

Sintenia e colinearità

I genomi degli eucarioti differiscono

nel grado in cui i geni
rimangono sullo stesso
cromosoma



sintenia

nel grado in cui l'ordine
dei geni viene mantenuto
sul cromosoma



colinearità

Nel genoma delle angiosperme c'è grande differenza nelle dimensioni e arrangiamento genico (anche tra specie vicine)

Duplicazioni di interi genomi
Perdita di intere regioni
cromosomiche

Dimensione dei genomi
variabile di 1000 volte

N. di cromosomi
variabile di 50 volte

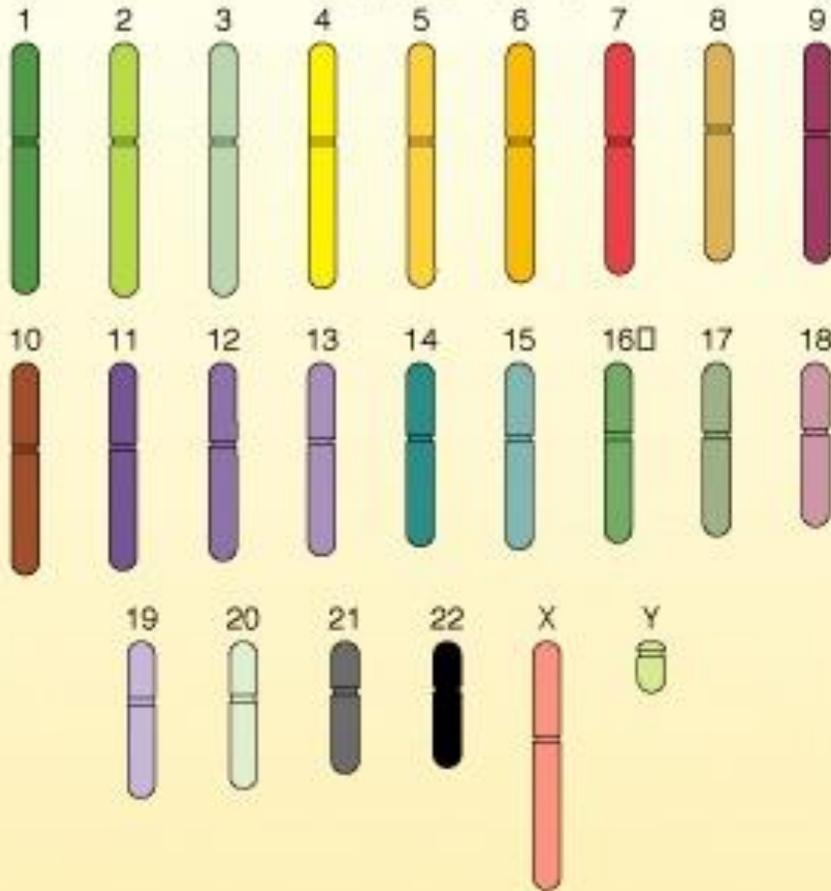
Le prime comparazioni tra le sequenze genomiche di riso e *Arabidopsis* indicano un' importante caratteristica:
SINTENIA



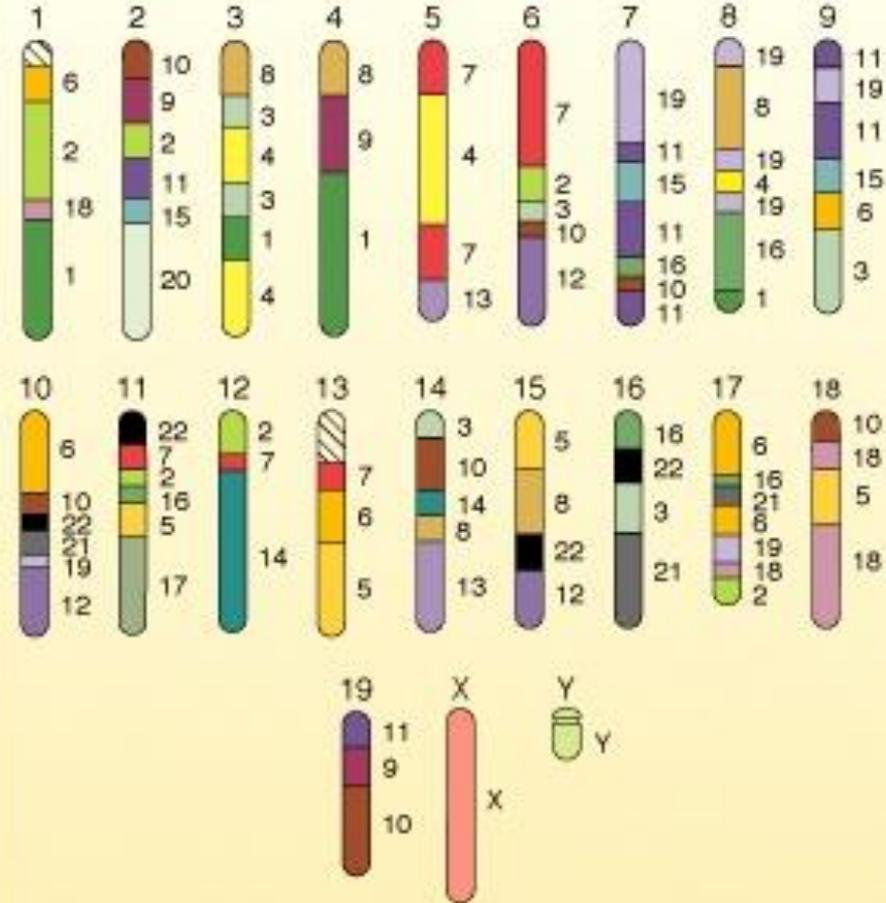
Concetto di sintenia

I genomi di organismi correlati sono simili

Human chromosomes



Mouse chromosomes



Due organismi con un antenato in comune relativamente recente hanno genomi che presentano differenze specie-specifiche, basate sullo schema comune del genoma ancestrale



Quanto più due organismi sono vicini nella scala evolutiva, tanto più correlati sono i loro genomi

sintenia



la parziale o completa conservazione dei geni sul cromosoma



è possibile utilizzare le informazioni di mappa di un genoma per localizzare geni nel secondo genoma

Nelle piante la sintenia è di enorme importanza può risultare utile per gli studi di genomica comparata e operazioni di mappatura

Il frumento ha un genoma molto grande (17.000 Mb) più di cinque volte quello umano

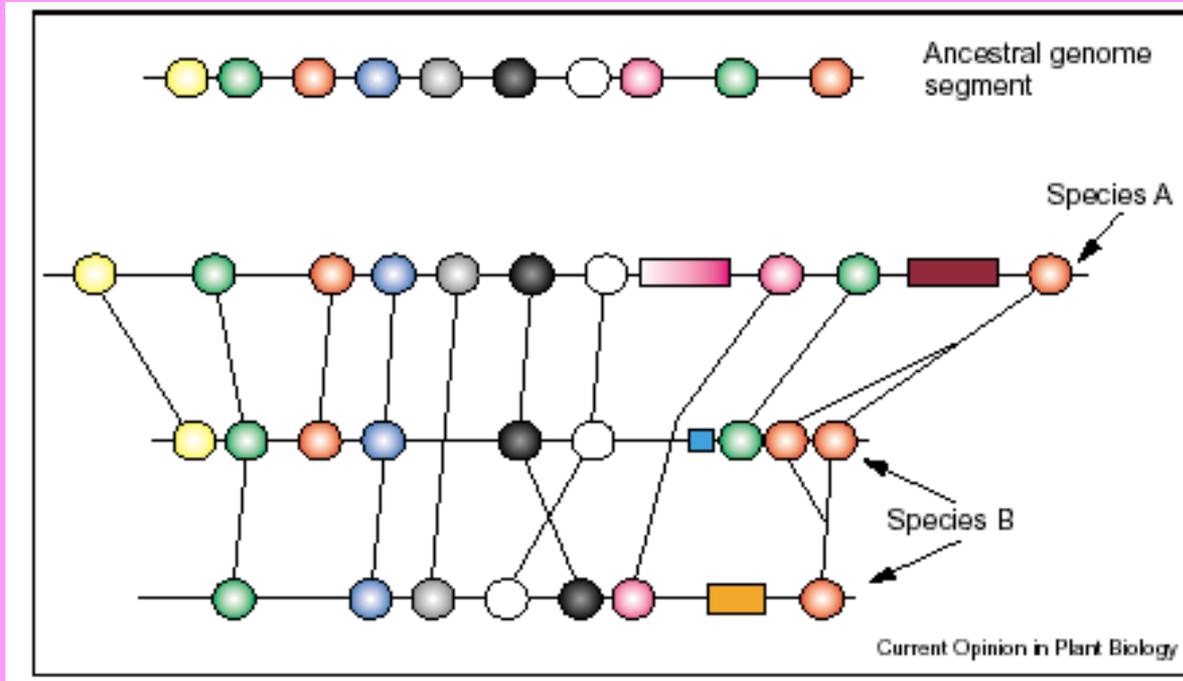
Una pianta modello con un genoma più piccolo ma sintenico sarebbe utile...



Il genoma di riso è di 400 Mb e la genomica comparativa tra i due ha rivelato molte similarità

mappando inizialmente la posizione del gene equivalente su un genoma più piccolo di riso e per sintenia posizzionarli su un genoma più grande

La sintenia nelle piante

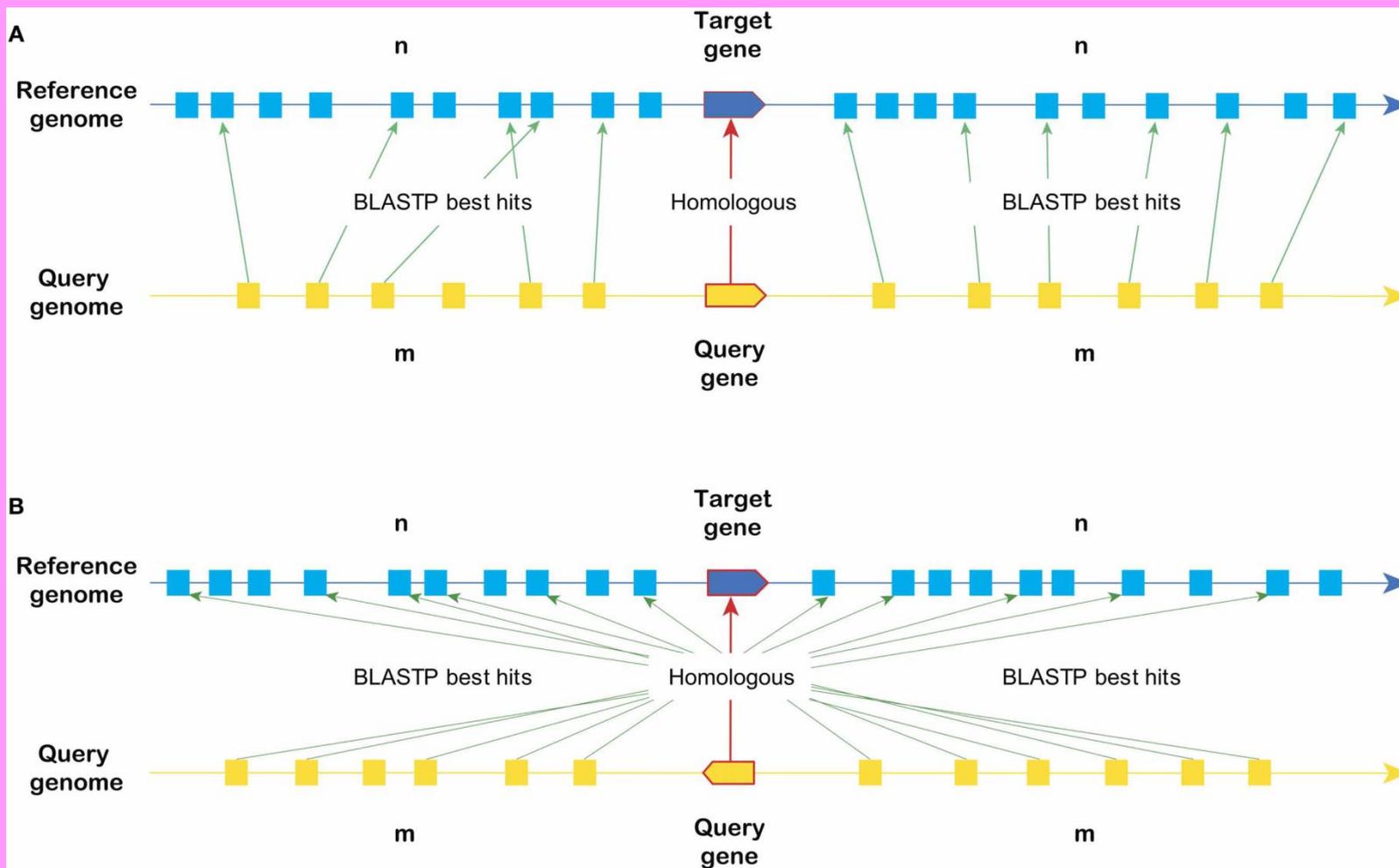


I geni mantengono lo stesso ordine e spesso anche l'orientamento

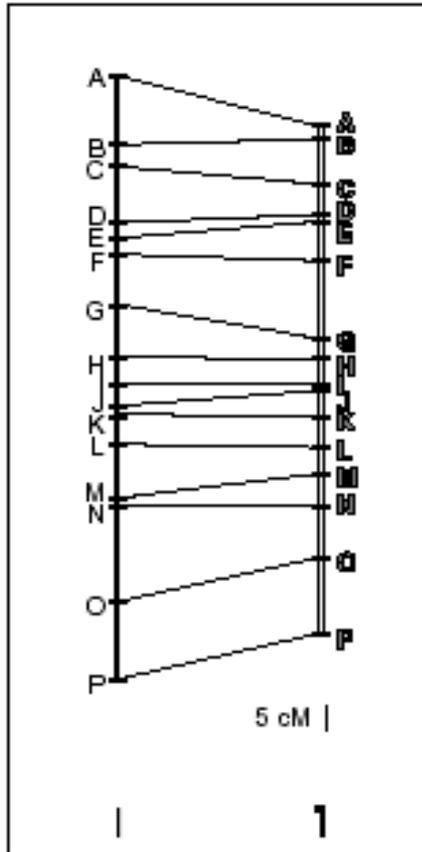
1. Sintenia importante in genomica comparativa, rivela l'evoluzione dei genomi di specie correlate
2. Condividere la sintenia di un frammento genomico, significa avere un ancestrale comune

3. Geni sintenici sono ortologhi localizz in un frammento sintenico. Funzione?

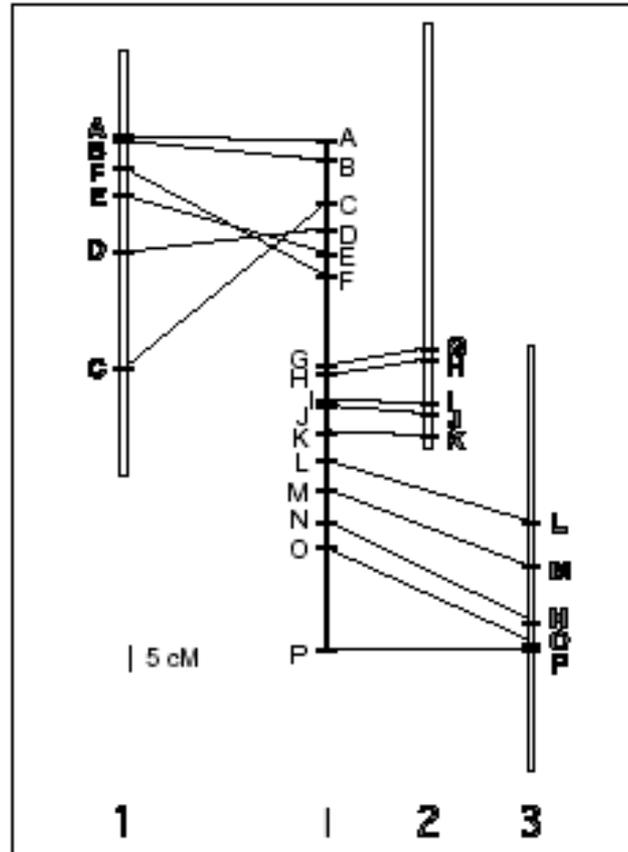
4. Studi di sintenia importanti per le funzioni geniche e per l'evoluzione del genoma



Comparing *Arabidopsis* to other flowering plants

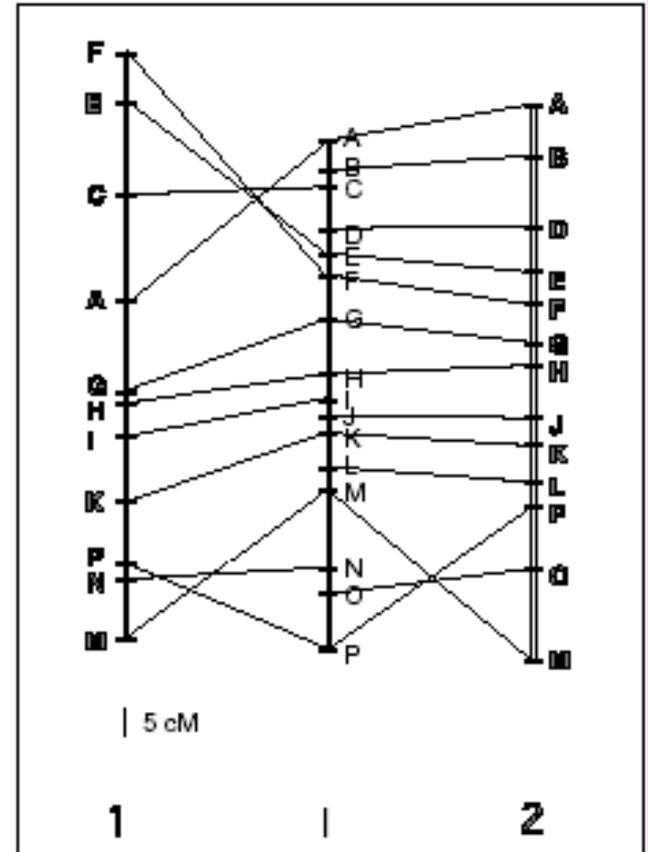


Mappe lineari



Colinearità con diversi
segmenti cromosomici

traslocazioni e inversioni



Confronto tra diploide
e tetraploide

mancano B e N

Pattern di microsintenia

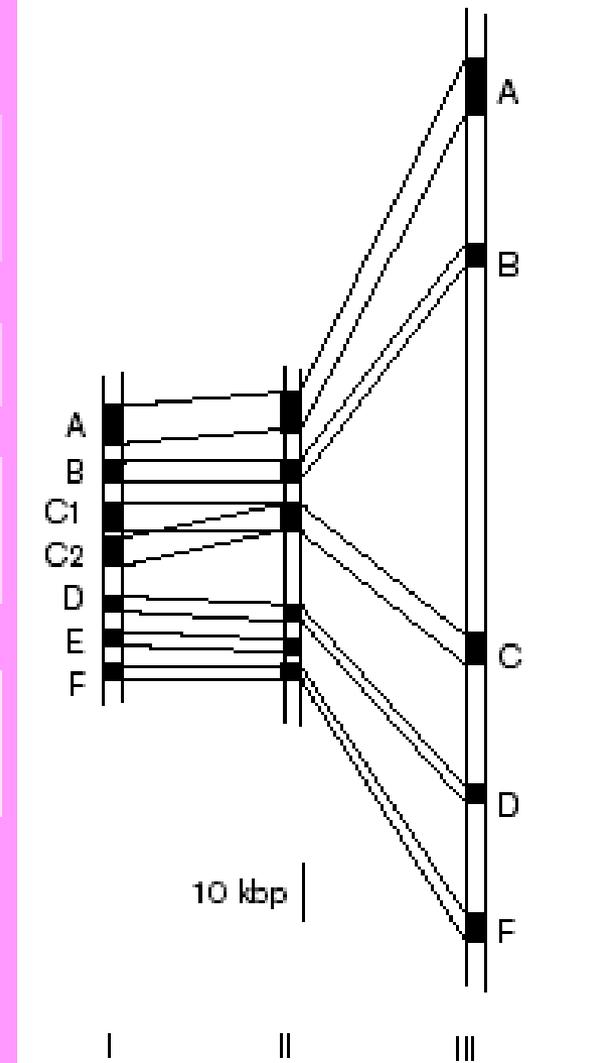
Un'analisi comparativa delle regioni genomiche ortologhe derivate da diverse specie (I-III)

un'elevata conservazione di sequenze geniche

le sequenze intergeniche non mostrano omologie significative

La microsintenia ha messo in evidenza delezioni e duplicazioni di sequenze geniche

Il gene E è deletato nella specie III, mentre la specie I porta due copie del gene C



La comparazione dell'arrangiamento di geni in specie con diverse dimensioni del genoma (II e III), mostra che alcune delle differenze in termini di dimensioni del genoma possono essere attribuite alle diverse dimensioni delle regioni intergeniche

Sintenia con altre brassicaceae

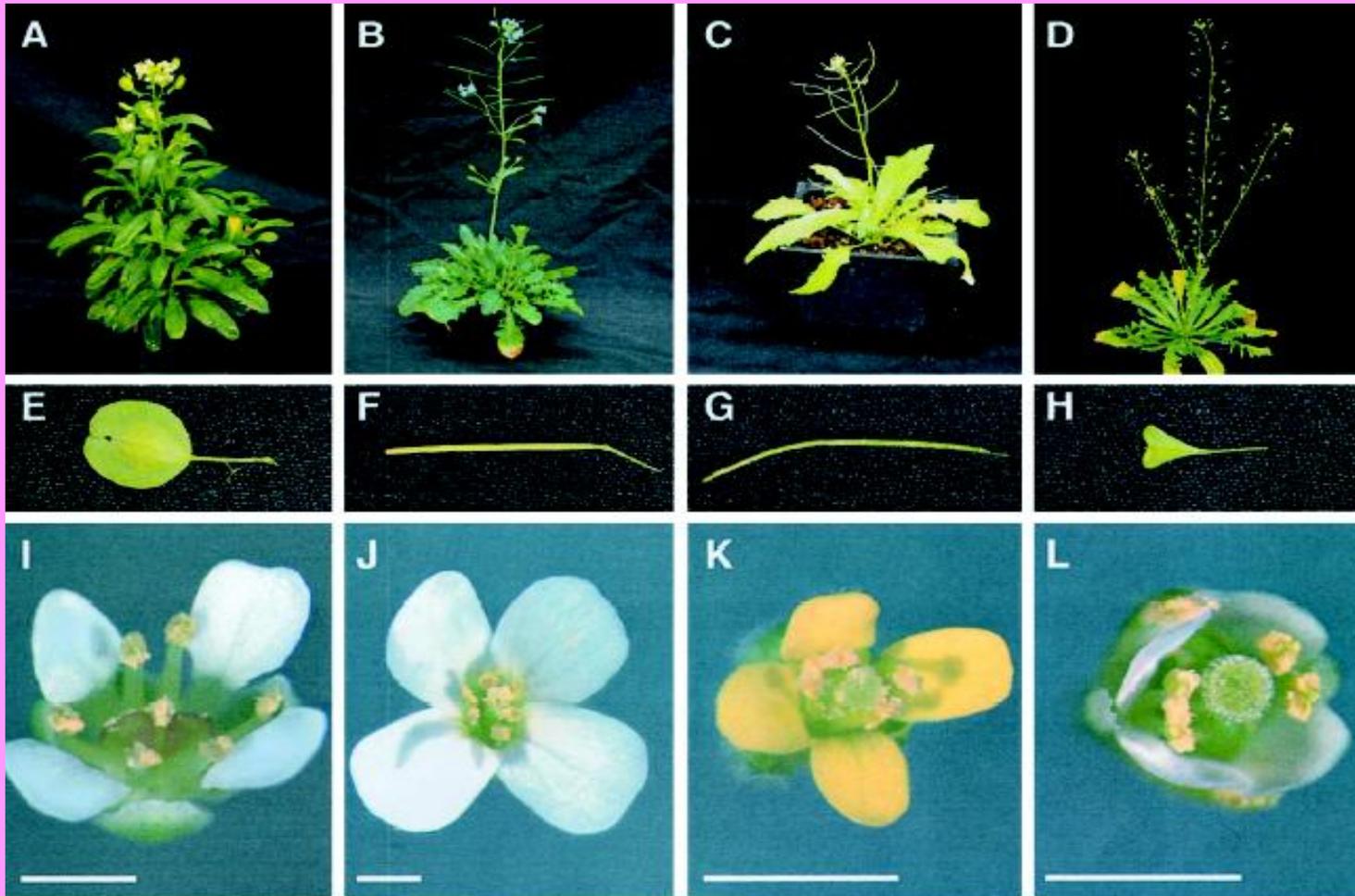
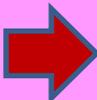


Figure 1. Morphology of several species in the Brassicaceae family. Species left to right include: *Thlaspi arvense*, *Arabidopsis suecica*, *Orlimarabidopsis pumila*, and *Capsella rubella*. A through D, Overall adult plant morphology; plants were grown in 3-inch pots. E through H, Variations in mature fruit shape and size. I through L, Close-up of flowers. Size bars represent 1 mm.

Sequenze codificanti di ortologhi sono conservate 85 %

I genomi delle graminacee

Species	Genome Size	Approx. Gene #	Predicted kb/gene
Barley	4800 Mb	30,000	160
Maize	2500 Mb	50,000	50
Rice	430 Mb	30,000	15
Sorghum	750 Mb	30-50,000	15-25
Diploid Wheat	5300 Mb	30,000	175

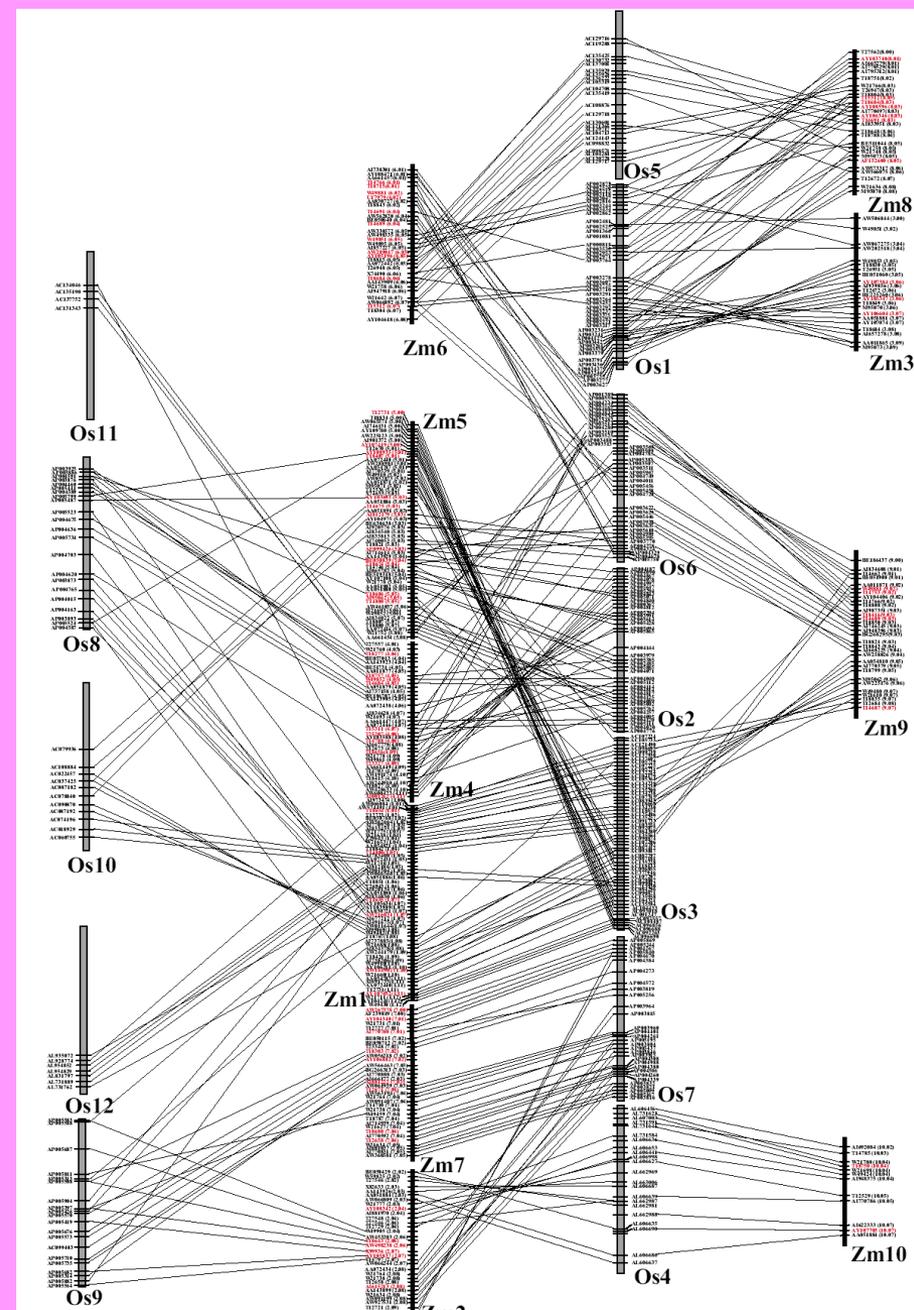
-  **Enormi differenze in termini di dimensioni del genoma dei cereali!**
-  **sono rinvenibili estese regioni di sintenia**
-  **la colinearità tra i genomi è stata mantenuta per più di 60 MILIONI DI ANNI!!!!**

Macrocolinearità tra cromosomi di mais e riso

Sono state usate 2629 ESTs di mais. Il 75% presentava sequenze ortologhe di riso

anche in regioni con elevata colinearità, attraverso processi di mappatura ad elevata risoluzione, si sono visti dei riarrangiamenti

quando un cromosoma di una specie è colineare con più di un cromosoma di un'altra specie, è indice di avvenute traslocazioni



Piccoli segmenti del genoma di riso

confronto

Arabidopsis
cereali

Riso: genoma relativamente stabile

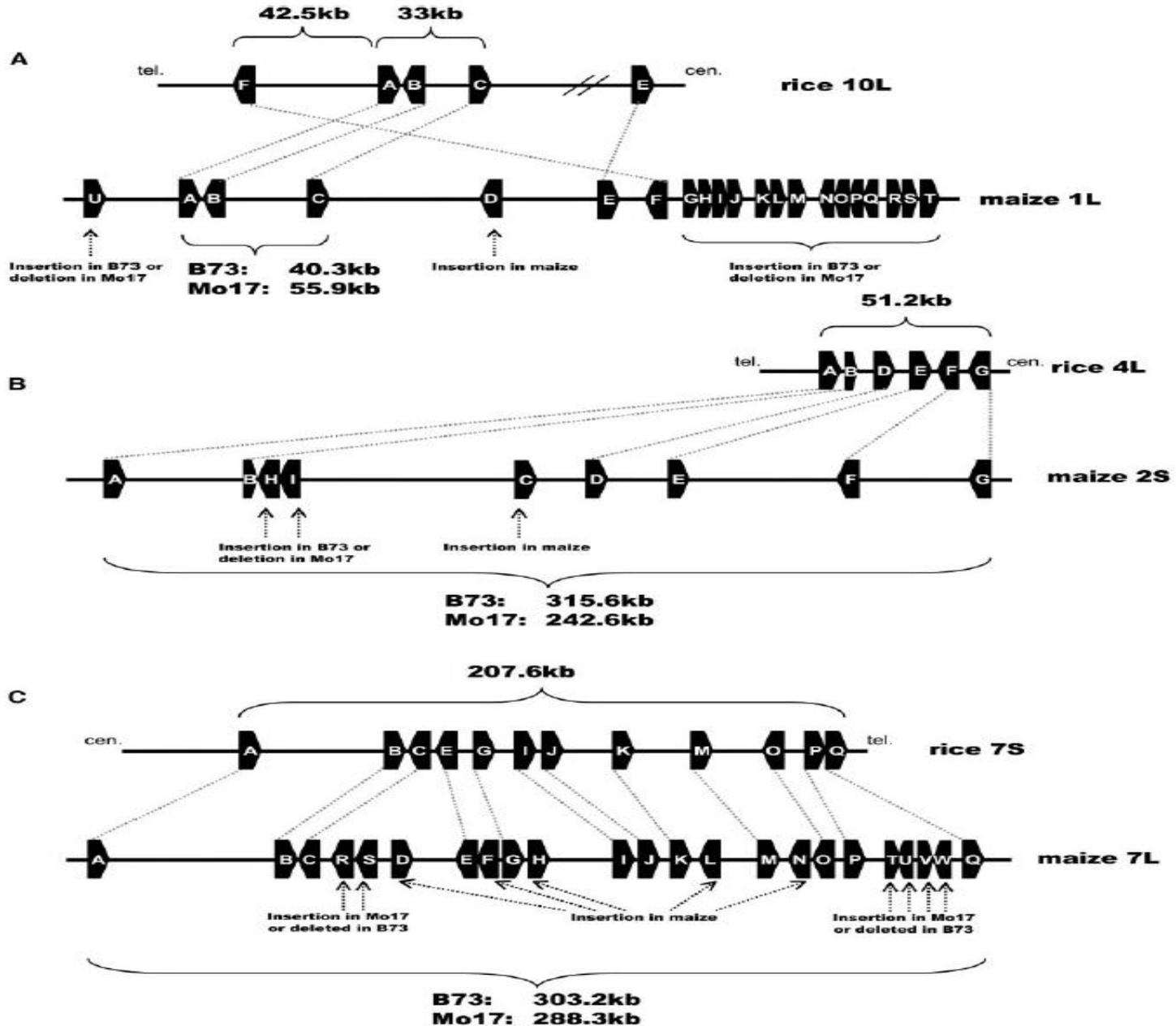
DNA tra i geni dei cereali è molto
variabile ed evolve rapidamente

Geni duplicati in tandem, inversioni, traslocazioni sono
molto comuni

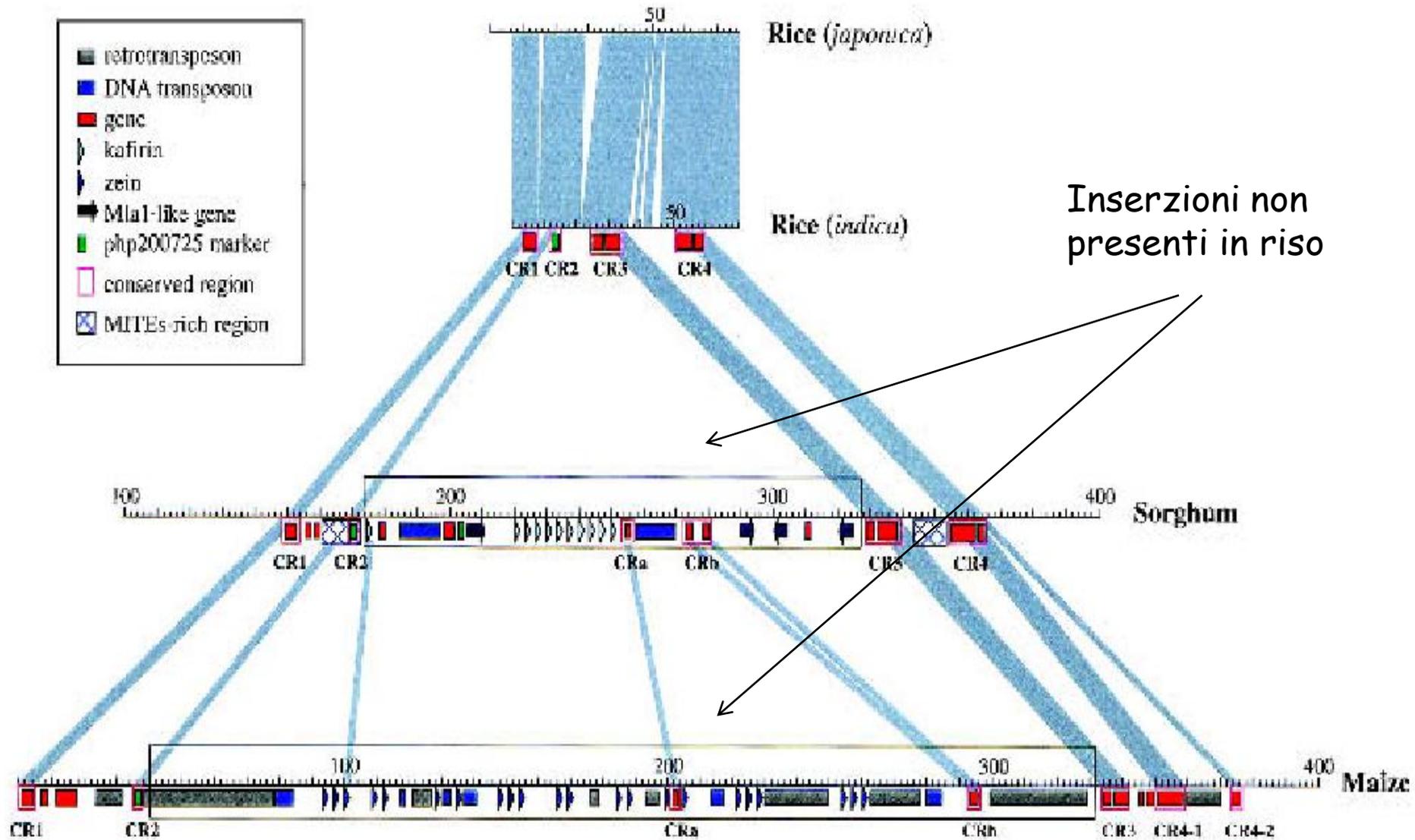


complica il lavoro ma non impedisce di
usare come modello il genoma di riso
per i cereali

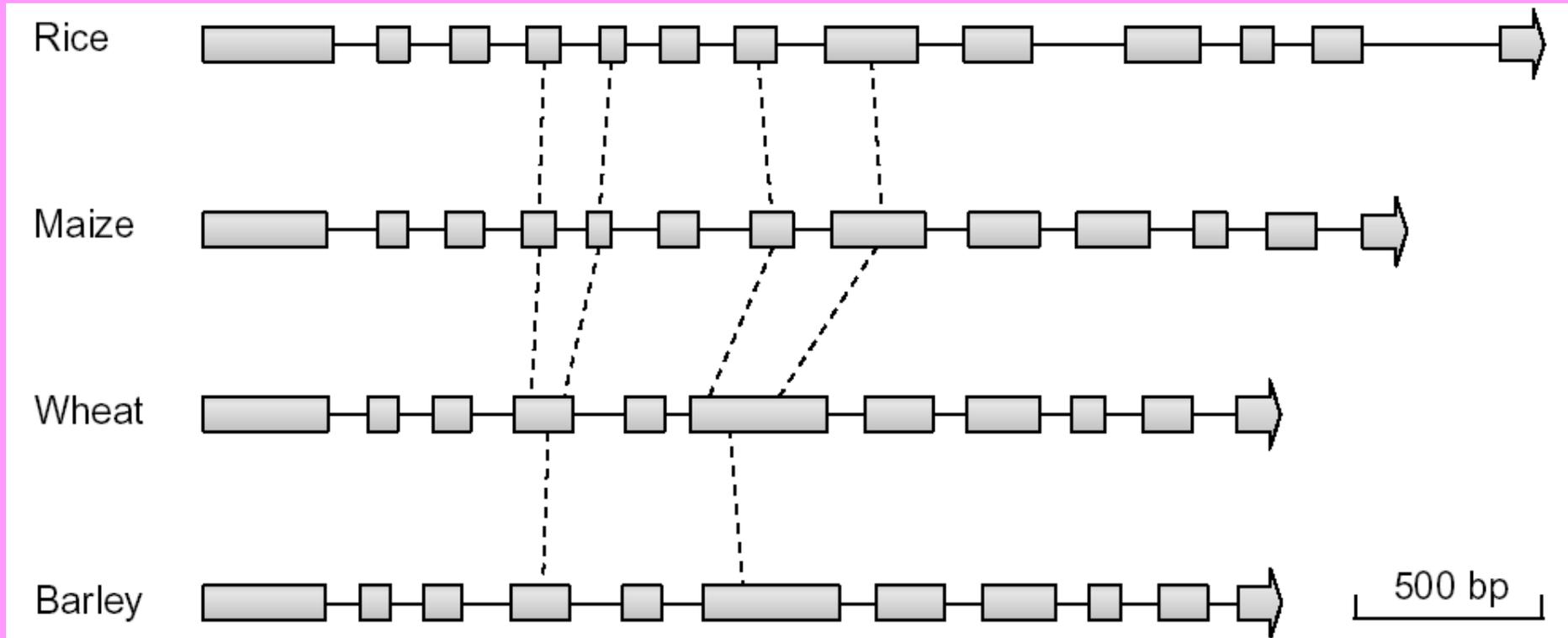
Colinearità tra riso e mais



Confronto di sequenze ortologhe in riso, sorgo e mais



Confronto di sequenze ortologhe in riso, sorgo e mais: l'esempio di *waxy*.



Bennetzen and Ma, 2003

Current Opinion in Plant Biology

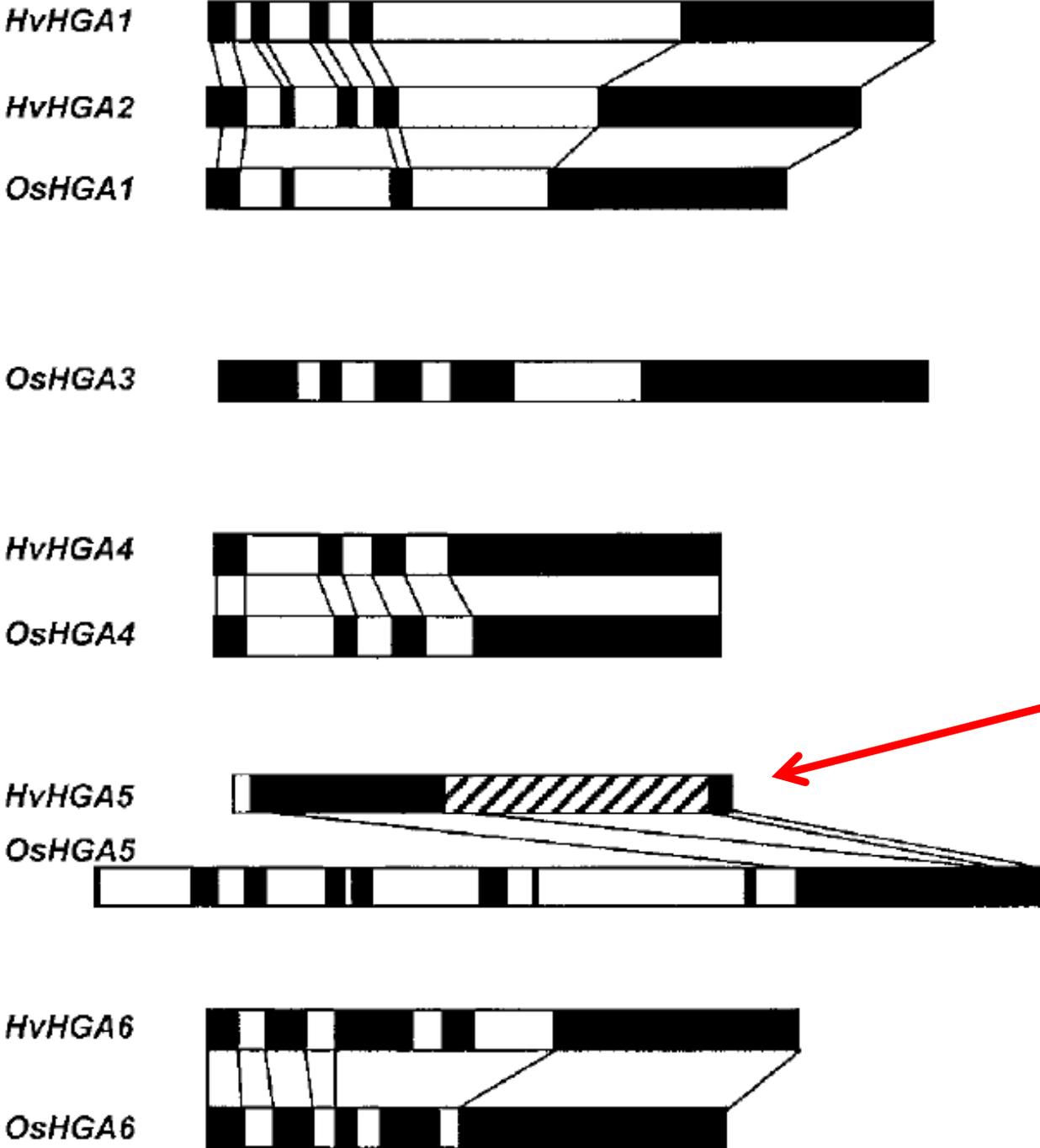
Variabilità nel numero di introni nel gene *waxy* nelle 4 specie

Le linee tratteggiate collegano due esoni in riso e mais che risultano fusi (perdita di introni) in orzo e frumento

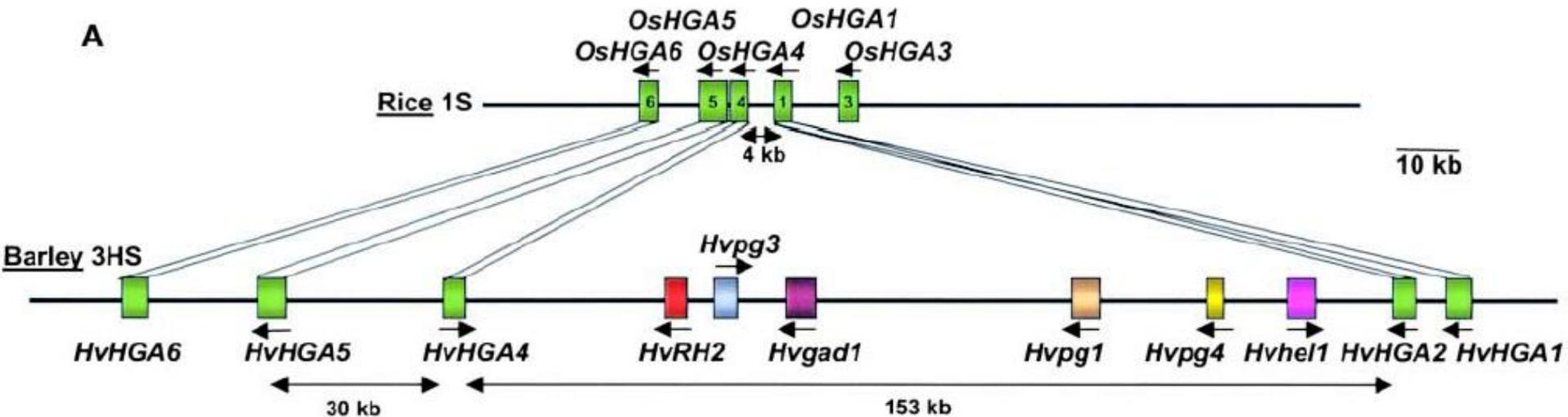
**I geni HGA di riso e orzo
famiglia genica coinvolta
nella resist. a patogeni**

**Solo OSHGA3
non ha ortologi in orzo**

retrotrasposone



Organizzazione della famiglia genica HGA in riso e orzo



La microcolinearità è interrotta da riarrangiamenti tra HGA4 e HGA5 e HGA4 e HGA2

due geni di orzo sono ortologi a OSHGA1, ciò indica:

1. possibile duplicazione ancestrale del genoma di orzo
2. delezione di un paralogo in riso dopo la divergenza evolutiva tra riso e orzo

Utilizzo di sequenze conservate (LRR) in dicot per identificare regioni genomiche e geni R in monocotiledoni

Rapida evoluzione all'interno di ogni specie (riso, orzo, miglio)

Riarrangiamento dei loci di regioni LRR che implica un diverso meccanismo di evoluzione genica rispetto al resto del genoma delle monocotiledoni