

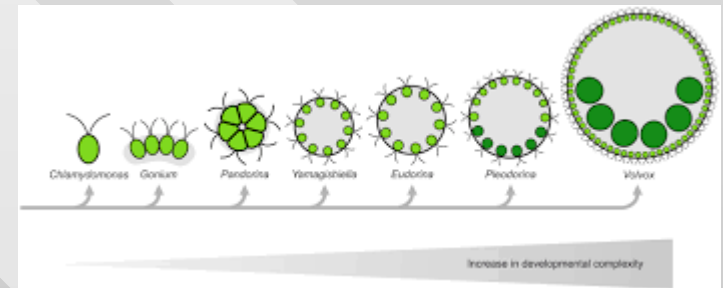
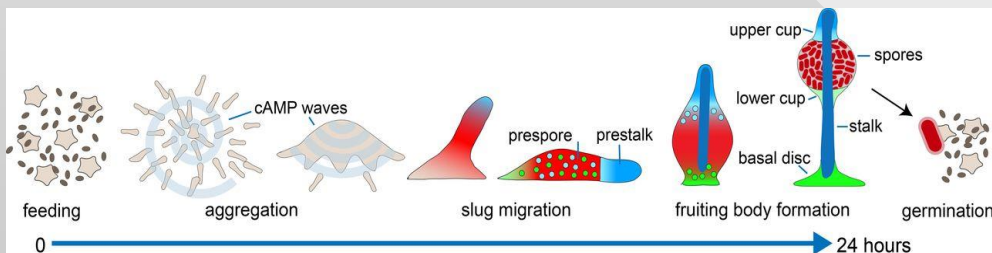


Origine della pluricellularità



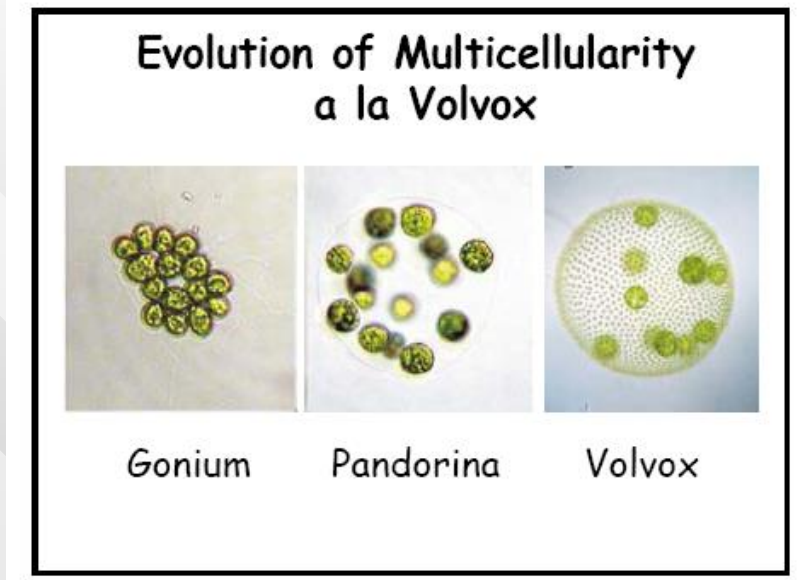
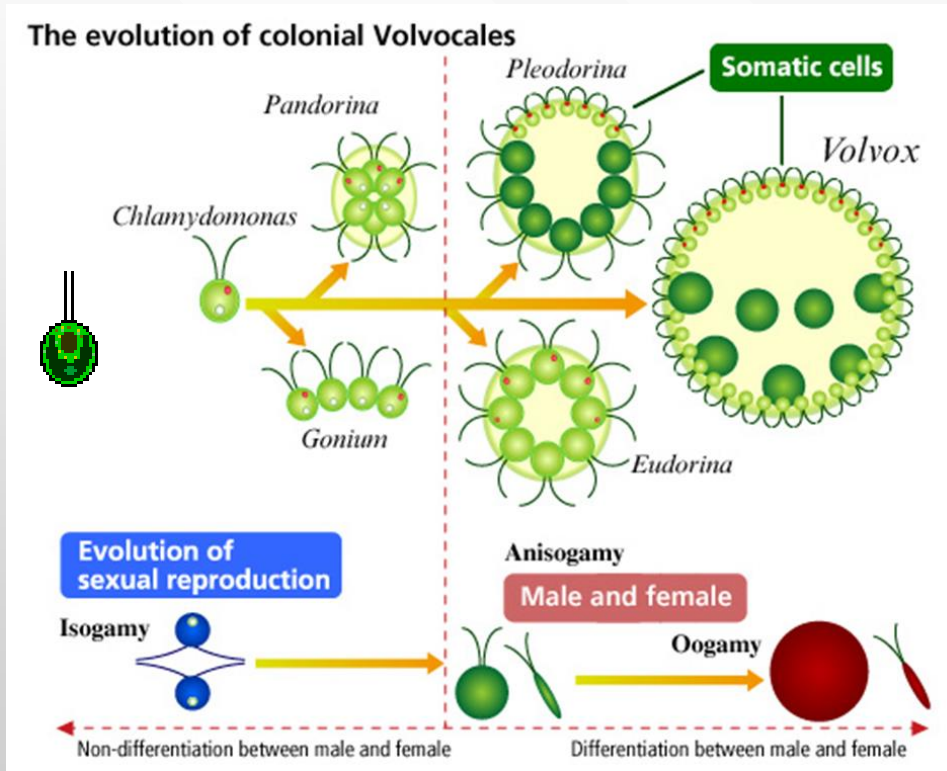
Tre ipotesi fondamentali:

- Per simbiosi (o endosimbiosi) interspecifica → improbabile, non permanente, scarsamente documentata
→ Licheni
- Per cellularizzazione (teoria sinciziale) → improbabile, poco documentata, non permanente
→ Ciliati
- Per formazione di colonie (Haeckel, 1874) → chiara e documentata
→ *Dictyostelium* sp., *Physarum* sp., Choanoflagellates
→ *Eudorina* sp., *Volvox* sp.

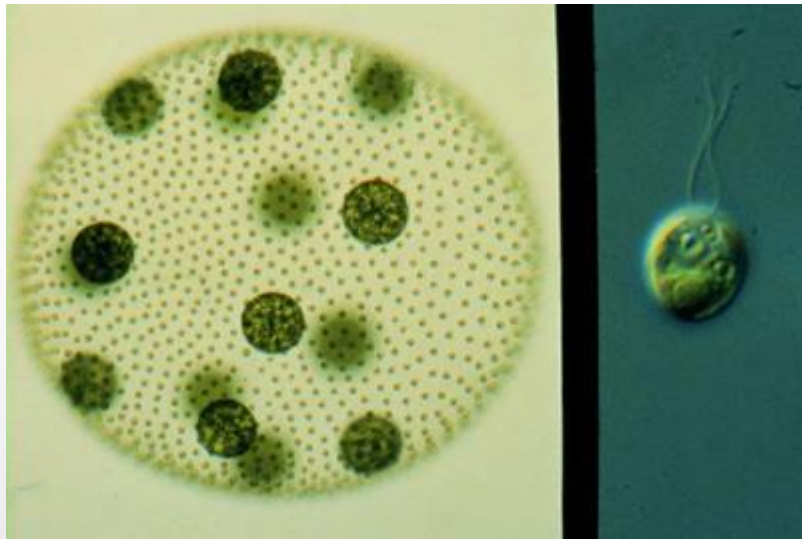


Evoluzione della pluricellularità tra gli organismi fotosintetici

- Chiaramente documentata nelle forme ancora viventi
- Tra gli organismi attuali a fotosintesi ossigenica (alghe verdi) si osserva una precisa transizione da specie unicellulari a pluricellulari



Da *Chlamydomonas* a *Volvox*



Chlamydomonas



Gonium



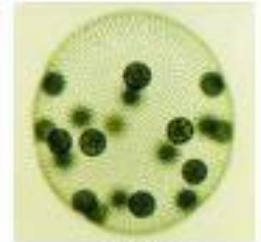
Pandorina



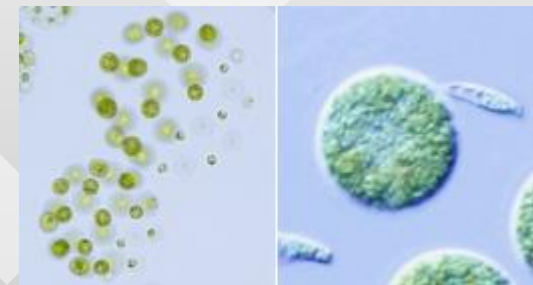
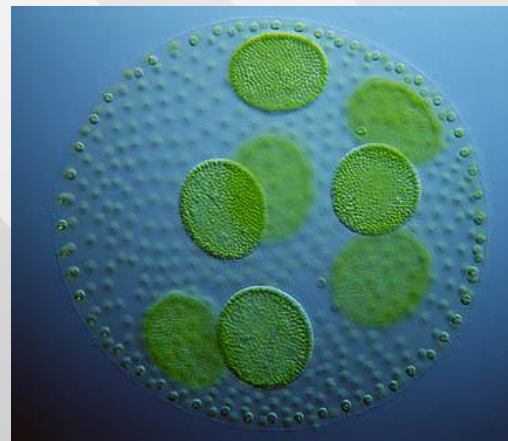
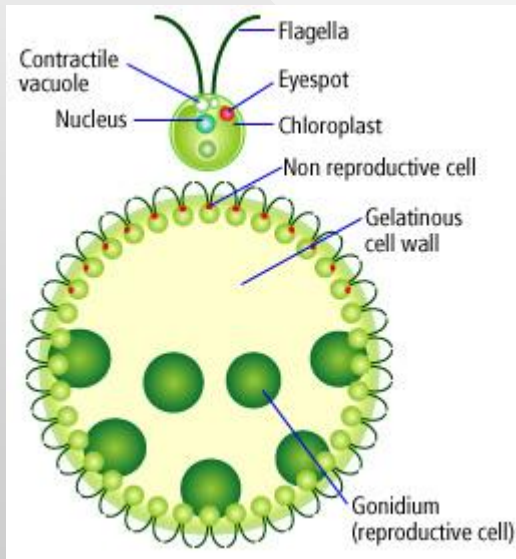
Eudorina



Pleodorina



Volvox



Volvox carteri

modello “coloniale” dell’evoluzione della pluricellularità negli organismi fotosintetici

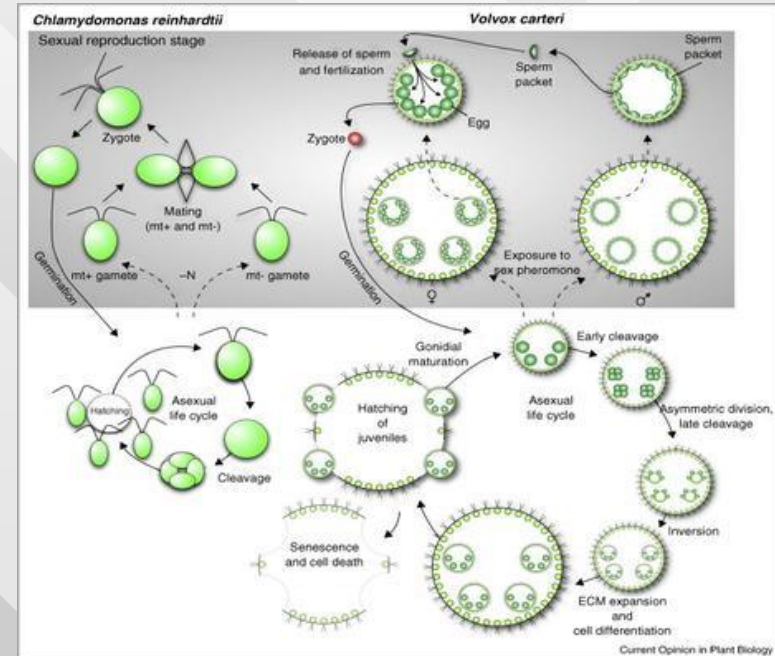
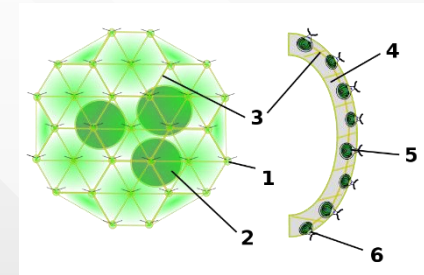
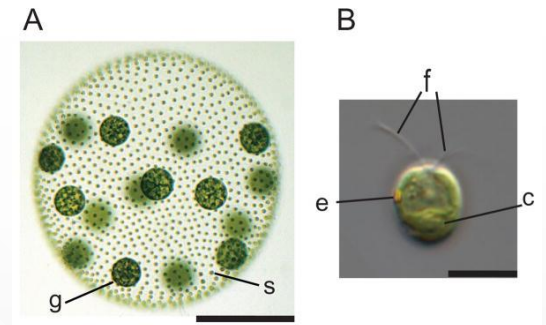
V. carteri è un’alga verde coloniale con **due tipi cellulari**:

→ **piccole cellule somatiche biflagellate**, molto simili a quelle di *Chlamydomonas reinhardtii* (2000 per individuo), immerse in una matrice extracellulare glicoproteica (99% dell’individuo)

→ **grandi cellule riproduttive**, dette **gonidi** (16 per individuo)

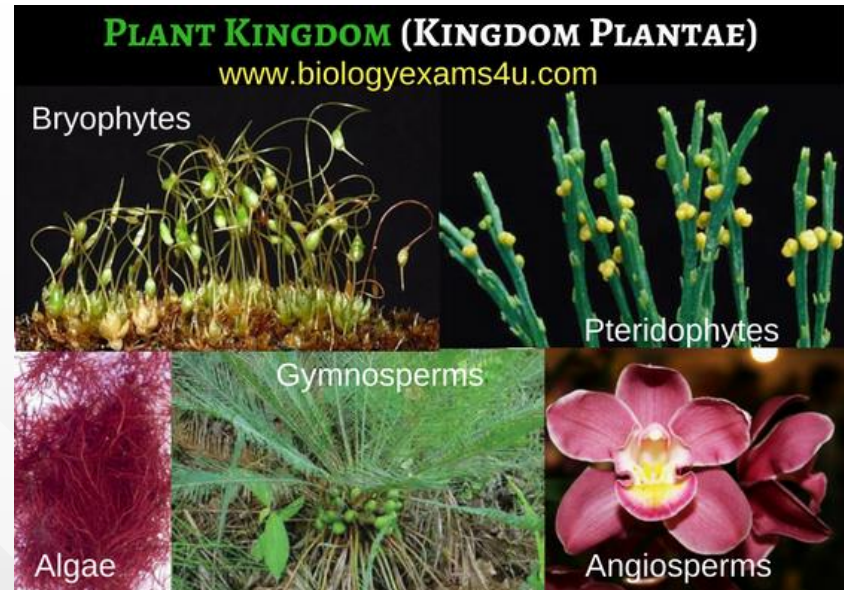
V. carteri ha un genoma a 14 cromosomi, interamente sequenziato nel 2010, che somiglia notevolmente a quello di *C. reinhardtii*, tranne che per le dimensioni maggiori e un **numero maggiore di proteine associate alla matrice extracellulare** (Prochnik et al., Science 2010)

L’evoluzione della pluricellularità da *Chlamydomonas* a *Volvox* non sembra quindi legata alla comparsa di nuove proteine, ma all’espansione di **famiglie proteiche già esistenti, associate alla matrice extracellulare e alle ciclone**



Fonte: Prochnik et al., Science 329: 223-226, 2010

Le Piante
(Regno **Plantae**)



- Eucarioti pluricellulari **autotrofi**, adattati alla vita terrestre
- Possiedono un **organello esclusivo**, il **cloroplasto**, nel quale avviene la fotosintesi
- La loro parete cellulare contiene **cellulosa** e, nelle forme più evolute, **lignina**
- Il loro ciclo vitale è caratterizzato da **alternanza di generazione**

Fonte: Sadava et al., 2014, 2019; <https://www.biologyexams4u.com>

Organismi modello tra le piante

Sono stati finora completati **110 genomi di piante**, tra i quali:

- ***Arabidopsis thaliana* (2000)**
- *Oryza sativa* (2005)
- ***Populus trichocarpa* (2006)**
- *Vitis vinifera* (2007)
- ***Physcomitrella patens* (2008)**
- ***Zea mays* (2009)**
- *Sorghum bicolor* (2009)
- *Volvox carteri* (2010)
- *Glycine max* (2010)
- *Theobroma cacao* (2011)
- *Selaginella moellendorffii* (2011)
- *Medicago truncatula* (2011)
- *Solanum tuberosum* (2011)
- *Cannabis sativa* (2011)
- *Solanum lycopersicum* (2012)
- *Triticum aestivum* (2012)
- *Musa acuminata* (2012)
- ***Amborella trichopoda* (2013)**
- ***Picea abies* (2013)**
- *Phoenix dactylifera* (2011)
- *Capsicum annuum* (2014)
- *Beta vulgaris* (2013)
- *Pinus taeda* (2014)
- *Phalaenopsis equestris* (2015)
- *Solanum commersoni* (2015)
- *Arachis duranensis* (2016)
- *Arachis ipaensis* (2016)
- *Chenopodium quinoa* (2017)
- *Durio zibethinus* (2017)
- *Cuscuta campestris* (2018)

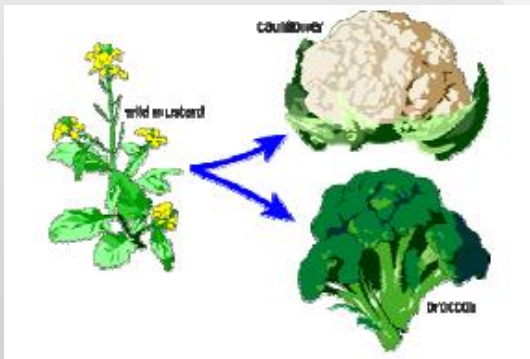
Plant Genome Database

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



Arabidopsis thaliana (“thale cress”) regina dei modelli vegetali

- Angiosperma dicotiledone erbacea, appartenente alla famiglia delle Cruciferae (o Brassicaceae)
- Pianta di piccole dimensioni, a ciclo breve e con un elevato numero di mutanti, è il **modello ideale per studi di fisiologia, genetica e biologia molecolare vegetale**
- Prescelta come modello fondamentale per le piante nel 1990 per il suo piccolo genoma a 5 cromosomi e 26000 geni, è **la prima pianta il cui genoma è stato interamente sequenziato** (Nature, 2000)
- Anche i genomi del cloroplasto e del mitocondrio di *A. thaliana* sono stati interamente sequenziati



articles

Analysis of the genome sequence of the flowering plant *Arabidopsis thaliana*

The Arabidopsis Genome Initiative*

* Authorship of this paper should be cited as "The Arabidopsis Genome Initiative". A full list of contributors appears at the end of this paper

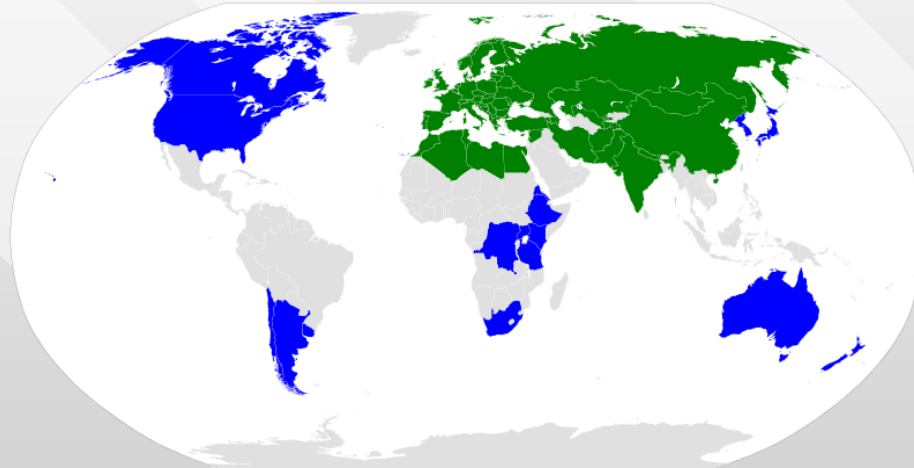
The flowering plant *Arabidopsis thaliana* is an important model system for identifying genes and determining their functions. Here we report the analysis of the genomic sequence of *Arabidopsis*. The sequenced regions cover 115.4 megabases of the 125-megabase genome and extend into centromeric regions. The evolution of *Arabidopsis* involved a whole-genome duplication, followed by subsequent gene loss and extensive local gene duplications, giving rise to a dynamic genome enriched by lateral gene transfer from a cyanobacterial-like ancestor of the plastid. The genome contains 25,498 genes encoding proteins from 11,000 families, similar to the functional diversity of *Drosophila* and *Caenorhabditis elegans*—the other sequenced multicellular eukaryotes. *Arabidopsis* has many families of new proteins but also lacks several common protein families, indicating that the sets of common proteins have undergone differential expansion and contraction in the three multicellular eukaryotes. This is the first complete genome sequence of a plant and provides the foundations for more comprehensive comparison of conserved processes in all eukaryotes, identifying a wide range of plant-specific gene functions and establishing rapid systematic ways to identify genes for crop improvement.

E' stata usata nel 2011 come modello di **riproduzione vegetale in microgravità a bordo della Stazione Spaziale Internazionale**



La specie è stata scoperta sulle montagne alpine dal botanico Johannes Thal (da cui il nome "*thaliana*") intorno al 1600: attualmente è naturalizzata in molte aree del pianeta

- Il **primo mutante** ("doppio fiore") è stato **identificato nel 1873**
- Proposta come modello genetico nel 1943 da F. Laibach, che ne pubblicò il corretto cariotipo: i primi studiosi che la usarono come organismo da laboratorio furono J. Langridge (1950), G. Rédei e G. Robbelen (1960)



Regioni di origine di *A. thaliana* (in **verde**) e regioni in cui la specie si è naturalizzata (in **blu**)



Banche dati dedicate ad *Arabidopsis*



TAIR, The Arabidopsis Information Resource

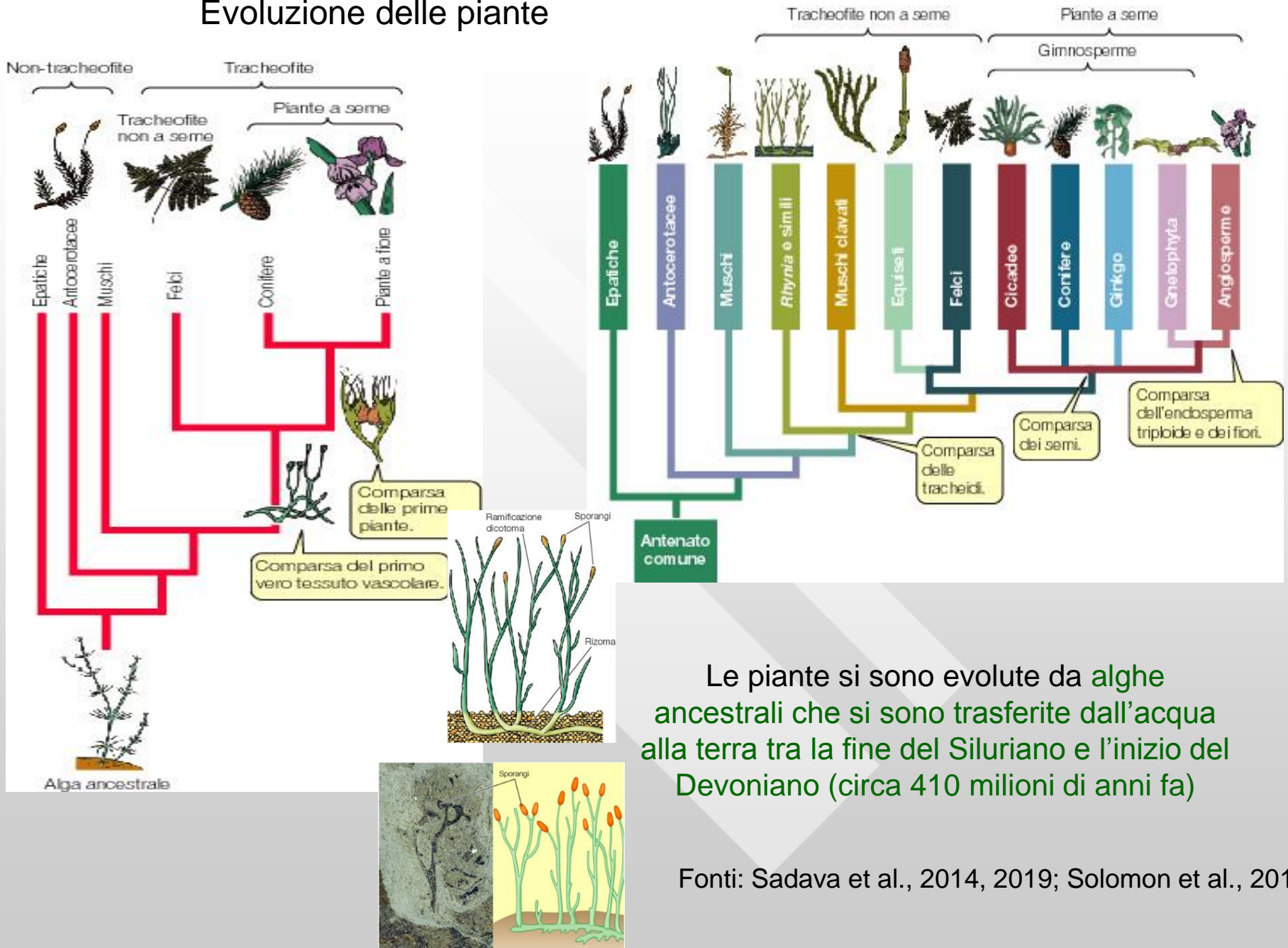
<http://www.arabidopsis.org/>

ABRC, Arabidopsis Biological Resource Center, Ohio State University

<http://www.abrc.osu.edu/>

ABRC ARABIDOPSIS BIOLOGICAL RESOURCE CENTER

Evoluzione delle piante



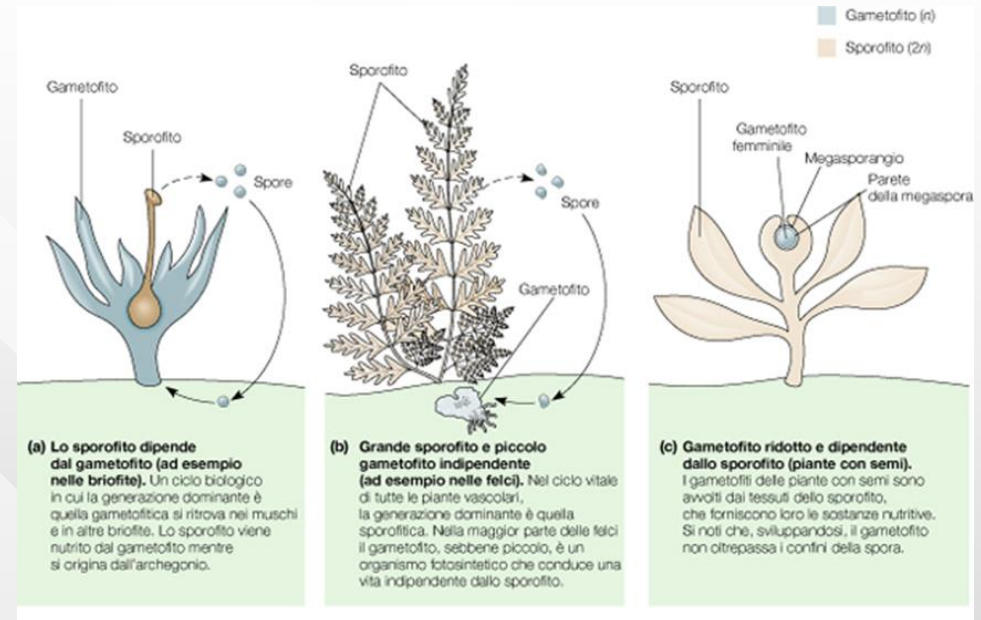
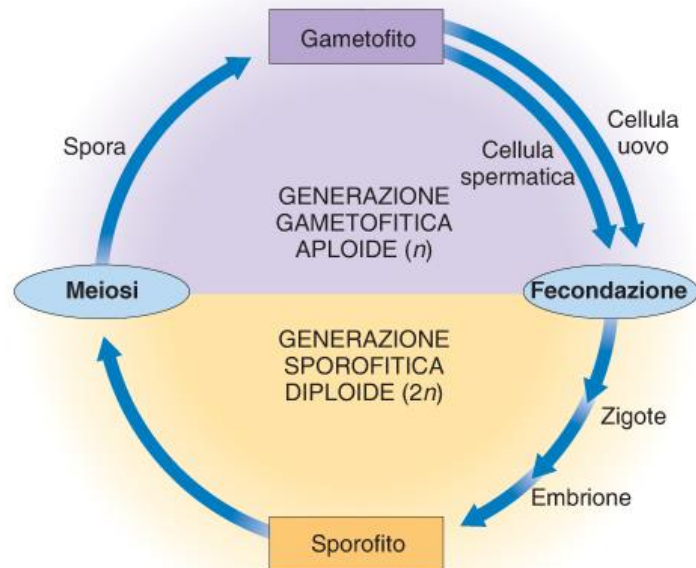
Le piante si sono evolute da alghe ancestrali che si sono trasferite dall'acqua alla terra tra la fine del Siluriano e l'inizio del Devoniano (circa 410 milioni di anni fa)

Fonti: Sadava et al., 2014, 2019; Solomon et al., 2014

Le piante sono caratterizzate dalla **alternanza di generazione** tra un gametofito aploide e uno sporofito diploide

FIGURA 26-2 | Ciclo vitale di una pianta.

Il ciclo vitale di una pianta mostra alternanza di generazioni, con uno stadio di vita gametofitica aploide e uno stadio di vita sporofitica diploide. A seconda del gruppo di piante, lo stadio aploide, o quello diploide, può essere estremamente ridotto.



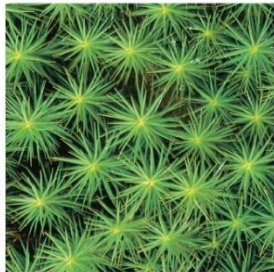
Nell'evoluzione delle piante **prevale inizialmente il gametofito** (Briofite o muschi), ma nelle piante più evolute, le **Pterophyta** (felci) e le **Spermatophyta** (piante a semi) **prevale lo sporofito**

Le Briofite (Divisione Bryophyta): muschi, sfagni ed epatiche



FIGURA 26-5 I muschi, le epatiche e le antocerote.

(a) Un primo piano di gametofiti di muschio (*Polytrichum commune*) che crescono in gruppi adensati. Questo muschio costituisce un comune tappeto vegetale dei giardini vulcanici, particolarmente in Giappone. (b) I gametofiti di numerose epatiche possiedono lobi appiattiti a forma di fiocco. Il tallo di questa comune epatica (*Marchantia polymorpha*) cresce nei terreni umidi dei tropici e delle regioni artiche. (c) Un gametofito con sporofiti maturi (i "corni" che si spingono fuori dal corpo del gametofito) di una comune antocerota (*Anthoceros natans*).



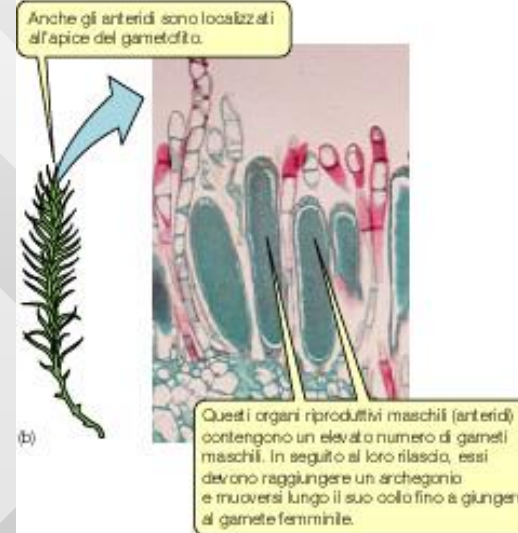
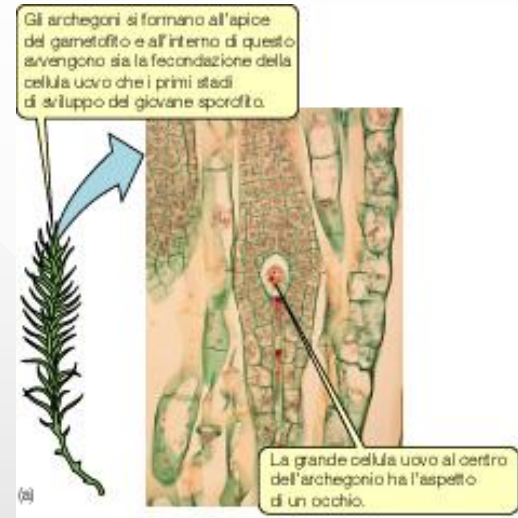
(a)



(b)



(c)



(a) *Marchantia* sp.

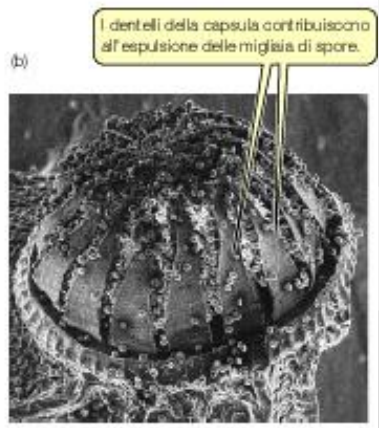
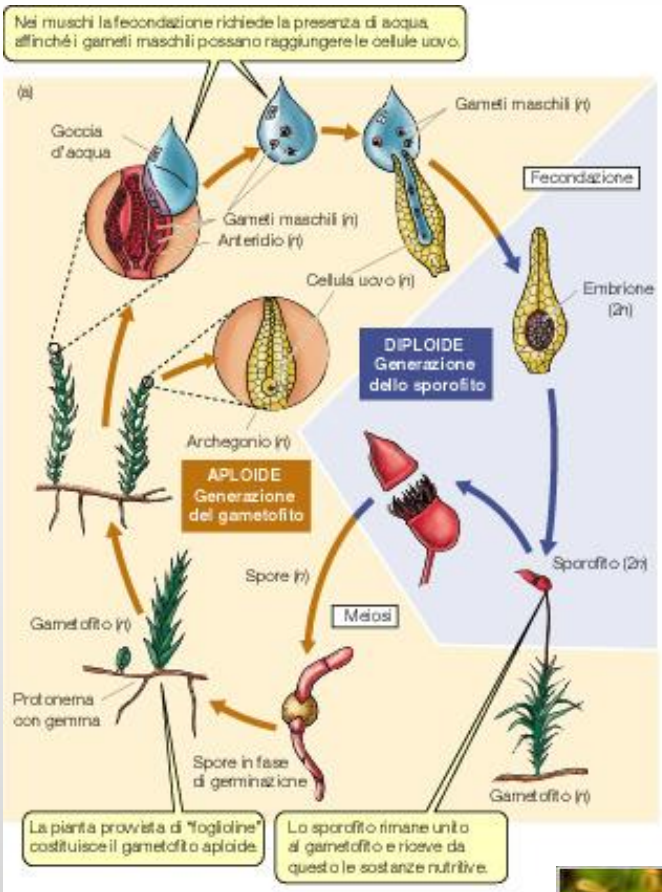


(b) *Marchantia* sp.

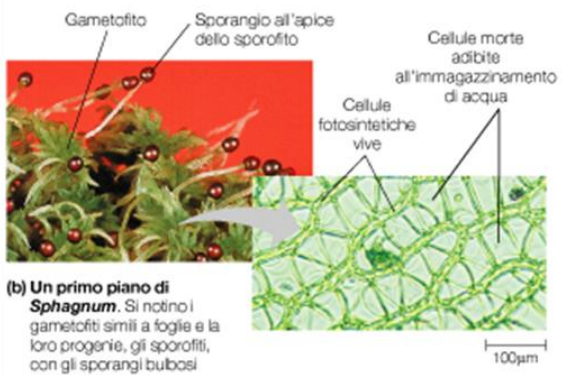


(c) *Lunularia* sp.

Ciclo vitale di un muschio: nelle Briofite **prevale il gametofito**

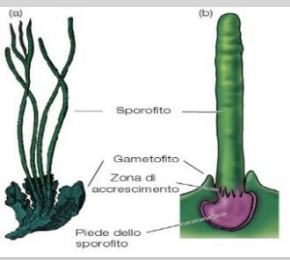


(a) Una torbiera in Oneida County, Wisconsin. *Sphagnum* forma la vegetazione bassa che cresce in prossimità dell'acqua.



(b) Un primo piano di *Sphagnum*. Si notino i gametofiti simili a foglie e la loro progenie, gli sporofiti, con gli sporangii bulbosi all'apice delle setae.

(c) "Foglia" di *Sphagnum* (LM). La combinazione tra cellule fotosintetiche vive e cellule morte per l'immagazzinamento dell'acqua dà a questo muschio la sua conformazione spugnosa.



Anthoceros sp.



Polytrichum commune

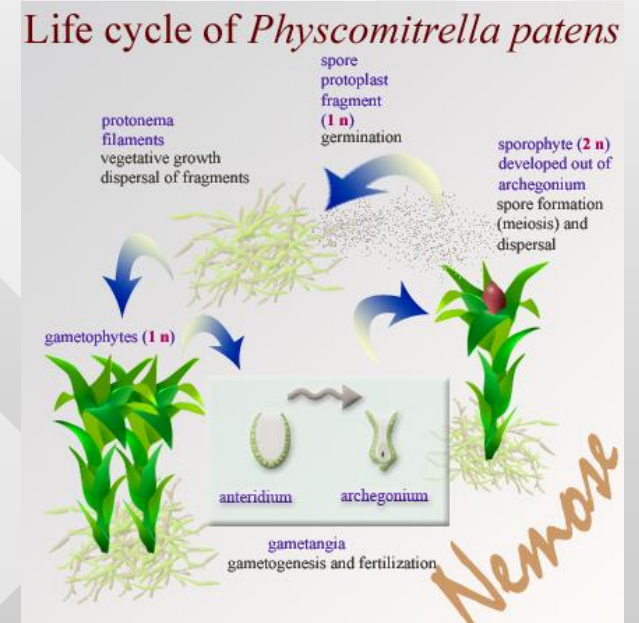
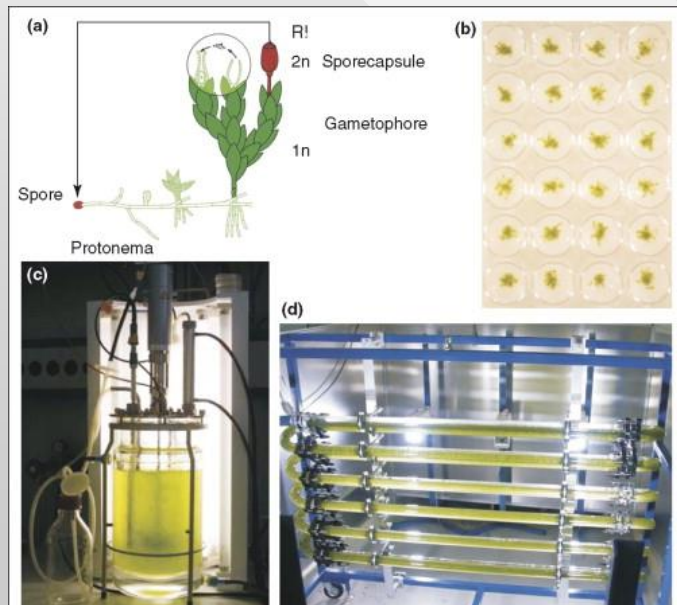
Gli sfagni formano il complesso ecosistema oligotrofico delle torbiere

Physcomitrella patens (Bryophyta Funariaceae)

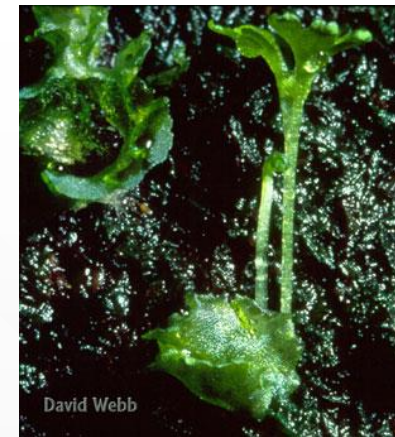
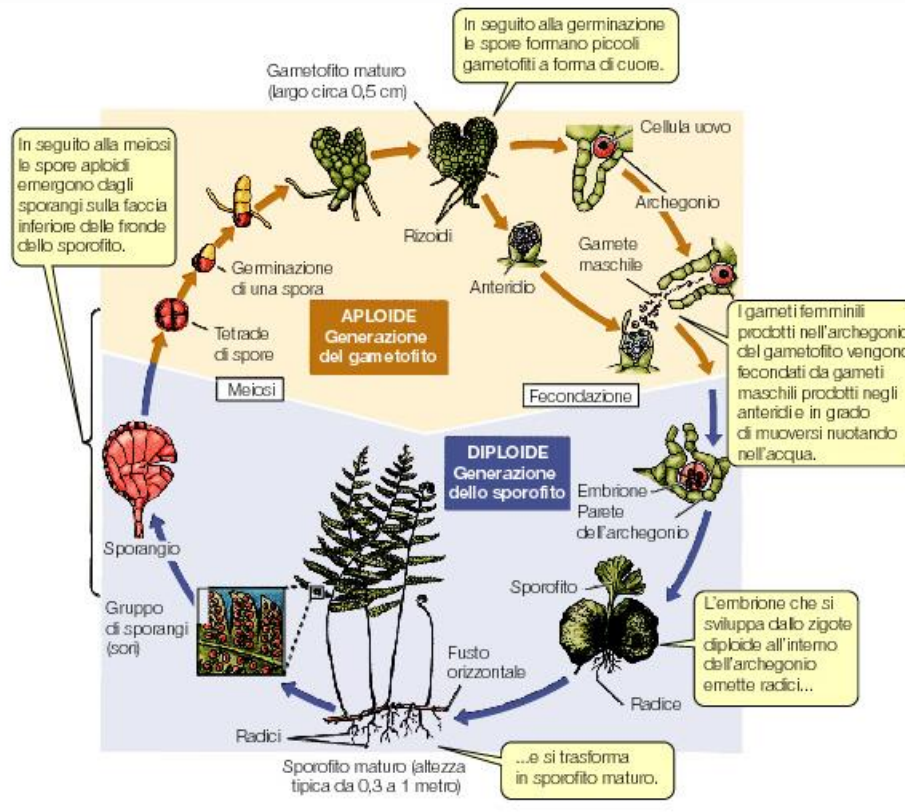
Organismo modello tra le Briofite (muschi), importante per studi di sviluppo, biologia molecolare, biotecnologie (bioreattori per farmaci) ed evoluzione nelle piante

Prima pianta pre-vascolare il cui genoma a 27 cromosomi è stato interamente sequenziato (Rensing et al., Science 2008)

L'adattamento alla vita terrestre è confermato da un gruppo di geni per la tolleranza alla siccità che sono presenti anche nella pianta modello fondamentale, *A. thaliana*



Le Felci (Divisione **Pterophyta**): le prime piante vascolari:
nel ciclo vitale di una felce **prevale lo sporofito**



Giovane sporofito che emerge dal gametofito



“Pastorali” (giovani foglie “circinnate” in crescita) dello sporofito



Sporangi sul lato inferiore delle lamine fogliari dello sporofito

Licopodi e selaginelle: un tempo piante giganti, ora piccole e rare



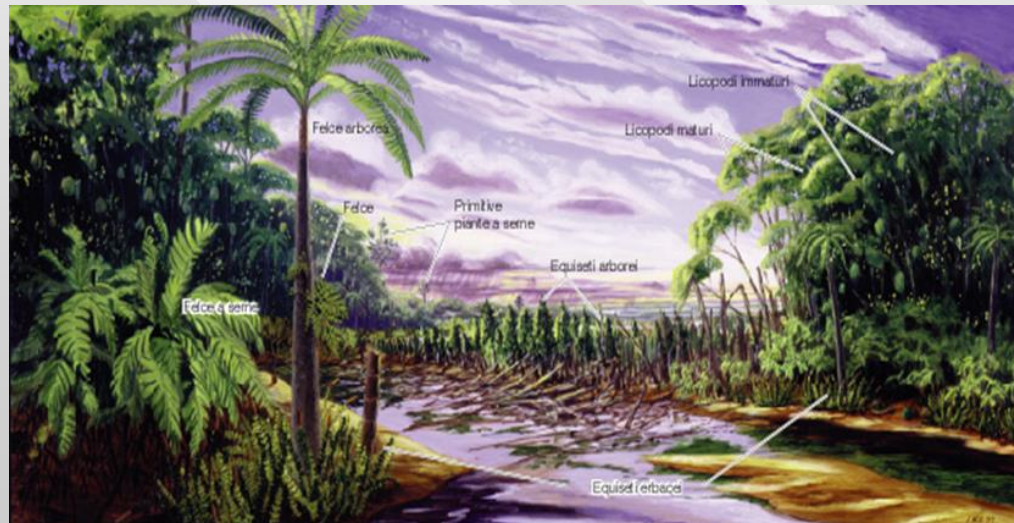
(a) *Lycopodium flabelliforme*



(b)



Nel periodo Carbonifero (circa 360 milioni di anni fa) molte regioni del pianeta erano ricoperte da immense foreste di **equiseti**, **licopodi** e **felci**



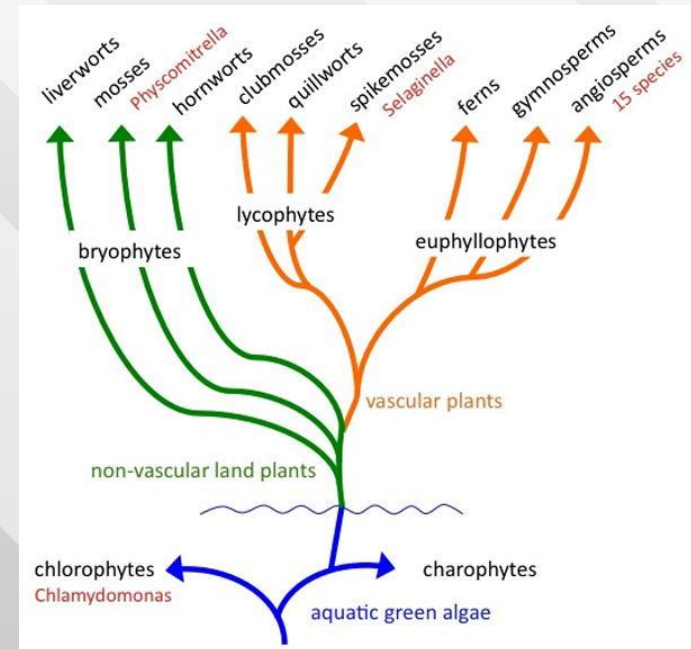
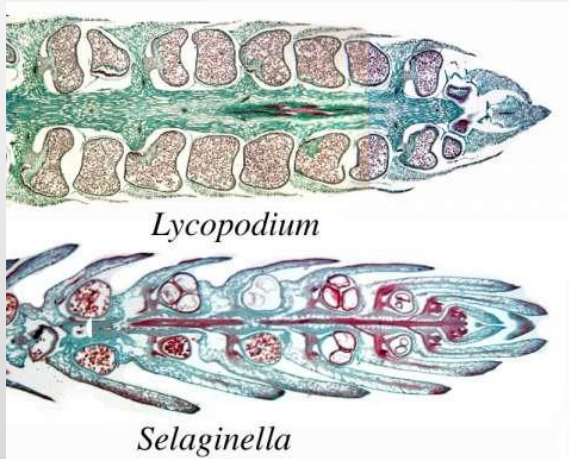


Selaginella moellendorffii (Lycopodiales Selaginellaceae)

Genere “reliitto” della linea evolutiva delle prime piante vascolari che dominavano le terre emerse del pianeta nel Carbonifero

Modello emergente per la comprensione dell’evoluzione delle piante terrestri e per studi di genomica comparata

Genoma piccolo e compatto (uno dei più piccoli tra le piante) a 16 cromosomi, sequenziato nel 2011 (Banks et al., Science 2011)

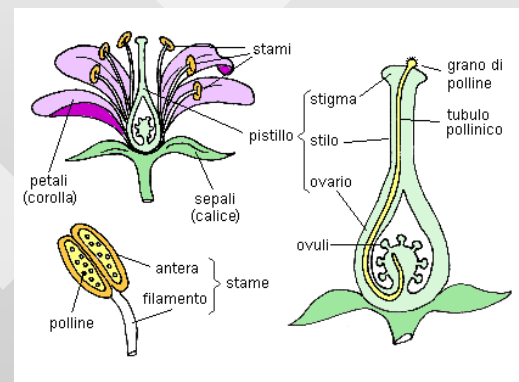
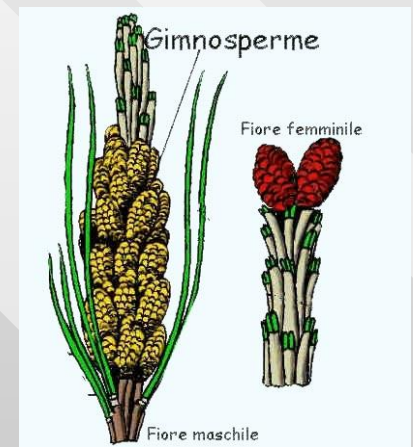
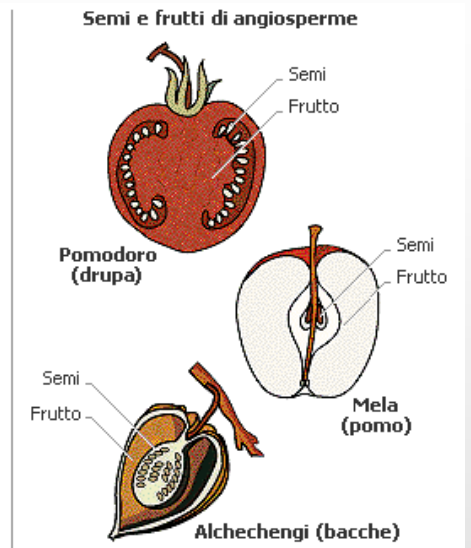
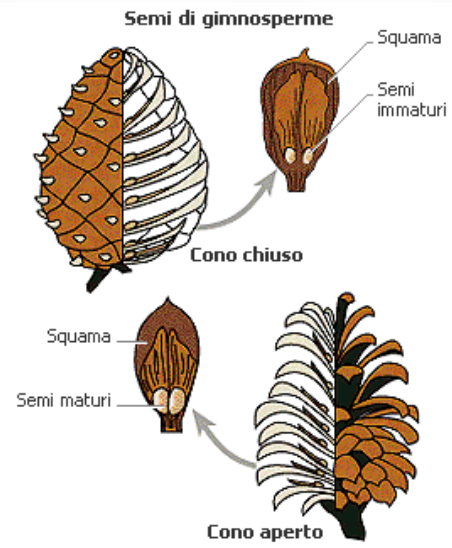
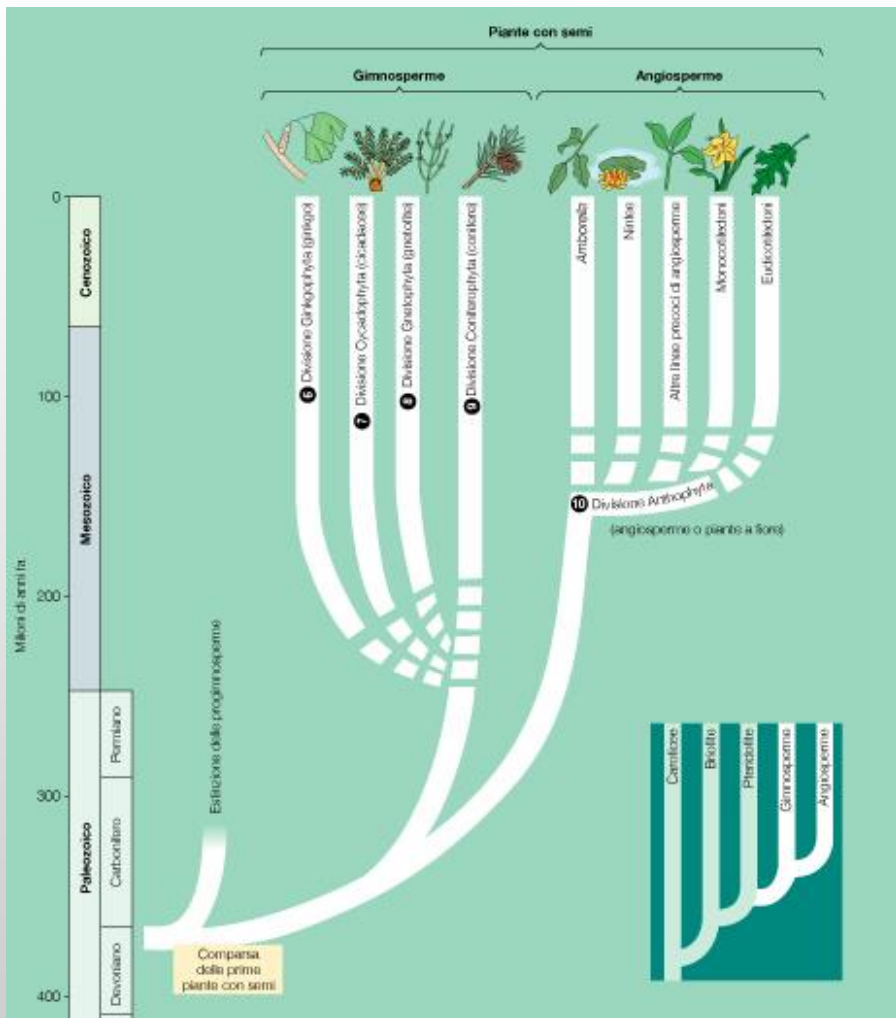


Banca dati per il genoma di *Selaginella*

<https://phytozome.jgi.doe.gov>

Fonte: Banks et al., Science 332: 960-963, 2011

Le Spermatofite (Divisione Spermatophyta): le piante con semi e con estesa prevalenza dello sporofito nel ciclo vitale



Le Gimnosperme, piante con **semi non racchiusi in un ovario**



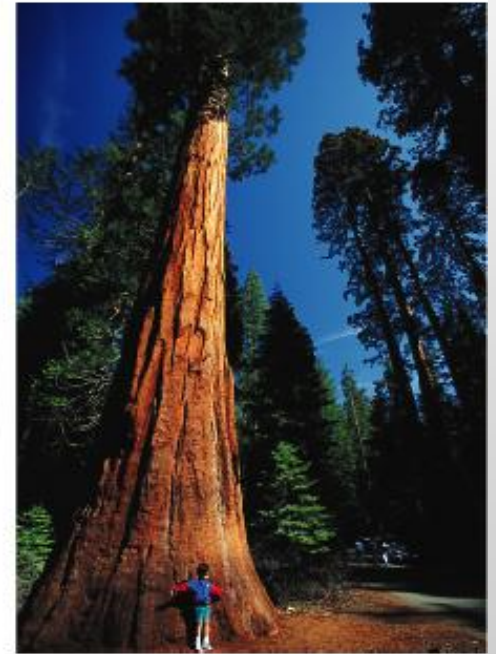
(a) *Cycas revoluta*



(b) *Ginkgo biloba*

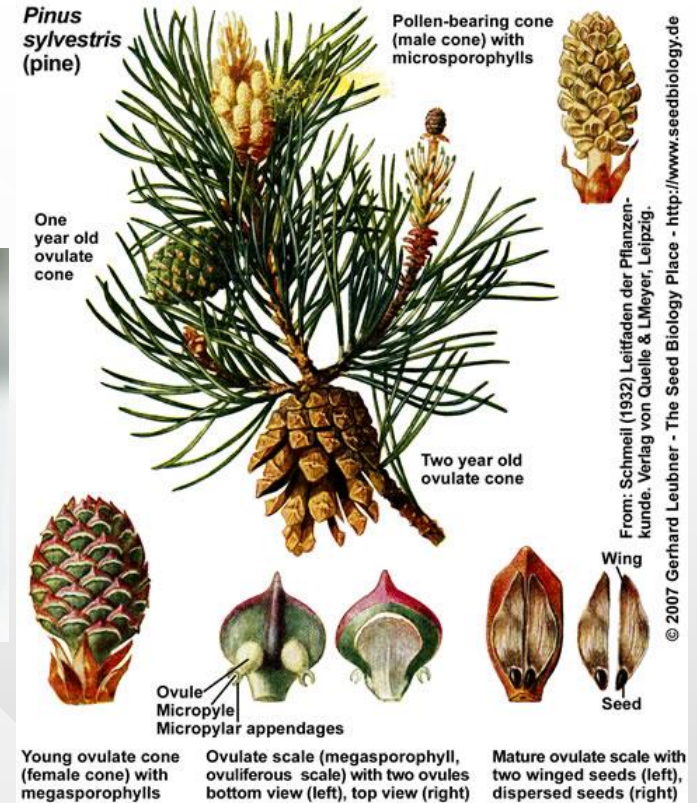
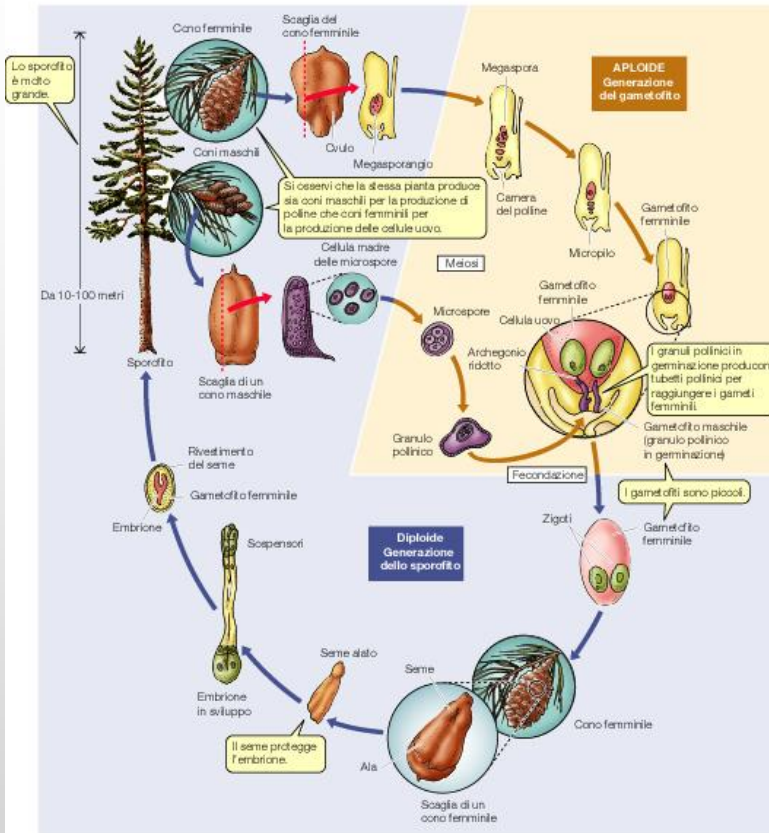


(c) *Welwitschia mirabilis*



(d) *Sequoiadendron giganteum*

Ciclo vitale di una gimnosperma (*Pinus sp.*)



From: Schmel (1932) Leitfaden der Pflanzenkunde, Verlag von Quelle & L Meyer, Leipzig.
© 2007 Gerhard Leubner - The Seed Biology Place - <http://www.seedbiology.de>

Il seme delle Gimnosperme non è racchiuso in un ovario



Fonti: Sadava et al., 2014, 2019

Picea abies (Pinophyta Pinales)

(“European spruce”, abete rosso, “**albero di Natale**”)

prima **Conifera interamente sequenziata** e **organismo modello**
per le **Gimnosperme**

Splendido sempreverde a chioma conica e corteccia rossastra, alto fino a 60 m e con lunghi strobili penduli (“pigne”), è la **conifera di maggiore importanza economica ed ecologica in Europa** ed una delle piante ornamentali più diffuse

Il grande genoma a 24 cromosomi di *P. abies* è stato completato nel 2013 (Nysted et al., Nature 2013): il numero dei geni codificanti è paragonabile a quello di *A. thaliana* e le grandi dimensioni del genoma non sono dovute a duplicazioni geniche, ma a numerosi elementi trasponibili

The Norway spruce genome sequence and conifer genome evolution

Lists of authors and their affiliations appear at the end of the paper

Conifers have dominated forests for more than 200 million years and are of huge ecological and economic importance. Here we present the draft assembly of the 20-gigabase genome of Norway spruce (*Picea abies*), the first available for any gymnosperm. The number of well-supported genes (28,354) is similar to the >100 times smaller genome of *Arabidopsis thaliana*, and there is no evidence of a recent whole-genome duplication in the gymnosperm lineage. Instead, the large genome size seems to result from the slow and steady accumulation of a diverse set of long-terminal repeat transposable elements, possibly owing to the lack of an efficient elimination mechanism. Comparative sequencing of *Pinus sylvestris*, *Abies sibirica*, *Juniperus communis*, *Taxus baccata* and *Gnetum gnemon* reveals that the transposable element diversity is shared among extant conifers. Expression of 24-nucleotide small RNAs, previously implicated in transposable element silencing, is tissue-specific and much lower than in other plants. We further identify numerous long (>10,000 base pairs) introns, gene-like fragments, uncharacterized long non-coding RNAs and short RNAs. This opens up new genomic avenues for conifer forestry and breeding.

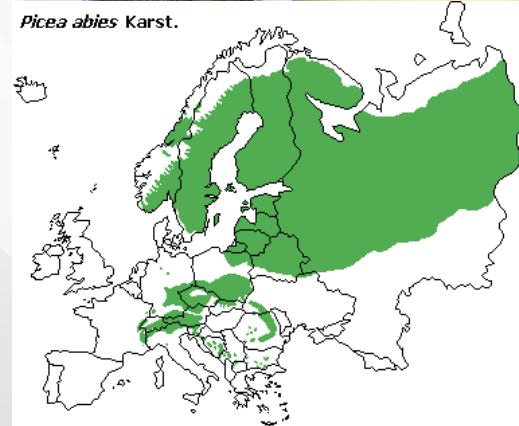


Con il legno dei rari **abeti rossi “di risonanza”** della **Val di Fiemme** e della foresta di Paneveggio sono stati costruiti i famosi **violini di Antonio Stradivari** e continuano ad essere costruiti pregiatissimi strumenti musicali

Il 29 ottobre 2018 “Vaia” (“Adrian”), una violentissima e (non tanto) anomala tempesta, ha distrutto nelle regioni dolomitiche **14 milioni di alberi, molti dei quali preziosi “abeti di risonanza”**, provocando danni incalcolabili: sarà necessario almeno un secolo perché le foreste tornino rigogliose



Picea abies Karst.



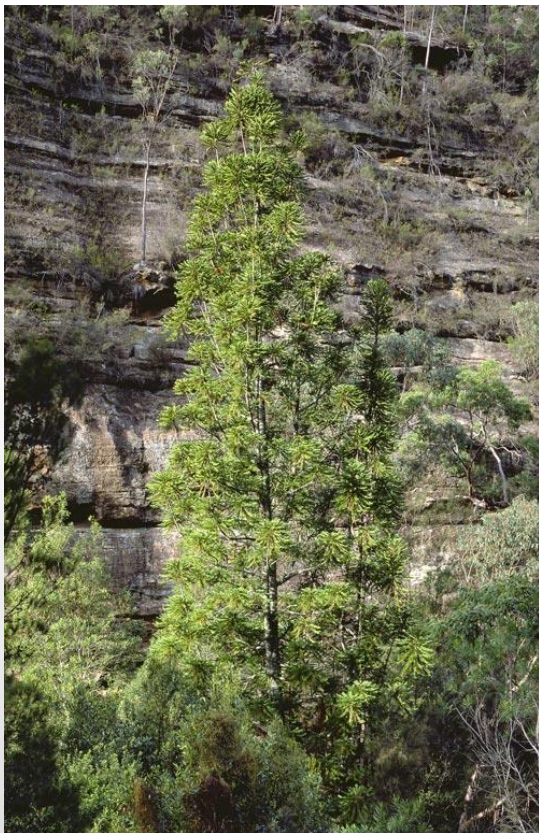
Il pino di Wollemi
Wollemia nobilis (Araucariaceae)



Questa **splendida e antichissima conifera** era conosciuta solo allo stato fossile e **creduta estinta** da 90 milioni di anni (inizio del periodo Cretaceo, Era Mesozoica)

Nel 1994 David Noble, botanico e guardia forestale, **ne scoprì alcuni esemplari in una remota valle del Parco Nazionale di Wollemi**, a ovest di Sydney (Australia)

La specie, che prende nome dal parco e da Noble, è quindi considerata un fossile vivente, o **“Lazarus taxon”**, cioè **una specie creduta estinta e ritrovata inaspettatamente ancora vivente**



Anche se in natura la pianta è estremamente protetta (**non è stato mai reso pubblico il luogo esatto del ritrovamento dei primi 12 individui**), è attualmente propagata nei principali giardini botanici, per favorirne la sopravvivenza, ed è inoltre possibile acquistarla, a determinate condizioni



Pini di Wollemi nel giardino botanico di Kew (Londra)

“**King Billy**”, il pino di Wollemi più alto trovato in natura, di età probabilmente vicina ai 1000 anni

Il genoma del cloroplasto di *W. nobilis* è stato completamente sequenziato nel 2015 (Yap et al., 2015)

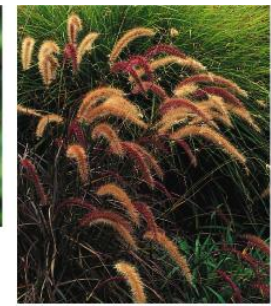
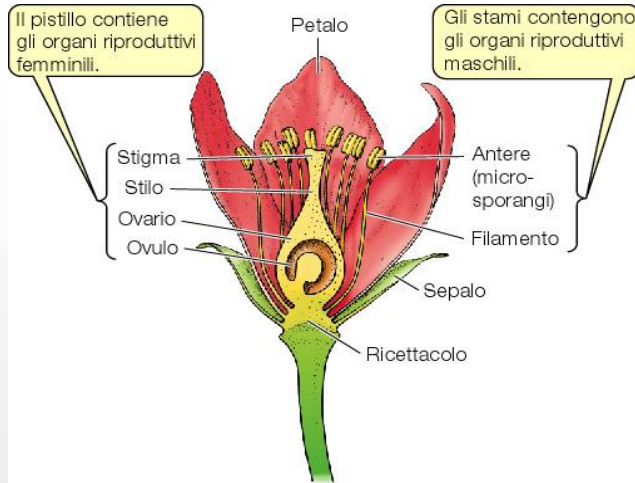
RESEARCH ARTICLE

Complete Chloroplast Genome of the Wollemi Pine (*Wollemia nobilis*): Structure and Evolution

Jia-Yee S. Yap^{1,2}, Thore Rohner^{3na}, Abigail Greenfield^{1,2}, Marlien Van Der Merwe¹, Hannah McPherson¹, Wendy Glenn², Geoff Kornfeld², Elessa Marendy², Annie Y. H. Pan^{2nb}, Alan Wilton^{2†}, Marc R. Wilkins², Maurizio Rossetto¹, Sven K. Delaney^{2nc*}

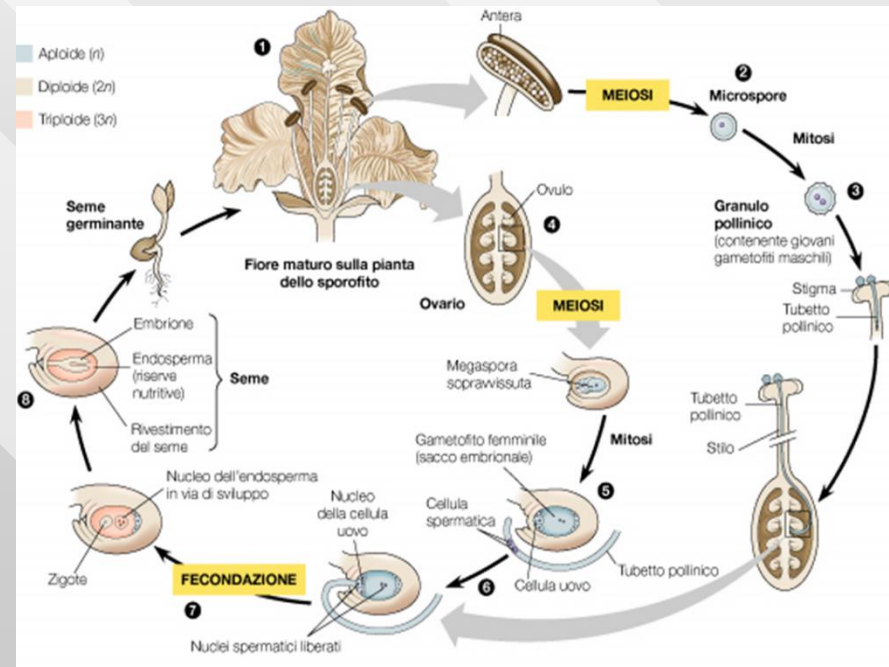
1 National Herbarium of New South Wales, Mrs Macquaries Road, Sydney, NSW, 2000, Australia, 2 School of Biotechnology and Biomolecular Biosciences, University of New South Wales, Kensington, NSW, 2033, Australia, 3 Hanze University of Applied Sciences, Groningen, Zernikeplein 7, 9747, AS Groningen, The Netherlands

La grande conquista delle Angiosperme: il fiore



Ciclo vitale di una Angiosperma

Apparse nel Cretaceo, le Angiosperme hanno rapidamente sostituito le Gimnosperme come forma vegetale dominante, grazie alle foglie trasformate in colorati “vessilli” per inviare segnali agli insetti impollinatori (il **fiore**) e agli ovuli protetti in un ovario che può trasformarsi in un **frutto**, utile per la disseminazione dei semi



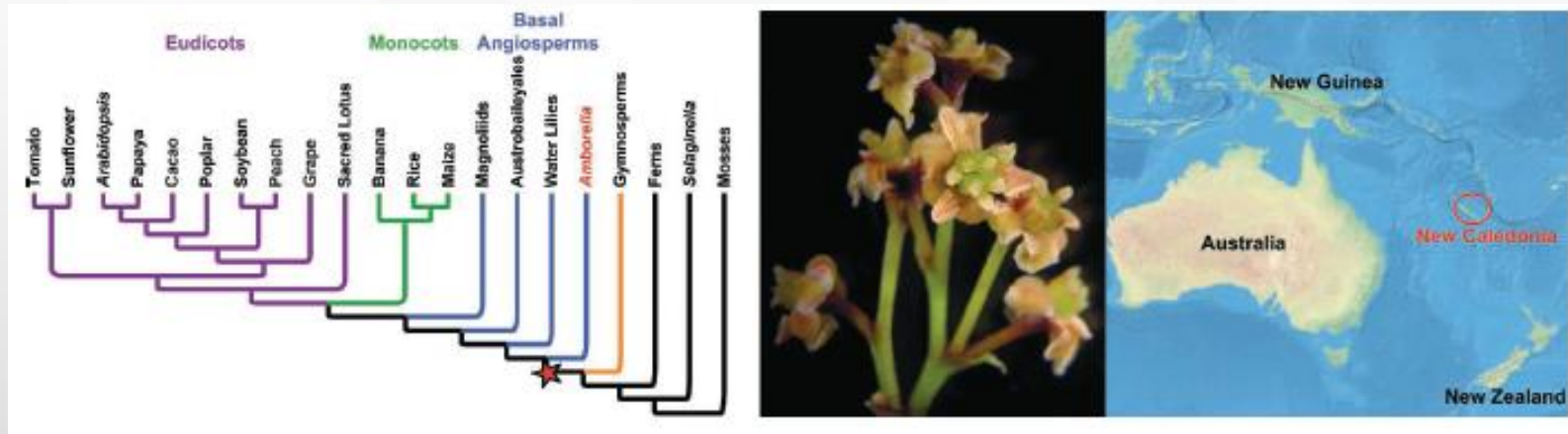
Fonti: Sadava et al., 2014, 2019

The *Amborella* Genome and the Evolution of Flowering Plants

Amborella Genome Project*

Amborella trichopoda is strongly supported as the single living species of the sister lineage to all other extant flowering plants, providing a unique reference for inferring the genome content and structure of the most recent common ancestor (MRCA) of living angiosperms. Sequencing the *Amborella* genome, we identified an ancient genome duplication predating angiosperm diversification, without evidence of subsequent, lineage-specific genome duplications. Comparisons between *Amborella* and other angiosperms facilitated reconstruction of the ancestral angiosperm gene content and gene order in the MRCA of core eudicots. We identify new gene families, gene duplications, and floral protein-protein interactions that first appeared in the ancestral angiosperm. Transposable elements in *Amborella* are ancient and highly divergent, with no recent transposon radiations. Population genomic analysis across *Amborella*'s native range in New Caledonia reveals a recent genetic bottleneck and geographic structure with conservation implications.

Amborella trichopoda,
“fossile vivente” e “**sister species**” delle Angiosperme



- *Amborella trichopoda*, (Magnoliophyta Amborellaceae), rara piantina endemica dell'isola Grande-Terre (Nuova Caledonia), è l'unica specie vivente affine (“**sister species**”) a tutte le attuali Angiosperme
- E' stata prescelta come modello genomico per lo studio dell'evoluzione delle piante a fiore (Science, 2013)
- Ha piccoli e curiosi fiori dioeci con 3-8 tepali a spirale, 4-6 carpelli separati e 10-20 stami laminari



Una duplicazione dell'intero genoma è alla base dell'evoluzione delle Angiosperme

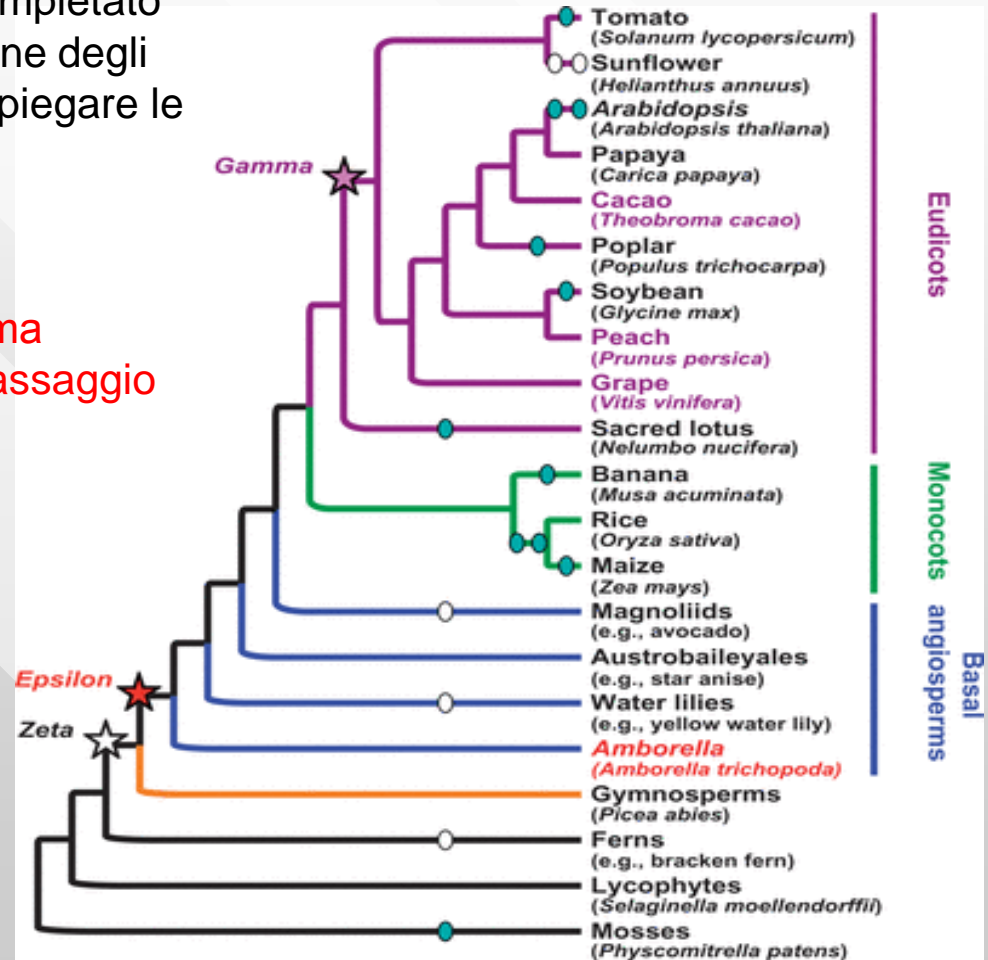


Il genoma a 13 cromosomi di *Amborella*, completato nel 2013, è caratterizzato dalla stabilizzazione degli elementi mobili del DNA: questo potrebbe spiegare le sue caratteristiche ancestrali

Il genoma compatto di *Amborella* rivela una **fondamentale duplicazione dell'intero genoma** (avvenuta circa 160 milioni di anni fa) **nel passaggio dalle Gimnosperme alle Angiosperme**

Amborella Genome Database

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



Le Angiosperme usano **complesse strategie** per diffondere i loro semi: per questo scopo hanno evoluto i **frutti**, prodotti da modificazioni dell'ovario



(a) Dispersione anemofila dei frutti di bocca di leone.



(b) Le lappole (frutti) vengono trasportati sulla pelliccia degli animali.



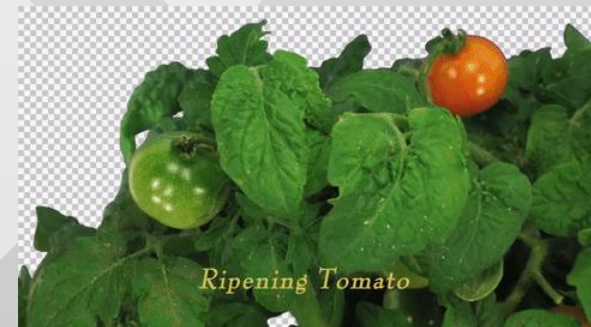
(a)
(c)



(b)



(c) Un topo che si nutre di una bacca contenente semi contribuisce alla dispersione dei semi, quando questi vengono espulsi insieme alle feci.

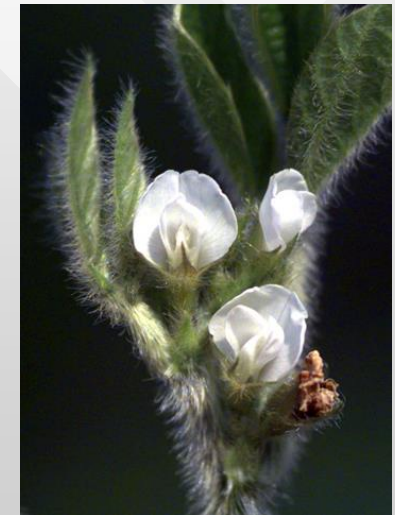
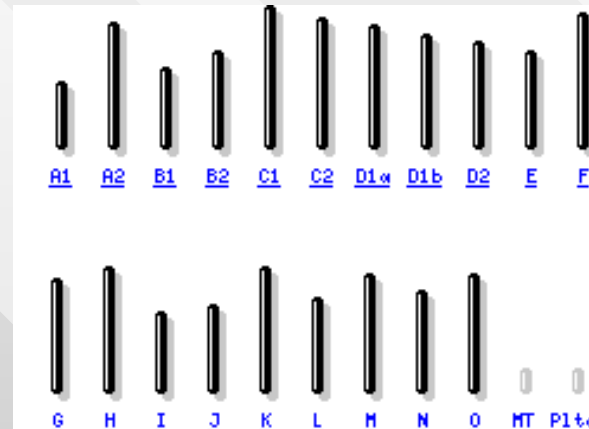




Glycine max L. (soia)
(Magnoliophyta Fabaceae)



- Modello fondamentale per le Leguminose
- Genoma tetraploide a 20 cromosomi, completato nel 2010 (Schmutz et al., Nature 2010)



SoyBase at Iowa State University

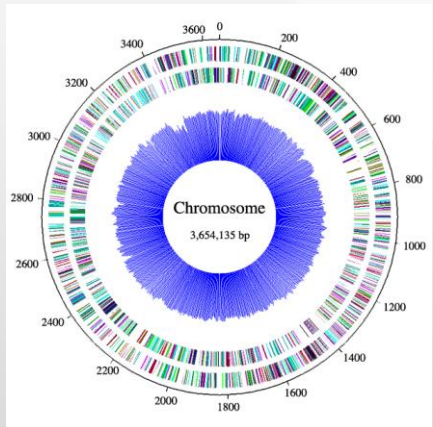
<http://soybase.org/>



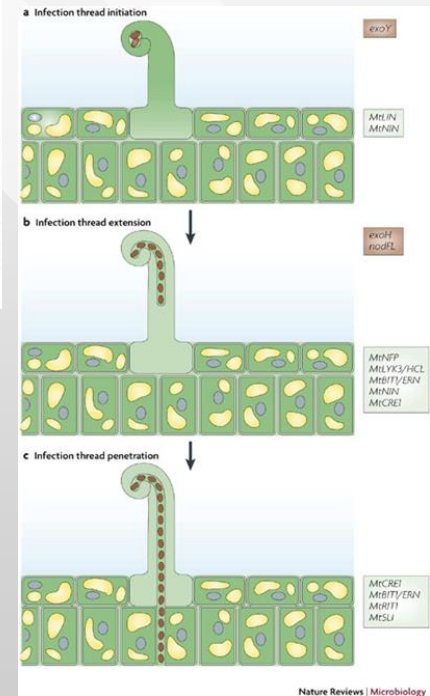
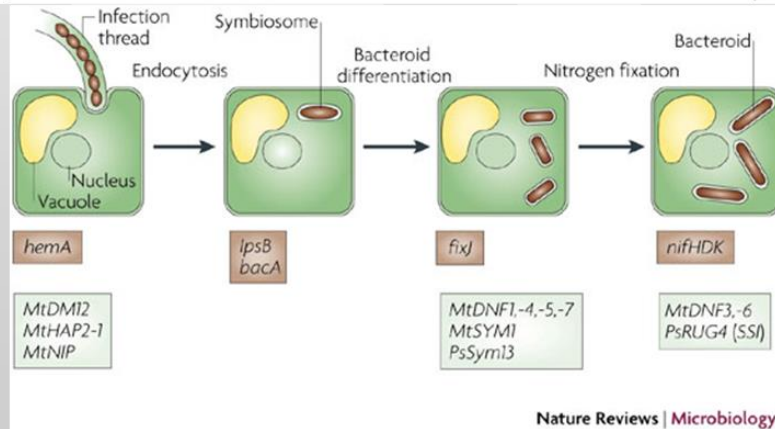
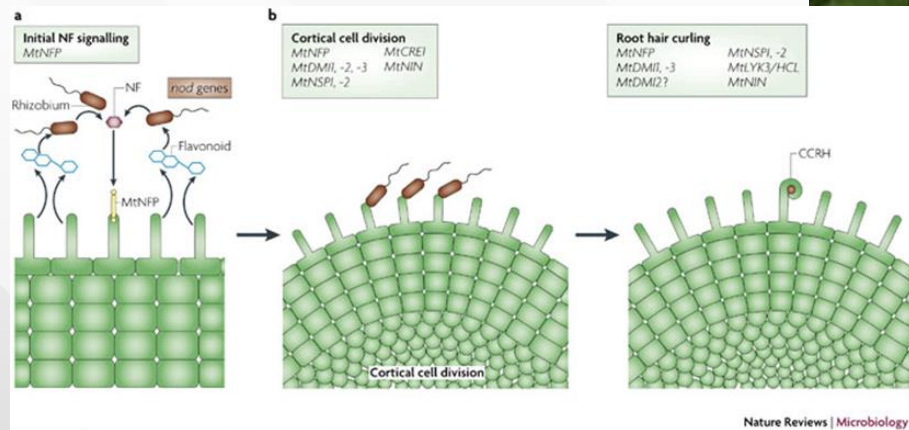
Medicago truncatula L. (Magnoliophyta Fabaceae)

Legume simile a *Medicago sativa* (alfalfa), con genoma molto più piccolo di *G. max*, a 8 cromosomi, completato nel 2011 (Young et al., Nature 2011)

Modello fondamentale per lo studio della simbiosi delle Leguminosae con i batteri azotofissatori nei noduli radicali (*Sinorhizobium meliloti*, interamente sequenziato nel 2007)

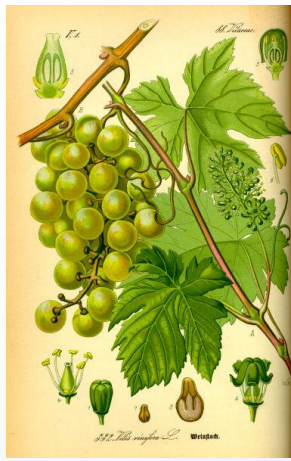


Genoma di *Sinorhizobium meliloti*

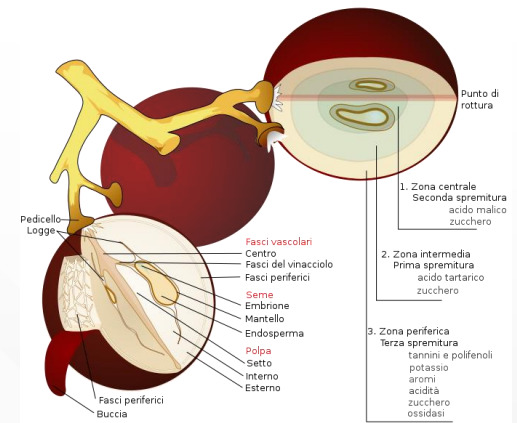


Fonte: Jones et al., Nature Reviews 5: 619-633, 2007

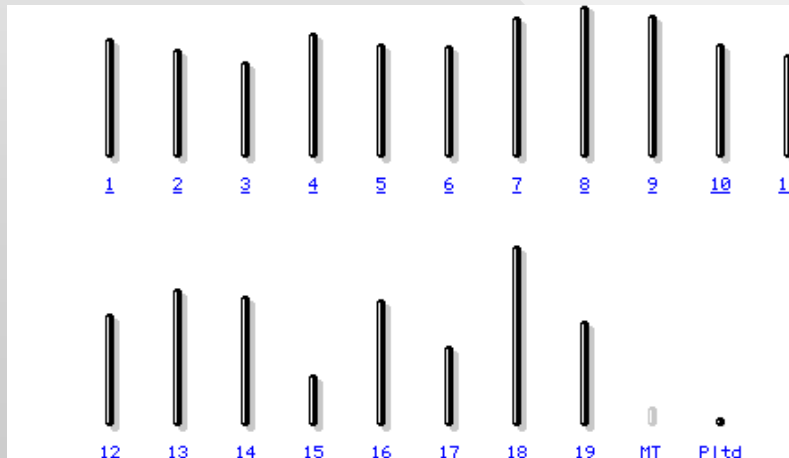
Modello dell'invasione di *S. meliloti* nelle radici di *M. truncatula* e geni coinvolti nella trasduzione del segnale tra batterio e pianta



Vitis vinifera L. (Magnoliopsida Vitaceae)



- Pianta coltivata dal Neolitico e attualmente presente in tutti i continenti, ad eccezione dell'Antartide
- Genoma a 19 cromosomi, ma di piccole dimensioni, completato nel 2007 da The French-Italian Public Consortium for Grapevine Genome Characterization (Nature 2007)
- Le caratteristiche del genoma di *V. vinifera* confermano che nell'evoluzione delle Angiosperme sono avvenuto **importanti fenomeni di poliploidizzazione**



Solanum tuberosum
(Magnoliophyta Solanaceae)
patata

- Pianta di **fondamentale interesse alimentare ed industriale**, con almeno 5000 varietà commerciali
- Le varietà hanno un **complesso genoma autotetraploide**, con geni provenienti da almeno 11 specie di Solanaceae
- Genoma a 12 cromosomi completato da The Potato Genome Sequencing Consortium (Nature, 2011)



Varietà a polpa blu, ricca di antociani



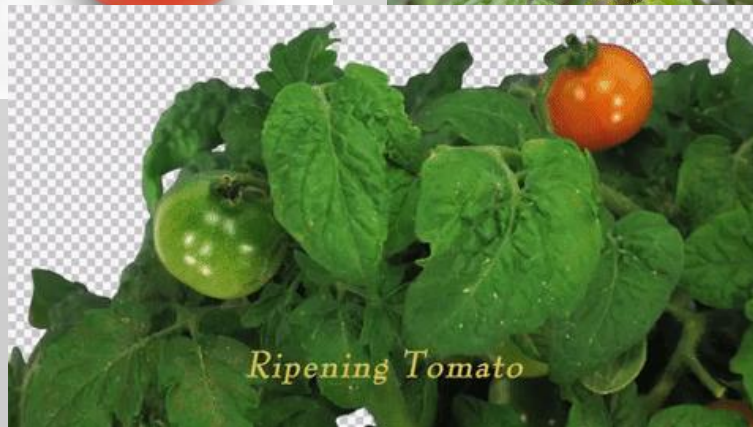
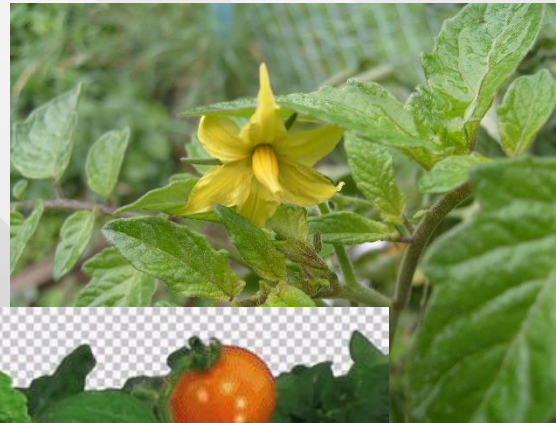
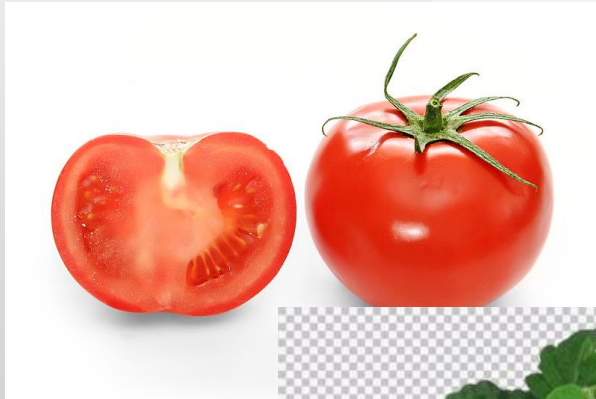
Solanum lycopersicum
(Magnoliophyta Solanaceae)
pomodoro



- Pianta modello per studi di mappe geniche nelle piante

- Genoma a 12 cromosomi completato da The Tomato Genome Consortium (Nature 2012) e comparato al genoma di *S. tuberosum*

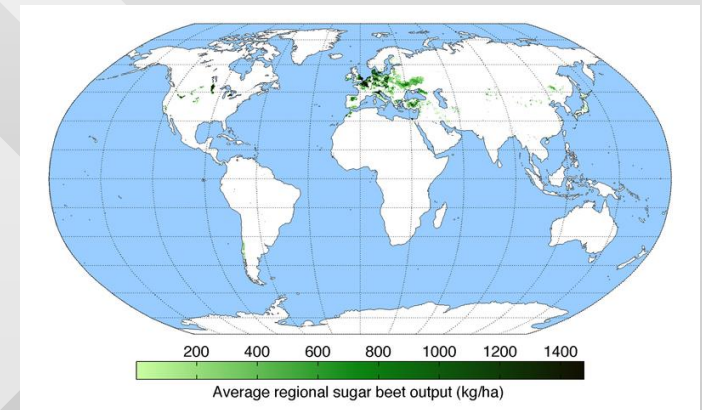
- Il genoma di *S. lycopersicum* presenta tracce evolutive di triplicazioni ed ibridazioni con la specie selvatica *S. pimpinellifolium*



Fonte: The Tomato Genome Consortium
Nature 485: 635-641, 2012

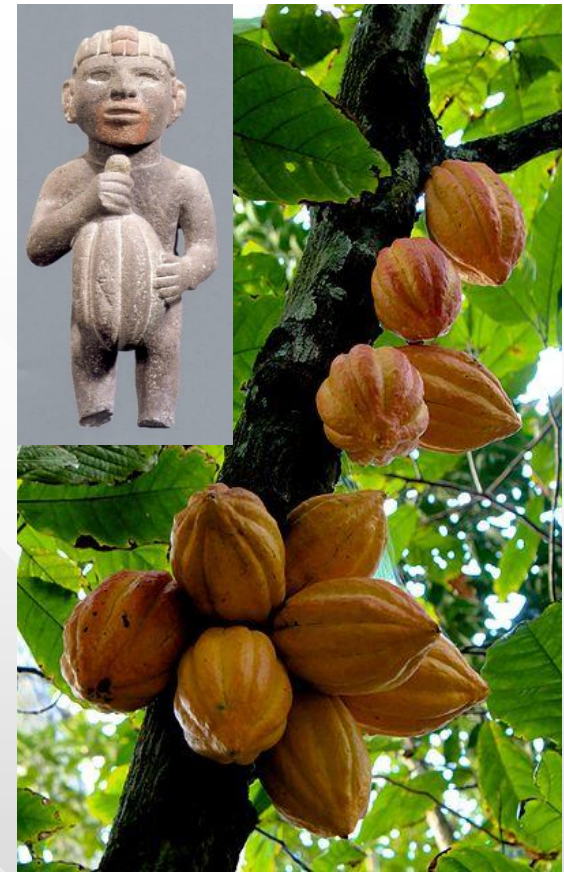
Beta vulgaris (Magnoliopsida Chenopodiaceae) la barbabietola da zucchero (“blood turnip”)

- Erbacea biennale con numerose varietà e radice edule carnosa di colore **rosso-porpora**
- Coltivata dal 1700 nelle regioni temperate o fredde per la produzione di zucchero, dato l'elevato contenuto di saccarosio nella grossa radice “a fittone”
- In Italia le regioni di maggiore produzione sono Emilia-Romagna, Abruzzo e Veneto
- Il genoma a 18 cromosomi di *B. vulgaris* è stato completato nel 2014 (Dohm et al., Nature 2014)



Theobroma cacao
(Magnoliopsida Malvaceae)
il “cibo degli Dei”

- Pianta sempreverde originaria delle regioni tropicali del Centro e Sud America, coltivata in Mesoamerica dal 1900 A.C., considerata sacra ed usata anche come moneta
- I frutti (cabosse) contengono 25-40 semi ricchi degli alcaloidi **teobromina** (euforizzante) e **caffeina** (eccitante)
- I semi, fermentati e tostati, sono ridotti in una polvere dalla quale, mescolata con “burro di cacao” fuso, si ricava la cioccolata
- Il genoma di *T. cacao* a 10 cromosomi è stato completato nel 2011 dall’International Cocoa Consortium (Argout et al., Nature Genetics 2011)



“Kakaw”, glifo Maya
che indica il cacao

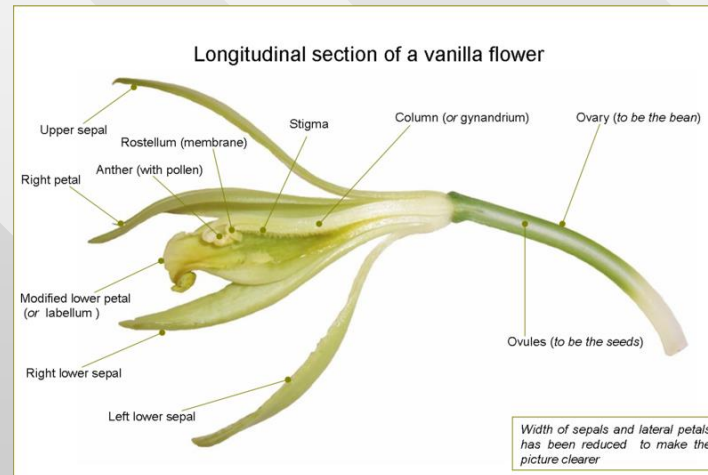
Populus trichocarpa (Magnoliopsida Salicaceae)
pioppo nero (o pioppo occidentale)



- **Organismo modello in genetica forestale**, di facile coltivazione e a crescita molto rapida, con genoma facilmente trasformabile
- **Primo albero il cui genoma è stato completamente sequenziato** (un individuo femmina detto “Nisqually-1”) (Tuskan et al., Science 313, 2006)
- Genoma a 19 cromosomi ma di piccole dimensioni (485 Mb), e con un numero elevatissimo di geni (44701) ed una proporzione 7: 3 di eucromatina (DNA attivo nella trascrizione) rispetto ad eterocromatina (DNA inattivo nella trascrizione)

In questa specie sono stati completamente sequenziati anche il genoma mitocondriale (52 geni) ed il genoma del cloroplasto (101 geni)

Le Angiosperme più evolute: le piante erbacee (Poaceae), le palme (Arecaceae) e le orchidee (Orchidaceae)



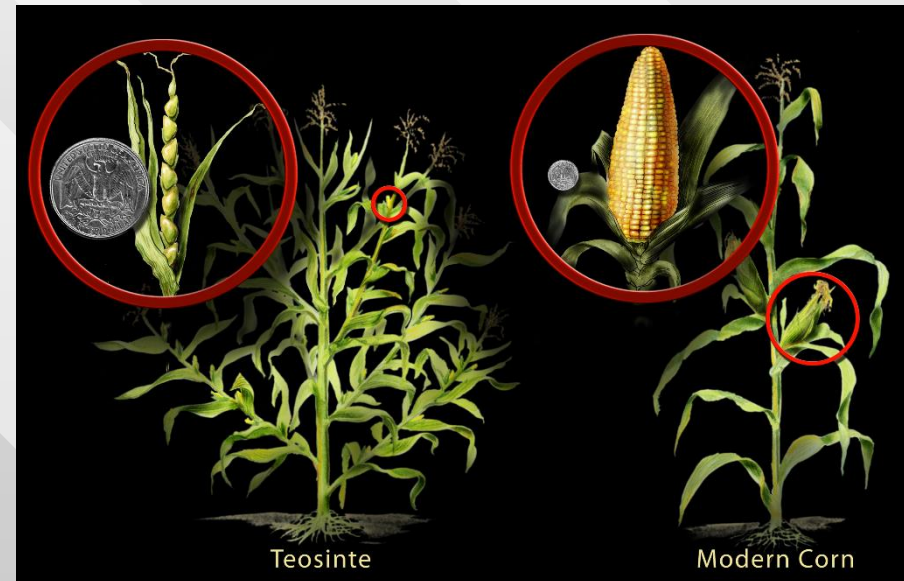
Fonti: Sadava et al., 2014, 2019; Solomon et al., 2012

Zea mays L. (Liliopsida Poaceae)

- Graminacea originaria del Sud America, coltivata da epoche antichissime e derivata dal **teosinte**, spontaneo nella foresta amazzonica
- Monocotiledone diploide con genoma a 10 grandi cromosomi e geni ad elevato grado di duplicazione
- Organismo modello in genetica dal 1930 per i numerosi mutanti fenotipici, i marcatori cromosomici e la fertilità negli incroci
- In *Zea mays* Barbara McClintock scoprì nel 1945 l'esistenza dei **trasposoni**, elementi genetici mobili



Fonte: <https://www.maizegdb.org/>



Barbara McClintock (1902-1992)
Premio Nobel per la Medicina e la Fisiologia nel 1983



Courtesy of Cold Spring Harbor Laboratory Archives. Noncommercial, educational use only.

I risultati delle sue scoperte fondamentali sui trasposoni nel mais, inizialmente considerati con diffidenza e scetticismo dalla comunità scientifica, furono pubblicati nel 1951, due anni prima della scoperta della struttura del DNA

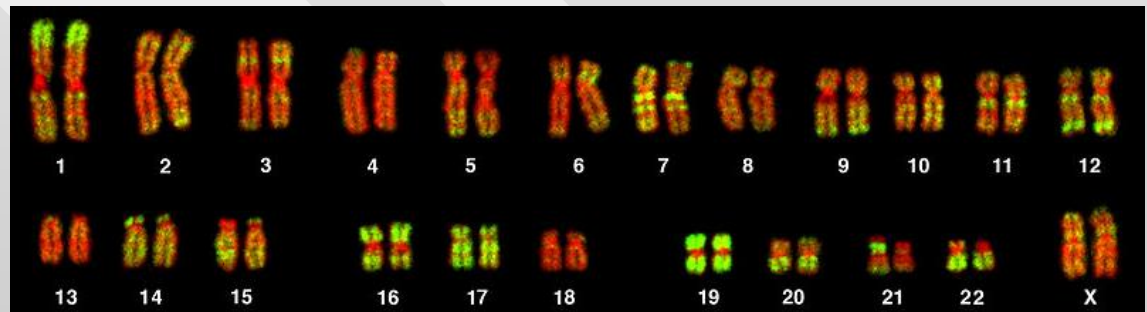
Elementi trasponibili (TE), o **trasposoni**

I trasposoni, elementi genetici mobili, sono sequenze di DNA che “saltano” da un punto all’altro del genoma, tramite un meccanismo “**copy and paste**” oppure “**cut and paste**”

- Detti anche “**jumping genes**”, producono mutazioni e duplicazioni del genoma e sono divisi in 2 classi:
 - **Retrotrasposoni**, con meccanismo di copiatura ed inserzione tramite RNA, simile a quello dei retrovirus (DNA → RNA e poi RNA → DNA tramite una trascrittasi inversa)
 - **Trasposoni a DNA**, con meccanismo di trasposizione “cut-and-paste” mediato da specifici enzimi (trasposasi)

Il tipo di trasposone più comune nel genoma umano è la **sequenza Alu**, che prende il nome dalla endonucleasi di restrizione del batterio *Arthrobacter luteus*: è lunga 300 basi e presente fino ad 1 milione di copie per genoma

Cariotipo umano nel quale le **sequenze Alu** sono evidenziate da una **sonda fluorescente verde**

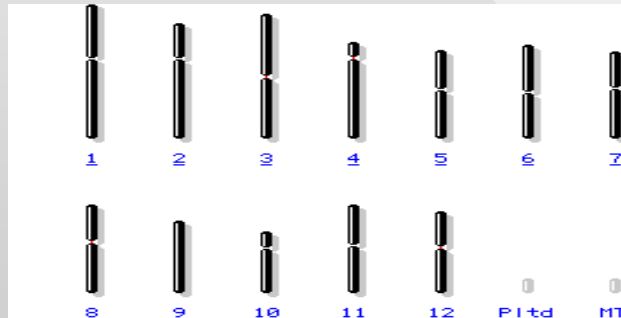




Oryza sativa L.
(Liliopsida Poaceae)



- Organismo modello prescelto nel 1995 per le dimensioni del genoma, uno dei più piccoli tra i cereali (12 cromosomi, 450 Mb)
- **Primo genoma di un cereale interamente sequenziato** (nel 2002, presso i laboratori dell'industria Monsanto, St. Louis, Missouri)
- Inizialmente reso disponibile solo **a pagamento**, ma in seguito **reso pubblico per motivi etici** (International Rice Genome Sequencing Project, Nature 2005)



Fonte:

International Rice Genome Sequencing Project, Nature 436: 793-800, 2005

Piante intermedie C3-C4

- Anche se 85% delle specie vegetali è C3, esistono famiglie e generi che hanno **caratteristiche intermedie C3-C4**: ad esempio, i generi *Flaveria* (Asteracea), *Panicum* (Poaceae) e *Alternanthera* (Amarantaceae) hanno specie con caratteristiche intermedie delle cellule della guaina del fascio e resistenza metabolica alla fotorespirazione
- Possono quindi eseguire la **fotosintesi in condizioni più calde e secche delle normali piante a C3**
- Ciascun tipo di pianta ha il proprio **“punto di compensazione”**, dipendente dalla **concentrazione di CO₂, che regola l'attività della RuBisCo**

Zea mays è una pianta a C4, ma **alcune specie di teosinte (*Zea* sp.) sono a C3**

The Plant Cell, Vol. 22: 3509–3542, November 2010, www.plantcell.org © 2010 American Society of Plant Biologists

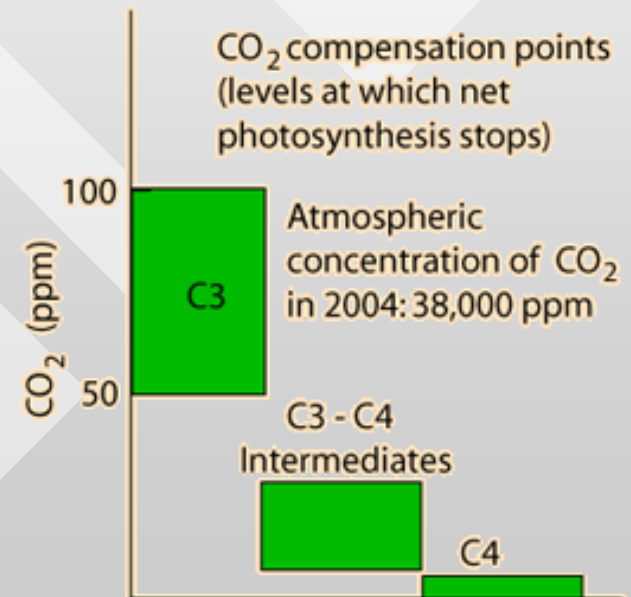
RESEARCH ARTICLES

Structural and Metabolic Transitions of C₄ Leaf Development and Differentiation Defined by Microscopy and Quantitative Proteomics in Maize[□]

Wojciech Majeran,^{a,1,2} Giulia Friso,^{a,1} Lalit Ponnala,^b Brian Connolly,^a Mingshu Huang,^a Edwin Reidel,^a Cankui Zhang,^a Yukari Asakura,^a Nazmul H. Bhuiyan,^a Qi Sun,^b Robert Turgeon,^a and Klaas J. van Wijk^{a,3}

^aDepartment of Plant Biology, Cornell University, Ithaca, New York 14853

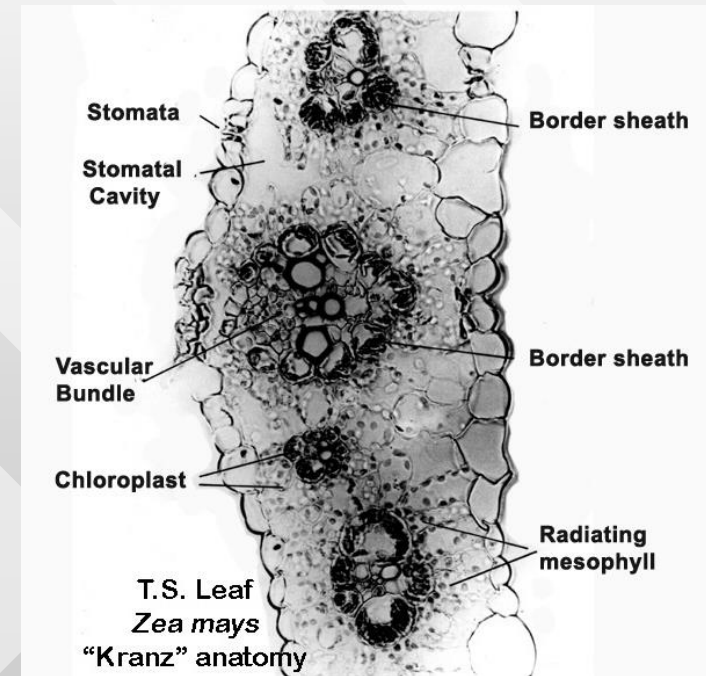
^bComputational Biology Service Unit, Cornell University, Ithaca, New York 14853



Fonte: Majeran et al., Plant Cell 22: 3509-3542, 2010

Una specie intermedia C3-C4 a “metabolismo anfibio”

- *Eleocharis vivipara* (Cyperaceae), pianta originaria delle paludi della Florida e usata a scopo ornamentale negli acquari, ha un metabolismo C3 nelle prime fasi vegetative, quando è sommersa dall'acqua (Ueno et al, 1988)
- Quando emerge dall'acqua, modifica la struttura delle cellule della guaina del fascio (struttura di Kranz) e diventa a C4
- La modificazione metabolica è mediata da segnalazioni ormonali (acido abscissico) indotte dall'esposizione all'ambiente subaereo
- Si tratta quindi di una **pianta a metabolismo “anfibio”**, a C3 in acqua e a C4 in ambiente terrestre





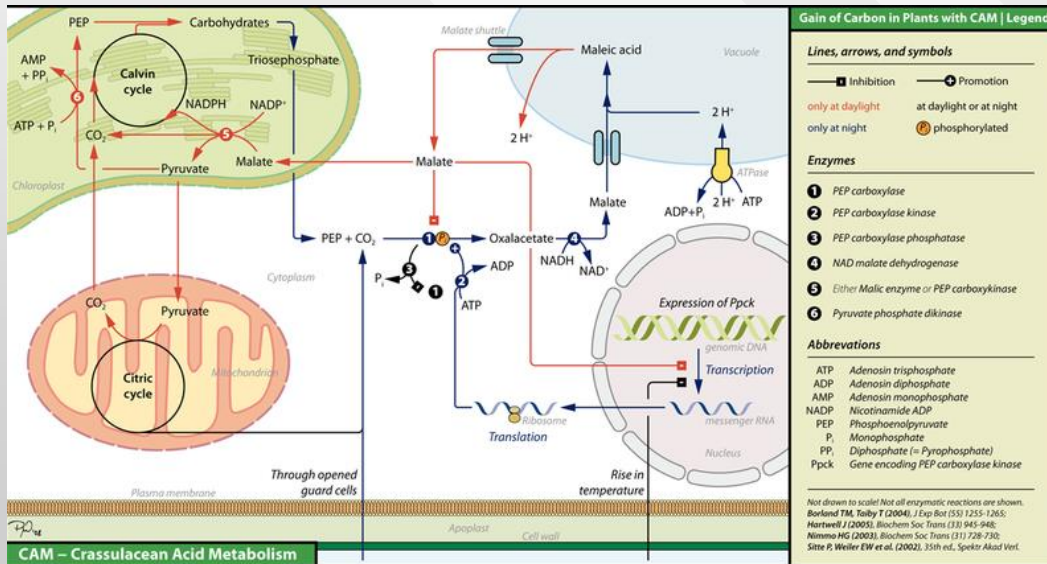
Alcune piante non crassulacee hanno metabolismo CAM

Il **CAM** (Crassulacean Acid Metabolism) è stato riscontrato in più di 1000 angiosperme di 17 famiglie diverse, generalmente (ma non tutte) piante grasse (Borland and Taybi, 2004)

Ad esempio, Bromeliaceae come *Ananas comosus* e *Tillandsia usneoides* non sono crassulacee, ma hanno metabolismo CAM



Ananas comosus



Tillandsia usneoides

Il genoma dell'orchidea *Phalaenopsis equestris* (Liliopsida Orchidaceae) prima pianta a metabolismo CAM interamente sequenziata

- Nel 2015 è stato completato il genoma a 38 cromosomi della **prima pianta epifita con metabolismo CAM**, la splendida orchidea tropicale *Phalaenopsis equestris*
- Il metabolismo CAM è un **adattamento alla vita epifita** per ottenere il risparmio di acqua
- Le informazioni sul genoma di *P. equestris* potranno servire a proteggere molte specie di orchidee in pericolo di estinzione (Cai et al., Nature Genetics, 2015)



nature
genetics

OPEN

The genome sequence of the orchid *Phalaenopsis equestris*

Jing Cai^{1-3,15}, Xin Liu^{4,15}, Kevin Vanneste^{5,6,15}, Sebastian Proost^{5,6,15}, Wen-Chieh Tsai^{7,15}, Ke-Wei Liu^{1-3,15}, Li-Jun Chen¹, Ying He^{5,6}, Qing Xu⁸, Chao Bian⁴, Zhijun Zheng⁴, Fengming Sun⁴, Weiqing Liu⁴, Yu-Yun Hsiao⁹, Zhao-Jun Pan⁹, Chia-Chi Hsu⁹, Ya-Ping Yang⁹, Yi-Chin Hsu⁹, Yu-Chen Chuang⁹, Anne Dievart¹⁰, Jean-Francois Dufayard¹⁰, Xun Xu⁴, Jun-Yi Wang⁴, Jun Wang⁴, Xin-Ju Xiao¹, Xue-Min Zhao¹¹, Rong Du¹¹, Guo-Qiang Zhang¹, Meina Wang¹, Yong-Yu Su¹², Gao-Chang Xie¹, Guo-Hui Liu¹, Li-Qiang Li¹, Lai-Qiang Huang^{1-3,12}, Yi-Bo Luo⁸, Hong-Hwa Chen^{9,13}, Yves Van de Peer^{5,6,14} & Zhong-Jian Liu^{1,2,12}

Orchidaceae, renowned for its spectacular flowers and other reproductive and ecological adaptations, is one of the most diverse plant families. Here we present the genome sequence of the tropical epiphytic orchid *Phalaenopsis equestris*, a frequently used parent species for orchid breeding. *P. equestris* is the first plant with crassulacean acid metabolism (CAM) for which the genome has been sequenced. Our assembled genome contains 29,431 predicted protein-coding genes. We find that contigs likely to be underassembled, owing to heterozygosity, are enriched for genes that might be involved in self-incompatibility pathways. We find evidence for an orchid-specific paleopolyploidy event that preceded the radiation of most orchid clades, and our results suggest that gene duplication might have contributed to the evolution of CAM photosynthesis in *P. equestris*. Finally, we find expanded and diversified families of MADS-box C/D-class, B-class AP3 and AGL6-class genes, which might contribute to the highly specialized morphology of orchid flowers.

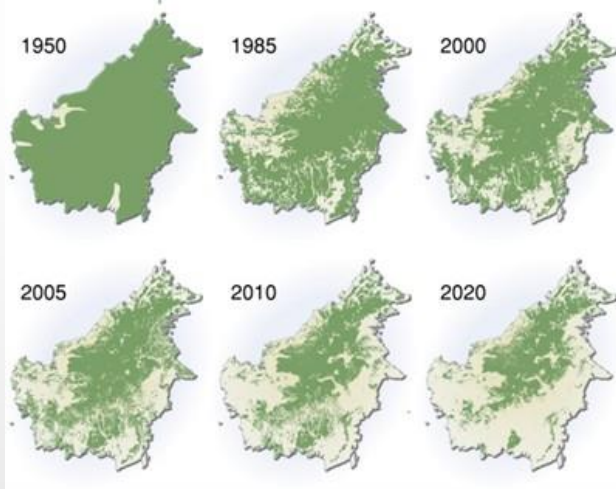
Phoenix dactylifera (Arecaceae)
palma da dattero

- Una delle prime piante coltivate (dal 6000 a.C.) per i frutti eduli, ma **di origine incerta** (riconducibile alla “Mezzaluna Fertile” tra Egitto e Mesopotamia, circa 9000 anni fa)
- Ne esistono **almeno 2000 varietà**: il suo genoma a 18 cromosomi e **ad alto polimorfismo** è stato interamente sequenziato nel 2013 (Al-Mssallem et al., Nature Communications 2013)



Fonte: Al-Mssallem et al., Nature Communications 4: 2274-2283, 2013

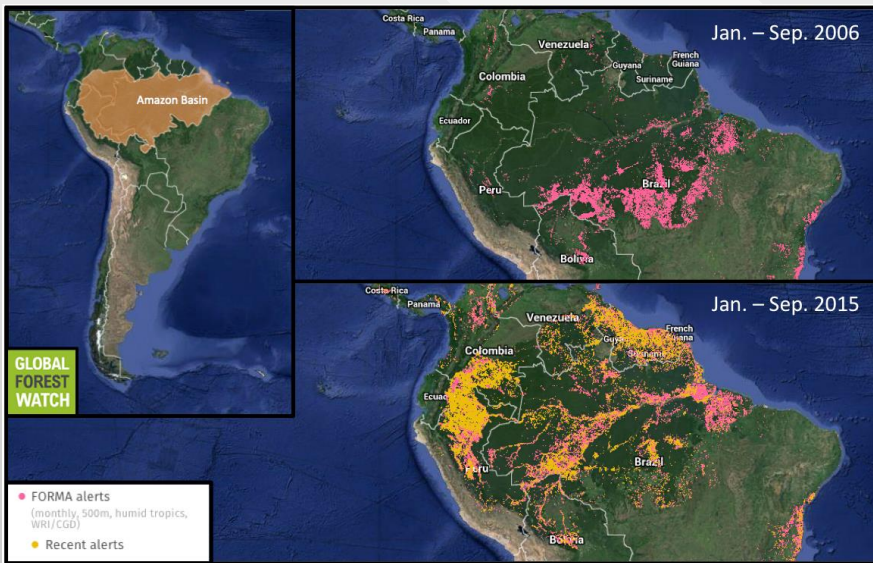
Proteggiamo le **piante**, organismi di fondamentale importanza per la **vita sulla Terra** e per la **salute umana**



Borneo



Amazzonia



La deforestazione, gli incendi e lo sfruttamento incontrollato stanno minacciando i maggiori “paradisi” della biodiversità del pianeta