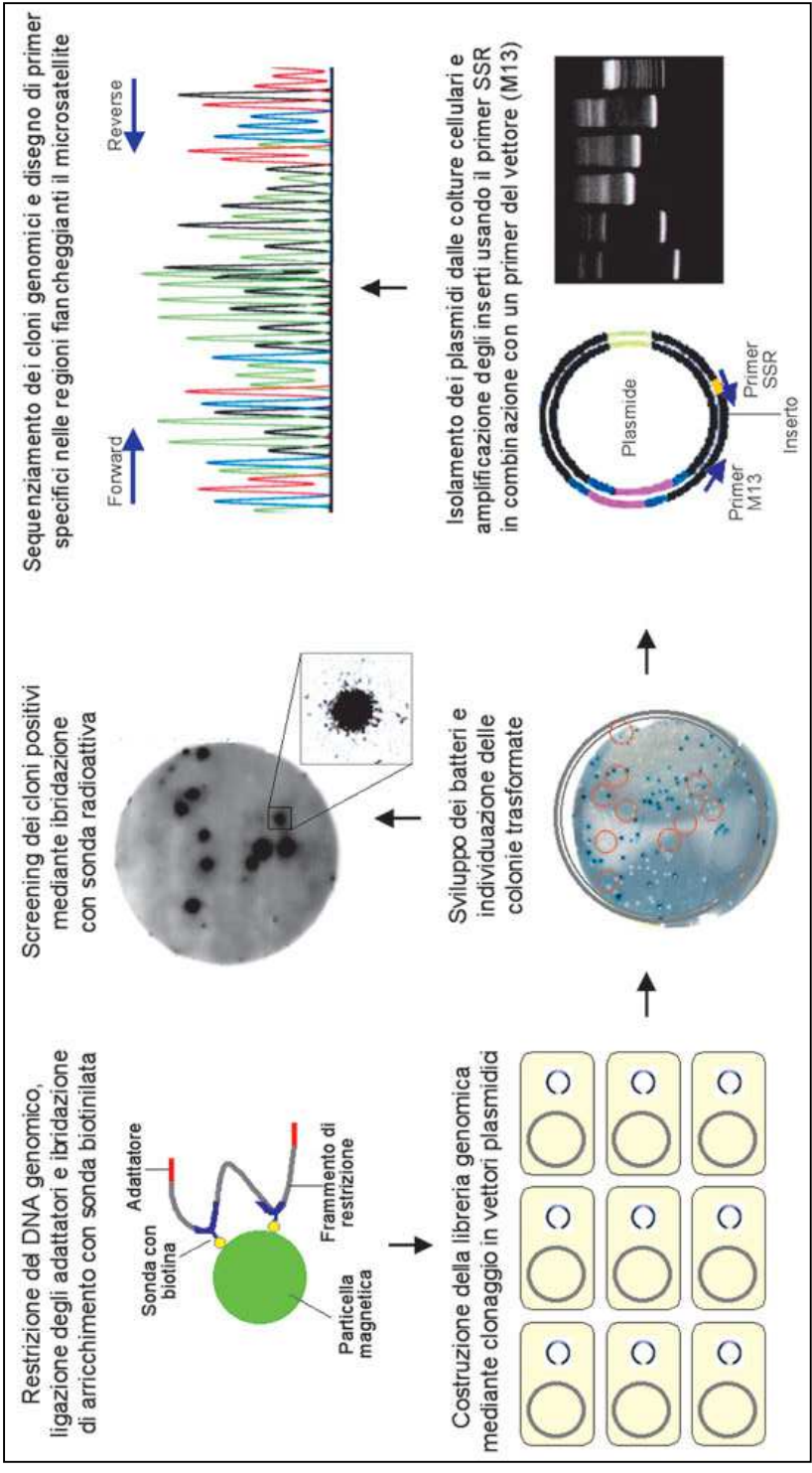
### MARCATORI SSR

Specie	$(AC)_n$		$(GA)_n$	
	No. totale	Distanza (kb) tra due SSR	No. totale	Distanza (kb) tra due SSR
Arabidopsis	350	430	615	244
Riso	1.000-1.230	365-450	1.360-2.000	225-330
Frumento	23.000	292-704	36.000	212-440
Mais	12.000	110-1.000	18.000	168-710
Colza	15.000	440	–	100
Tabacco	–	150	–	170
Pino	38.000-120.000	220-520	46.000-60.000	430-470
Abete	–	180	–	150

**Tabella 17.6**  
**Frequenza e distribuzione**  
**di microsatelliti nei genomi di alcune piante.**

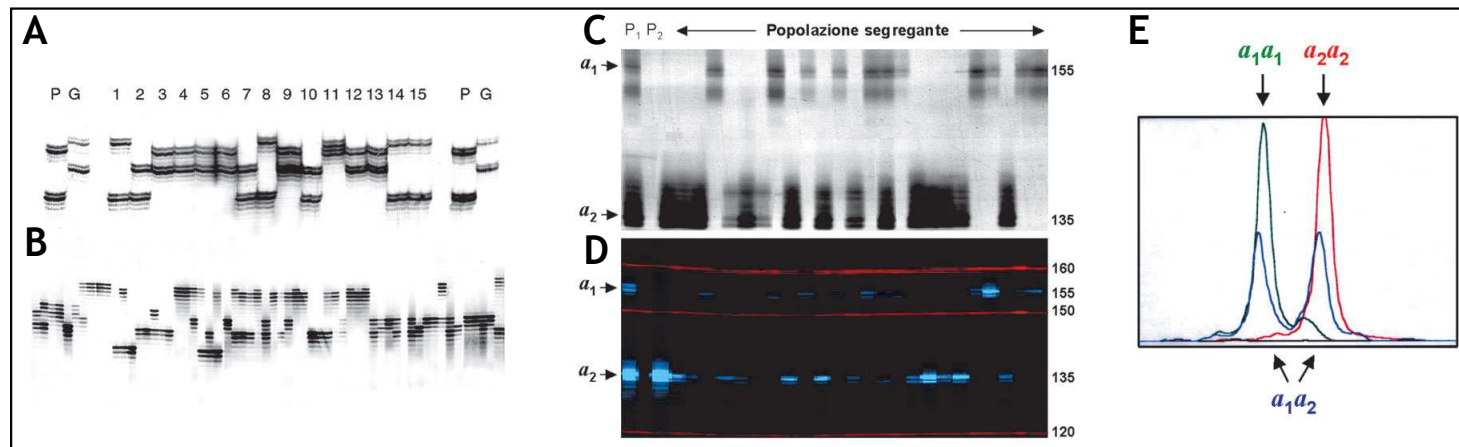
## MARCATORI SSR (SINGLE SEQUENCE REPEATS)





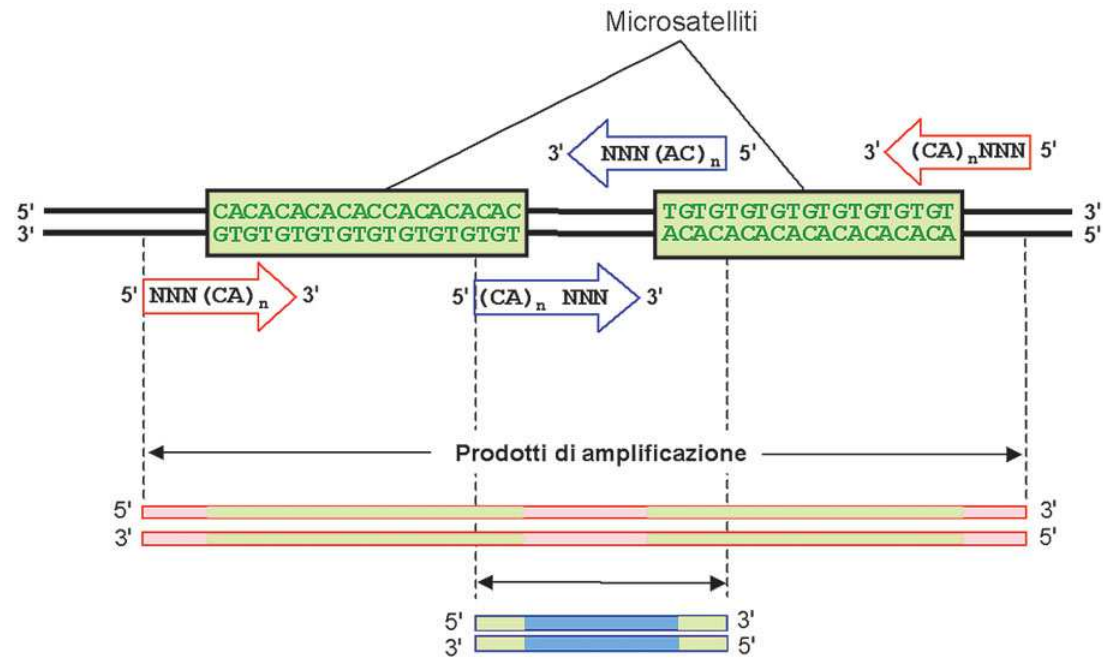


## MARCATORI SSR

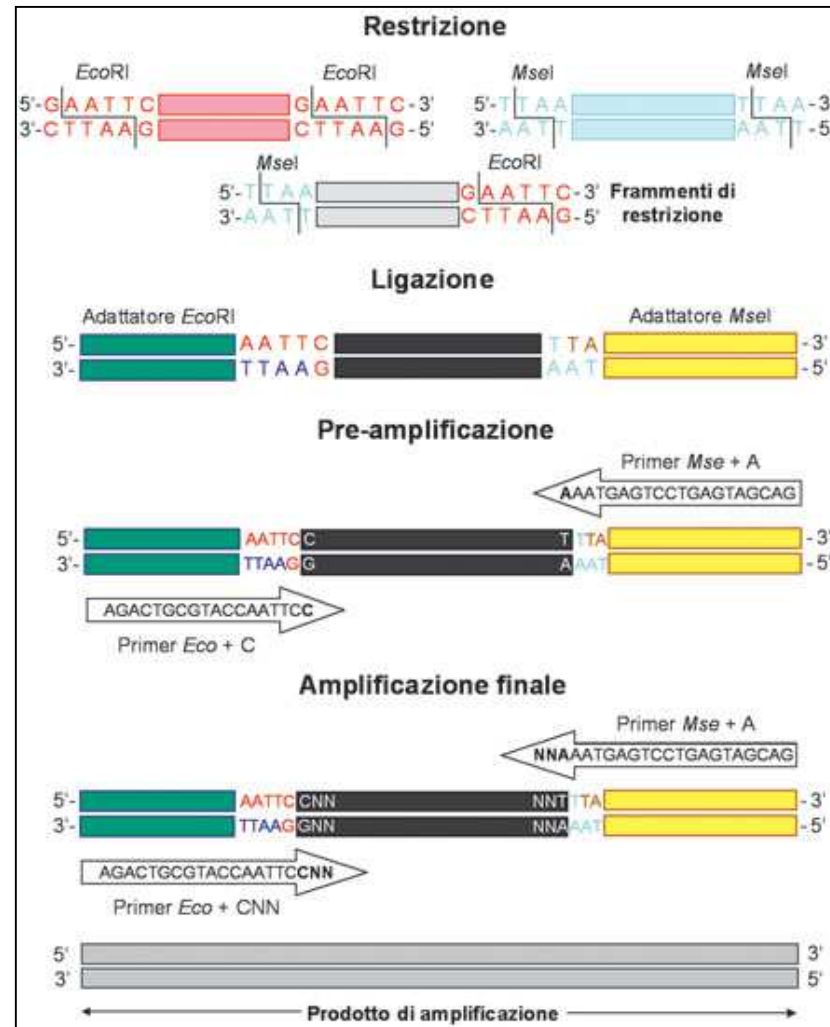


Esempi di profili SSR in 15 cultivar di vite (A) originatesi per ibridazione tra Pinot nero (P) e Gouais bianco (G) e in oltre 60 piante appartenenti ad una popolazione locale di mais (Marano) (B). Esempi di profili SSR radioattivi e fluoresceinati (C, D). Rilevazioni di alleli microsatelliti in genotipi omozigoti ed eterozigoti mediante analisi di frammenti con sequenziatore (E).

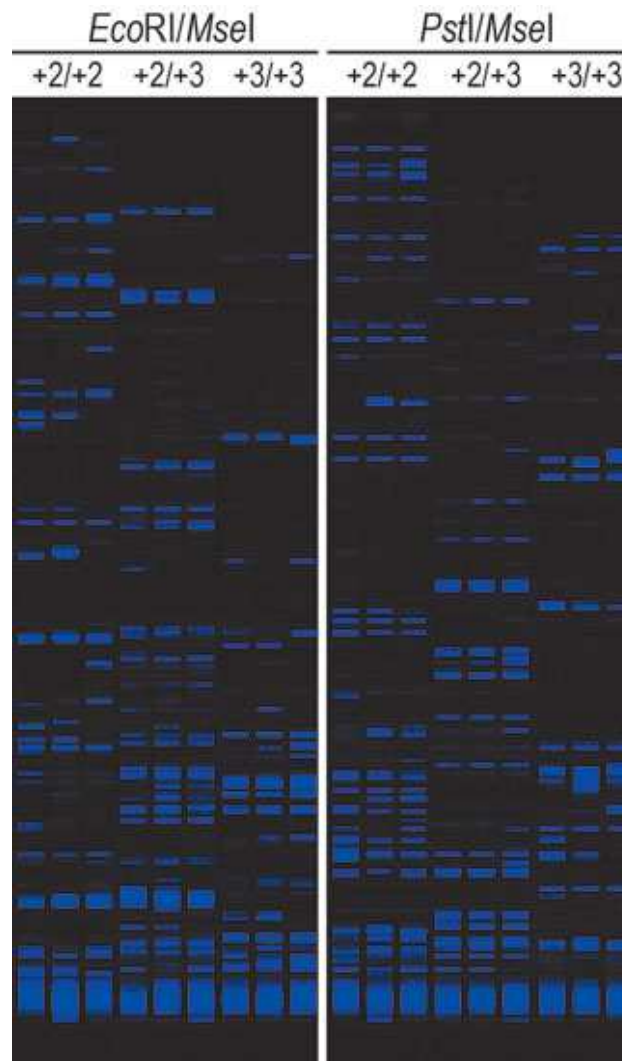
# MARCATORI Inter-SSR



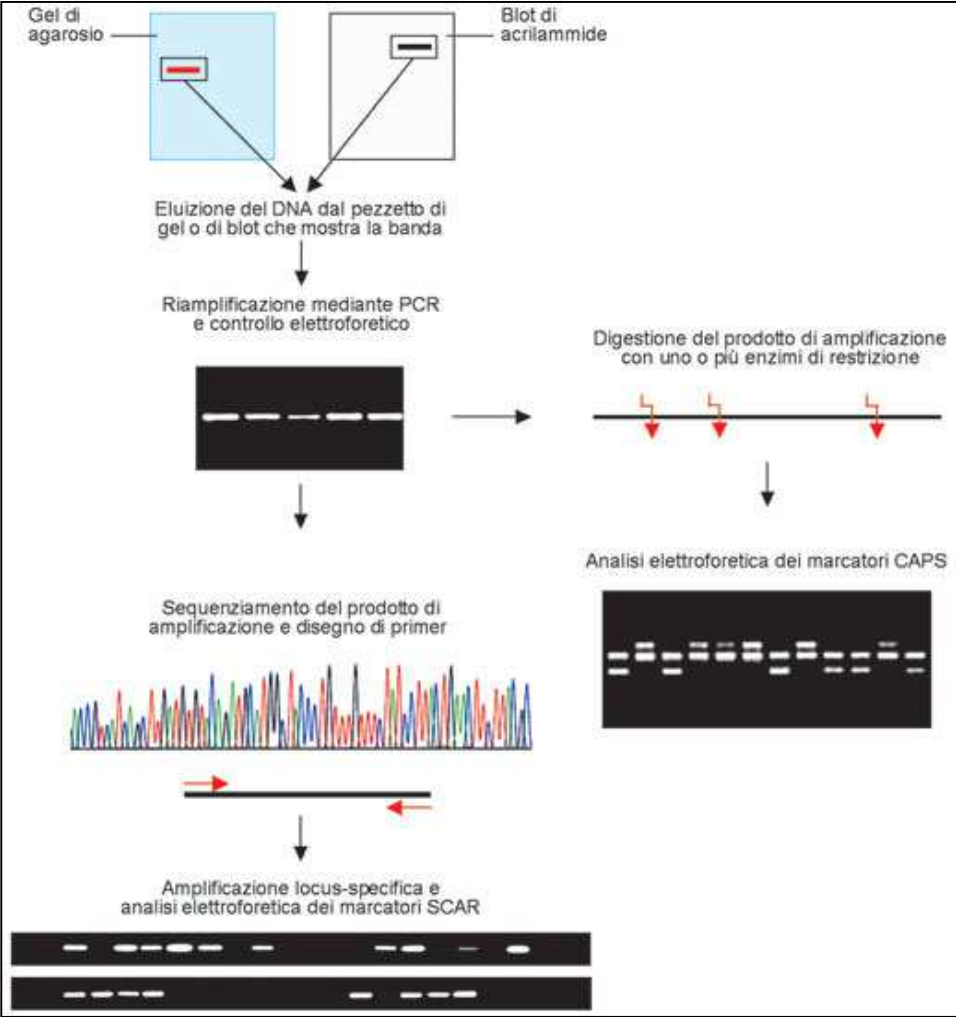
# Amplified Fragments Length Polymorphisms



# MARCATORI AFLP



# Cleaved Amplified Polymorphic Sequences (CAPS)

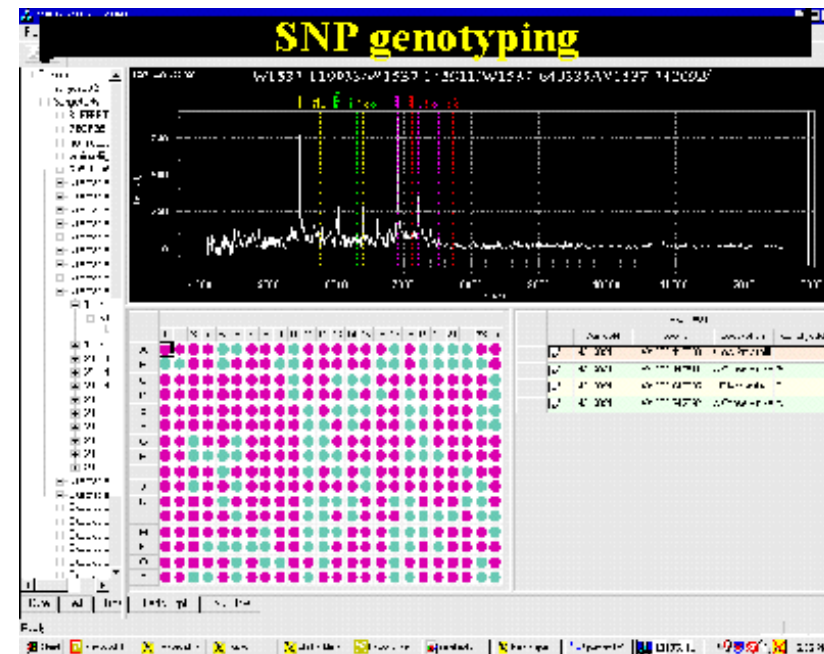


# Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs)



# Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs)

- In ogni locus: massimo 4 alleli (di solito 2)
- grandissimo numero di loci SNP
- Spesso molti SNP per gene, anche dentro esoni
- Non richiedono elettroforesi, per cui veloci ed automatizzabili



**SINTENIA**



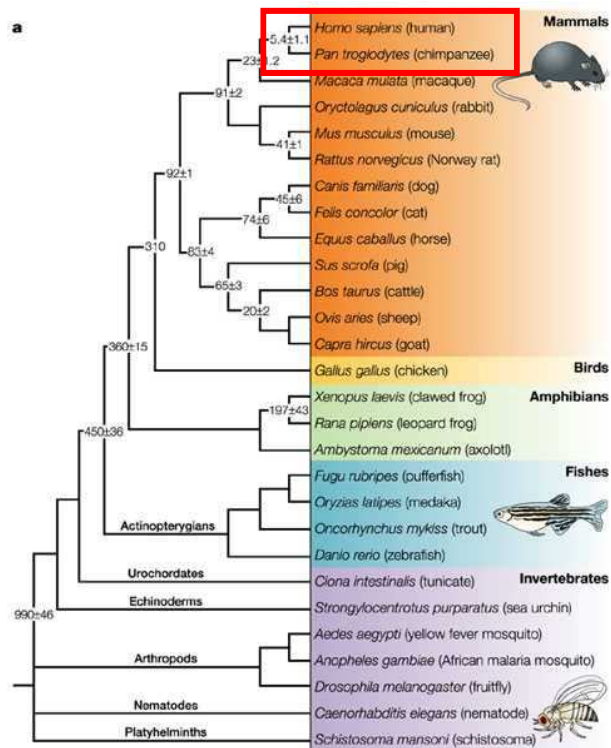
# SINTENIA

- Dal greco = legati insieme
- Indica in genetica la presenza di due o più loci sullo stesso cromosoma
- Oggi il concetto è stato espanso per investigare l'**omeologia** (omologia residua tra cromosomi che in origine erano completamente omologhi)

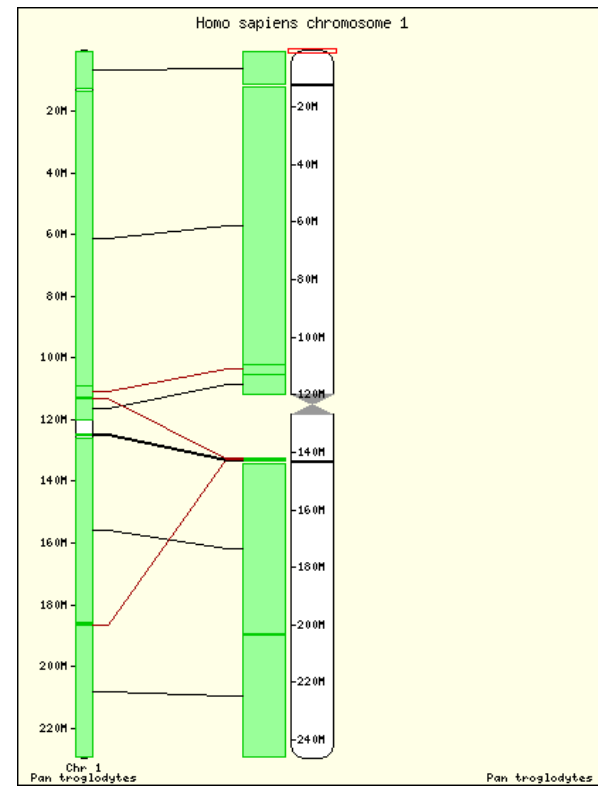
Nella maggior parte delle piante, l'evoluzione delle porzioni di genoma, piccole ma essenziali, che codificano per i geni ha proceduto con tempi relativamente lenti

-> sequenze di DNA intrageniche e organizzazione dei geni lungo i cromosomi sono riconoscibili

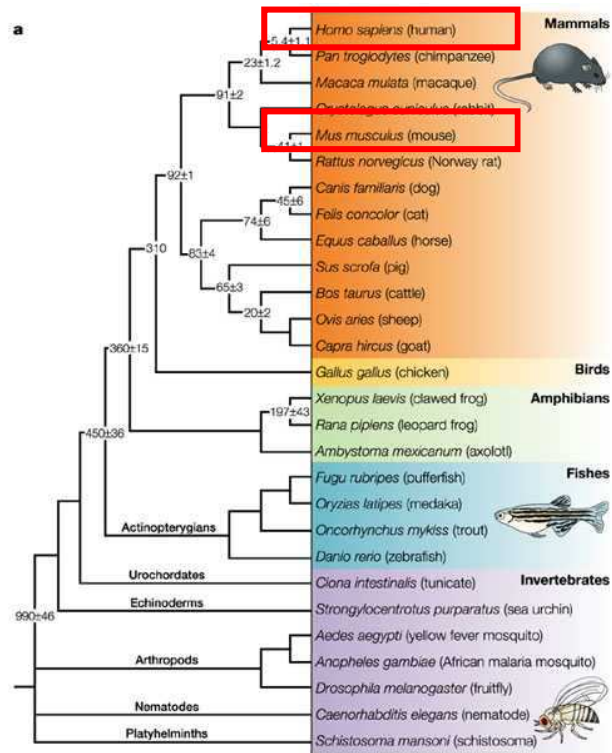
Molti fattori, come duplicazioni cromosomiche o segmentali, mobilità di sequenze di DNA (es. trasposoni), delezioni e riarrangiamenti localizzati, si sono sovrapposti a tale lenta evoluzione, causando molte deviazioni dalla co-linearità



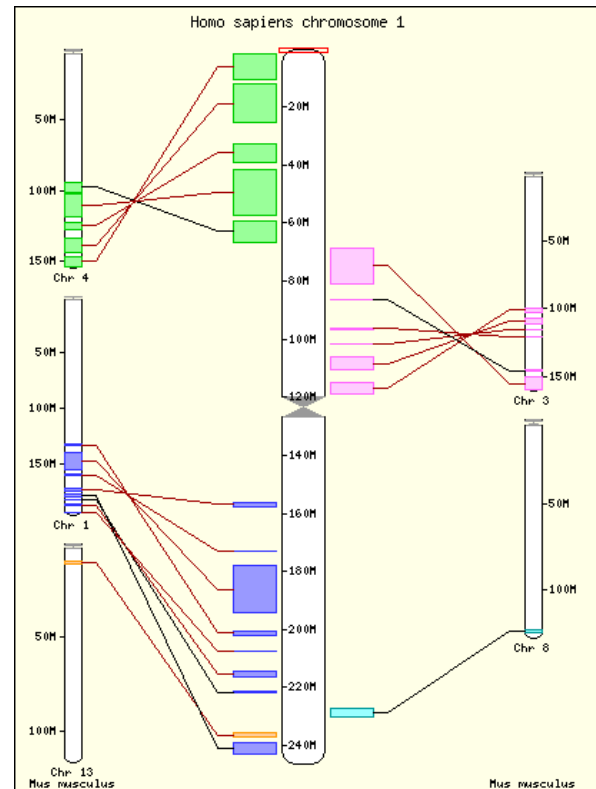
**THE ORIGIN AND EVOLUTION OF MODEL ORGANISMS**  
 Hedges, SB *Nature Reviews Genetics* 3, 838 -849 (2002)



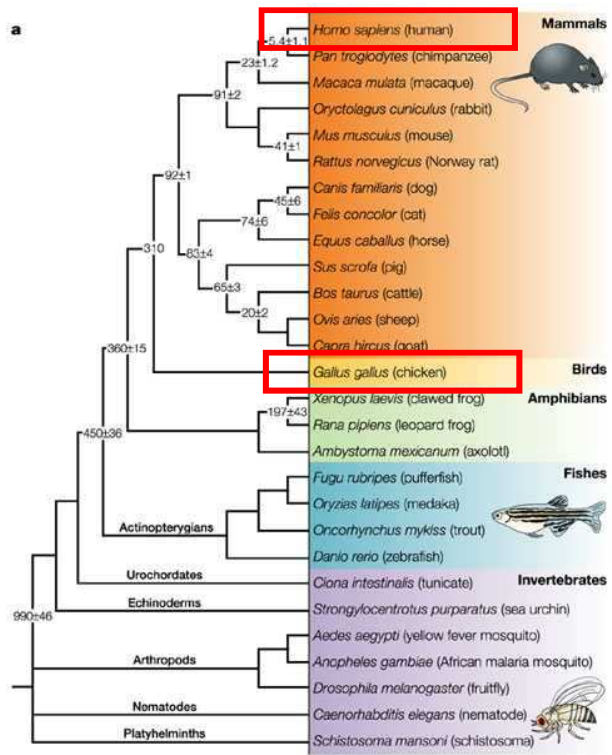
<http://www.ensembl.org/>



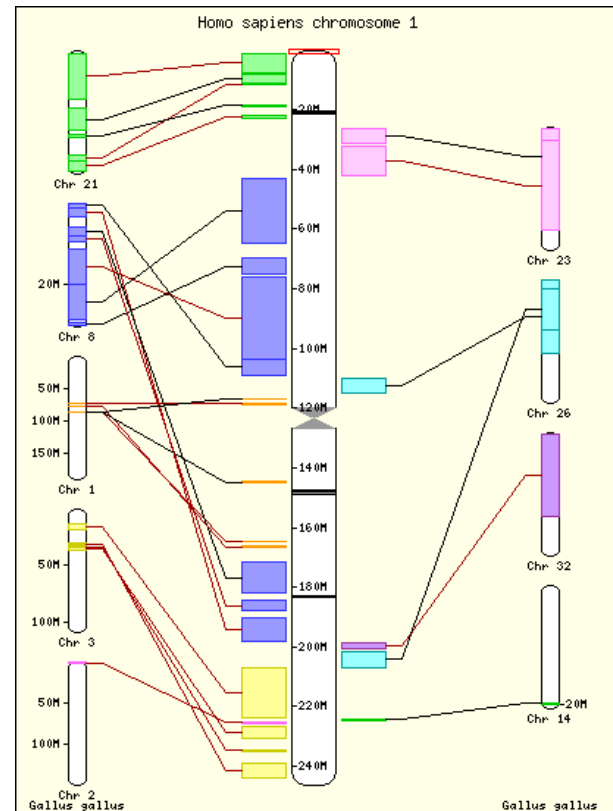
**THE ORIGIN AND EVOLUTION OF MODEL ORGANISMS**  
 Hedges, SB *Nature Reviews Genetics* 3, 838 -849 (2002)



<http://www.ensembl.org/>



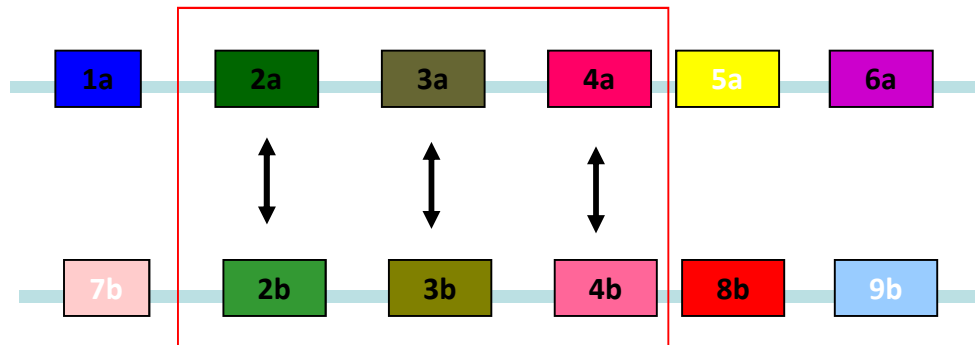
**THE ORIGIN AND EVOLUTION OF MODEL ORGANISMS**  
Hedges, *Nature Reviews Genetics* 3, 838 -849 (2002)



<http://www.ensembl.org/>

# Blocchi di sintenia

Organismo A



Organismo B

## **SORGO (diploide) e CANNA DA ZUCCHERO (autopoliploide)**

si sono separati circa 5 milioni di anni fa

-> alto grado di colinearità

-> potenziale uso del genoma di sorgo per identificare geni ortologhi nella canna da zucchero



C. Asnagli · F. Paulet · C. Kaye · L. Grivet · M. Deu  
J.C. Glaszmann · A. D'Hont

## Application of synteny across Poaceae to determine the map location of a sugarcane rust resistance gene



Ruggine (*Puccinia melanocephala*) su  
canna da zucchero cv CP72-1210

Può causare perdite fino al 40% del  
raccolto

La cultivar R570 possiede un gene di  
resistenza



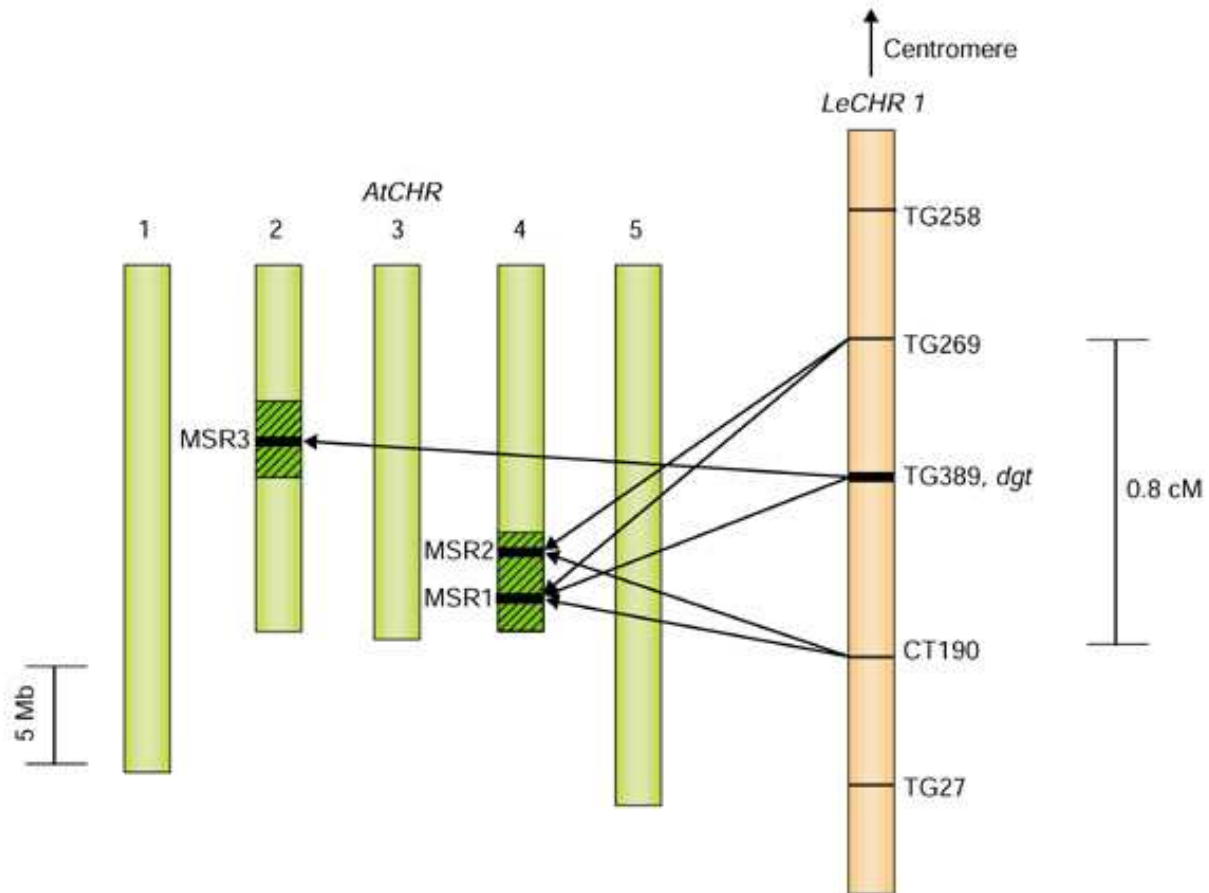
**Table 1** Distribution of the 279 markers mapped on R570 linkage groups and locus coincidence with sorghum, maize and rice homoeologous segments

Linkage group <sup>a</sup>	Number of markers/linkage group	Number of probes involved	Locus coincidence with homoeologous regions			
			Sorghum D	Maize 4	Maize 5	Rice 2
I	11	5	2	2	2	-
II	12	6	2	-	4	-
IV	4	2	-	1	-	1
V	4	4	1	-	3	-
VII	122	53	17	11	14	14
VIII	10	7	1	3	1	2
IX	36	18	4	3	13	-
X	13	8	2	2	4	1
XI	5	2	-	1	1	-
<b>Total</b>	<b>217</b>		<b>29</b>	<b>23</b>	<b>42</b>	<b>18</b>
L	32	9				
U	30	34				
<b>Total</b>	<b>279</b>					

<sup>a</sup> Roman numbers indicate sugarcane linkage groups (in accordance with Grivet et al. 1996); L indicates co-segregation groups yet unassigned to any defined linkage group; U indicates markers yet unlinked. The nomenclature of sorghum linkage groups is that of Pereira et al. (1994)



## Regioni microsintetiche tra arabidopsis e pomodoro

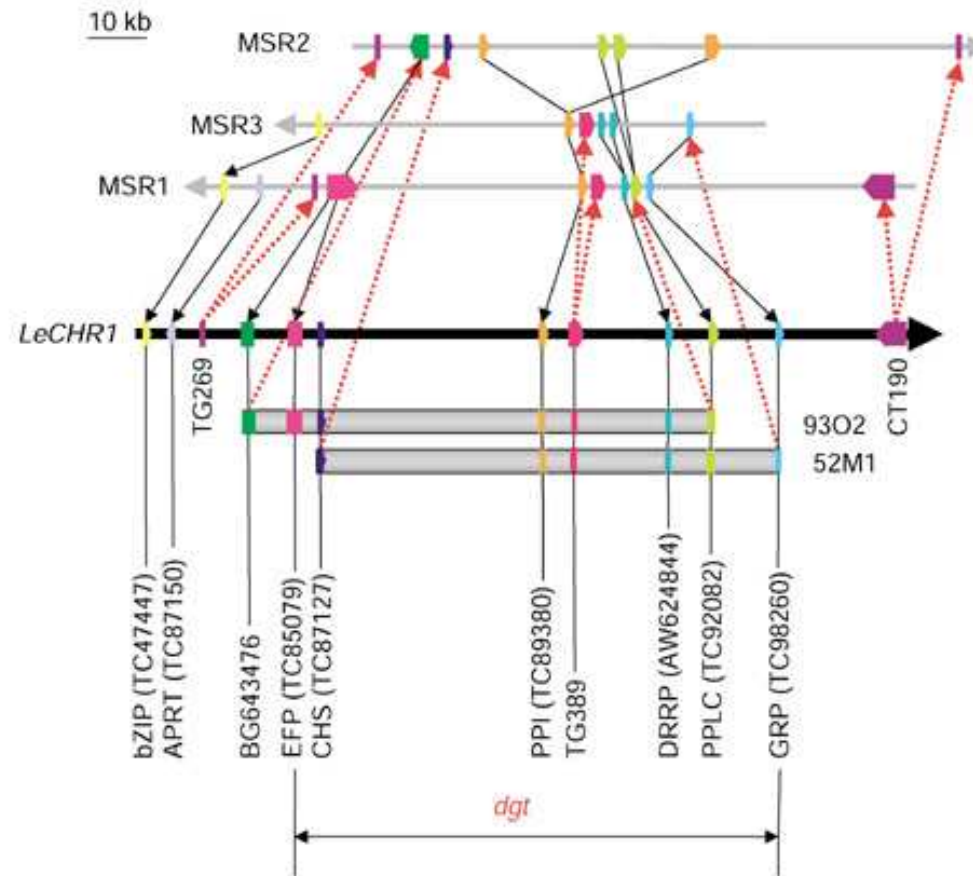


## Il mutante *diageotropica* (*dgt*) di pomodoro

- Ridotta sensibilità all'auxina



## Mappatura del locus *dgt* di pomodoro sulla base della microsintenia con arabidopsis



Planta (2006) 224: 133–144  
DOI 10.1007/s00425-005-0202-z

ORIGINAL ARTICLE

KwangChul Oh · Maria G. Ivanchenko · T. J. White  
Terri L. Lomax

**The *diageotropica* gene of tomato encodes a cyclophilin:  
a novel player in auxin signaling**

