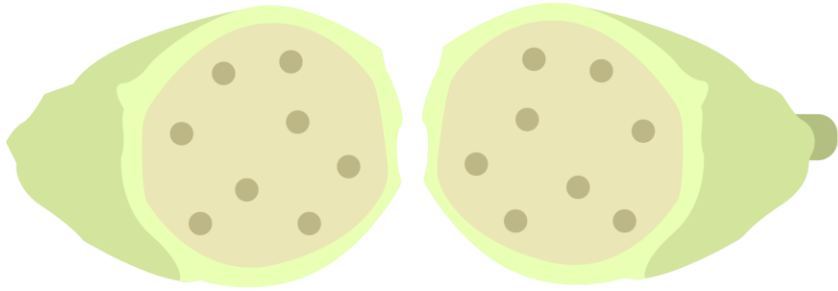
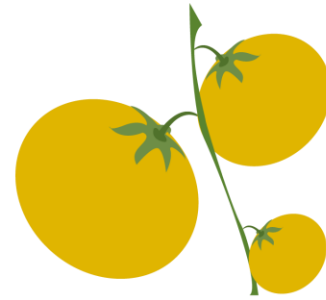


LA DOMESTICAZIONE



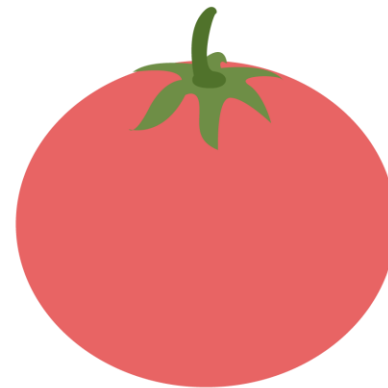
Wild



Wild



Cultivated banana



Cultivated tomato

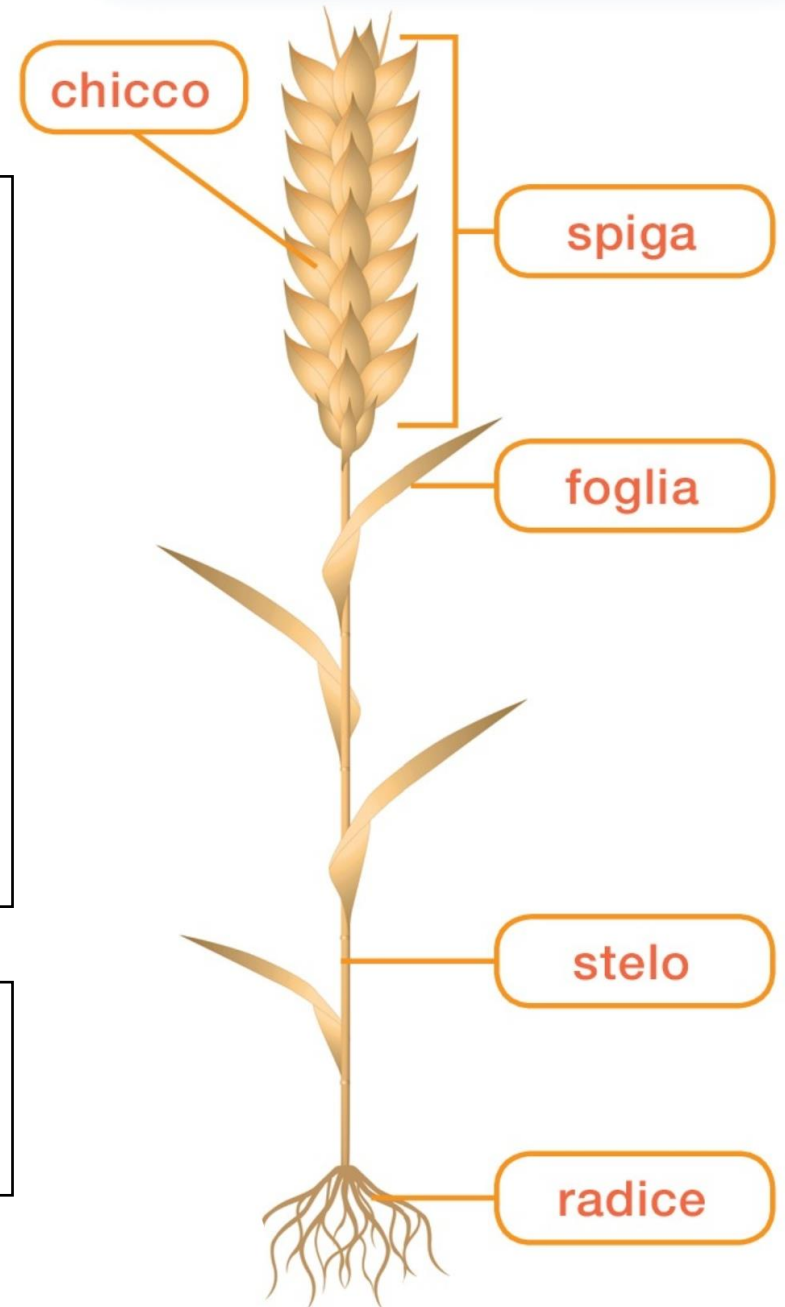
LA DOMESTICAZIONE

E' un processo evolutivo che avviene grazie all'uomo (selezione artificiale). Si tratta di una procedura lenta e graduale in cui viene modificato il corredo genetico di una pianta di fatto agendo sul fenotipo (selezione tratti di interesse).

I caratteri selezionati vengono fissati nel tempo e le popolazioni domestiche acquisiscono tratti ben definiti che si propagano alle generazioni successive e diventano STABILI.

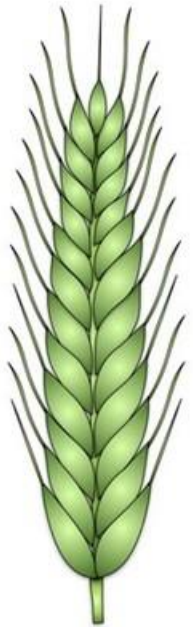
L'addomesticamento delle piante determina la nascita dell'agricoltura: un passaggio graduale ma sostanziale. Non si raccoglie ma si semina! Le piante e gli animali addomesticati guideranno la rivoluzione neolitica e il passaggio da cacciatori-raccoglitori a una società agricola stanziale.

Le Graminacee sono sicuramente le specie che sono state oggetto di domesticazioni primarie. I tratti fenotipici (e genotipici) hanno riguardato l'intera pianta a partire dall'architettura: più spighe, meno foglie, ecc.

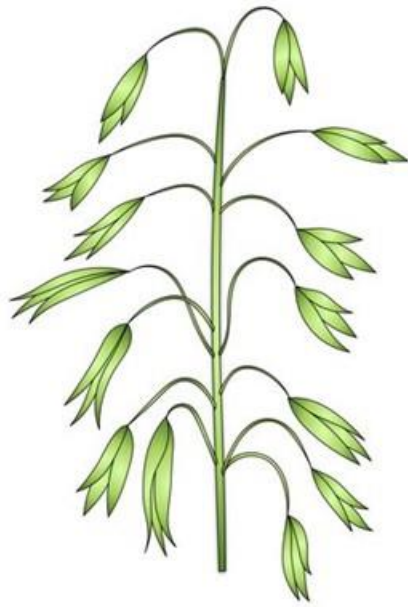


I CEREALI

Infiorescenze e semi subirono profonde modifiche. Le spighe divennero più robuste e capaci di ospitare molti semi. I semi divennero grossi, ricchi di nutrienti e incapaci di lasciare il fiore e quindi facilmente raccogliibili dall'uomo.



Rye



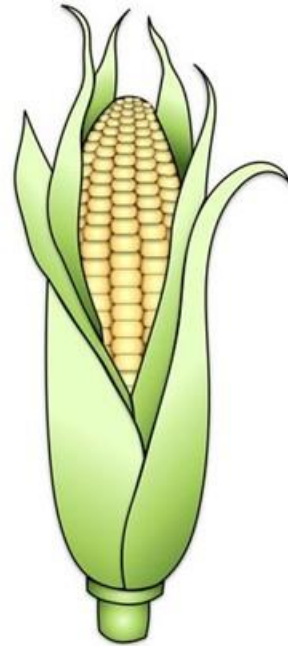
Oats



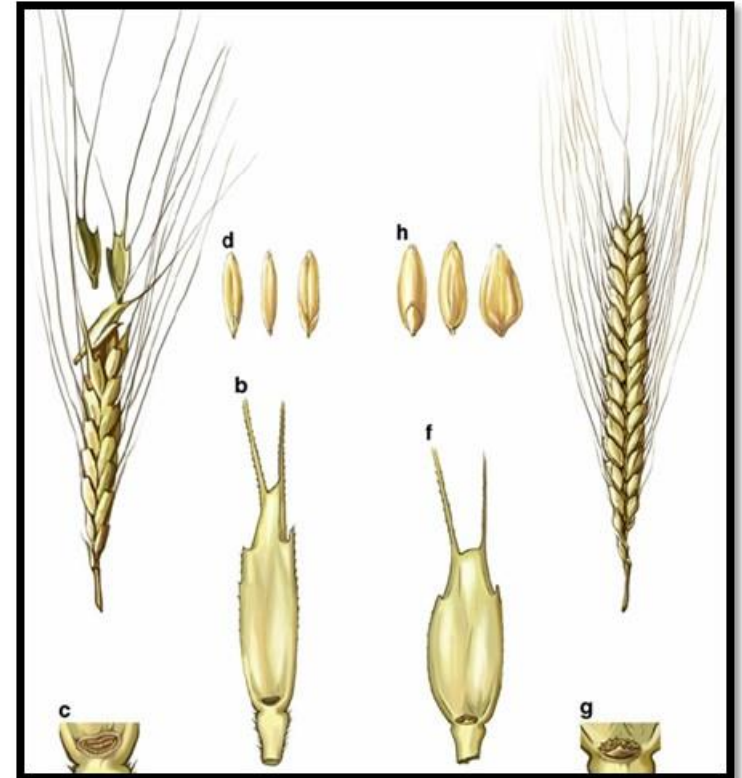
Wheat



Barley



Maize



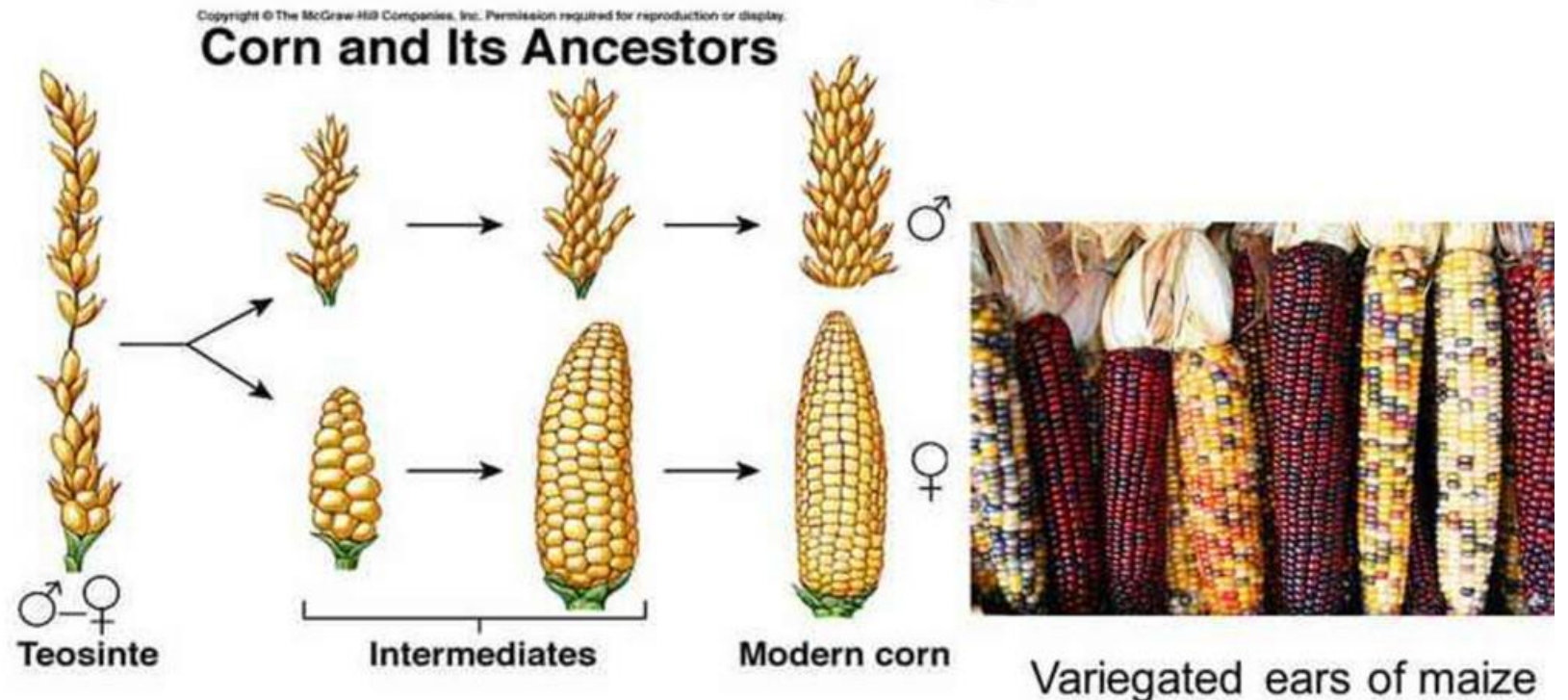
I CEREALI

TRE ELEMENTI ESSENZIALI PER AUMENTARE PRODUTTIVITÀ E QUALITÀ:

- 1) Promuovere autogamia spinta con fiori bisessuati con abbondanza di fiori femminili.
- 2) Rendere le piante più robuste, per ospitare spighe ricche di semi ma al tempo stesso evitare 'sprechi energetici' come infiorescenze maschili laterali che non danno semi!
- 3) Arricchire endosperma del seme di sostanze nutreienti soprattutto amidi.

La domesticazione dei cereali ha dato origine a varietà migliorate per i tratti di interesse. Da qui sono poi state sviluppate le cultivar, frutto di mutazioni spontanee, selezioni, incroci ecc.

Examples of Selective Breeding



PERCHÉ I CEREALI

I cereali si prestano molto bene ad essere modificati dall'uomo per le loro caratteristiche strutturali:

- 1) Fanno molti semi e quindi permettono raccolti abbondanti.
- 2) Hanno cicli vitali brevi e sistemi riproduttivi efficienti. Questo garantisce raccolti in tempi brevi ma anche un buon rimescolamento genetico e quindi biodiversità da selezionare.
- 3) I genomi di molti cereali ancestrali sono diploidi e quindi permettono incroci, selezioni, segregazioni ecc.



IL FRUMENTO: UNA LUNGA STORIA

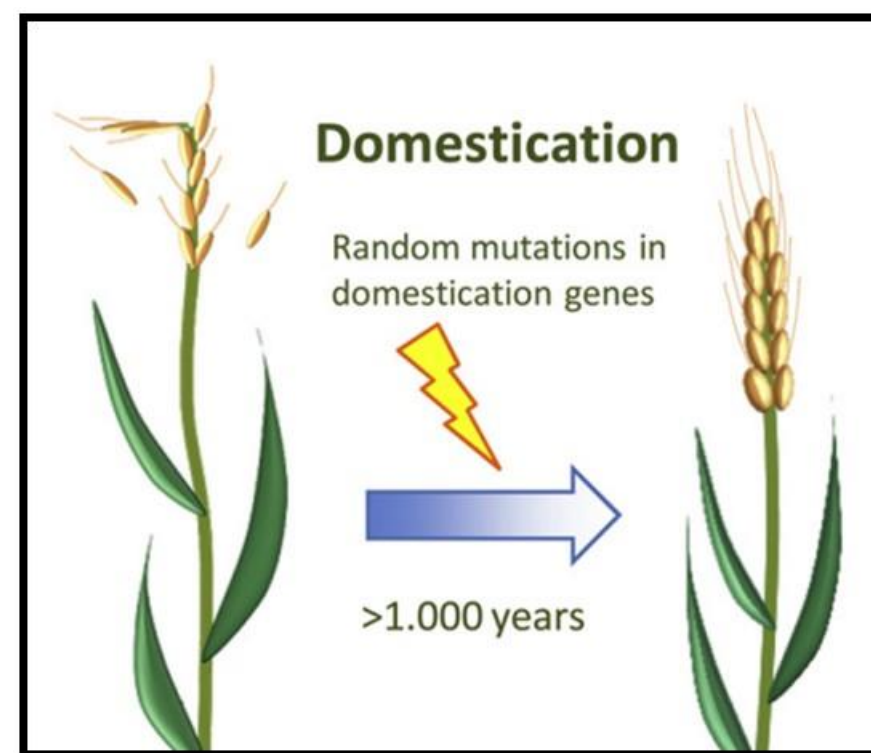


Il frumento selvatico ha spighe con rachide fragile e spighe che si disarticolano e cadono facilmente una volta giunte a maturazione.

MOTIVAZIONE: favorire la dispersione del seme e quindi della specie.

Le cultivar domestiche presentano invece un rachide robusta e semi non disperdibili. Le varietà coltivate sono quindi totalmente dipendenti dalla semina artificiale.

MOTIVAZIONE: raccogliere i semi/frutti ricchi di nutrienti. Sincronizzare crescita, maturazione e raccolta del frutto.

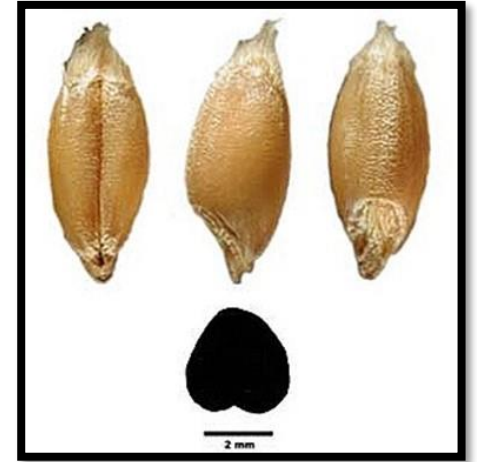
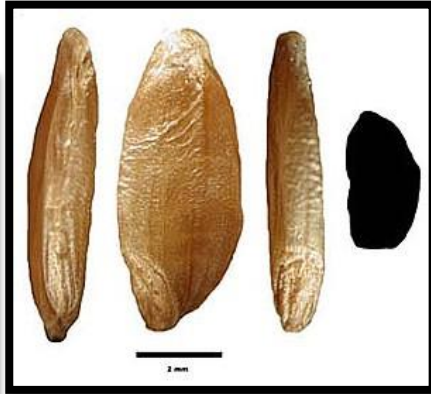


Domestication targets:

- plant height
- spike density
- grain size
- seed shattering
- free threshing
- seed number
- brittle rachis

IL FRUMENTO: PLOIDIA E DIMENSIONI

Quando parliamo di frumento parliamo di diverse specie appartenenti al genere *Triticum*.



Triticum monococcum o farro piccolo

Farro piccolo o farragine si caratterizza per spiga fragili, eretta a maturità, distica e compressa lateralmente. Le spighe hanno glume consistenti (lemma aristato; palea membranosa) e racchiudono 1-2 cariossidi schiacciate. Era coltivato nel neolitico e oggi utilizzato per il miglioramento genetico degli altri farri.

Diploide ($2n = 2x = 14$)

Triticum dicoccum o Farro Medio

Culmo consistente, spiga compatta, mediamente aristata. Le spighe appiattite, pendenti a maturità, contengono di norma 2 a volte 3 cariossidi. È stato ampiamente coltivato in antichità ed è il più importante cereale dell'antico Egitto.

Tetraploide ($2n = 4x = 28$)

FRUMENTO: PLOIDIA E DIMENSIONI

L'uomo scoprì che incrociare specie affini poteva portare ad un aumento di dimensione o comunque alla selezione di tratti di interesse delle due specie. Il frutto di questo processo fu la nascita dei frumenti nudi, come il frumento tenero, il frumento duro e simili (*Triticum aestivum*, *Triticum durum*, *Triticum turgidum*). Semi/Frutti sono generalmente più grossi ed in numero maggiore per spiga!



T. aestivum, *T. dicoccum*, *T. monococcum*



T. aestivum – *T. durum*

Il frumento duro (*T. durum*) si differenzia dal tenero (*T. aestivum*) per avere spiga lateralmente compressa, anziché quadrata, cariosside più grossa (45-60 mg), rachide rigido che non disarticola a maturazione e i semi che sono liberi dalle glume, ovvero dagli involucri fiorali che li avvolgono. Il grano duro attraverso la trebbiatura rilascia seme libero.

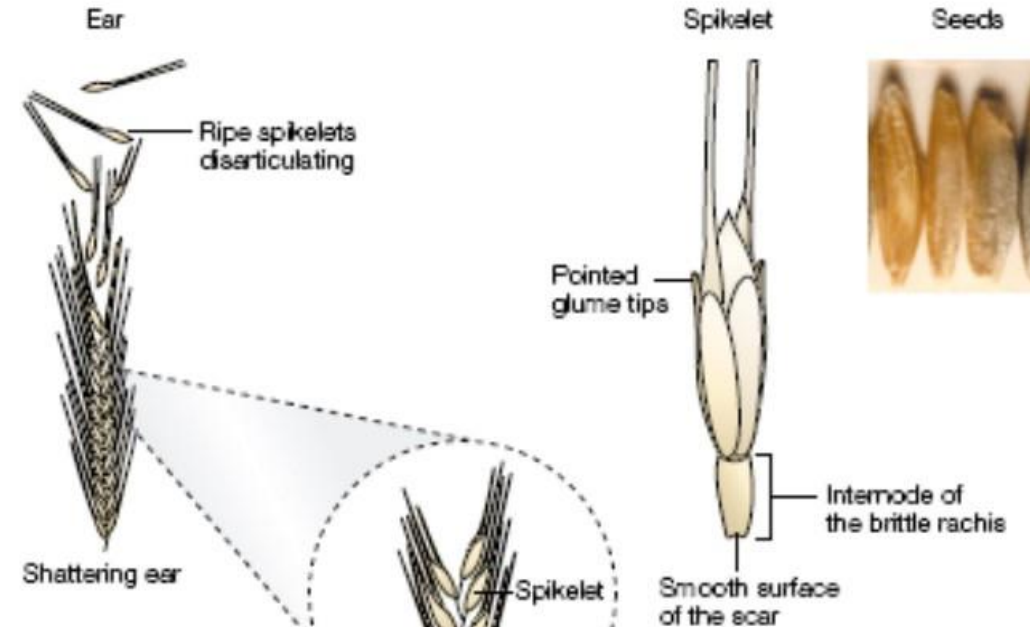
FRUMENTO: LA STORIA

Il primo evento di domesticazione avrebbe portato a trasformare il *Triticum boeoticum* nella specie domestica diploide *Triticum monococcum*. L'evento sarebbe avvenuto nell'attuale Turchia dove il *T. boeoticum* cresceva spontaneamente.

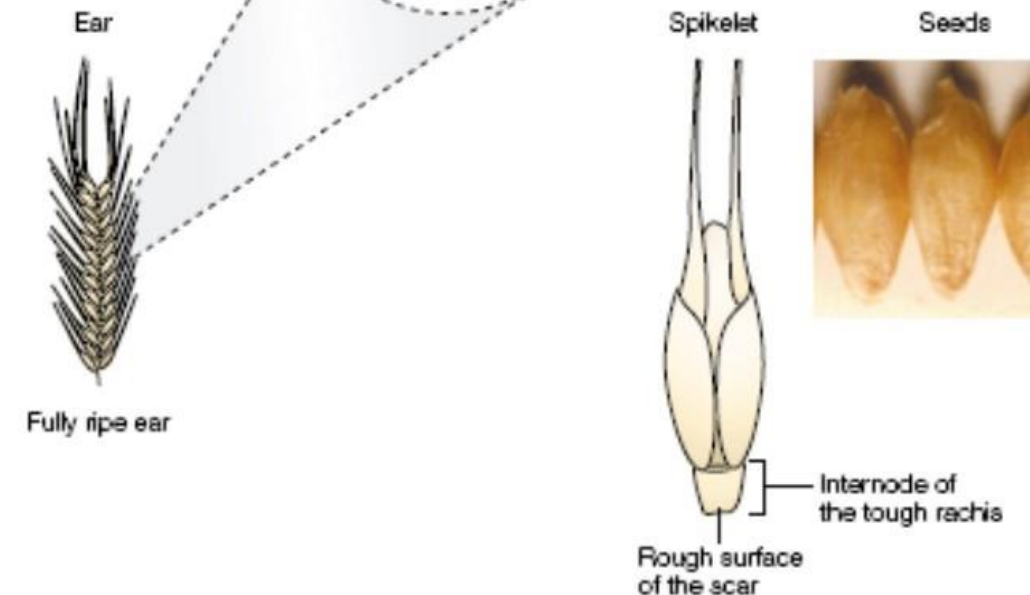


Il *T. monococcum* è una specie poco produttiva ma rispetto al *T. boeoticum*, la spiga rimane compatta, i semi non si disperdono ed il rachide è più robusto.

a Wild *T. boeoticum*



b Domesticated *T. monococcum*



FRUMENTO: LA STORIA

Questo primo evento di domesticazione avrebbe modificato specifici loci genetici capaci di regolare:

- Dimensione dei semi-frutti
- Rigidità del rachide
- Morfologia delle brattee



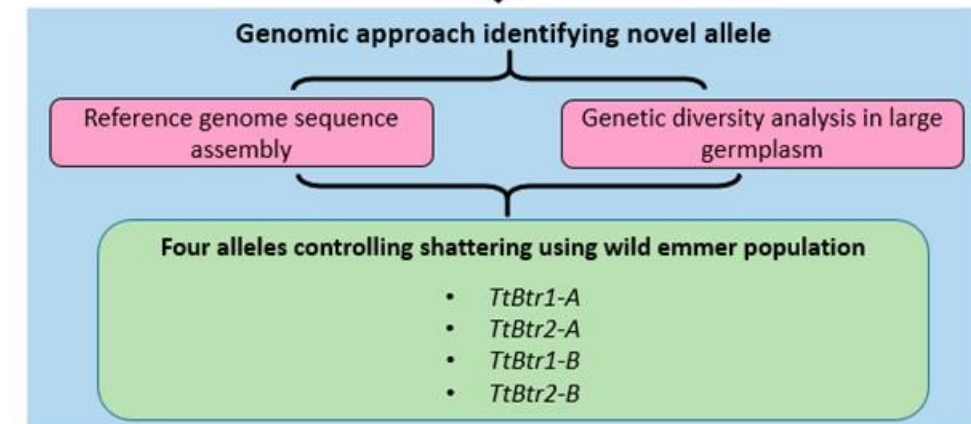
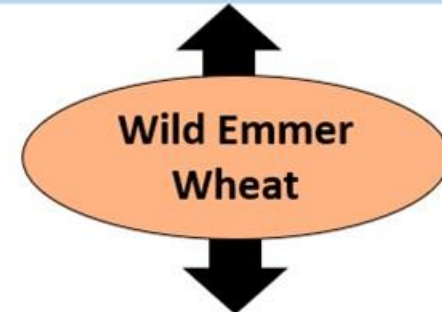
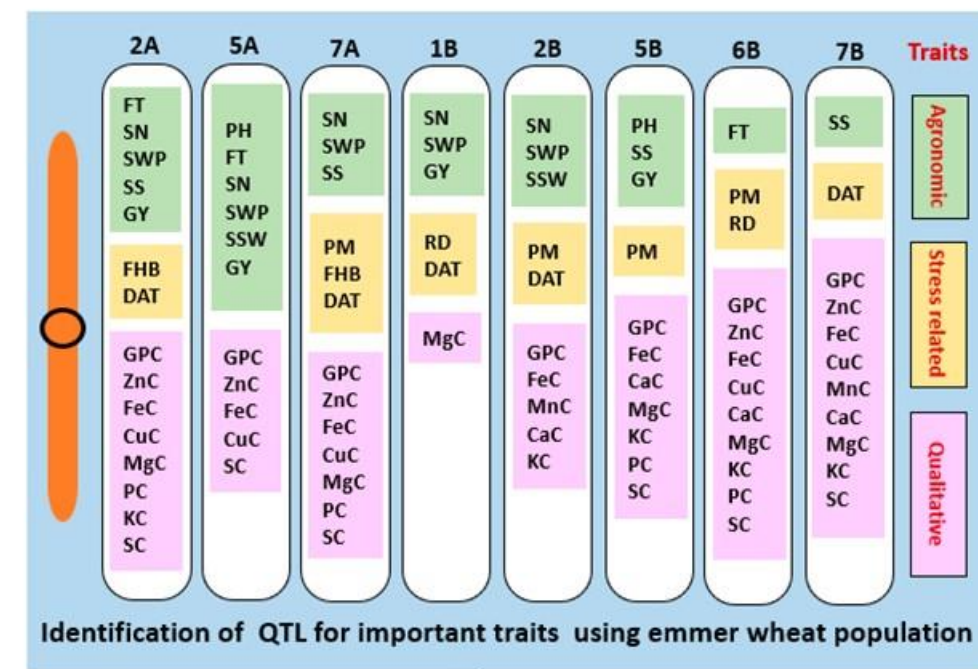
Triticum boeoticum



Triticum monococcum

I QTL associati ai diversi tratti sono stati studiati e in alcuni casi sono anche state individuate varianti alleliche di geni target per specifiche strutture/funzioni.

Ref. Rahman, S., Islam, S., Yu, Z., She, M., Nevo, E., & Ma, W. (2020). Current progress in understanding and recovering the wheat genes lost in evolution and domestication. *International journal of molecular sciences*, 21(16), 5836.



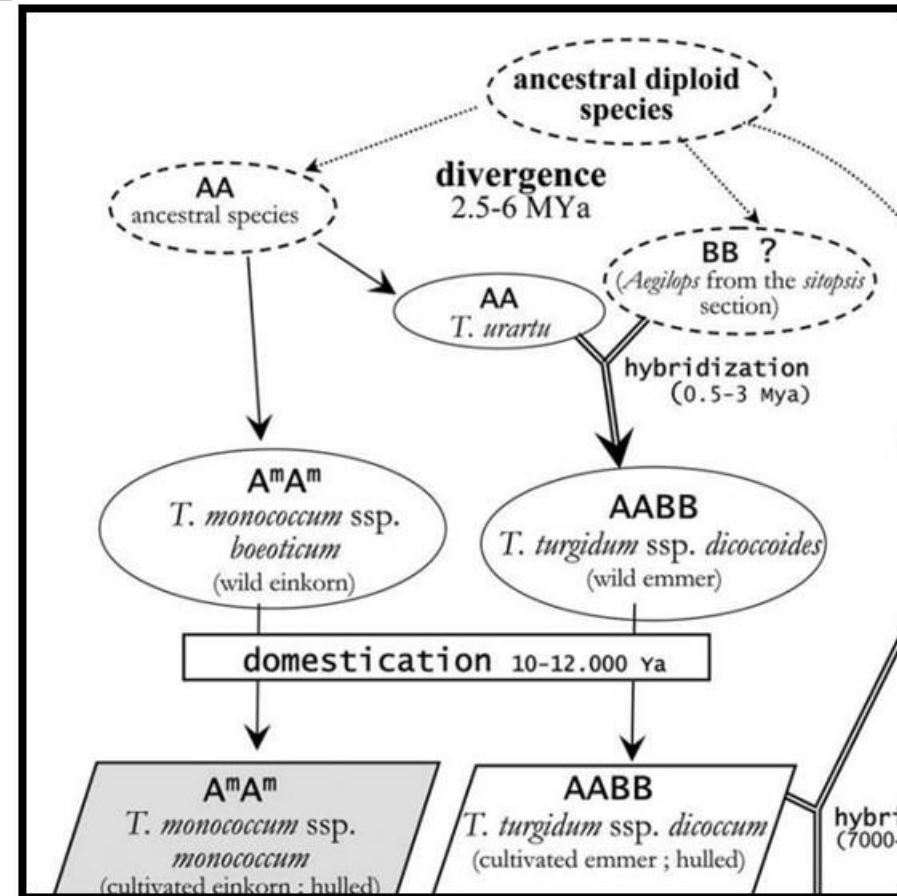
FRUMENTO: LA STORIA

Sebbene *Triticum monococcum* fosse coltivabile e garantisse raccolti annuali, le rese erano comunque modeste. I semi sono piccoli e le spighe distiche. Reperti archeologici suggeriscono che questa specie fu parzialmente abbandonata nell'età del Bronzo in seguito allo sviluppo di eventi di poliploidizzazione che portarono al *T. turgidum ssp. dicoccoides* (tetraploide).



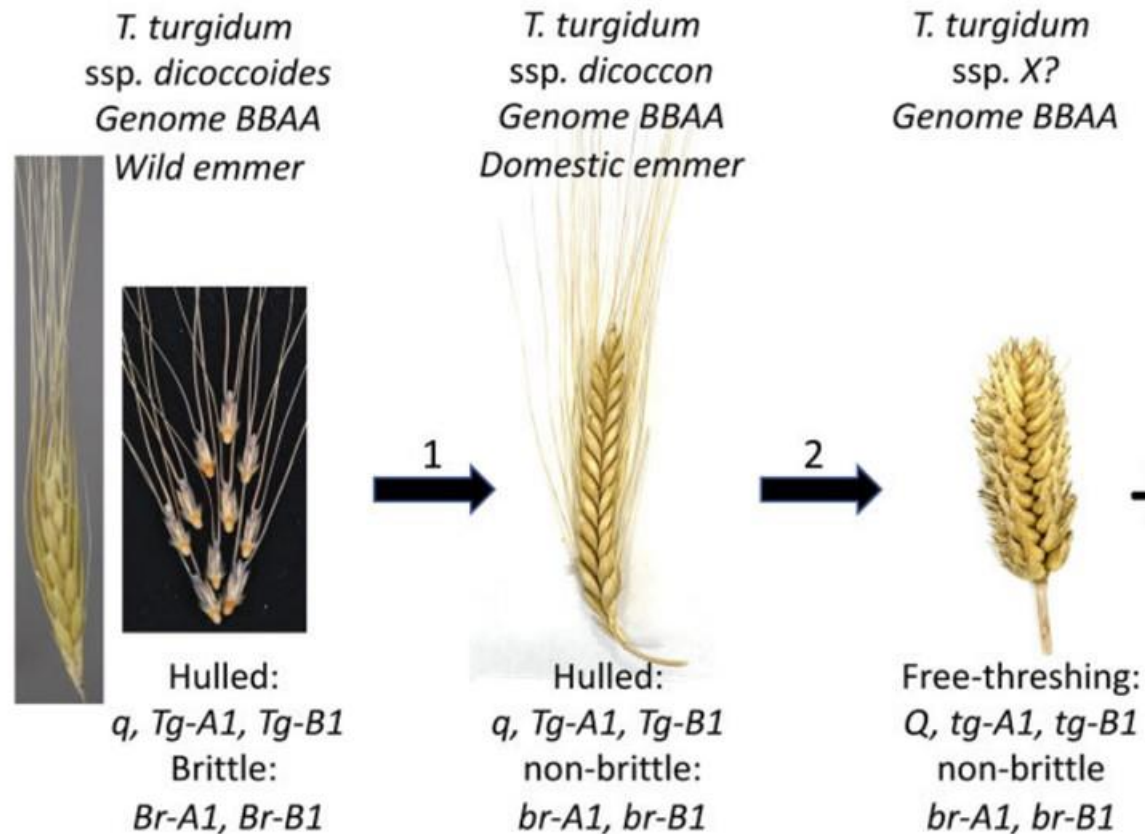
Alcuni autori suggerirono che temperature più elevate favorirono lo sviluppo di fenomeni di ibridazioni tra specie selvatiche (più o meno affini) che andarono a produrre piante con spighe più consistenti, brattee meno "protettive" e semi con dimensioni maggiori.

T. turgidum ssp. dicoccoides è un frumento tetraploide formato dall'ibridazione di due erbe selvatiche diploidi, *Triticum urartu*, strettamente imparentato con il monococco selvatico (*T. boeoticum*) e una specie del genere *Aegilops* non ancora nota.



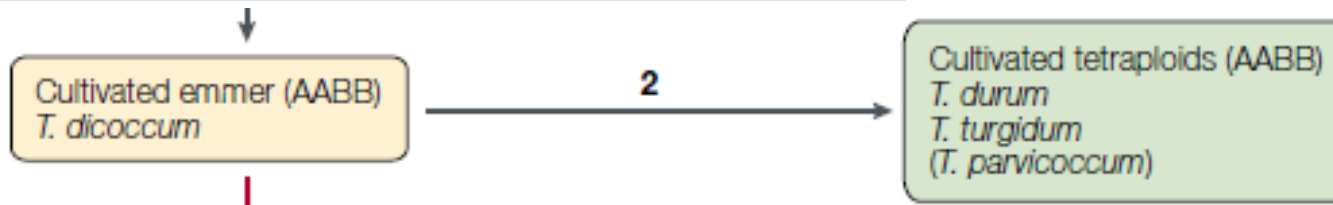
FRUMENTO: DOPPIA DOMESTICAZIONE

Possiamo affermare che il frumento è stato domesticato 2 volte...la prima con *T. monococcus* e la seconda **INDIPENDENTE DALLE PRIMA**, partendo da altre specie ha portato ad una specie TETRAPLOIDE ovvero il *T. turgidum ssp. dicoccoides*.

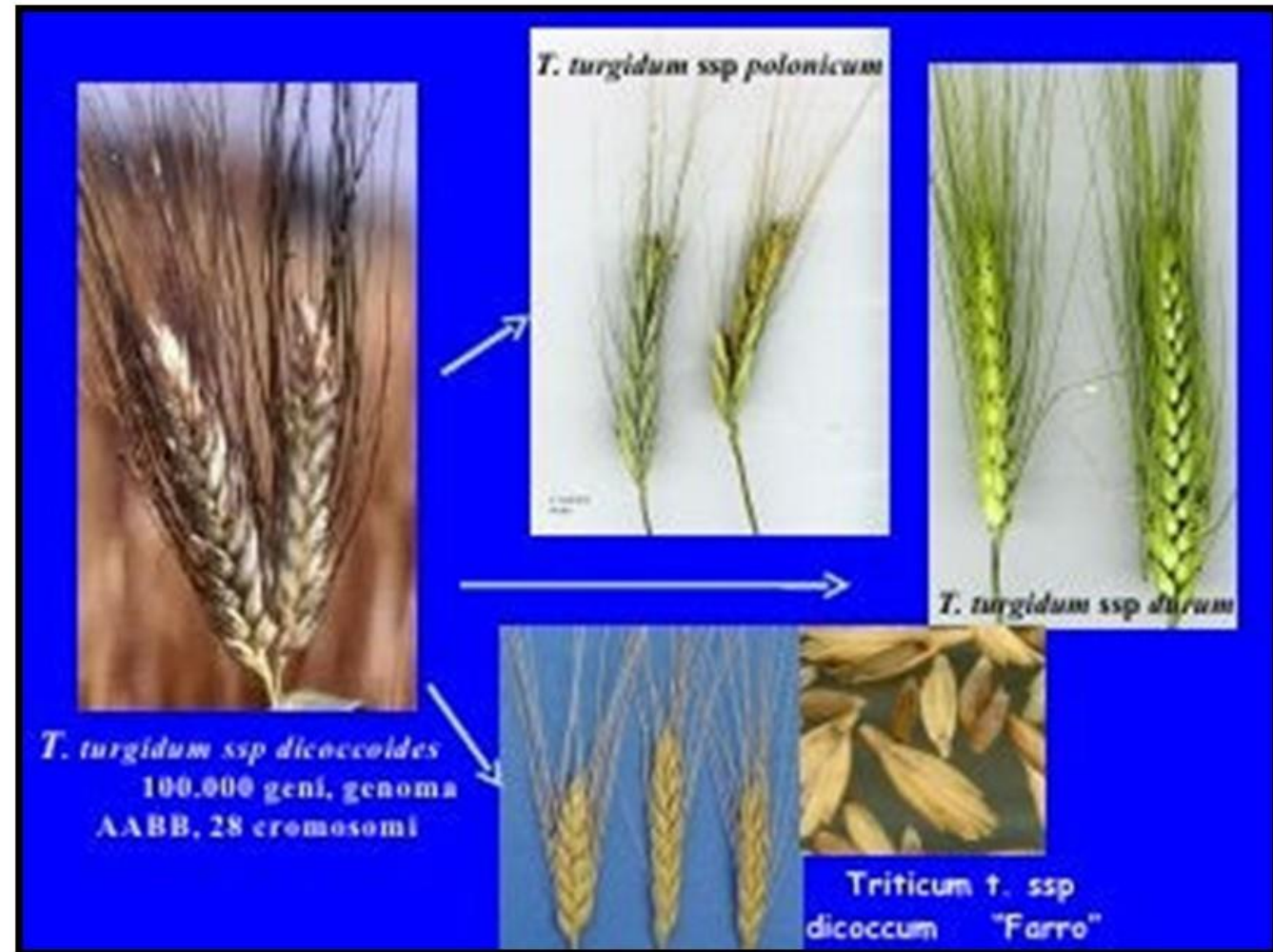
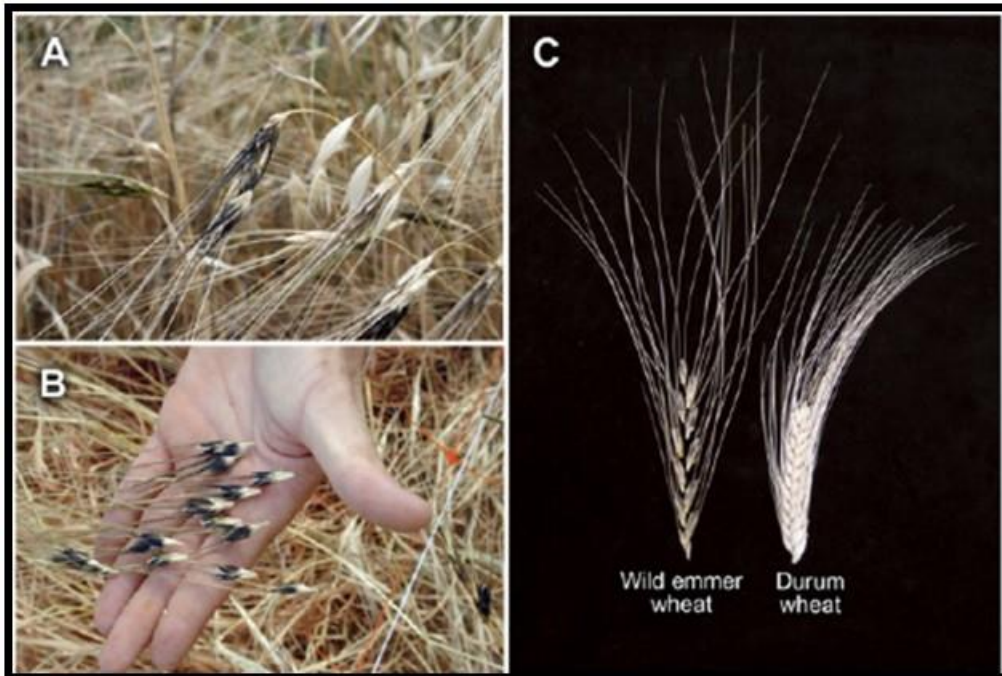


All'incrocio 'fortunato' seguirono ulteriori modificazioni che interessarono soprattutto QTL legati alla struttura del rachide. Si passò quindi alla *ssp. dicoccon* con rachide molto più robusto e di dimensioni maggiori. Si ipotizzano ulteriori modificazioni legate soprattutto alla copertura del seme (glume) che sarebbero diventate sempre meno consistenti e avrebbero facilitato la trebbiatura.

FRUMENTO: LE PRIME CULTIVAR

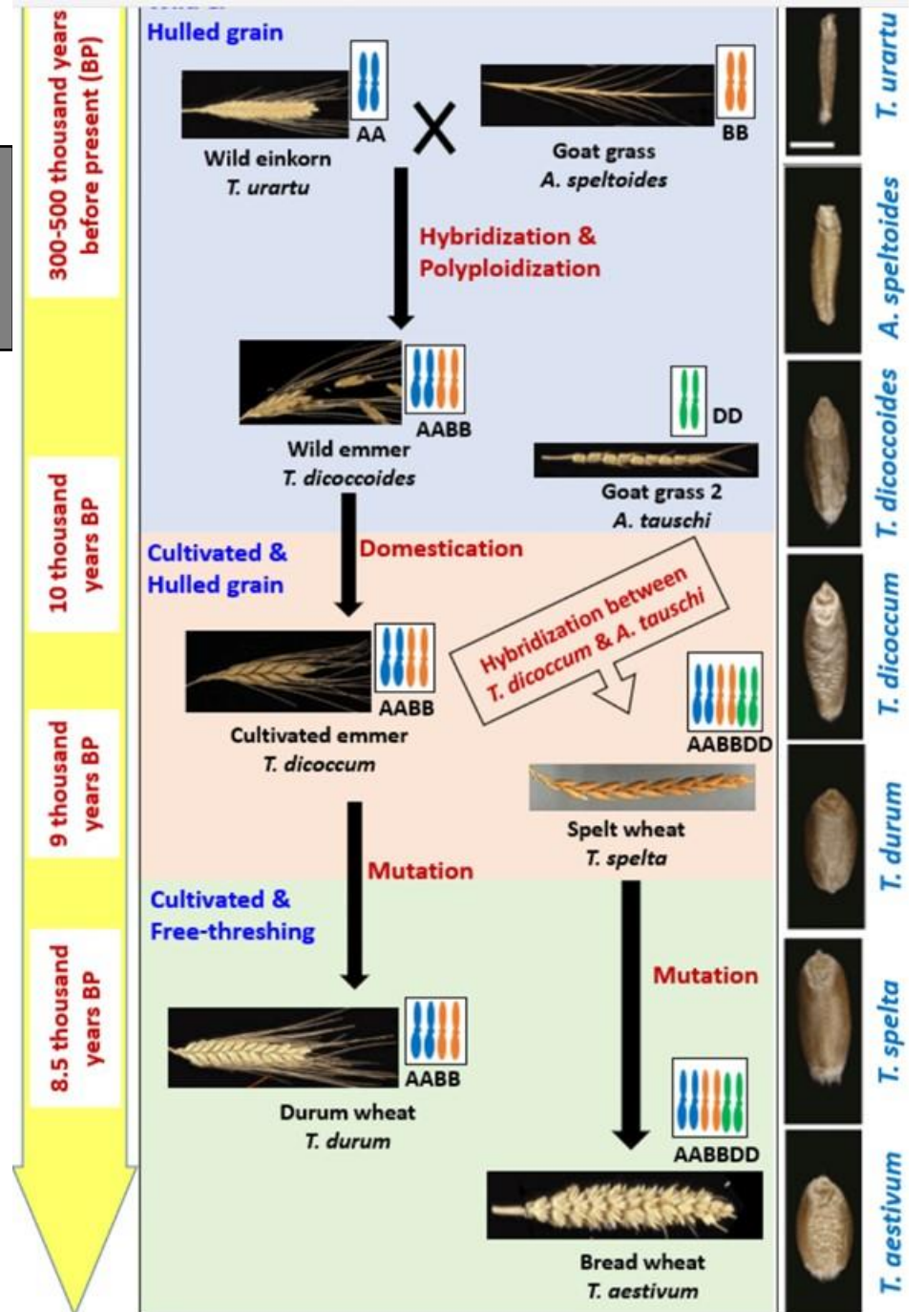
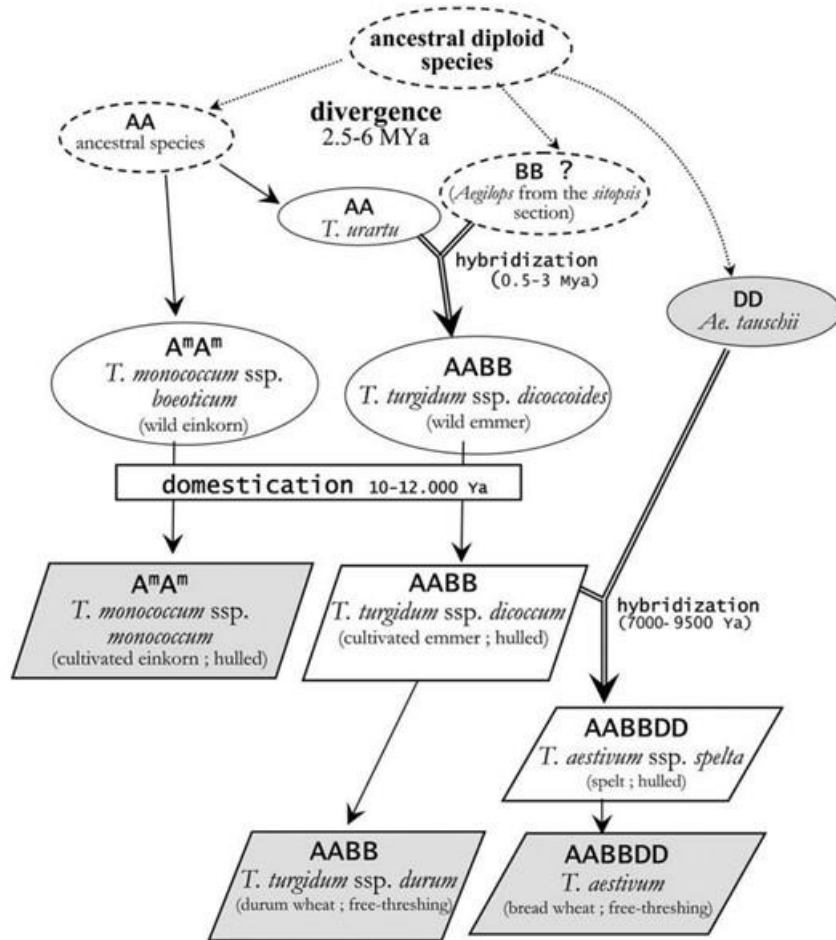


Senza aumentare i livelli di ploidia ma attraverso incroci e selezioni si generarono varianti del *T. turgidum* ssp. *dicoccoides* tra cui appunto la ssp. *dicoccon* e altre varietà affini con tratti unici. Questo è l'inizio della generazione delle cultivar di frumento.



FRUMENTO: L'UTLIMA TAPPA

Le varietà tetraploidi sono ancora oggi coltivate ma la poliploidizzazione offre l'opportunità di aumentare le dimensioni dei frutti-semi.



La nascita degli 'esaploidi' la si deve nuovamente a incroci con specie affini come *A. tauschii*. Si generarono sia le cosiddette forme vestite (Spelta) che nude (*Triticum aestivum*).

I genetisti concordano con l'idea che *A. tauschii* portò alcuni QTL che controllano la tenacia della glume, la fragilità del rachide, la lunghezza della punta, l'altezza della pianta ecc.

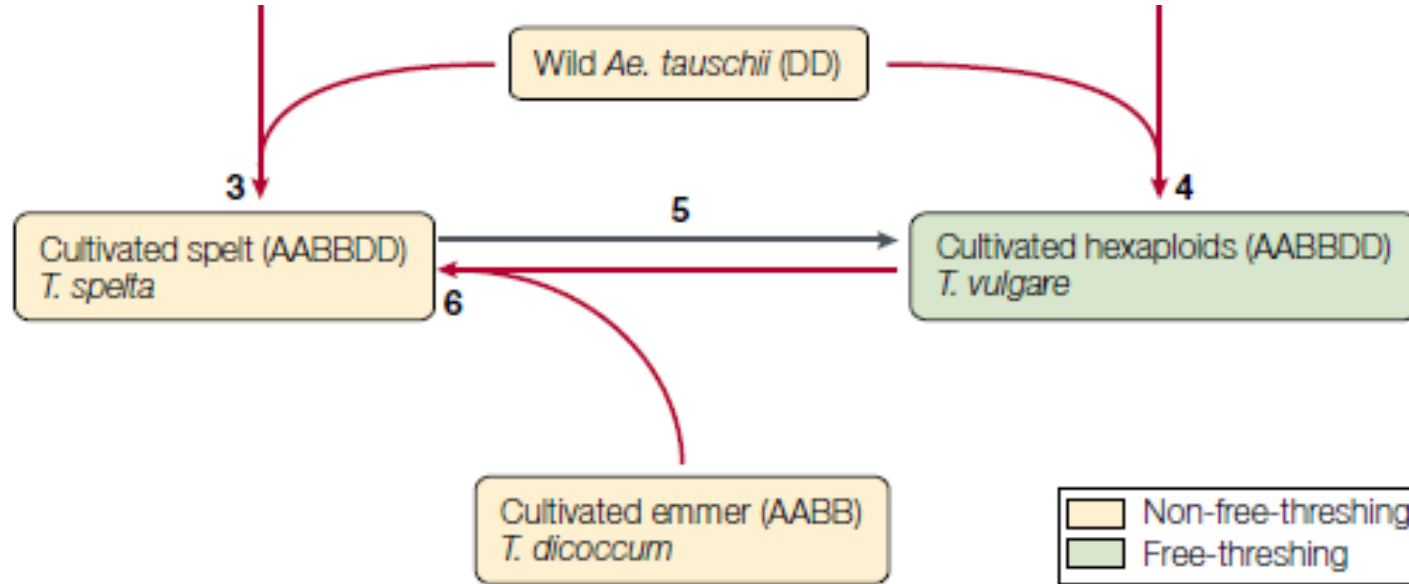
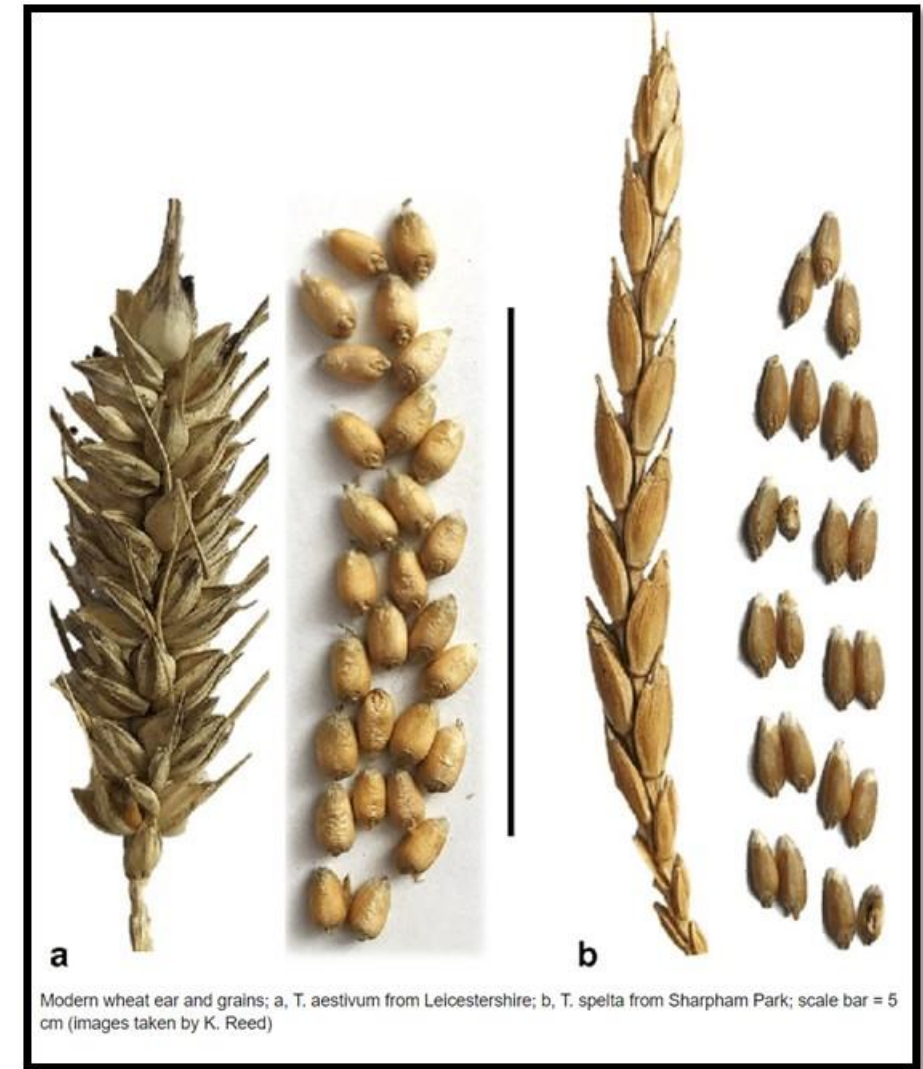


Figure 4 | **Models for the evolution of polyploid wheats under cultivation and domestication.** The red arrows indicate hybridization events; the black arrows show domestication events (see text for details). *Ae.*, *Aegilops*; *T.*, *Triticum*.



Non si esclude la partecipazione di altri 'genomi' e il re-incrocio che avrebbe potuto portare alla fissazione di determinati tratti.

ALLA RICERCA DEI QTL O GENI CHIAVE

L'identificazione DI GENI – tratti GENICI o QTL collegati agli elementi della domesticazione ha suscitato grande interesse per i breeder, che hanno sviluppato mappe genetiche e marcatori specifici per seguire gli incroci. Come già detto molti caratteri NON sono determinati da singoli geni quindi è difficile individuare i tratti genetici determinanti.

Genetical Research (2002), **80:2**:131-143 Cambridge University Press
Copyright © 2002 Cambridge University Press
doi:10.1017/S001667230200575X

Molecular linkage map of Einkorn wheat: mapping of storage-protein and soft-glume genes and bread-making quality QTLs

B. TAENZLER ^{a1}, R. F. ESPOSTI ^{a2}, P. VACCINO ^{a2}, A. BRANDOLINI ^{a2}, S. EFFGEN ^{a1}, M. HEUN ^{a3}, R. SCHÄFER-PREGL ^{a1}, B. BORGHI ^{a4}
and F. SALAMINI ^{a1} [✉](#)

^{a1} Max-Planck Institut für Züchtungsforschung, Carl-von-Linné-Weg 10, D-50829 Köln, Germany

^{a2} Istituto Sperimentale per la Cerealicoltura, Via Mulino 3, 26866 S. Angelo Lodigiano, Lodi, Italy

^{a3} Agricultural University of Norway, Department of Biotechnology, N-1432 As, Norway

^{a4} Istituto Agrario di San Michele, 38010 San Michele all'Adige, Italy

Abstract

Two molecular maps of *Triticum monococcum* L were produced and integrated. The integrated map includes a total of 477 markers, 32 RFLPs, 438 AFLPs, one morphological (*soft glume* (*Sog*)) and six storage-protein markers, and covers 856 cM. The trait *Sog* with the recessive allele *sog* maps to linkage group 2S. Probably this is the *T. monococcum* homologue of *Tg* and *Tg2* in hexaploid and tetraploid wheats, respectively. Loci coding for seed storage proteins were allocated to chromosomes 1L (*HMW GLU1,2* and *Glu1*), 1S (*LMW GLU6,7*, *LMW GLU1-4*, ω *GLI1-4*, γ *GLI5* and *Gli-1*) and 6L (α/β *GLI7-14*). Parameters related to bread-making quality (SDS sedimentation volume, specific sedimentation volume (SSV) and total protein content) were studied in one of the two populations. A QTL that is consistently present across environments was detected for SDS sedimentation volume and for SSV. The position of the QTL on chromosome 1S was in close agreement with the map positions of storage-protein loci. A second QTL was mapped on chromosome 5. For protein content, two significant QTLs were mapped to linkage groups 1 and 5.

I GENI CANDIDATI

Ecco alcuni geni candidati che sono stati individuati e studiati. Alcuni sono stati associati a specifici tratti fenotipici.

Species names in this review (common name)	Biological species	Genome and ploidy	Ear and seed traits	No. of loci that support B vs NB rachis*	Alleles of loci that affect either glume or glume and ear rachis (chromosome)†
<i>T. boeoticum</i> (wild einkorn)	<i>T. monococcum</i> L. ssp. <i>boeoticum</i> Boiss.	AA	H, B	2	<i>Sog_A</i> (2S)
<i>T. monococcum</i> (cultivated einkorn)	<i>T. monococcum</i> L. ssp. <i>monococcum</i>	AA	H, NB	2	<i>Sog_A</i> (2S)
<i>T. urartu</i> (wild <i>T. urartu</i>)	<i>T. urartu</i> Tuman.	AA	H, B	2	–
<i>Ae. tauschii</i> (wild <i>Ae. Tauschii</i>)	<i>Ae. tauschii</i> Coss.	DD	H, B	1	<i>Tg_D</i> (2S)
<i>T. dicoccoides</i> (wild emmer)	<i>T. turgidum</i> L. ssp. <i>dicoccoides</i> Aschers.	AABB	H, B	2; polygenic	<i>Tg2_B</i> (2S), <i>q_A[§]</i> (5L), <i>Qft_{5A}</i> (5S), <i>Qft_{6A}</i> (6)
<i>T. dicoccum</i> (cultivated emmer)	<i>T. turgidum</i> L. ssp. <i>dicoccum</i> Schübl.	AABB	H, NB	2	<i>Tg2_B</i> (2S), <i>q_A</i> (5L)
<i>T. durum</i> (hard wheat)	<i>T. turgidum</i> L. ssp. <i>durum</i> Desf.	AABB	FT, NB	polygenic	<i>tg2_B</i> (2S), <i>Q_A</i> (5L), <i>qft_{5A}</i> (5S), <i>qft_{6A}</i> (6)
<i>T. parvicoccum</i> (<i>T. parvicoccum</i> , archaeobotanical)	<i>T. turgidum</i> L. ssp. <i>parvicoccum</i> Kislev	(AABB)	FT, NB	–	–
<i>T. araraticum</i> (wild Timopheev's wheat)	<i>T. timopheevii</i> Zhuk. ssp. <i>araraticum</i> Jakubz.	AAGG	H, B	–	–

I Q TRAIT

Tra i geni-loci candidati vi è *Q* che sembra regolare diverse caratteristiche della pianta. Si dice che è pleiotropico ovvero un unico gene che controlla una molteplicità di caratteri differenti.

Q regola l'altezza della pianta, l'emergenza delle spighe, la struttura e il colore delle glume, le dimensioni del seme, ecc.

Il gene *Q* è simile ad AP2, un gene omeotico coinvolto nello sviluppo del fiore ed in altre azioni.

Mutazioni di questo gene provocano grandi alterazioni nell'infiorescenza di *Triticum* e non solo.

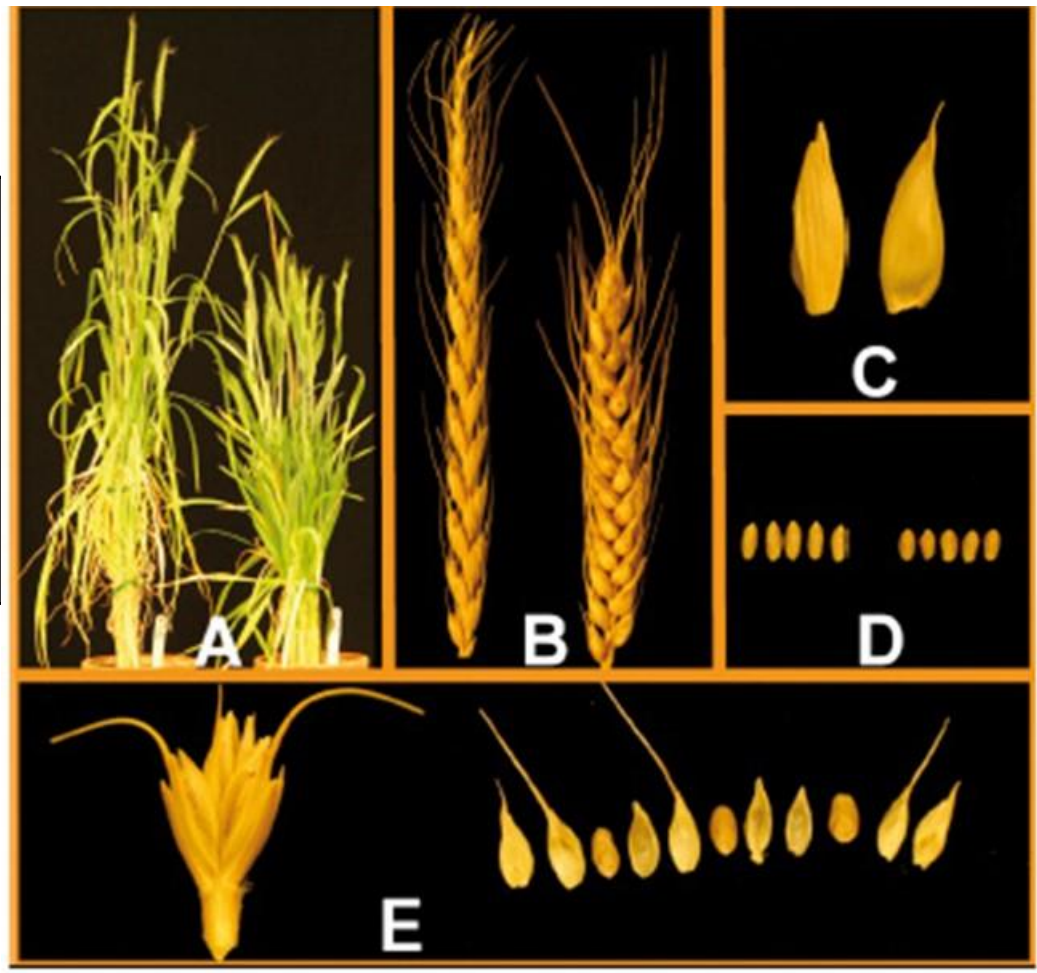
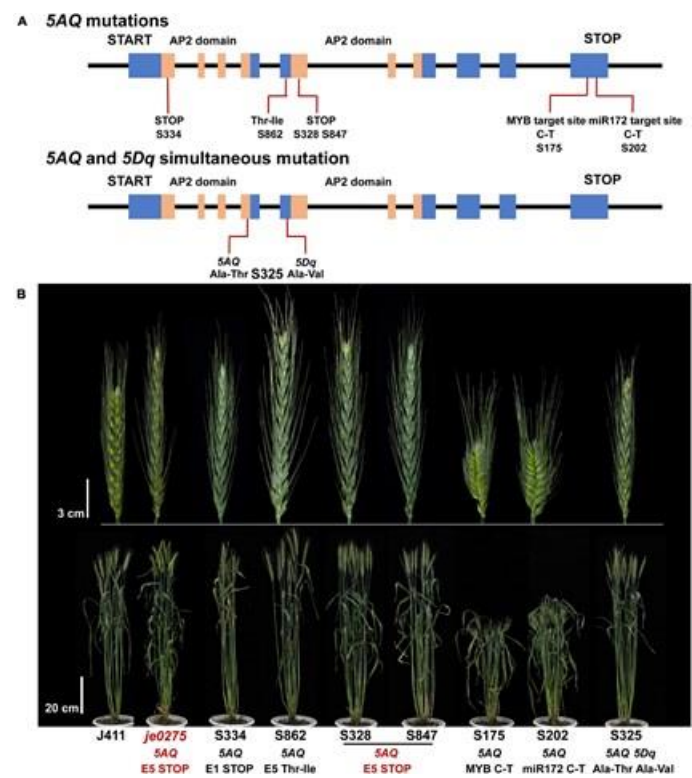
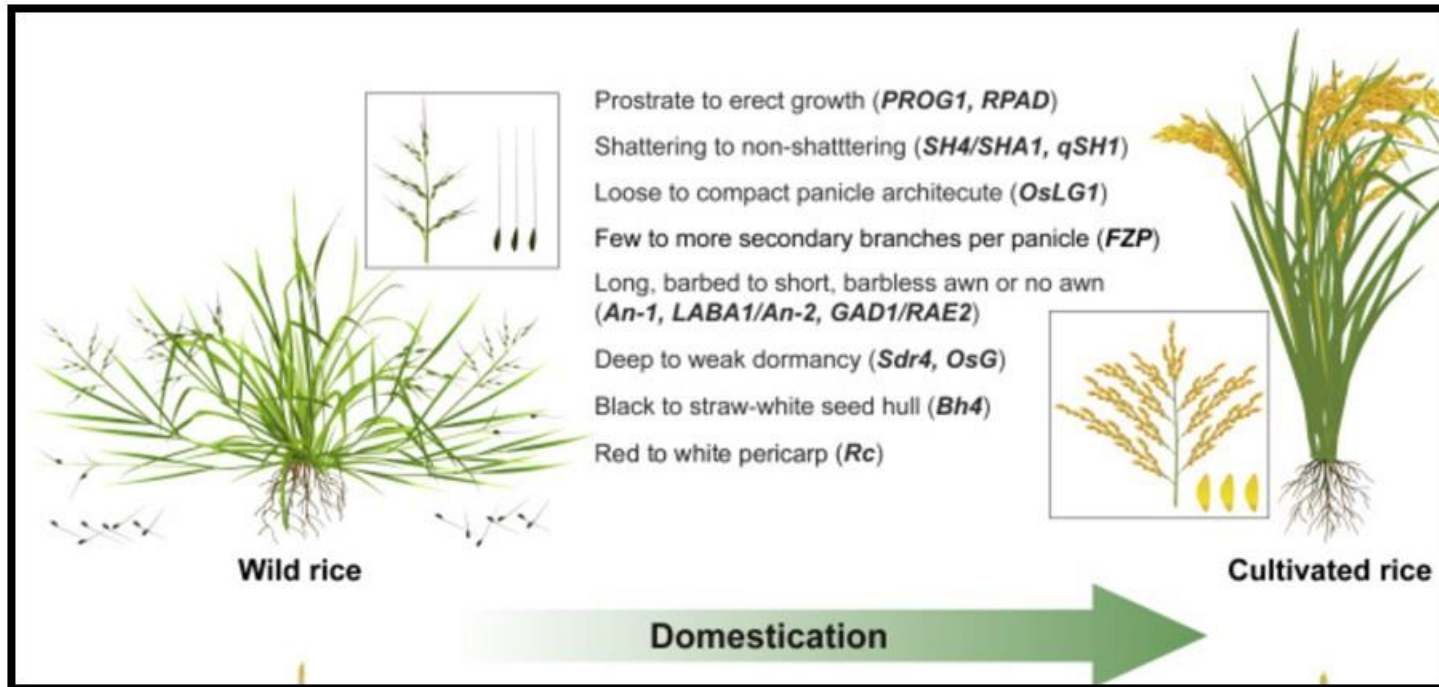
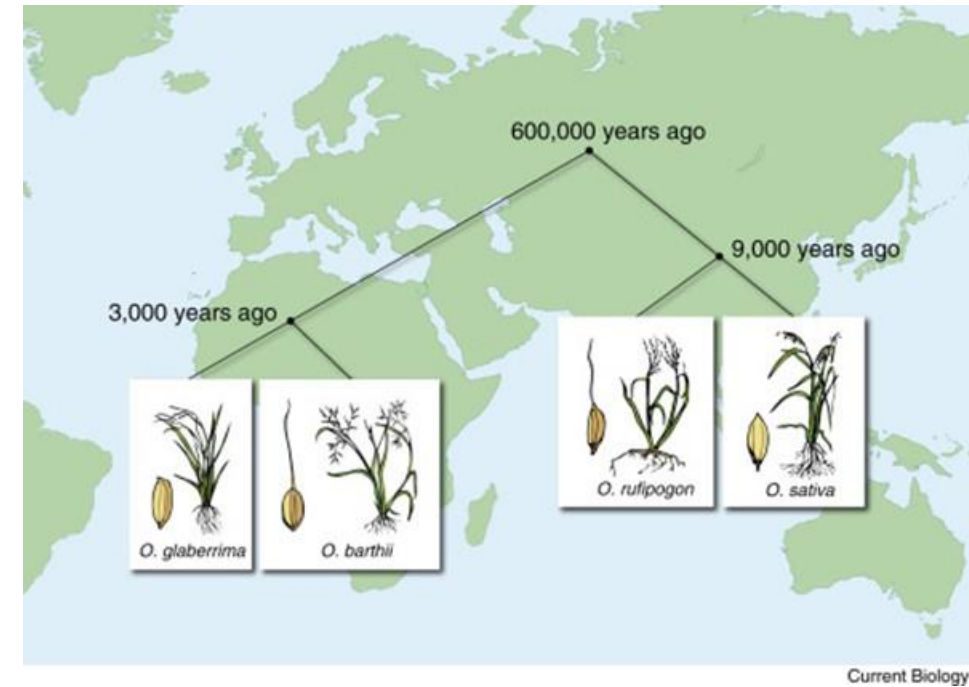


Fig. 6. Comparison of the *Q* gene and an EMS-induced *Q*-knockout mutant phenotype in the hexaploid wheat cultivar Bobwhite. In each of the panels, the *Q* phenotype is to the right and a *Q*-knockout mutant is to the left. The figures demonstrate that the *Q* gene influences plant height and spike emergence time (A), spike length and shape (B), glume shape and tenacity (C), seed size, shape, and color (D), and rachis disarticulation and seed threshability (E).

IL RISO: UNA STORIA PIÙ SEMPLICE

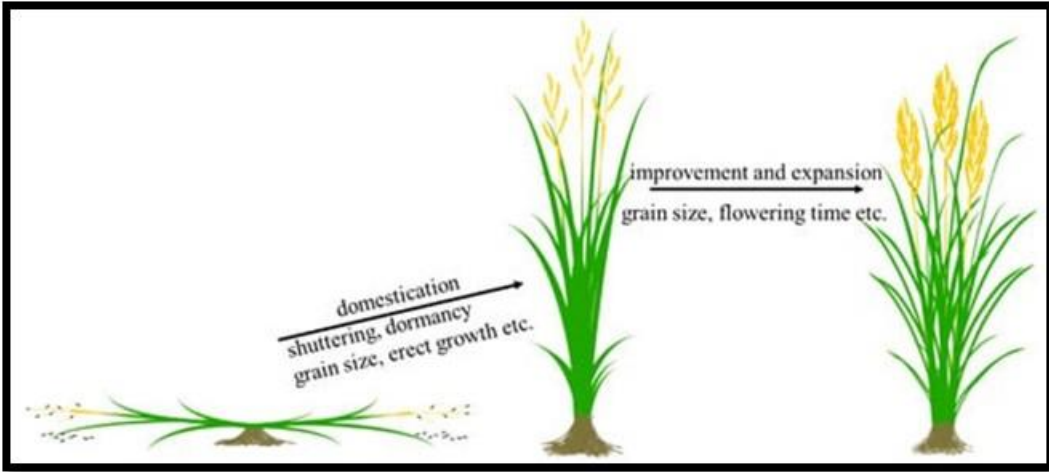
Il riso è stato domesticato in due aree diverse. Il riso asiatico, *Oryza sativa* è stato domesticato a partire da *Oryza rufipogon* 9000 anni fa in Asia e comprende due sottospecie principali, japonica e indica.

Il riso africano (*O. glaberrima*) è stato invece domesticato da *Oryza barthii* nell'Africa occidentale circa 3000 anni fa (Wang et al., 2014; Meyer et al., 2016).



La domesticazione del riso ha previsto un processo analogo a quello del frumento! Anche in questo caso è stata modificata la struttura della pianta, della spiga, dei semi oltre che eliminato la diffusione del seme a maturità.

Sono diversi i geni-tratti genetici che sono stati modificati durante la domesticazione e che hanno un collegamento con lo sviluppo di determinate strutture della pianta.



In generale i tratti modificati nei cereali sono 'omologhi', nel senso che, come nel frumento anche per riso si è partiti da geni che controllano il portamento della pianta, la dormienza, la dimensione dei semi...successivamente sono state selezionate piante con semi più grossi, tempi di fioritura rapidi, ecc.

Table 1. Key domestication-related genes cloned in rice

Kovach, M. J., Sweeney, M. T., & McCouch, S. R. (2007). New insights into the history of rice domestication. *TRENDS in Genetics*, 23(11), 578-587.

Gene	Chr ^a	Trait affected	Functional mutation	Molecular function
<i>Sh4</i>	4	Grain shattering	SNP causing an amino-acid substitution	Myb3 transcriptional regulator
<i>qSH1</i>	1	Grain shattering	SNP in regulatory region	BEL1-type homeobox transcriptional regulator
<i>Rc</i>	7	Grain pericarp color	Deletion causing protein truncation	Basic helix-loop-helix transcriptional regulator
<i>Waxy</i>	6	'Sticky' (glutinous) grains	SNP in intron affecting mRNA splicing	Granule-bound starch synthase
<i>GS3</i>	3	Grain size/shape	SNP causing protein truncation	Cellular signaling protein with a VWFC module
<i>[BAD2]^b</i>	8	Grain fragrance/flavor	Deletion causing protein truncation	Betaine aldehyde dehydrogenase
<i>[Gn1a]^b</i>	1	Grain number	Several possible mutations	Cytokinin oxidase/dehydrogenase
<i>[GW2]^b</i>	2	Grain weight/width	Deletion causing protein truncation	RING-type protein with E3 ubiquitin ligase activity

Una delle tappe essenziali è stata la modificazione dei tratti legati alla spiga che nel riso domestico NON deve disarticolare per non perdere i semi.

In A il riso wild type mentre B quello domesticato.



Primi casi di riso crodo resistente

I meccanismi d'azione oggi disponibili impongono un approccio diverso alla coltivazione di riso

L'uso degli erbicidi comporta il rischio intrinseco di selezionare popolazioni di malerbe resistenti agli erbicidi stessi che sono utilizzati per il loro controllo. In pratica, ogni erbicida impone una pressione di selezione verso le piante sensibili, favorendo così la riproduzione degli individui più resistenti. La pressione di selezione è proporzionale all'efficacia del prodotto, alla sua persistenza e frequenza d'impiego e, perciò, varia in relazione all'erbicida ed al suo modo d'impiego e alla specie infestante. Talvolta la presenza di resistenza incrociata rende inefficace non solo l'erbicida selezionatore della popolazione resistente ma anche altri erbicidi aventi il medesimo meccanismo d'azione. Gli erbicidi

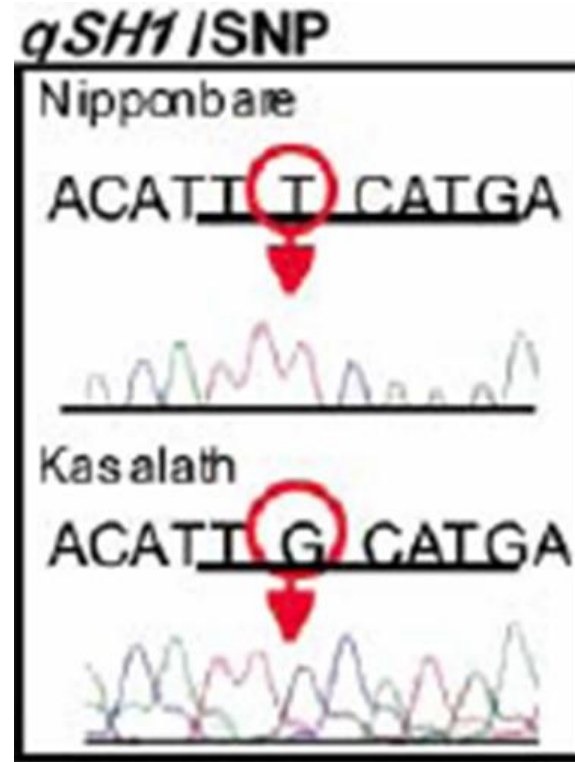


sicoltori una tecnologia molto efficace per il suo controllo in post-emergenza. Infatti, queste varietà sono resistenti all'erbicida imazamox (da notare che non sono varietà Ogm), mentre il riso crodo è controllato molto efficacemente da questo inibitore dell'ALS. L'impiego di questa nuova tecnologia necessita, però, di un'accurata gestione per evitare che il carattere "resistenza all'imazamox" sia trasferito al riso crodo attraverso l'impollinazione incrociata. Il riso ha una bassa frequenza di impollinazione incrociata, la bibliografia riporta valori medi nelle nostre condizioni di circa l'1 per mille. Assumendo valori simili anche per il riso crodo, attraverso un banale calcolo "numero di culmi

Li et al. Science, 2006: 1936-1939

SNP CHE FA LA DIFFERENZA

In questo caso è stato possibile evidenziare che la modificazione è legata alla mutazione di un singolo nucleotide (SNP) che porta una modificazione di un aminoacido della proteina. Il gene interessato è SH1 (Shattering).



Kinishi et al 2006, *Science*, 312:1392-1396

Quando il tratto è facilmente modificabile vi sono anche retromutazioni! Come risolvere i problemi del crodo.

scientific reports

[Explore content](#) [About the journal](#) [Publish with us](#)

[nature](#) > [scientific reports](#) > [articles](#) > [article](#)

Article | [Open Access](#) | [Published: 10 September 2020](#)

Direct identification of a mutation in *OsSh1* causing non-shattering in a rice (*Oryza sativa* L.) mutant cultivar using whole-genome resequencing

[Feng Li](#) [Akira Komatsu](#) [Miki Ohtake](#) [Heesoo Eun](#) [Akemi Shimizu](#) & [Hiroshi Kato](#)

Scientific Reports 10, Article number: 14936 (2020) | [Cite this article](#)

2837 Accesses | 4 Citations | 10 Altmetric | [Metrics](#)

Abstract

Loss of seed shattering has been regarded as a key step during crop domestication. Mutagenesis contributes to the development of novel crop cultivars with a desired seed-shattering habit in a relatively short period of time, but also to uncovering the genetic architecture of seed shattering. 'Minamiyutaka', a non-shattering *indica* rice cultivar, was developed from the easy-shattering cultivar 'Moretsu' by mutation breeding via gamma-ray irradiation. In present study, we observed significant differences in shattering habit, breaking tensile strength, and abscission zone structure between 'Moretsu' and 'Minamiyutaka'. Whole-genome mutation analysis of 'Minamiyutaka' newly identified a 13-bp deletion causing defective splicing in exon 3 of the *OsSh1* gene which has previously been referred to as a candidate for controlling seed shattering. Using CRISPR/Cas9 gene editing, we demonstrated that loss-of-function mutation in *OsSh1* causes non-shattering in rice. Furthermore, gene expression analysis suggests that *OsSh1* may function downstream of *qSH1*, a known key gene involved in abscission zone differentiation. Nucleotide diversity analysis of *OsSh1* in wild rice accessions and cultivars revealed that *OsSh1* has been under strong selection during rice domestication, and a missense mutation might have contributed to the reduction of seed shattering from the wild progenitors to cultivated rice.

SELEZIONE PARALLELA

[Nat Genet.](#) Author manuscript; available in PMC 2012 Dec 28.

PMCID: PMC3532

Published in final edited form as:

NIHMSID: NIHMS423

[Nat Genet.](#) 2012 May 13; 44(6): 720–724.

PMID: 22581

Published online 2012 May 13. doi: [10.1038/ng.2281](https://doi.org/10.1038/ng.2281)

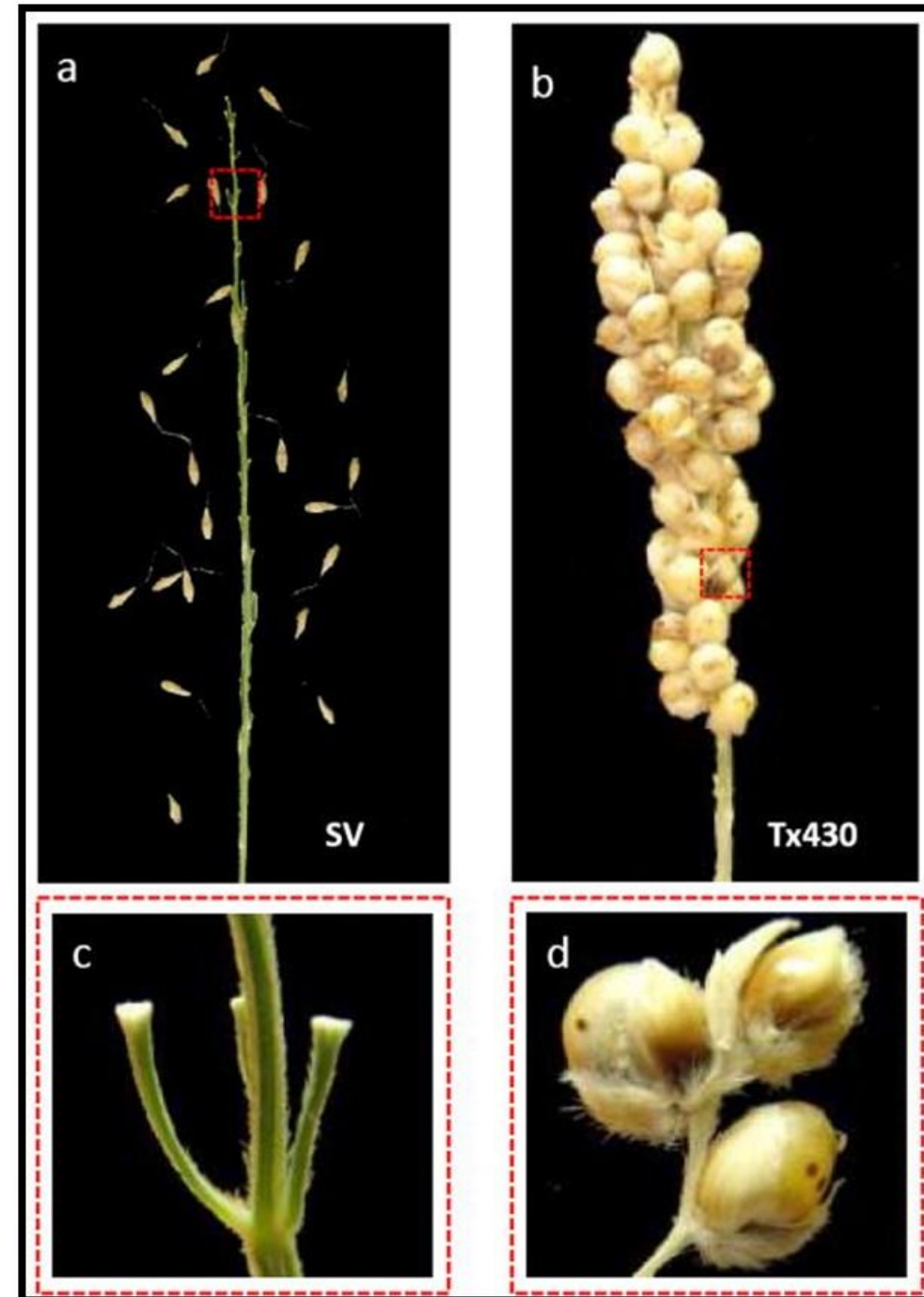
Parallel Domestication of the *Shattering1* Genes in Cereals

Zhongwei Lin,¹ Xianran Li,¹ Laura M. Shannon,² Cheng-Ting Yeh,^{3,4} Ming L. Wang,⁵ Guihua Bai,^{1,6} Zhao Peng,⁷ Jiarui Li,⁷ Harold N. Trick,⁷ Thomas E. Clemente,⁸ John Doebley,² Patrick S. Schnable,^{3,4} Mitchell R. Tuinstra,⁹ Tesfaye T. Tesso,¹ Frank White,⁷ and Jianming Yu¹

Abstract

[Go to: ▶](#)

A key step during crop domestication is the loss of seed shattering. Here we show that seed shattering in sorghum is controlled by a single gene, *Shattering1* (*Sh1*), which encodes a YABBY transcription factor. Domesticated sorghums harbor three different mutations at the *Sh1* locus. Variants at regulatory sites in the promoter and intronic regions lead to a low level of expression, a 2.2-kb fragment deletion causes a truncated transcript that lacks the second and third exons, and a GT-to-GG splicing variant in the intron 4 results in removal of the exon 4. The distributions of these non-shattering haplotypes among sorghum landraces suggest three independent origins. The function of the rice ortholog (*OsSh1*) was subsequently validated with a shattering resistant mutant, and two maize orthologs (*ZmSh1-1* and *ZmSh1-5.1+ZmSh1-5.2*) were verified with a large mapping population. Our results indicate that *Sh1* genes for seed shattering were under parallel selection during sorghum, rice, and maize domestication.



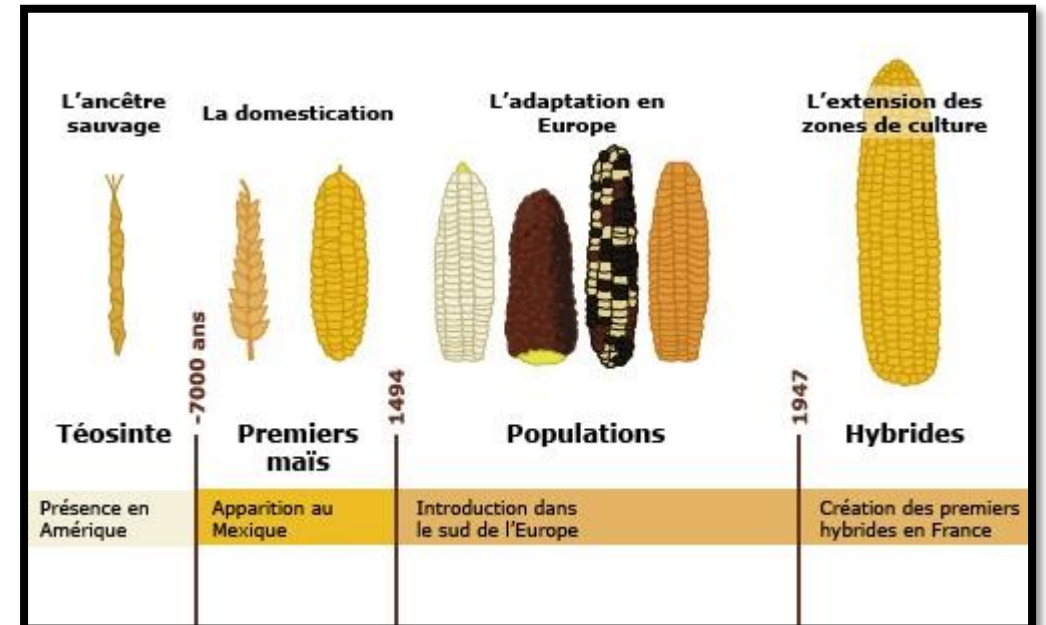
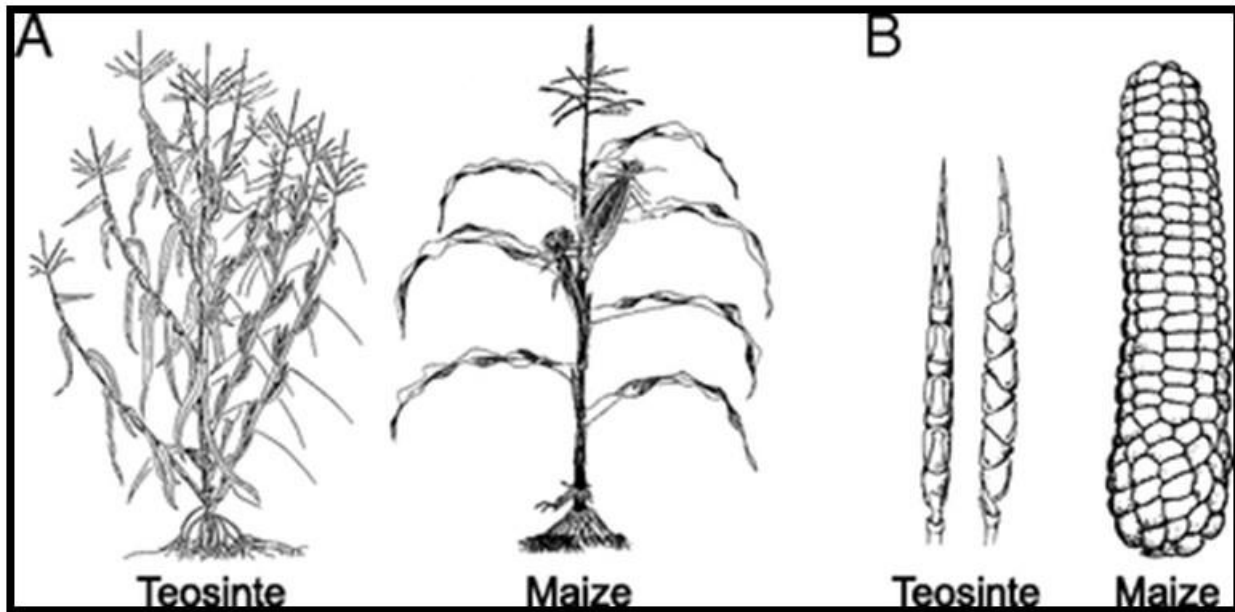
Nella forma di sorgo selvatica i semi vengono sparsi ovunque a partire dalla sommità della pianta, mentre nel domestico i semi restano saldamente attaccati alla spiga.

MIGLIORARE L'ARCHITETTURA DELLA PIANTA

La domesticazione del mais fa emergere in modo molto chiaro il tema della modificazione dell'architettura della pianta.

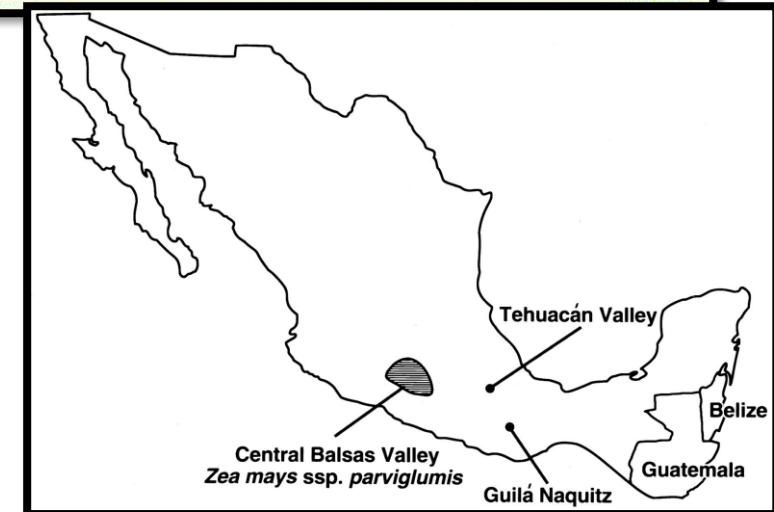
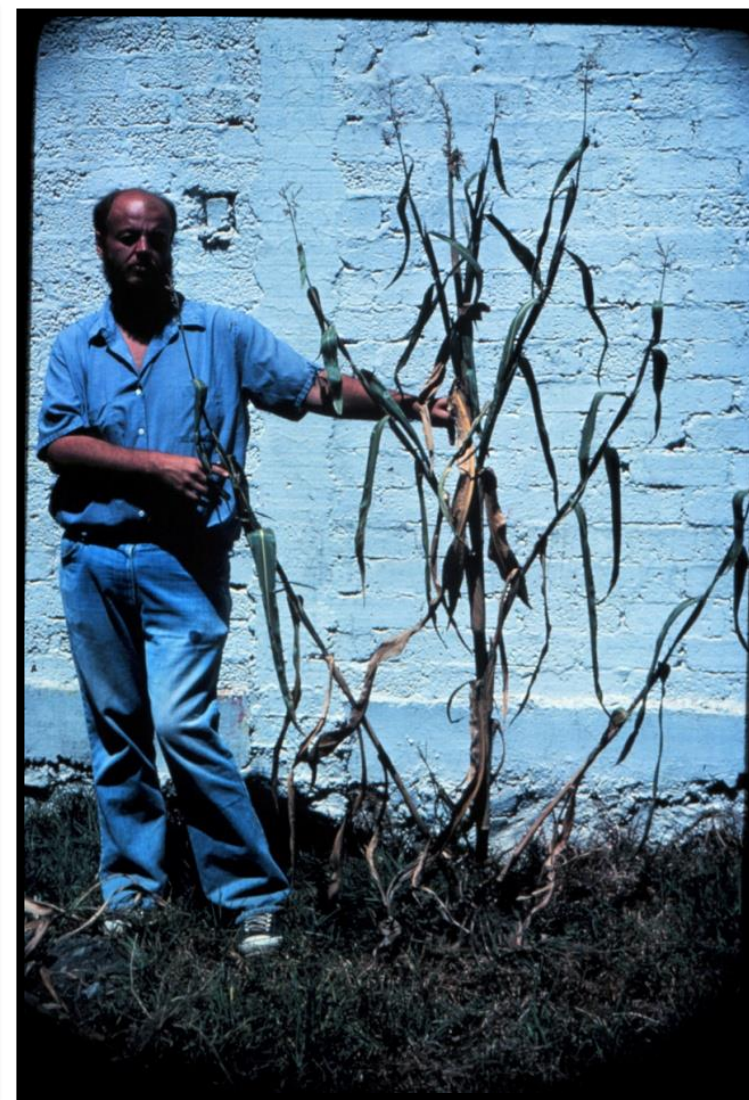
Teosinte è il nome comune che indica 4 specie selvatiche del genere *Zea* del Messico e America centrale. Morfologicamente sono più alte ed espanse (molti rami laterali) rispetto al mais odierno. Ovviamente le spighe sono molto più piccole e meno produttive

Come per gli altri cereali uno dei primi tratti su cui ha agito l'uomo è stata la struttura della spiga e dei semi. Dopo la prima domesticazione vi sono stati adattamenti e incroci che hanno ulteriormente migliorato il mais in termini di rese.



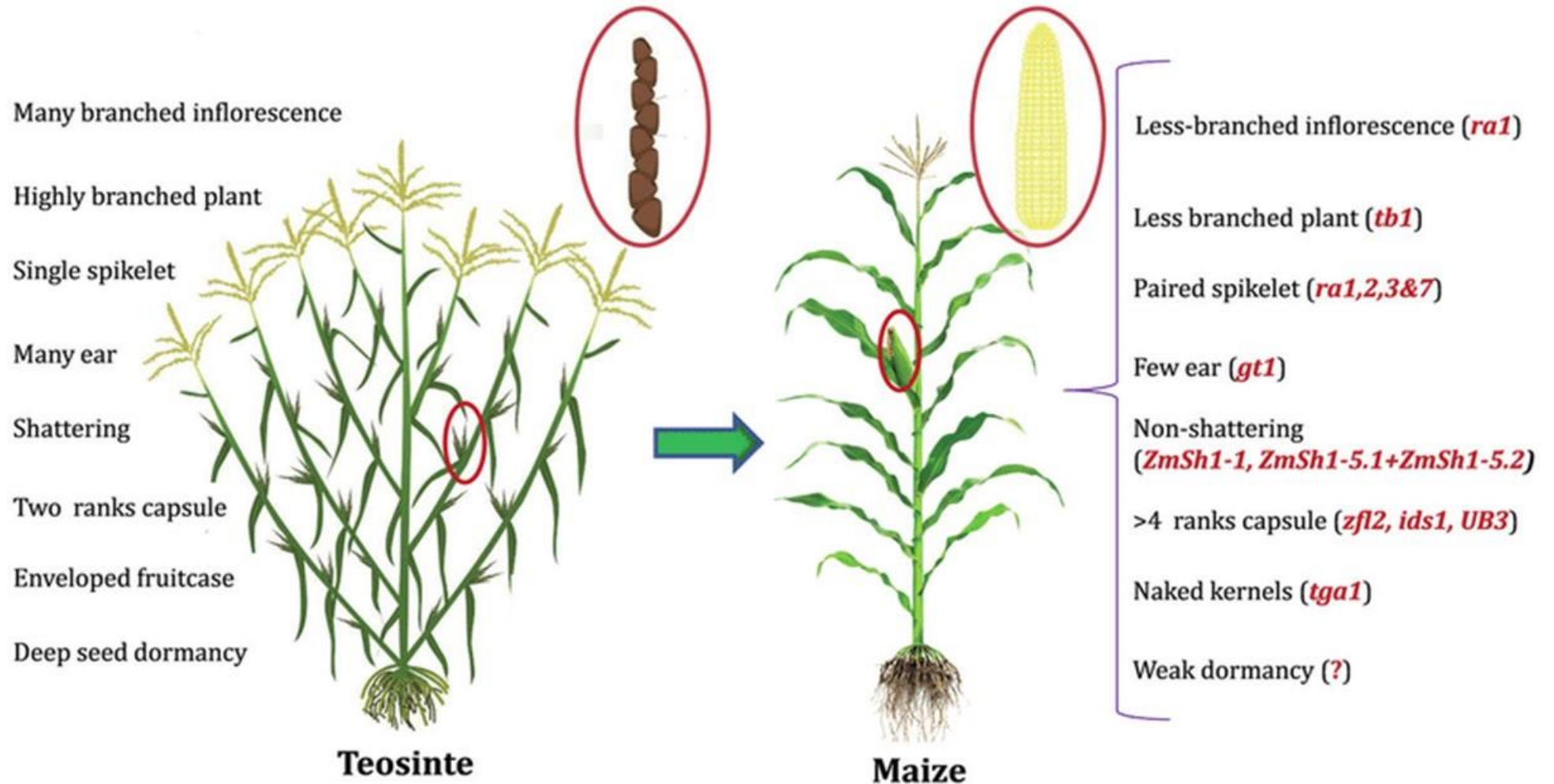
Le azioni di modifica si sono concentrate sulla specie selvatica teosinte. Tra le diverse varietà ve ne è una nota come *Z. mays* ssp. *parviglumis* che è risultata la più affine geneticamente all'attuale mais coltivato. Questa è quindi l'antenato selvatico che è stato domesticato.

E' una specie messicana ed è quindi qui dove è avvenuta la domesticazione.



DA TEOSINTE A MAIS

Grazie a mappe genetiche e a sequenziamenti dei genomi di mais sono emersi una serie di geni candidati che sono stati fondamentali per la domesticazione. Molti sono omologhi agli altri cereali. Di interesse sono le modificazioni dei rami laterali in cui è stato proposto il gene *tb1*.



MAPPATURA DEI QTL

Le banche del seme dispongono di numerose linee ibride di mais ben caratterizzate dal punto di vista fenotipico. Grazie a questo germoplasma è stato possibile analizzare i tratti genetici di interesse e individuare i QTL chiave della domesticazione

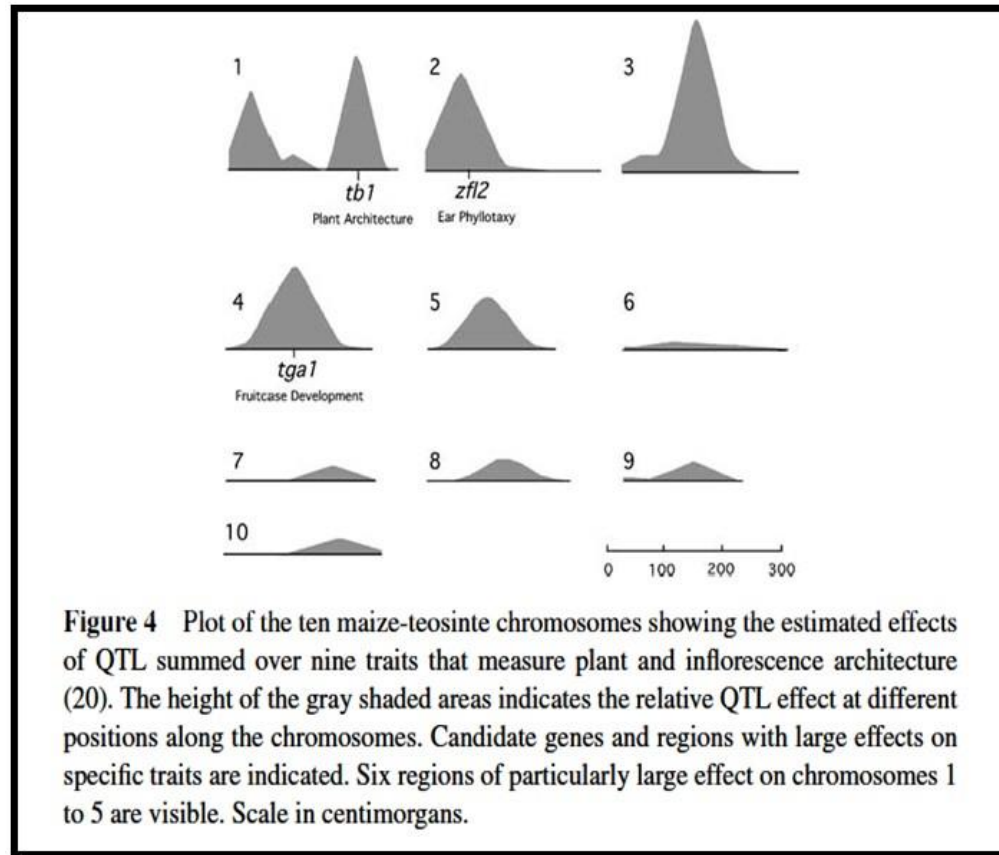


Figure 4 Plot of the ten maize-teosinte chromosomes showing the estimated effects of QTL summed over nine traits that measure plant and inflorescence architecture (20). The height of the gray shaded areas indicates the relative QTL effect at different positions along the chromosomes. Candidate genes and regions with large effects on specific traits are indicated. Six regions of particularly large effect on chromosomes 1 to 5 are visible. Scale in centimorgans.

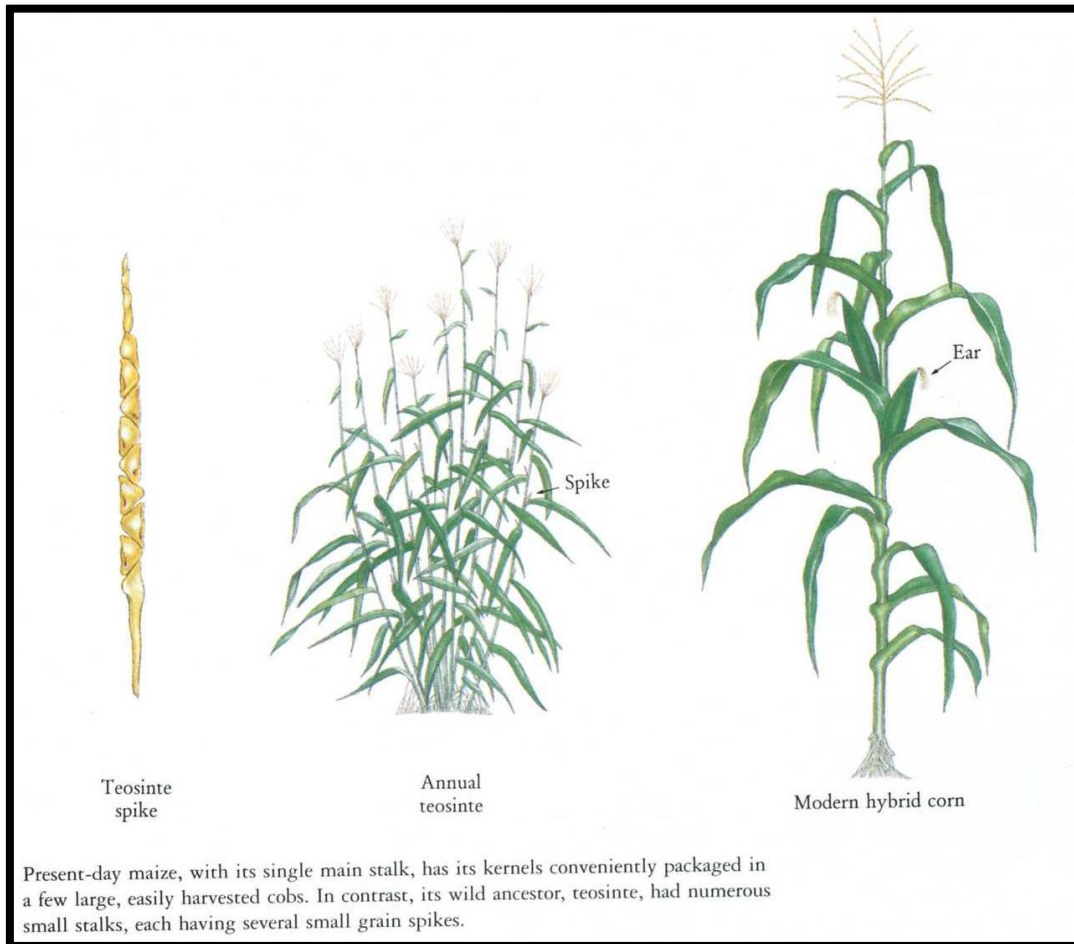
SN.	Trait	Gene/QTLs	Chromosome	Phenotype	Reference
1.	Plant architecture	<i>teosinte branched1 (tb1)</i> , <i>grassy tillers 1 (gt1)</i>	1	Number of basal branches or tillers, Limited number of large ears	[28, 36]
2.	Glume hardness	<i>teosinte glume architecture1 (tga1)</i>	4	Inhibits secondary sexual traits in the female flower, preventing glumes from hardening	[9, 28, 33]
3.	Paired and single spikelets of maize	<i>ramosa1</i> , <i>ramosa2</i> , <i>ramosa3</i> , <i>ramosa7</i>	7 3	High number of kernels in each row of the ear of modern maize parents	[43,44]
4.	Distichous and polystichous ear	<i>Zea floricaula</i> <i>leafy2(zfl2)</i> , <i>Zea floricaula</i> <i>leafy1(zfl1)</i>	2 10	Multiple ear ranks along the inflorescence meristem	[9, 28, 33]
5.	Disarticulating rachides and non-disarticulating rachises	<i>ZmSh1-1</i> , <i>ZmSh1-5.1 + ZmSh1-5.2</i> , <i>Zga1</i>	1 5	Shattering, ear size	[36, 39, 45, 46]

Table 1. QTLs/gene their chromosome location and phenotype.

Tratto da: Sharma, Devender, et al. "Wild Progenitor and Landraces Led Genetic Gain in the Modern Day Maize (*Zea mays* L.)

TRASFORMAZIONE DELL'ARCHITETTURA DELLA PIANTA

Osservando Teosinte e mais è possibile notare che vi è una grande differenza nell'architettura della pianta. Da una pianta che presenta un fusto con numerosi rami laterali che terminano con infiorescenze maschili, si passa ad una specie con un fusto principale di dimensioni maggiori senza ramificazioni laterali. I fiori maschili si trovano solo nella porzione apicale della pianta.



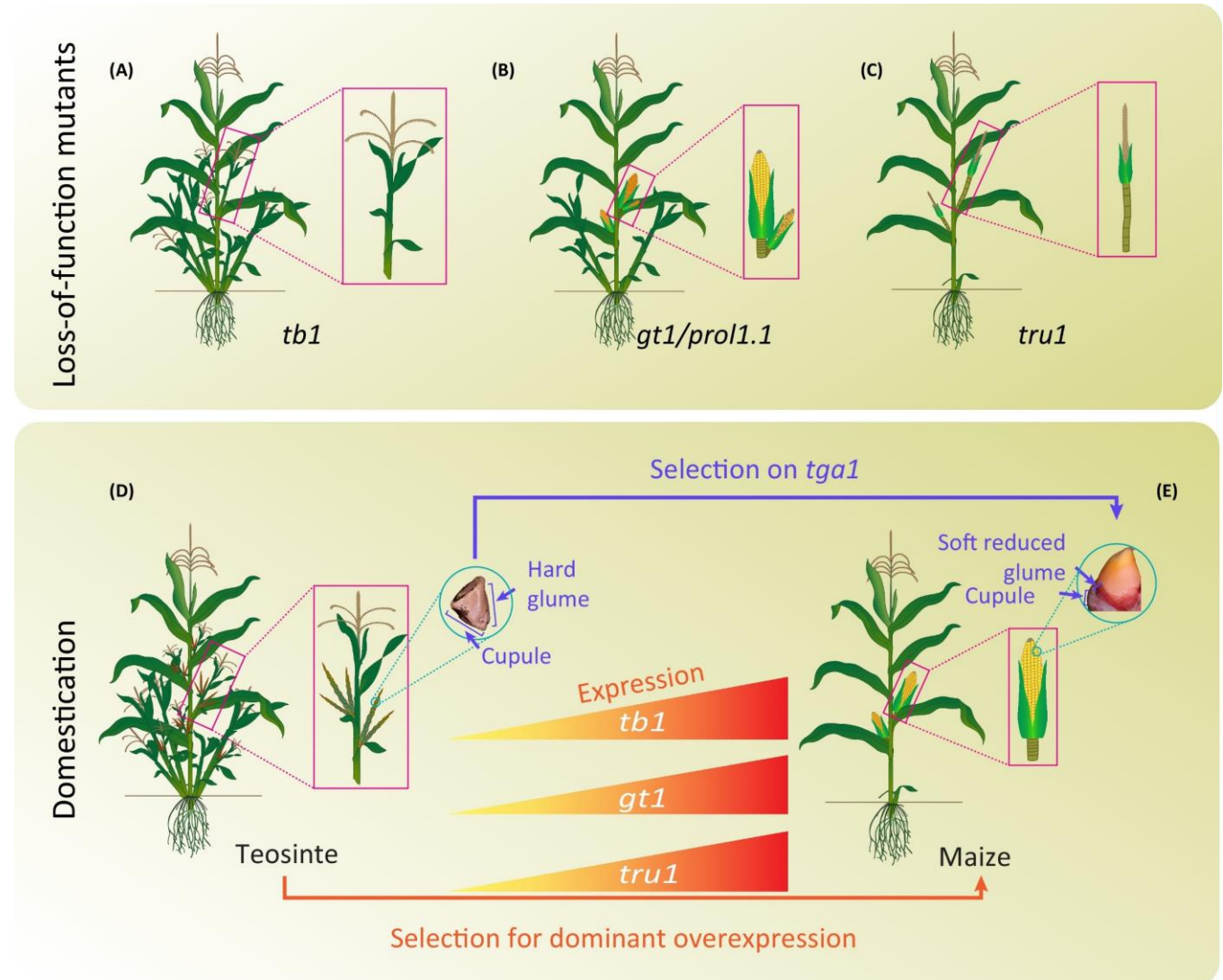
IMP: Il teosinte è monoico e l'uomo si interessò ovviamente alle porzioni che portavano i frutti quindi solo alle infiorescenze femminili.

Dalle analisi di mappa è stato identificato un fattore di trascrizione chiamato **tb1 (teosinte branched 1)** come principale responsabile dell'aumento della dominanza apicale. Tb1 è stato proposto come un regolatore negativo cruciale della crescita cellulare che modula diversi geni target della domesticazione, tra cui **gt1 (grassy tillers1)**, **tru1 (tassels replace uppers ear1)**, and **tga1 (teosinte glume architecture1)**.

tb1 (TEOSINTE BRANCHED 1)

Sono stati studiati mutanti di *tb1* e soprattutto sono state eseguite analisi di espressione. E' risultato un gene variamente espresso in numerose porzioni giovani della pianta.

Vi sono anche altri geni target fondamentali per modificare elementi del fiore e del seme tuttavia LE RESE PRODUTTIVE del mai sono legate alla dominanza apicale regolata da *tb1*. L'mRNA di *tb1* è stato trovato nelle ascelle laterali del meristema, negli apici dei rami secondari, nelle giovani foglie e spighe e nei primordi degli stami nel fiore in via di sviluppo.

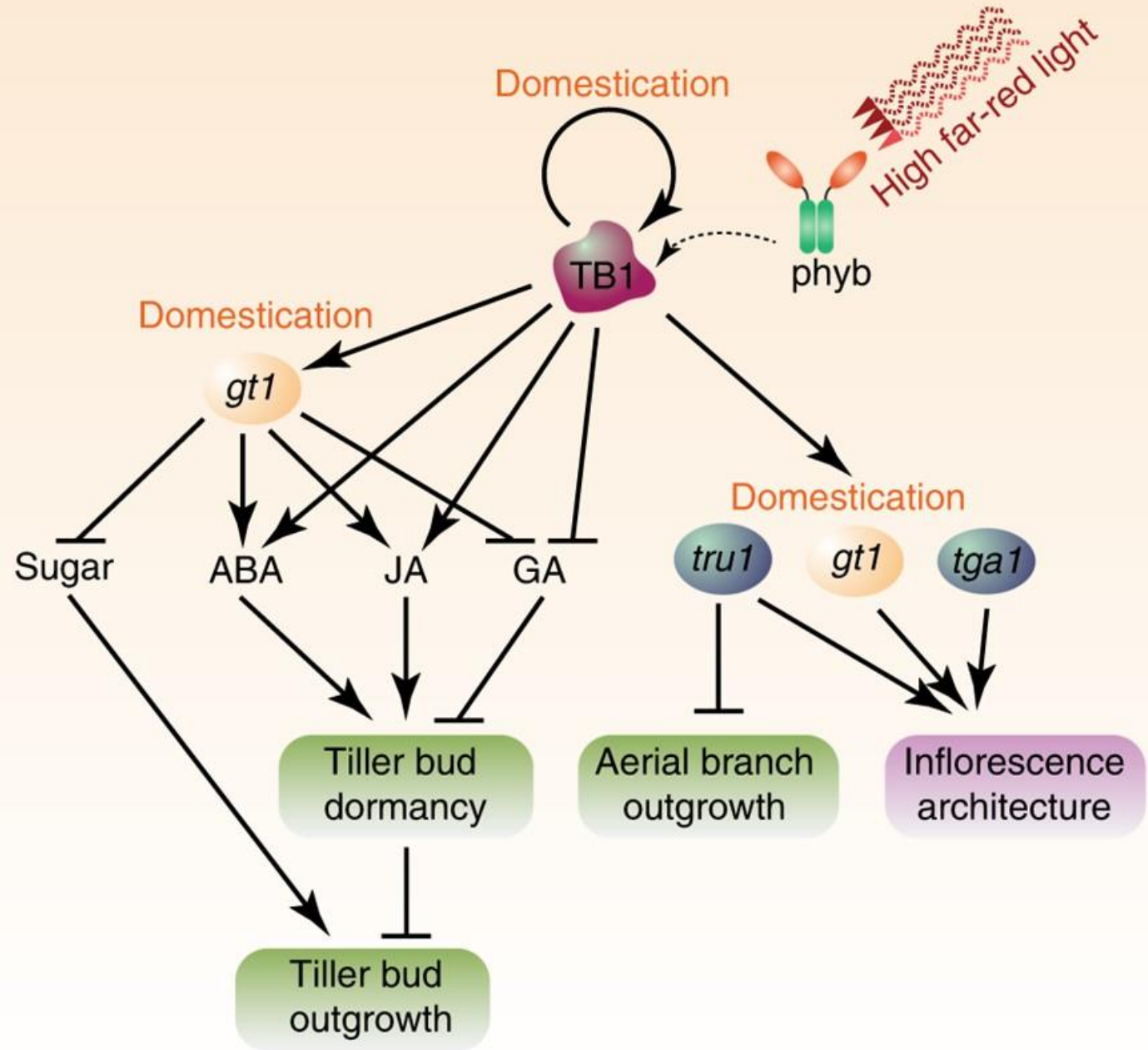


IL MODELLO

Attraverso interazioni complesse, *tb1* può ridurre i livelli di zucchero attivando i geni per il catabolismo e i geni a valle della via regolatoria. *Tb1* funziona anche come regolatore principale dei fitormoni regolando positivamente ABA e JA mentre regola negativamente GA.

L'integrazione della dinamica dello zucchero e dei fitormoni sono i fattori fondamentali per generare e mantenere la dormienza apicale e per sopprimere la crescita nei rami laterali.

Inoltre, *tb1* modula anche altri geni rilevanti per la domesticazione tra cui *gt1*, *tru1* e *tga1*.



IL MODELLO

Sono anche stati realizzati diversi muntati e valutato il rapporto genotipo-fenotipo.



Teosinte



Mais



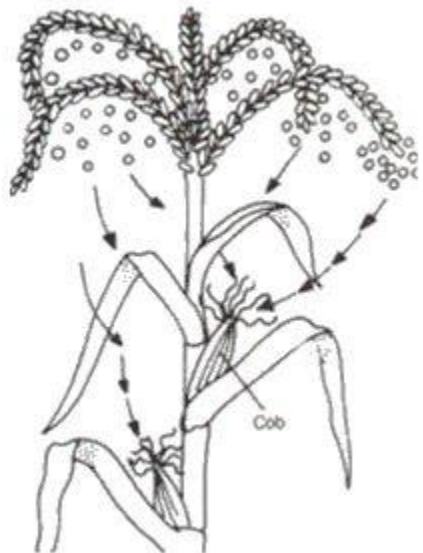
mutante tb1

IL MODELLO

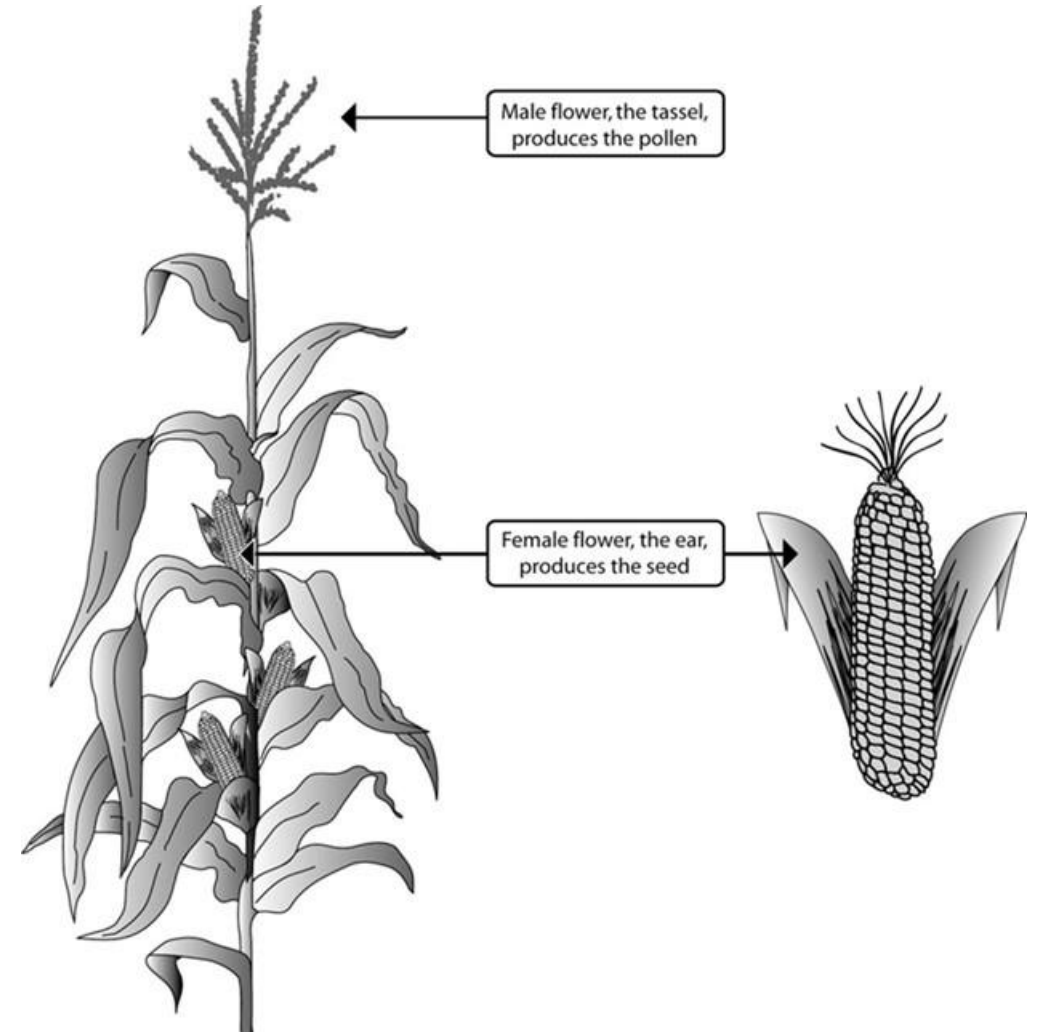
A livello florale *tb1* si comporta come un MADS gene. Se viene espresso intensamente promuove la crescita degli stami ed impedisce lo sviluppo dei pistilli. Si creano così dei fiori maschili. Al contrario se *Ttb1* non viene espresso, il pistillo prende il sopravvento.

FIORE FEMMINILE

Nel mais, *tb1* non viene espresso ad alti livelli nelle gemme laterali che quindi non si sviluppano e non formano fiori maschili bensì femminili. Questo genera quindi una crescita "unipodiale" in cui i fiori maschili sono solo all'apice e sono sufficienti a produrre polline per fecondare tutti i fiori femminili.



Maize (Wind pollination)

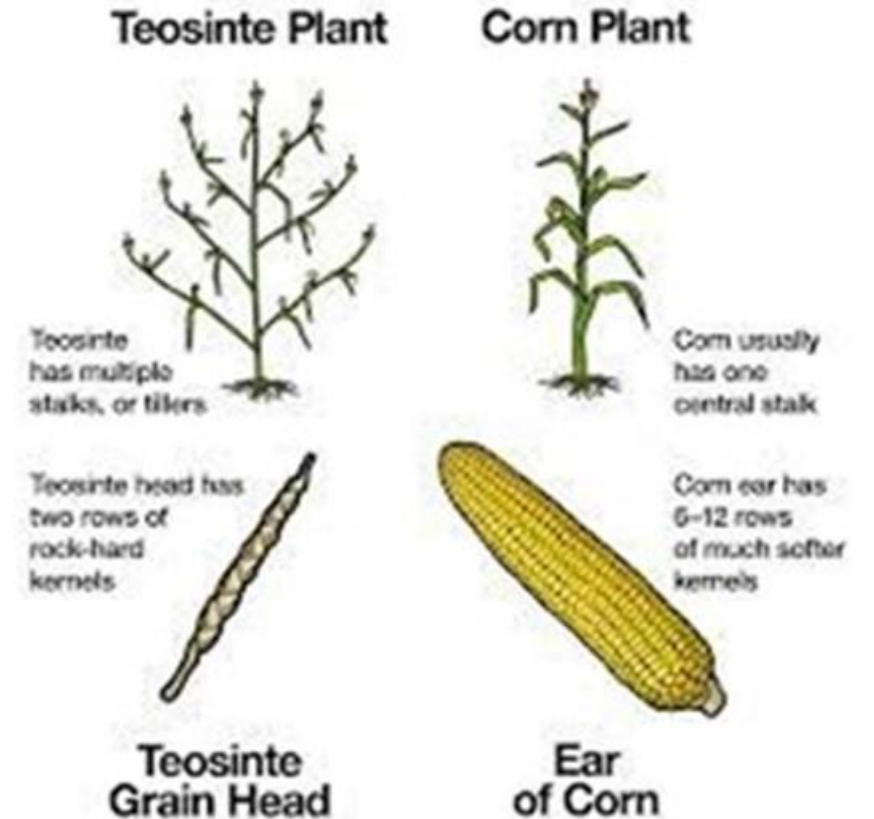


tb1 regolazione: open question

tb1 è stato clonato e si è proceduti a studiare la sua struttura sia a livello di gene, sia di promotore. Appartiene alla classe II dei fattori trascrizionali TCP, coinvolti nell'attivazione di geni coinvolti nel ciclo cellulare e nella crescita.

L'ipotesi più ovvia è che tb1 agisca come repressore della crescita e dello sviluppo in tempi differenti e porzioni diverse della pianta.

La regolazione di tb1 deve essere tuttavia molto raffinata. In teosinte deve esprimersi nei rami laterali e deve accorciare gli internodi anche nelle spighe. Nel mais deve esprimersi poco in tutta la pianta tranne all'apice dove la sua presenza deve essere consistente per formare le barbe maschili !!



tb1 regolazione: open question

E' stata evidenziata anche una regione regolatrice molto lontana dal gene stesso! Questo certamente complica la ricostruzione "molecolare" del processo di domesticazione in mais! Riarrangiamenti ed elementi trasponibili hanno enormemente modificato i genomi e le regioni di regolazione !

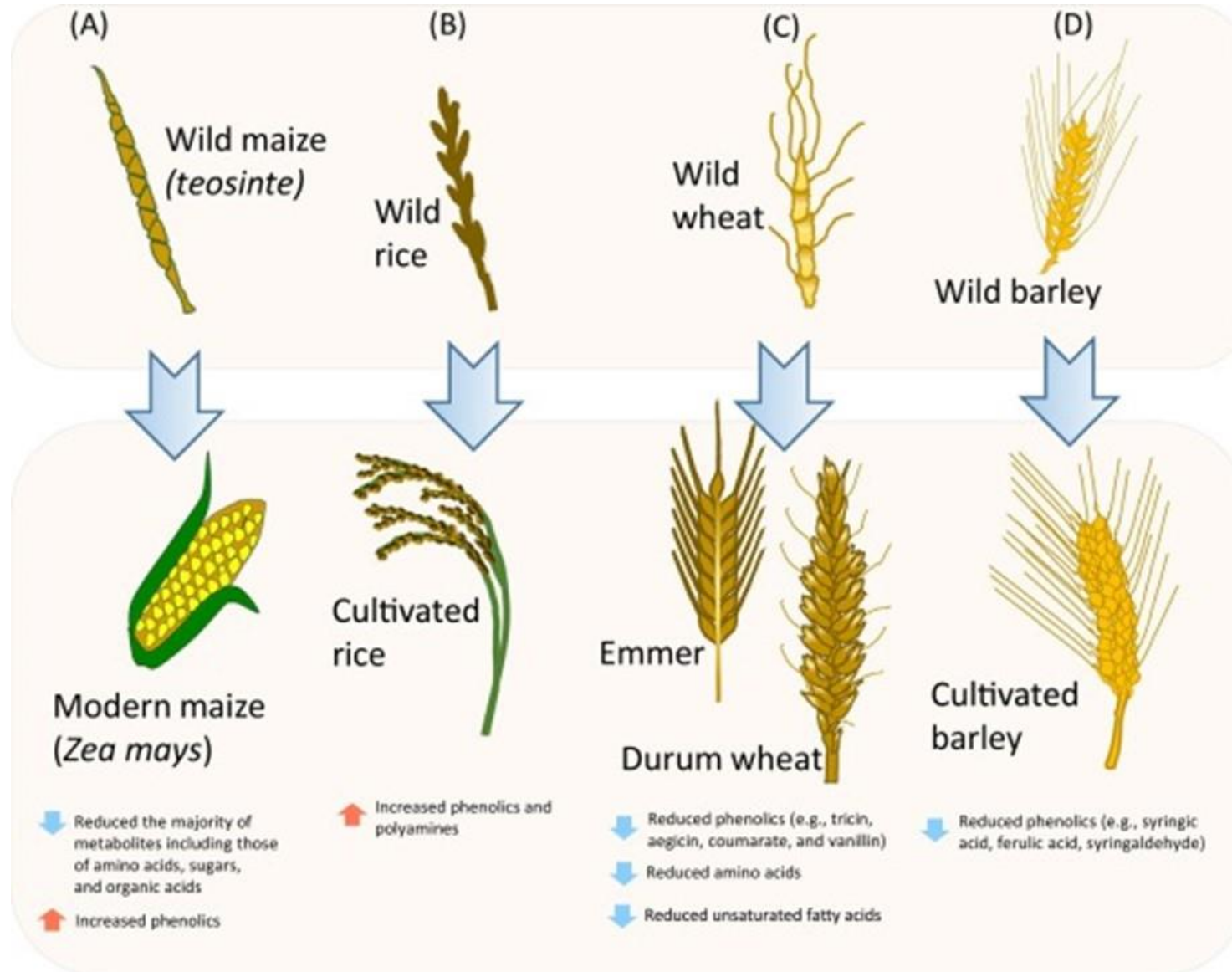
A distant upstream enhancer at the maize domestication gene tb1 has pleiotropic effects on plant and inflorescent architecture.

Clark RM, Wagler TN, Quijada P, Doebley J.

Although quantitative trait locus (QTL) mapping has been successful in describing the genetic architecture of complex traits, the molecular basis of quantitative variation is less well understood, especially in plants such as maize that have large genome sizes. Regulatory changes at the teosinte branched1 (tb1) gene have been proposed to underlie QTLs of large effect for morphological differences that distinguish maize (*Zea mays* ssp. *mays*) from its wild ancestors, the teosintes (*Z. mays* ssp. *parviglumis* and *mexicana*). We used a fine mapping approach to show that intergenic sequences approximately 58-69 kb 5' to the tb1 cDNA confer pleiotropic effects on *Z. mays* morphology. Moreover, using an allele-specific expression assay, **we found that sequences >41 kb upstream of tb1 act in cis to alter tb1 transcription.** Our findings show that the large stretches of noncoding DNA that comprise the majority of many plant genomes can be a source of variation affecting gene expression and quantitative phenotypes

Nat Genet. 2006 May;38(5):506-7.

CEREALI: DALLA DOMESTICAZIONE AL MIGLIORAMENTO



Dalla domesticazione sono poi seguiti passaggi di implementazione e stabilizzazione dei caratteri. Elementi consolidati sono sicuramente stati:

i) Perdita del sistema di dispersione dei semi sia legati alla spiga sia alle strutture che facilitano la dispersione dei semi (peli, pappi, ecc).

ii) La necessità di ottimizzare i raccolti ha anche portato alla perdita della sensibilità agli stimoli ambientali (legati a fioriture, impollinazione, formazione dei semi e dei frutti) e alla sincronizzazione nella fioritura, fruttificazione e maturazione dei frutti,

Attraverso il breeding sono stati poi migliorati alcuni tratti che riguardano per esempio le resistenze ma anche i valori nutrizionali.

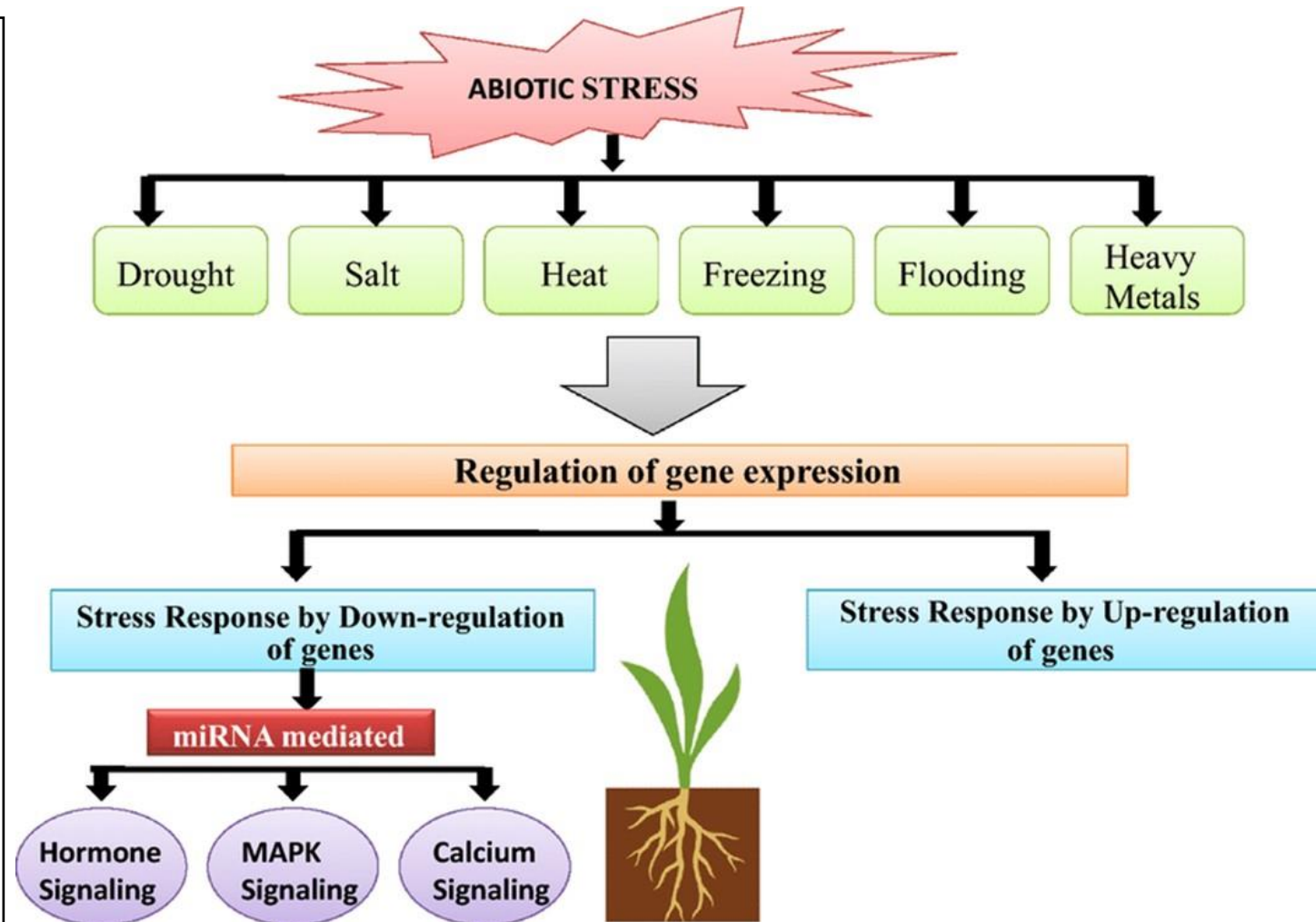
DALLA DOMESTICAZIONE AL MIGLIORAMENTO ODIERNO

Conoscere luoghi e processi di domesticazione significa poter recuperare la biodiversità dei parenti selvatici!

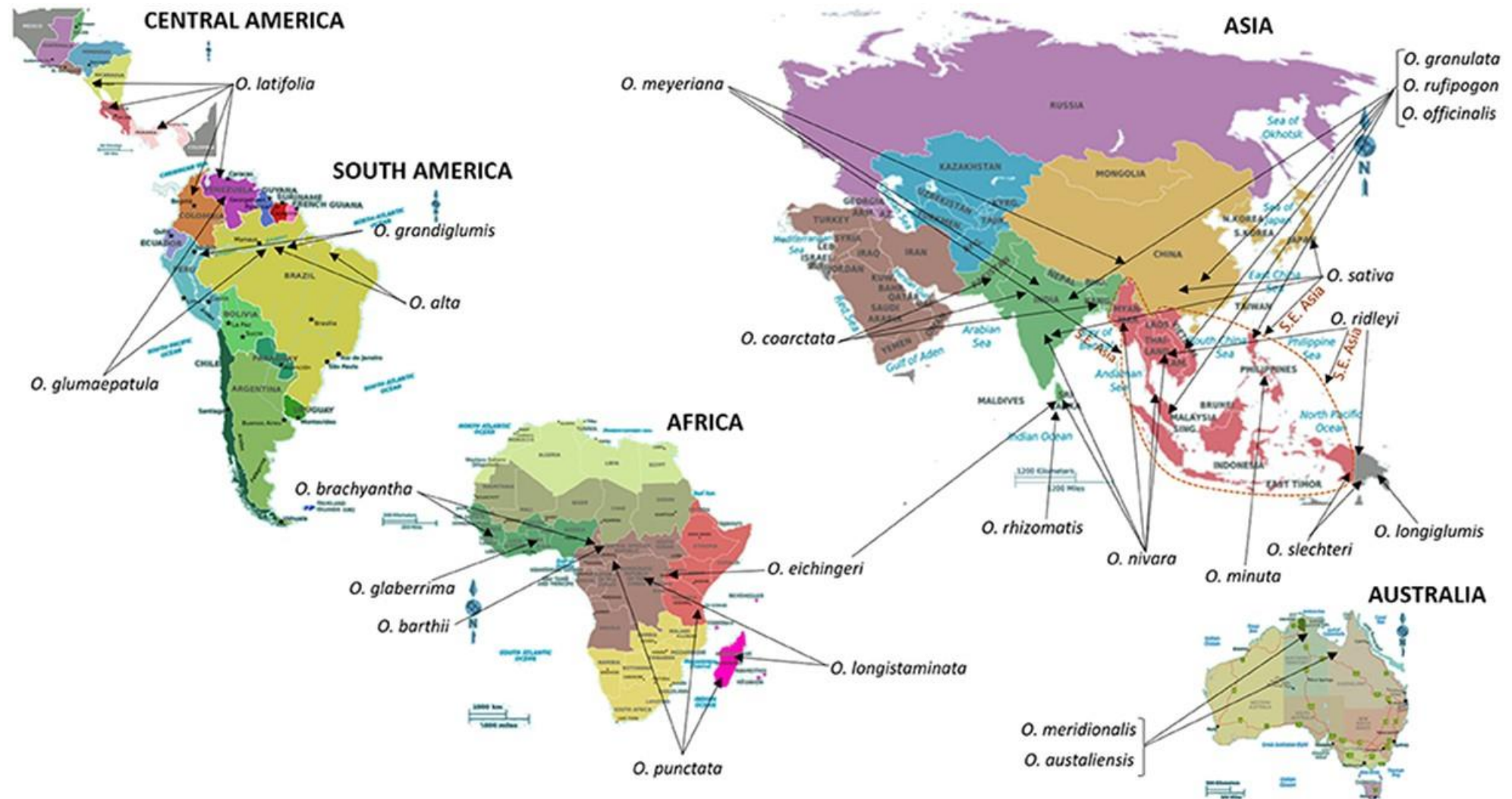
La domesticazione ha agito molto sulla resa ma poco sulle resistenze. È stato dimostrato che la selezione unidimensionale per una maggiore resa si traduca in un'allocazione delle risorse metaboliche verso una crescita e una riproduzione accelerate e lontano dalla tolleranza della pianta ai fattori biotici e abiotici (Rosenthal e Dirzo, 1997).

I genetisti ritengono sia possibile recuperare i 'tratti di resistenza' e portarli alle specie coltivate (nuove varietà) senza intaccare le rese!

Questo in alcuni casi potrebbe avvenire con il breeding (verificare compatibilità sessuale) o mediante trasformazione genetica.



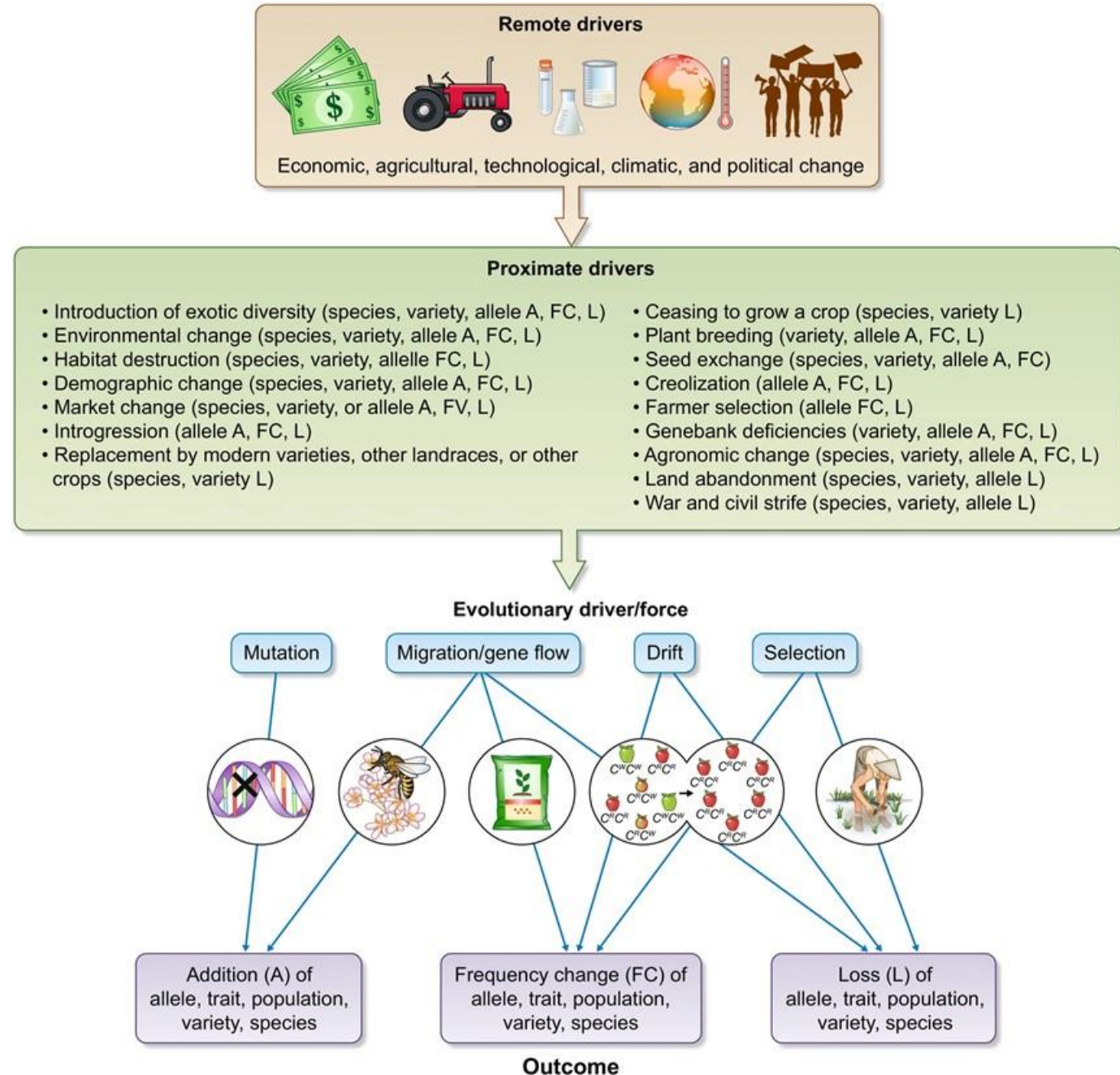
Il genere *Oryza* è composto da 24 specie di cui due, *Oryza sativa* L. e *Oryza glaberrima* S., sono coltivate e le restanti sono parenti selvatici distribuiti in tutto il mondo (Sanchez et al., 2013; Shakiba and Eizenga, 2014). Ad oggi sono stati identificati nelle specie selvatiche almeno 30 geni di resistenza a patogeni del riso come insetti, batteri e virus.



EROSIONE GENETICA

LA SELEZIONE SPINTA DETERMINA UNA FORTE PRESSIONE SULLA DIVERSITÀ GENETICA CHE VIENE PERSA

Un solo tipo di agricoltura determina la richiesta di uno solo (o pochi) geno-tipo di seme. I rischi di non avere più tratti genici da usare in caso di stress biotici e abiotici nei cereali sono reali!



DOMESTICAZIONE E METABOLISMO

Si pensa che la domesticazione in realtà abbia agito su un numero rilevante di famiglie di piante e almeno 2500 specie. Di queste solo 300 sono state realmente domesticate. Uno dei problemi più rilevanti non riguardava la struttura della pianta o la produttività, ma la tossicità della pianta. E' noto che le piante sono ricche di metaboliti secondari ed alcuni di questi sono molto tossici e pericolosi per l'uomo.

E' stato quindi dimostrato che in molti casi la domesticazione ha agito su geni e tratti collegati al metabolismo della pianta o di alcuni suoi organi.

Tratto da: Alseekh, Saleh, et al. "Domestication of crop metabolomes: desired and unintended consequences." *Trends in Plant Science* 26.6 (2021): 650-661.

Table 1. Genes Underlying Domestication That Are Directly Related to Metabolic Changes

Crop species	Gene	Function	Phenotypes
Apple	<i>Ma</i>	Transporter	Fruit acidity
Cucumber	<i>CmBr</i> , <i>CmBt</i>	Cytochrome P450s (CYPs)	Triterpenes/bitter taste
Melon	<i>CmPH</i>	Transporter	Acidity, sweetness
Watermelon	<i>QBRX2-1</i> , <i>CITST2</i> , <i>LCYB</i> , <i>CIAGA2</i>	Transporters, lycopene α -cyclase, α -galactosidase	Sweetness, sugars, carotenoids
Citrus sinensis	<i>Ruby</i> (MYB)	Transcription factor	Anthocyanin
Almond (<i>Prunus dulcis</i> Miller)	<i>bHLH1</i> to <i>bHLH5</i>	Transcription factor	Bitter and toxic cyanogenic diglucoside amygdalin
Grape	<i>VvmybA1</i> (MYBA1)	Transcription factor	Anthocyanin biosynthesis/color
Grape	<i>VvMYBA2</i>	Transcription factor	Anthocyanin biosynthesis/color
Potato	<i>GLYCOALKALOID METABOLISM 4</i> (GAME4)	Cytochrome P450	Steroidal alkaloids
Tomato	<i>Solyc10g085230</i>	UDP-glycosyltransferase	Steroidal alkaloids
Tomato	<i>Lin5</i>		Sugars
Tomato	<i>E8</i> (Solyc09g089580)	1-Aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase	Volatiles
Tomato	<i>TomloxC</i>	Lipoxygenases	Lipids and volatiles
Tomato	<i>LIP1</i>	Lipase	Lipids and volatiles
<i>Ziziphus jujuba</i> Mill.	Currently still not resolved		Fruit sweetness
<i>Glycine max</i>	<i>R2R3 MYB</i>	Transcription factor	Anthocyanin (seed color)
Rice	<i>Black hull 4</i> (Bh4)	Transporter	Color
Maize	<i>Teosinte branched 1</i> (tb1)	Transcription factor	Regulating phytohormones such as gibberellins, abscisic acid, and jasmonic acid
<i>Chenopodium quinoa</i>	<i>TSARL1</i> (bHLH)	Transcription factor	Saponins
Rice, potato	<i>Dihydroflavonol-4-reductase</i> (DFR)	Dihydroflavonol reductase	Anthocyanin and proanthocyanidin
Tomato, maize	<i>MYB12</i>	Transcription factor	Flavonoids
Barley, rice	<i>sd1</i>	Enzyme (oxidation)	Hormone biosynthesis

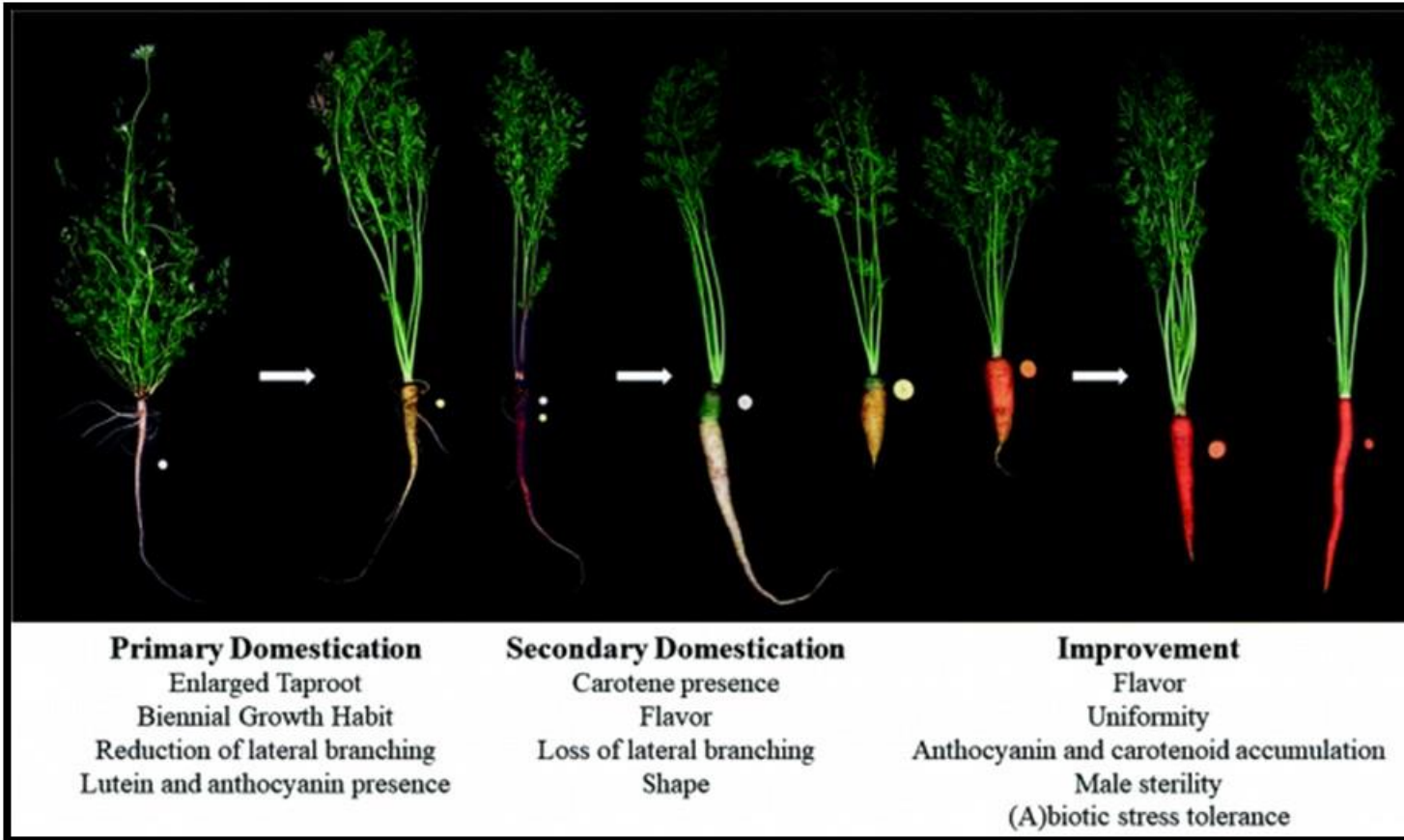
DOPO LE RESE IL GUSTO!

Vi sono tratti metabolici collegati con caratteristiche organolettiche: per esempio durante la domesticazione è stata modificata l'acidità nel melone (*Cucumis melo* var. cantalupo) e nella mela (*Malus domestica*), incrementata la dolcezza nell'anguria, reso attraente il colore negli agrumi, melone, pomodoro e ovviamente sono stati incrementati o eliminati determinati aromi.

Sono state anche esaltate alcune porzioni: ad esempio la carota fu inizialmente coltivata per le sue foglie aromatiche e i suoi semi, fino a quando non si iniziò a considerare il fittone che poteva aumentare di dimensioni. Si partì da un fittone amaro e duro (ricco di lignina) e si raggiunse la carota odierna.



La domesticazione della carota (*Daucus carota* subsp. *sativus*) è avvenuta in Asia centrale ed ha determinato un aumento del contenuto di carotenoidi, antociani e zucchero, perdita della ramificazione laterale delle radici, portamento biennale e aumento delle dimensioni e variazione della forma delle radici.



Non si conoscono i QTL di molti dei tratti modificati per questa ragione vi sono anche ipotesi di processi di domesticazione secondaria.

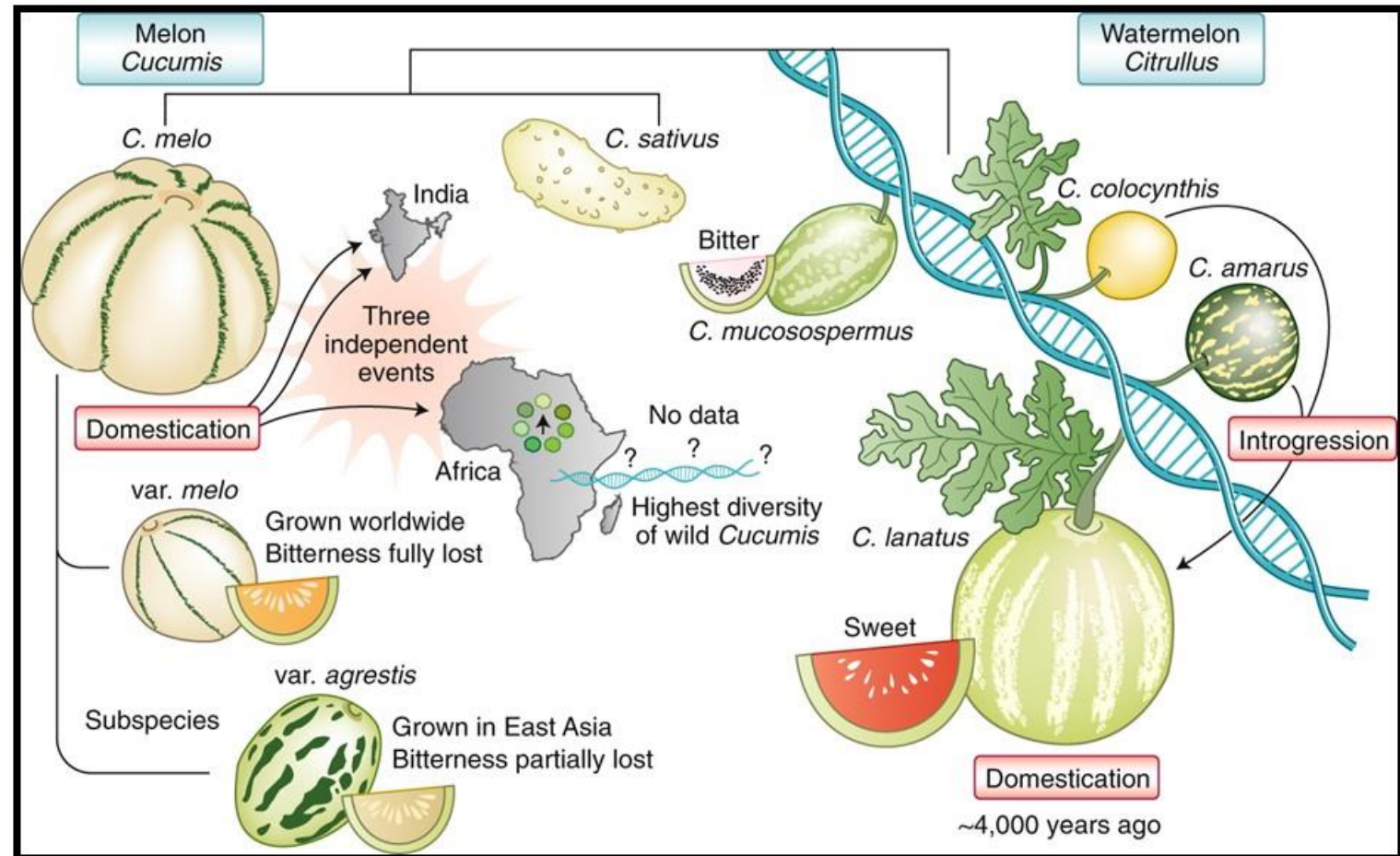
Sicuramente la genetica moderna ha permesso il miglioramento genetico e la diversificazione delle cultivar.



TRATTI METABOLICI SONO PIÙ COMPLESSI...E MULTIGENICI

Il melone (*Cucumis melo* subsp. *melo* e *agrestis*) e l'anguria (*Citrullus lanatus*) condividono la perdita di amarezza durante il processo di addomesticamento e un sapore particolarmente dolce. Tuttavia, i geni bersagli della domesticazione e selezione sono stati differenti, anche in diverse sottospecie.

Il melone (*Cucumis melo* L.) esiste in due sottospecie domestiche: melo e agrestis, che si differenziano per area di distribuzione, dimensione del frutto e amaro residuo. La sottospecie *agrestis* più amara, e melo che ha perso completamente i geni del sapore amaro. Interessante notare che i geni associati alla perdita di amarezza nelle sottospecie sono differenti ed è stato ipotizzato che entrambe le sottospecie sono state domestiche in India partendo da due specie selvatiche differenti. Un terzo evento di domesticazione potrebbe invece essere avvenuto in Africa.



L'anguria è stata invece domesticata in Africa circa 4.000 anni fa, ma pare con due eventi differenti. La specie selvatica *C. mucospermus* è stata sottoposta a domesticazione per la produzione ed il consumo di semi, mentre *C. lanatus* è stato addomesticato per la polpa dei frutti.

Anguria

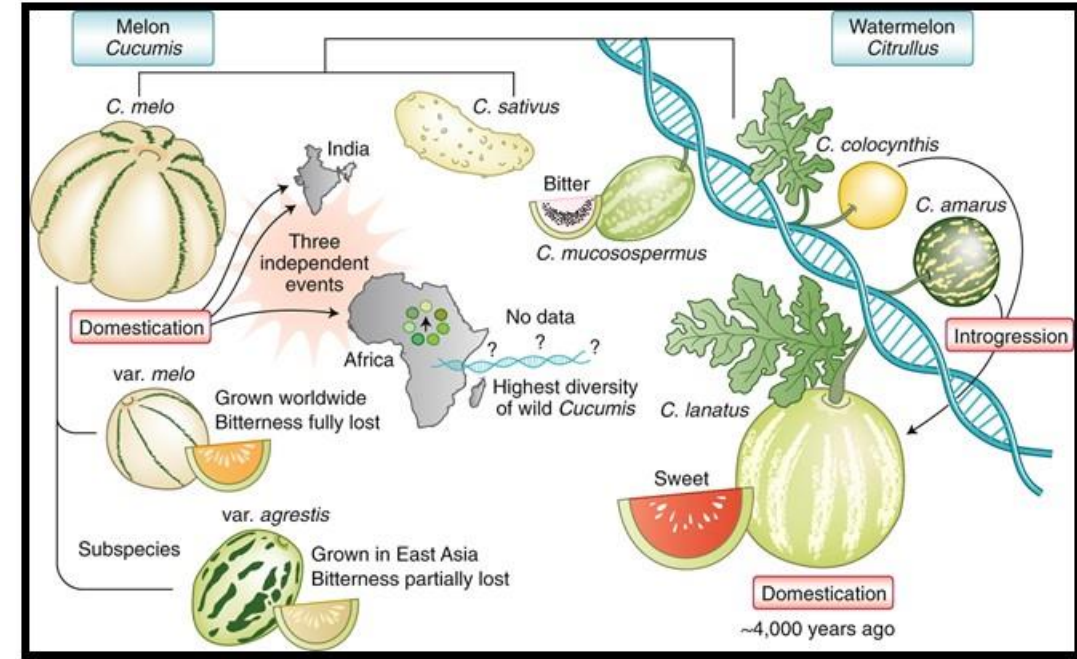
Wild watermelon

Judging by paintings of the fruit dating to the 17th century, watermelons may have once had seeds arranged in **swirly geometric patterns**.



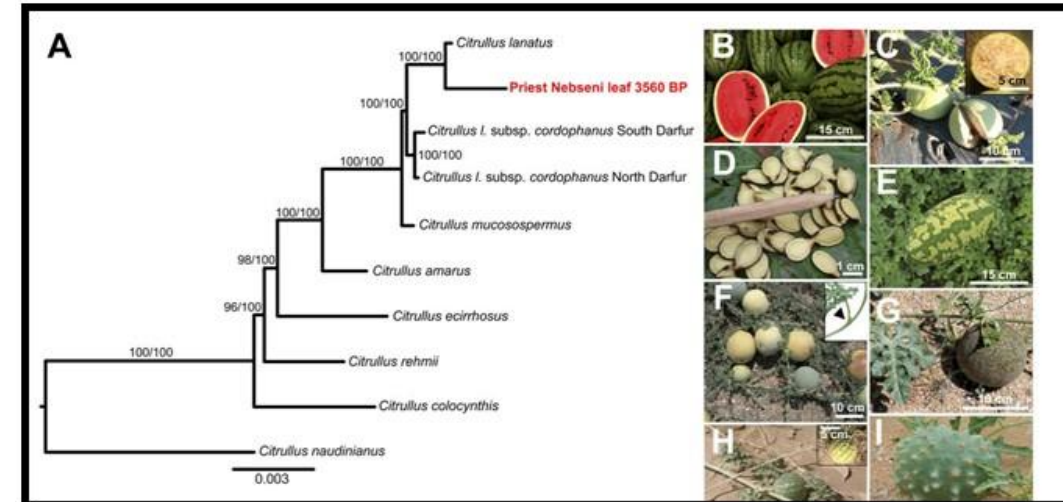
Modern watermelon

Over time, humans have bred watermelons to have a **bright red, juicy interior**. The **seeds are often removed** by preventing the plants from being fertilized by pollination.



I geni modificati sono numerosi. E' stato identificato il gene **CIBt** (presente anche nel cetriolo) che regola l'amarezza., un gene trasportatore di zucchero, **CITST2**, co-localizzato in un locus del tratto quantitativo della dolcezza della polpa del frutto.

E' stata inoltre dimostrata una forte associazione tra il colore della polpa rossa nella maggior parte delle moderne cultivar di anguria e un singolo scambio di amminoacidi nel gene **LCYB**, che è presumibilmente coinvolto nella sintesi del licopene.



DOMESTICAZIONE, METABOLISMO E FRUTTI

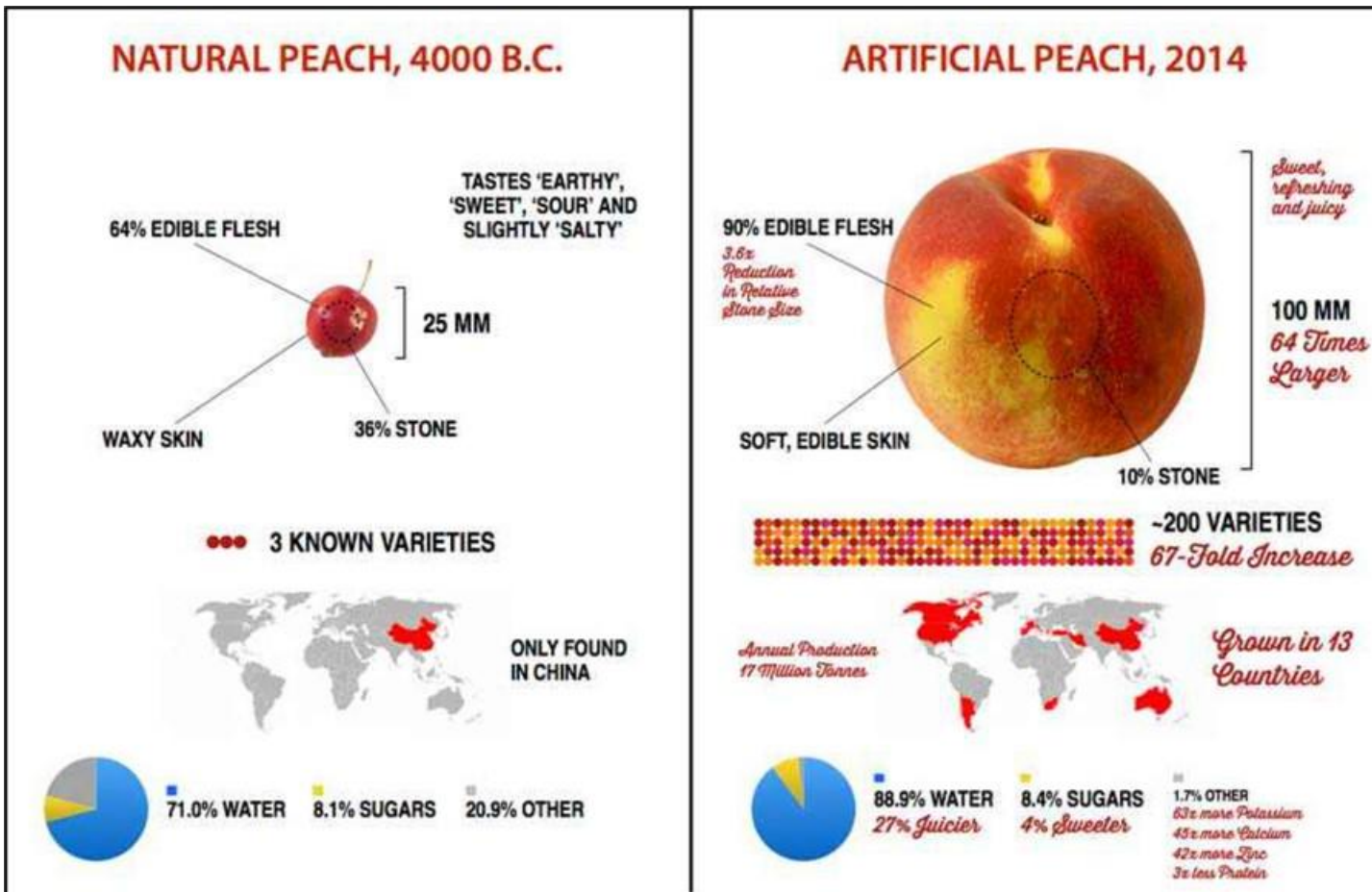
La domesticazione dei frutti è avvenuta molti anni dopo quella dei cereali. Si pensa che l'agricoltore avesse maggiore consapevolezza infatti gli alberi da frutto sono stati propagati vegetativamente. L'area che ha dato il maggiore contributo è l'Asia occidentale.



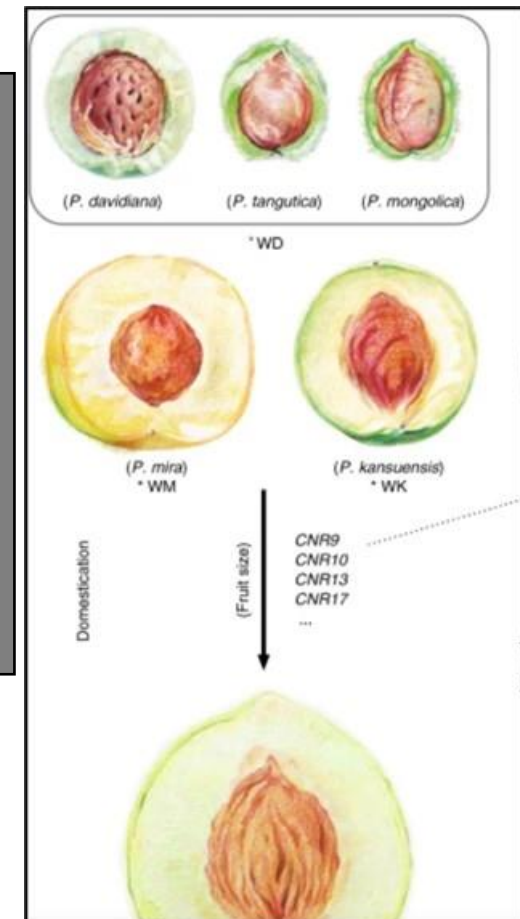
Tutti i frutti durante la domesticazione hanno subito modifiche simili a partire dall'aumento delle dimensioni e variazioni delle forma e della struttura. Certamente i mesocarpi carnosì sono stati selezionati positivamente.

La pesca è stata domesticata nel 6000 a.C. nella valle del Basso Yangtze (Cina). Negli anni successivi si assiste ad un aumento progressivo delle dimensioni sia della polpa, sia dei noccioli. Seguendo il percorso di diffusione si osservano ulteriori incrementi dimensionali a significare l'importanza del tratto. Si calcola che il seme dal 3500 a.C. al 1500 a.C. sia aumentato del 35% e di conseguenza anche il frutto.

Ovviamente il breeding e la selezione assistita ha ulteriormente modificato e incrementato le dimensioni dei frutti creando varietà adattate a diversi contesti e con anche peculiarità in gusto, contenuto di pigmenti ecc.



Sono stati individuati anche geni collegati a tratti delle dimensioni e del colore del frutto come i geni CNR9 e 10 che sono associati a specifici tratti del frutto in diverse varietà.



BANANA: FRUTTO 3N

La banana ha una storia molto antica (domesticazione circa 7000 anni fa) e la sua domesticazione avviene sempre in Papua Nuova Guinea a partire da una pianta del genere *Musa* (*M. acuminata*) che si caratterizzava per avere un frutto a buccia rossa o verde e molto ricca di semi. Si trattava di una specie diploide molto ricca di semi.

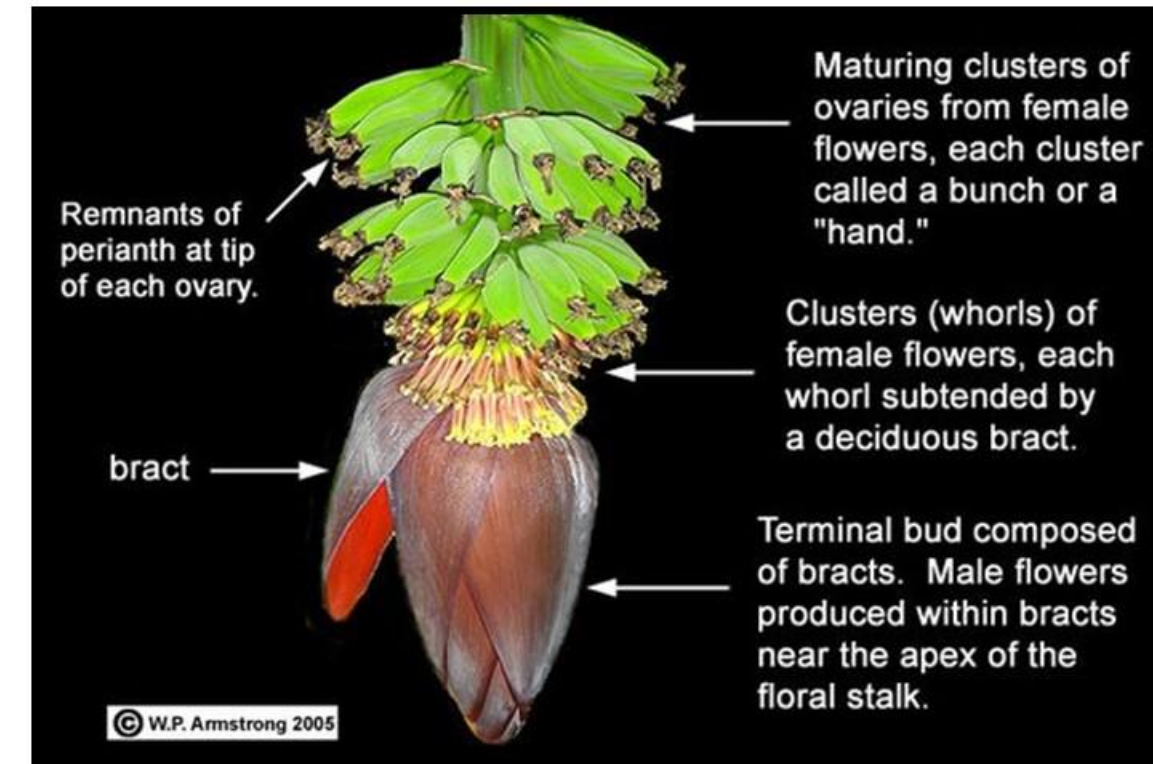
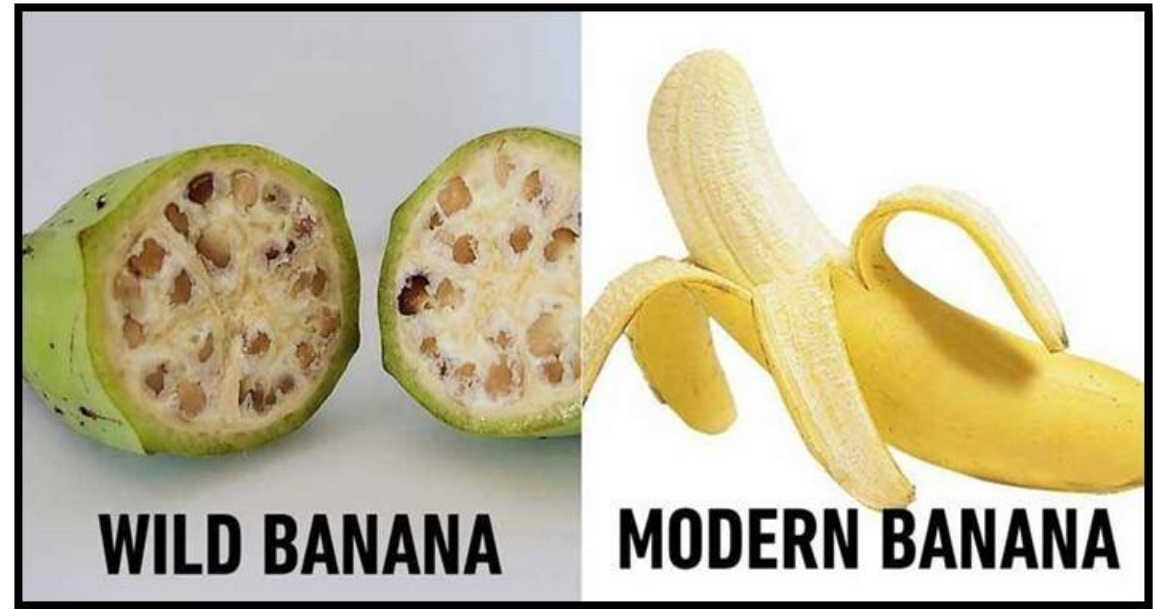
L'eliminazione dei semi lo si ottiene con il passaggio da diploide a triploide.

Si pensa che questo processo si sia avvenuto a causa di incroci successivi con specie affini sempre del genere *Musa*.

***Musa acuminata* genoma diploide AA**
X

***Musa balbisiana* genoma diploide BB**

Il risultante triploide sarebbe quindi partenocarpico ovvero i fiori femminili nella parte superiore sono in grado di generare frutti (ingrossamento ovario) indipendentemente dalla fecondazione dell'ovulo.

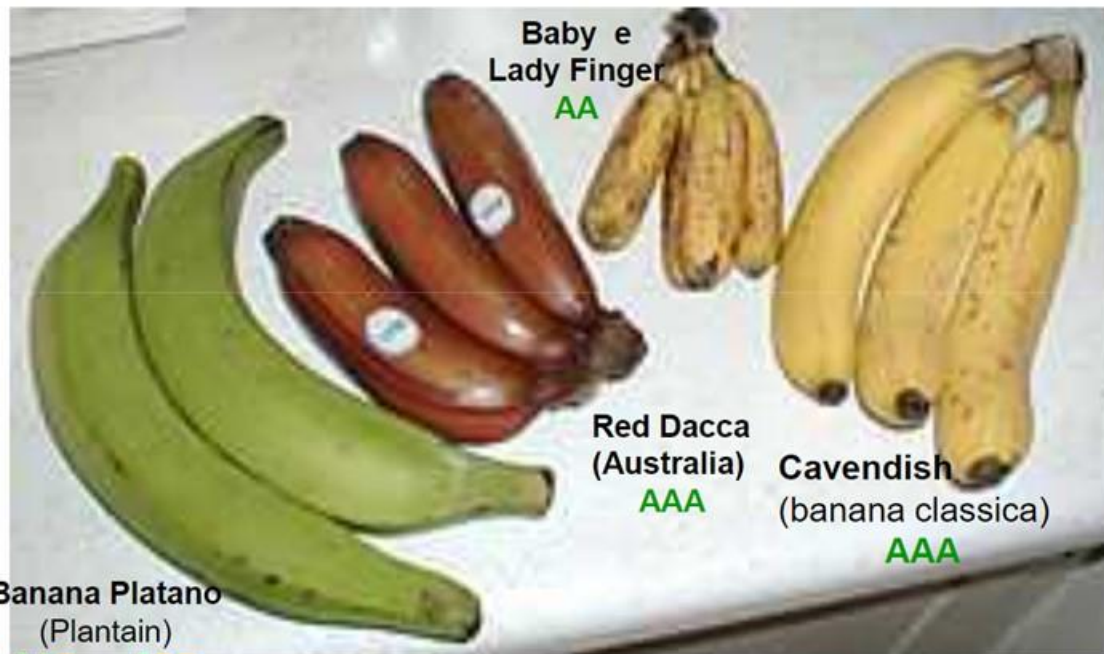


Un corredo 3n ha come vantaggio la produzione di frutti senza semi. L'elevata sensibilità all'etilene garantisce una maturazione rapida del frutto. Tuttavia la triploidia riduce le possibilità di incrocio e determina una riduzione della variabilità genetica.

Banana e Platano derivano dalla stessa matrice genetica. Si pensa che i vari reincroci abbiano generato più corredi 3n che si sarebbero diversificati in modo indipendente.

Dati archeobotanici suggeriscono che il platano si sia diversificato in Africa molti anni dopo la domesticazione e diffusione della banana.

Banana
varietà commercializzate e loro genoma



banana da cuocere,
fonte di amido

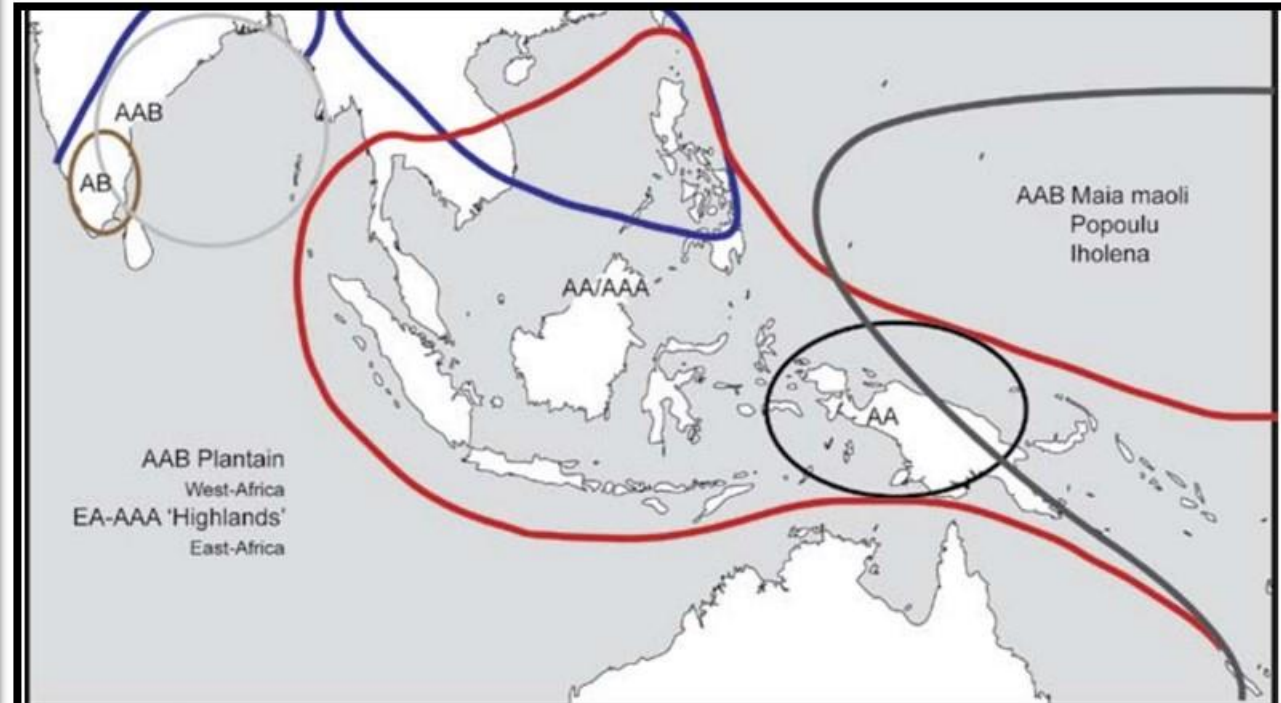
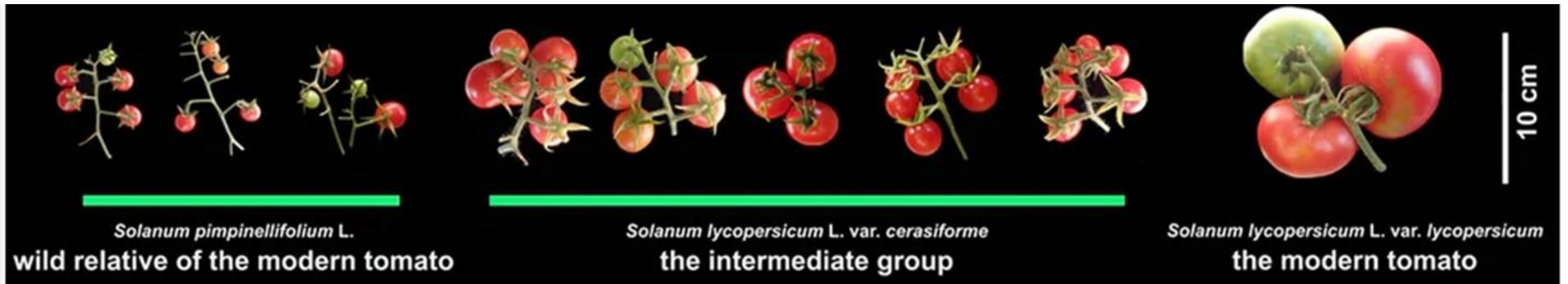


Figure 3. Geographical distribution of the main banana cultivar groups.

POMODORO

Il pomodoro (*Solanum lycopersicum*) è stato domesticato nelle aree agricole delle Ande (Messico o Perù). Si ritiene che *Solanum lycopersicum cerasiforme* sia l'antenato del pomodoro coltivato, in base alla sua ampia presenza in America centrale e ad alcune caratteristiche del fiore legate alla lunghezza degli elementi sessuali.

Dopo l'importazione in Europa il pomodoro subì notevoli modificazione e si crearono le numerose cultivar odierne.



Average fruit size in the cultivated tomato in comparison with its semi-domesticated and fully wild relatives.

I tratti modificati dalla specie selvatica hanno riguardato: il portamento più compatto, una maggiore precocità di fioritura, riduzione/perdita della dispersione e della dormienza dei semi, gigantismo e maggiore diversità morfologica nella porzione eduli.

POMODORO

Sono stati studiati e mappati QTL legati a diversi tratti di domesticazione del pomodoro.

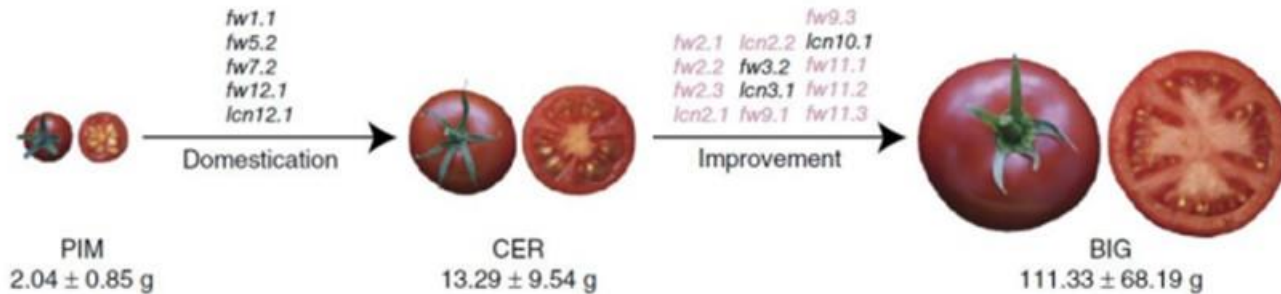
Uno di questi QTL, fw2.2, modifica il peso del frutto fino al 30% e sembra essere stato responsabile di una transizione chiave durante l'addomesticamento: tutte le specie selvatiche di *Lycopersicon* esaminate finora contengono in questo locus gli alleli dei frutti piccoli, mentre le cultivar moderne hanno alleli per frutti grossi.

Tratto da: Frary, A. et al. 2000. fw2.2: a quantitative trait locus key to the evolution of tomato fruit size. Science 289, 85–88



Fw2.2 ha diversi alleli. La forma selvatica produce un frutto di piccole dimensioni. La forma coltivata invece stimola da subito lo sviluppo del fiore. Nello specifico il gene controlla il numero di cellule del carpello che quando si trasforma in frutto è quindi più grosso.

Le alterazioni nella dimensione dei frutti, impartite dagli alleli fw2.2, sono molto probabilmente dovute a cambiamenti nella regolazione piuttosto che nella sequenza e nella struttura del codificato.



Si ipotizzano almeno due fasi di aumento delle dimensioni:

PIM si riferisce a *S. pimpinellifolium*;

CER a *S. lycopersicum* var. *cerasiforme*

BIG a *S. lycopersicum*.

POMODORO

Durante la prima fase di domesticazione ci si è concentrati sulla dimensione del frutto. Ma se confrontassimo i pomodori domesticati per primi rispetto a quelli attuali ci renderemo subito conto che le dimensioni sono cambiate. Il numero di loculi o comparti sono rimasti costanti, questo è stato associato ad altri fattori trascrizionali che controllano la struttura dell'ovario.

Regulatory change in YABBY-like transcription factor led to evolution of extreme fruit size during tomato domestication

Bin Cong^{1,2}, Luz S Barrero¹⁻³ & Steven D Tanksley^{1,2}

NATURE GENETICS 2008. VOLUME 40 (6), 800-804

YABBY è un fattore trascrizionale che controlla i geni legati allo sviluppo dei carpelli. Studi sui mutanti di questo gene hanno permesso di evidenziare come una mutazione a carico di una regione (primo introne) sia alla base della modificazione del carpello e della sua placentazione. Ciò porta al pomodoro attuale.

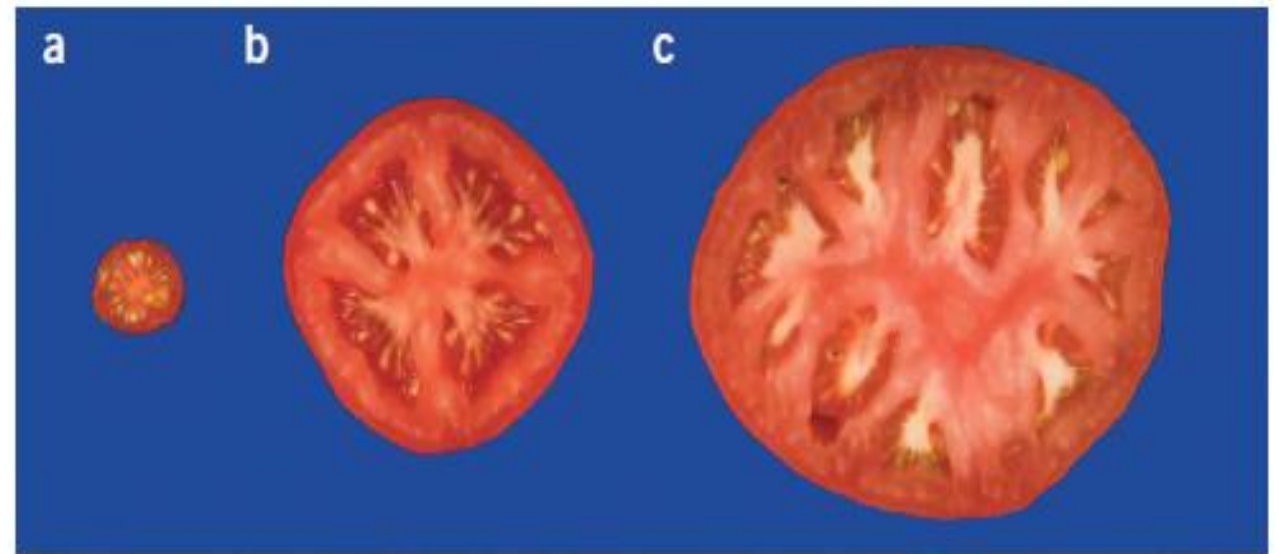


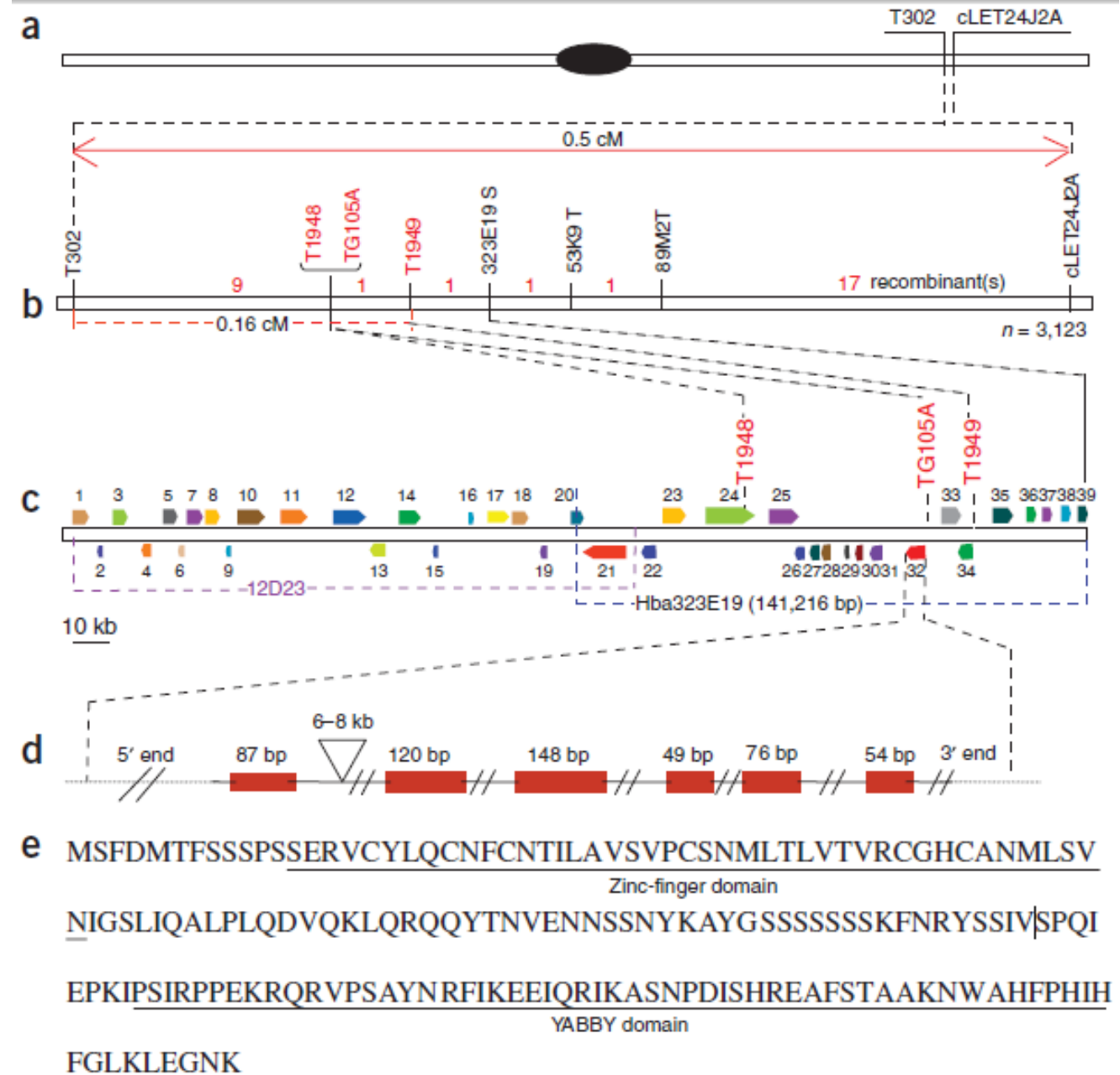
Figure 1 Progression of fruit size increase during tomato domestication. (a-c) Shown are fruit from a closely related wild species, *S. pimpinellifolium* (a), an intermediate-sized processing variety (E6203; b) and a large-sized fresh market variety (Jumbo Red; c). Progression in fruit size from a to b occurred mainly through increased cell division, but not changes in locule number. However, progression in fruit size from b to c was enabled by increases in locule number.

POMODORO: MAPPE GENETICHE

...Studi quantitativi di mappatura dei tratti hanno dimostrato che un numero relativamente piccolo di geni è stato coinvolto in questa drammatica transizione e questi geni controllano due processi: la determinazione del ciclo cellulare e del numero d'organo.

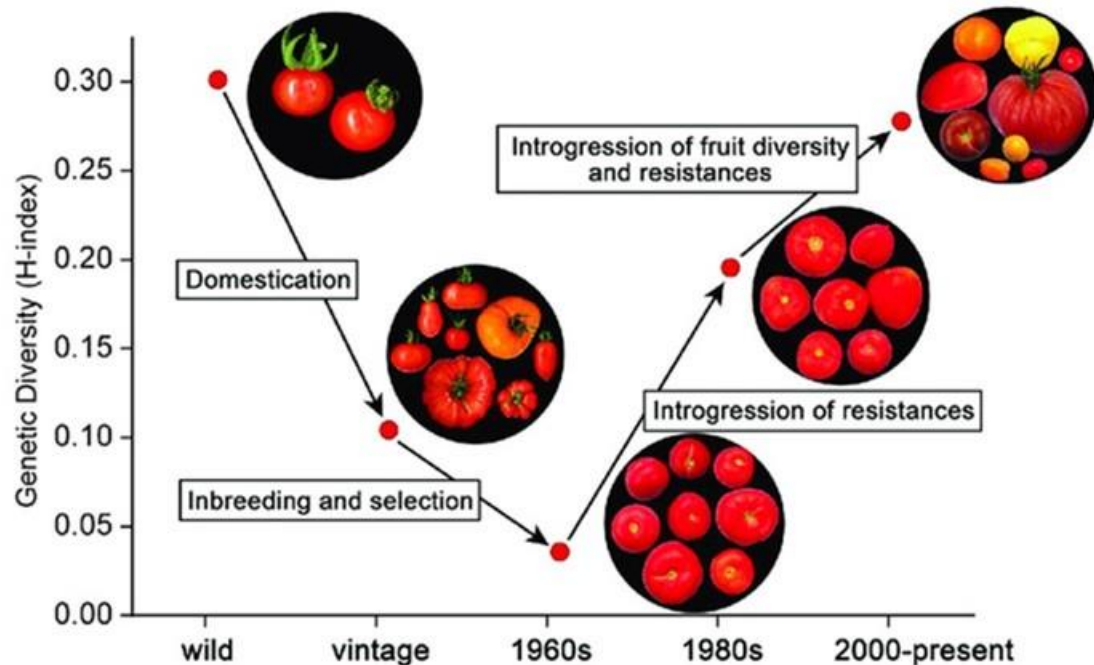
Il gene chiave nel primo processo è stato isolato e corrisponde a *fw2.2*, un regolatore negativo della divisione cellulare.

...il secondo grande passo nell'evoluzione della pezzatura estrema dei frutti è stato il risultato di una modifica della regolazione di un fattore di trascrizione simile a YABBY (fasciated) che controlla il numero dei carpelli durante lo sviluppo del fiore e/o del frutto.



POMODORO: MIGLIORAMENTO GENETICO

Nonostante le numerose cultivar, si stima che il pomodoro coltivato sia geneticamente molto impoverito. Dal genoma sequenziato emerge che le cultivar di pomodoro contengano <5% della variazione genetica dei loro parenti selvatici.



L'unica possibilità è sfruttare specie selvatiche più o meno affini soprattutto per reperire i geni per la resistenza a malattie e stress abiotici.

Genetic Diversity for Breeding Tomato

[Dariusz Kulus](#)

Chapter | [First Online: 19 October 2021](#)

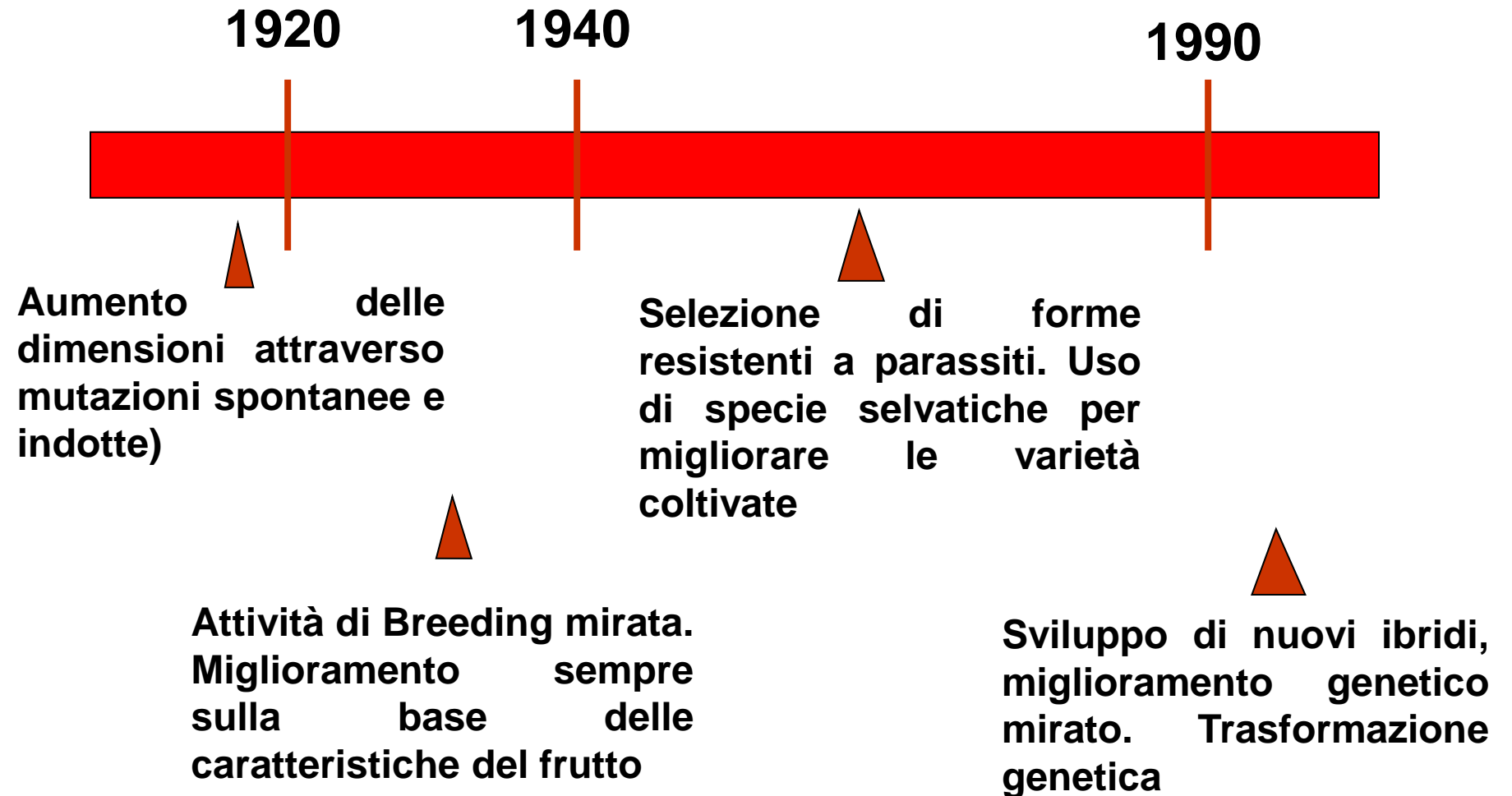
514 Accesses

Abstract

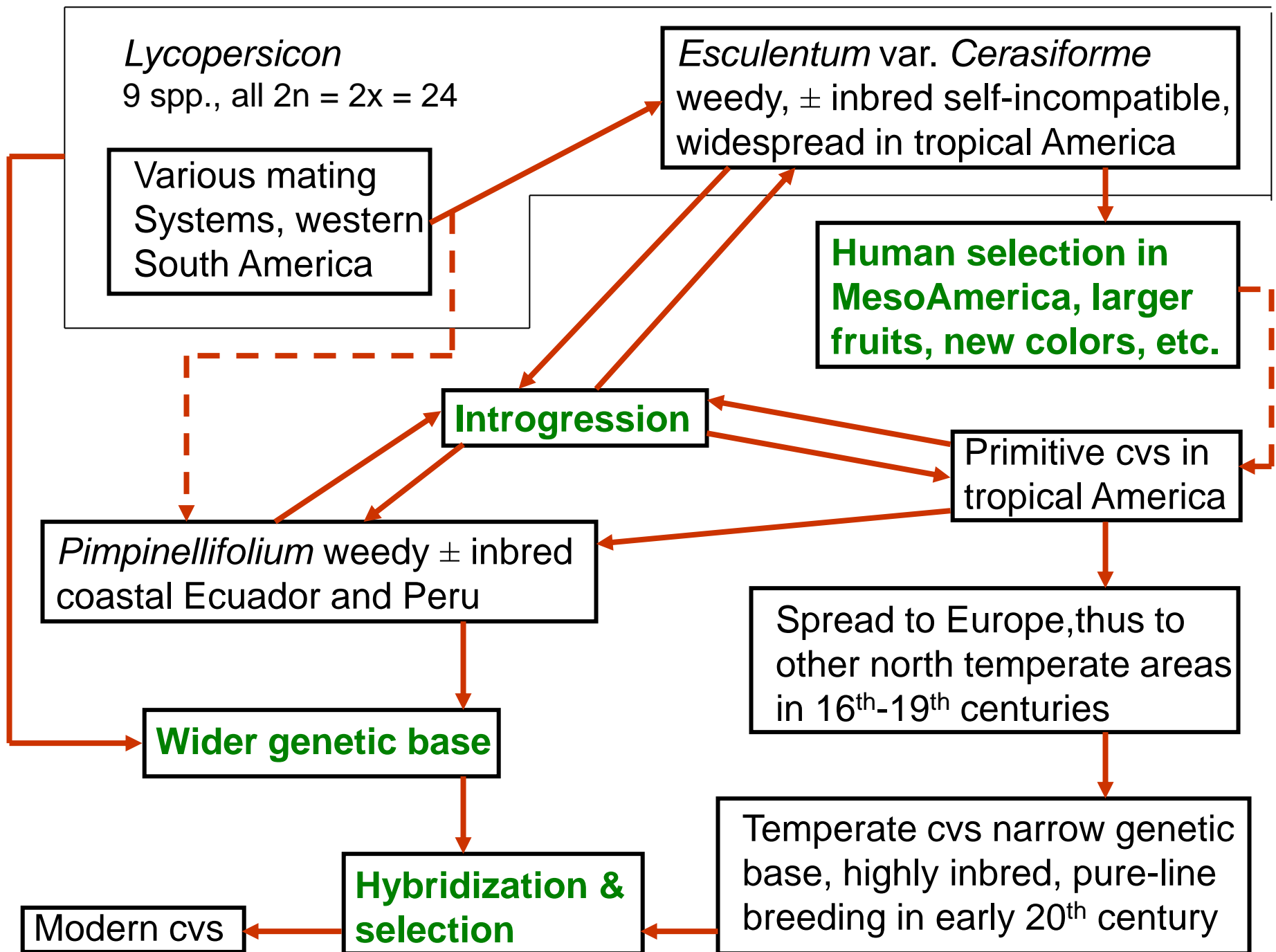
Tomato (*Solanum lycopersicum* L.) is the second most important vegetable crop on the market. It was primarily domesticated in Latin America. Italy and Spain are considered secondary centres of its diversification. In the past few decades, the tomato was subjected to intensive breeding programmes for the improvement of desirable traits. Next-generation sequencing-based mutation mapping approaches have currently enormous potential to accelerate breeding in this species. However, despite the high morphological diversity, the cultivated tomato suffers from serious genetic erosion and loss of genetic variability, due to the domestication syndrome. The genetic diversity of the species could be supported with wild tomato relatives and landraces. They constitute an important basis for both breeding and genetic research. Their utilization on a food production scale is limited because of the introduction of high-yielding modern cultivars. This makes conservation of the *Lycopersicon* section gene pool a necessity, both in situ and ex situ. Tomato germplasm collections can be stored either in seed banks (at low or freezing temperature) or at cryogenics (liquid nitrogen). In order to optimize the management of germplasm collections, efforts have been made to generate subsets of individuals that represent the diversity conserved in the whole collection. The development of highly parallel genome-wide assays has made the study of genetic polymorphism the fastest and most reliable method for the analysis of variability in germplasm collections. The aim of this chapter is to summarize the information on genetic diversity, conservation strategies, and breeding progress in tomato.

POMODORO: MIGLIORAMENTO GENETICO

Il miglioramento genetico mirato rappresenta la vera fonte di sostenibilità di questa coltura che è molto sensibile agli stress e necessita di una continua implementazione. La disponibilità di specie selvatiche più o meno sessualmente compatibili permette l'introduzione di tratti di interesse.



PERCORSO DEL POMODORO

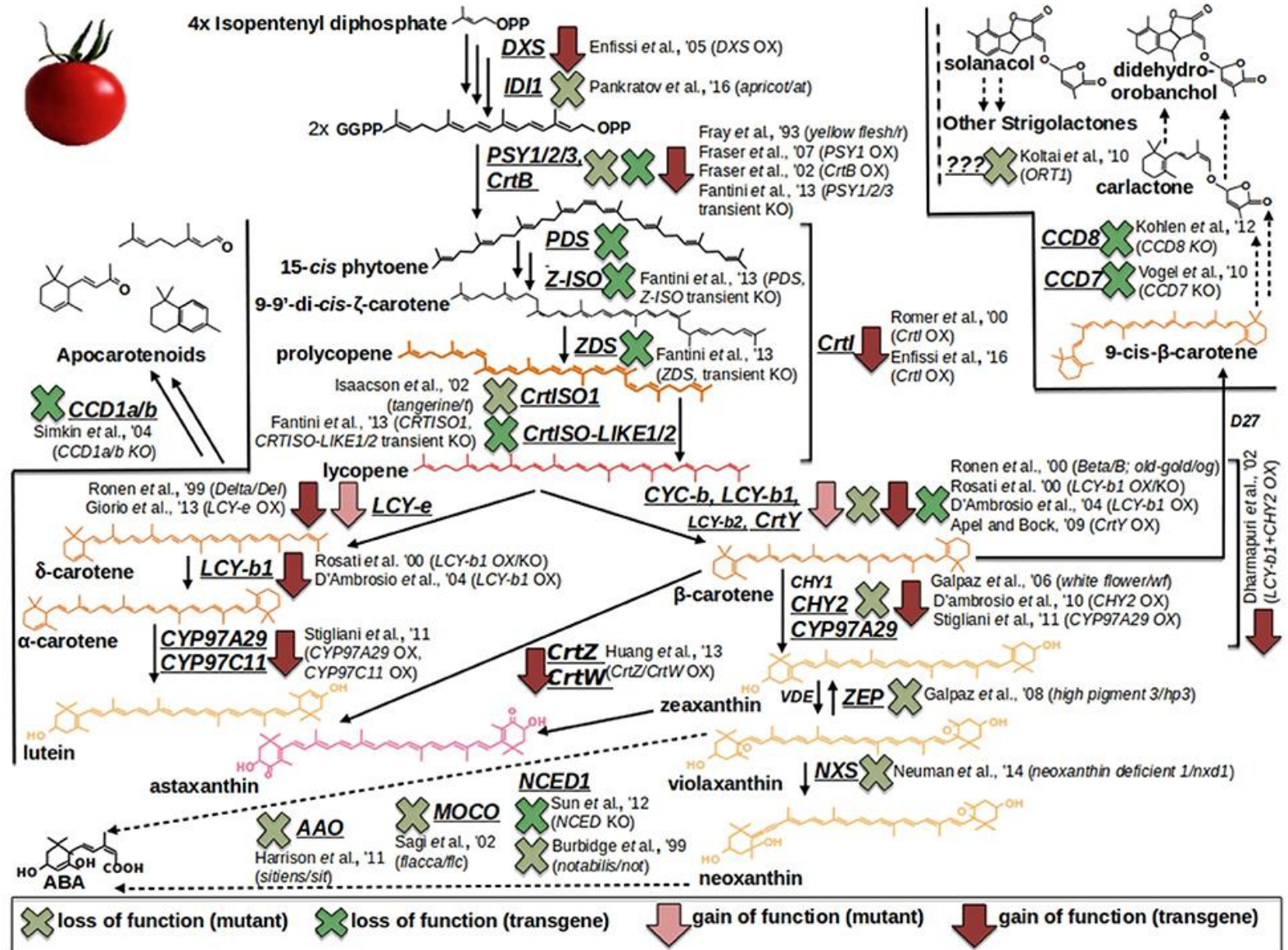


MIGLIORAMENTO MIRATO

Una delle potenzialità delle biotecnologie è la possibilità di agire sulle vie biosintetiche per esempio modificando il colore. Nella mappa di lato le possibilità per modificare la struttura delle catene di carotenoidi e antocianine.

Le frecce rosso chiaro e le croci verde chiaro indicano possibili mutanti che determinano acquisizione o perdita di funziona rispettivamente.

Le frecce rosso scuro e le croci verdi suggeriscono possibili interventi di genome editing rivolto alla sovraespressione o al knockout di specifici geni, rispettivamente.



UNA NUOVA DOMESTICAZIONE ?

Understanding Omics Driven Plant Improvement and *de novo* Crop Domestication: Some Examples

Rakesh Kumar^{1*†}, Vinay Sharma^{2†}, Srinivas Suresh¹, Devade Pandurang Ramrao¹, Akash Veershetty¹, Sharan Kumar¹, Kagolla Priscilla¹, BhagyaShree Hangargi¹, Rahul Narasanna¹, Manish Kumar Pandey², Gajanana Ramachandra Naik¹, Sherinmol Thomas³ and Anirudh Kumar^{4*}

In the current era, one of biggest challenges is to shorten the breeding cycle for rapid generation of a new crop variety having high yield capacity, disease resistance, high nutrient content, etc. Advances in the “-omics” technology have revolutionized the discovery of genes and bio-molecules with remarkable precision, resulting in significant development of plant-focused metabolic databases and resources. Metabolomics has been widely used in several model plants and crop species to examine metabolic drift and changes in metabolic composition during various developmental stages and in response to stimuli. Over the last few decades, these efforts have resulted in a significantly improved understanding of the metabolic pathways of plants through identification of several unknown intermediates. This has assisted in developing several new metabolically engineered important crops with desirable agronomic traits, and has facilitated the *de novo* domestication of new crops for sustainable agriculture and food security. In this review, we discuss how “omics” technologies, particularly metabolomics, has enhanced our understanding of important traits and allowed speedy domestication of novel crop plants.

