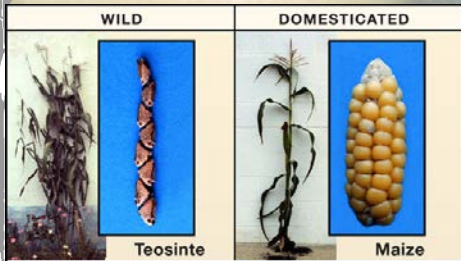


Semi per l'analisi genetica

Il mais- origine ed evoluzione

La storia del mais ebbe inizio circa 9000 anni fa con la sua **domesticazione** a partire dal **teosinte** (*Zea mays* ssp. *parviglumis*) nel sud del Messico. L'uomo ha profondamente modificato il suo progenitore per trasformarlo in una pianta più produttiva, facile da raccogliere e gradita dal punto di vista gastronomico. Tutti i cambiamenti sono stati **cambiamenti di tipo genetico**.



Quesley et al., Cell 127, 2006. Maize plants typically have a single stalk with short branches tipped by ears, whereas teosinte plants are more highly branched.

Oggi giorno i geni della domesticazione sono stati identificati. Tra questi i geni **teosinte branched1 (tb1)** e **teosinte glume architecture1 (tga1)**. Nel mais moderno la presenza di un singolo stelo con brevi ramificazioni è dovuta alla variante di *tb1* selezionata durante la domesticazione, mentre la perdita del rivestimento del seme è stata ottenuta grazie alla modificazione del gene *tga1*. Il miglioramento è proseguito per migliaia di anni e ha prodotto differenti varietà adatte ai diversi ambienti e/o agli utilizzi da parte dell'uomo.

All'inizio del ventesimo secolo i miglioratori scoprirono che l'incrocio di due linee pure dava origine ad **ibridi** altamente **produttivi**.



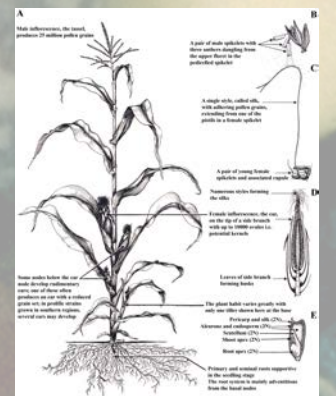
Dobson et al., Cell 127, 2006. The ancestor of maize, teosinte, has hard coverings over each grain. Humans selected against these during maize domestication.

Il mais - un sistema modello per l'analisi genetica

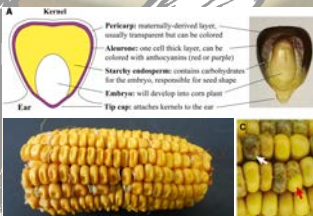
La presenza sulla pianta di fiori maschili e femminili fisicamente separati favorisce la conduzione delle impollinazioni controllate: i fiori femminili e maschili possono essere coperti rispettivamente per prevenire le contaminazioni e raccogliere il polline. Non solo fare gli incroci è semplice, ma si producono spighe con alcune centinaia di semi.

L'architettura della pianta e le sue dimensioni sembrano fatte apposta per identificare i **mutanti**, così fin dai primi anni del secolo scorso i genetisti hanno iniziato ad individuarli. Oggi giorno sono disponibili ampie collezioni di mutanti ottenuti per mutagenesi chimica o traspositiva. Il "Maize Genetics Cooperation Stock Center" (MGSC) situato alla University of Illinois di Urbana Champaign, è la fonte più importante di **materiali utili per la ricerca**.

I mutanti consentono di interpretare la **funzione del gene**, e i meccanismi che governano la sua **trasmissione** e le **interazioni con altri geni**. Ci sono mutazioni che colpiscono quasi tutti gli organi della pianta. Nel **seme**, ad esempio, con i suoi due principali compartimenti, **embrione ed endosperma**, di dimensioni significative, le varianti si possono facilmente identificare e caratterizzare.



Strable J. and Scanlon M. J., Cold Spring Harbor Protoc. 2009. Male flowers are found in the tassel, which forms at the top of the plant. Female flowers are found in the ear, approximately five to six leaves below the tassel.



Nannas N. J. and Dawe R. K., Genetics 199, 2015

Negli strato più esterno dell'endosperma, l'**aleurone** e nel pericarpo il rivestimento di origine materna si può osservare la presenza di pigmenti dovuta all'azione dei geni delle biosintesi dei flavonoidi e degli antociani.

Nell'endosperma, lo studio di alterazioni nell'accumulo di **amido** e **proteine** ha permesso di comprendere le **biosintesi** di questi composti e di ottenere varianti utili per la produzione di prodotti come il **mais dolce** e il **mais ad alto contenuto di lisina**.

Anche il fenotipo **defective kernel (dek)**, con alterazioni nella morfologia di embrione ed endosperma è di facile identificazione. I mutanti *dek* consentono di isolare geni che controllano lo sviluppo dell'embrione e dell'endosperma e influenzano le **dimensioni del seme**.



Veayer R. S. and Purugganan M. D., Nature reviews Genetics 14, 2013

Lo studio del genoma

Il genoma della **B73**, una linea ampiamente utilizzata negli Stati Uniti nella costituzione degli ibridi e il genoma di **Palomero toluqueño**, una varietà Messicana da popcorn sono stati **sequenziati**. La versione aggiornata della sequenza è disponibile sul dominio <http://www.maizegdb.org>, che rappresenta, per i ricercatori che lavorano con questa specie, la dimora "online". Nel genoma della B73 sono stati annotati circa **40.000 geni** ed è stata assemblata la maggior parte del DNA delle regioni spaziatrici. Si stima che circa l'**85%** del genoma della B73 sia rappresentato da elementi trasponibili.

Inoltre il mais è caratterizzato da un livello elevato di **diversità genetica**. Se si confrontano i genomi di due linee moderne di mais si trova una frequenza di polimorfismi paragonabile a quella riscontrabile nel confronto tra il genoma dell'uomo e dello scimpanzé. Questa **variabilità genetica** fu determinante per il processo di domesticazione e continua ad essere sfruttata nei **moderni programmi di miglioramento genetico**.

Semi per l'analisi genetica

Il progetto **'Semi per la genetica'** nasce dalla nostra esperienza nel studio del controllo genetico dello sviluppo in mais e si avvale dell'ampia disponibilità di risorse sulla genetica di questa specie. Lo scopo del progetto è la **divulgazione**, attraverso un **approccio interattivo**, dei **principi della genetica** e dello **sviluppo** delle piante. Prevede la distribuzione alle scuole e ai musei di **materiali e istruzioni**. Con questi, gli insegnanti e gli operatori potranno allestire dei laboratori all'interno delle loro strutture.



Gli esperimenti hanno costi ridotti e non richiedono strumentazione e protocolli complessi, consentono agli studenti di descrivere i fenotipi e formulare ipotesi sulla funzione dei geni. Al contempo vengono esplorate le leggi della genetica e le moderne **tecniche di miglioramento** della **produzione** e della **qualità nutrizionali** dei cereali.

La collezione e le relative informazioni sono disponibili presso il Dipartimento di Scienze Agrarie e Ambientali, Università degli Studi di Milano. Per informazione potete contattare semi.genetica@unimi.it oppure gabriella.consonni@unimi.it.