



fondazione
banfi

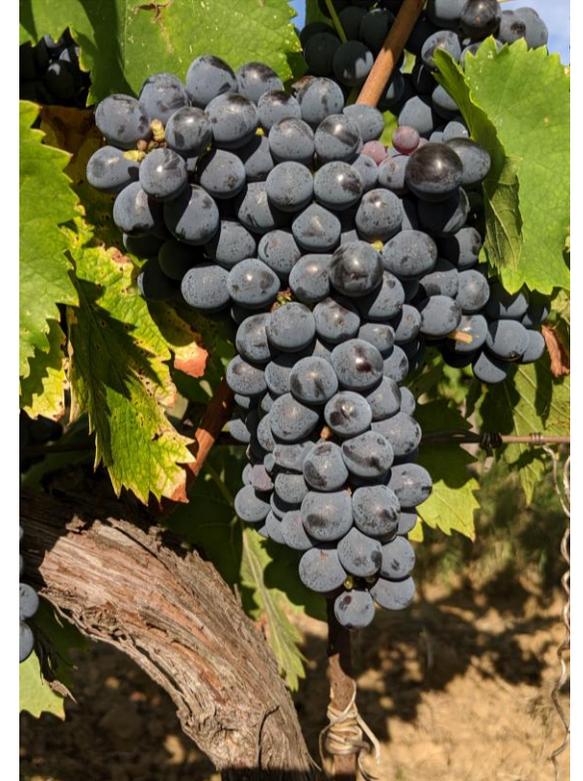
VIII Edizione
SUMMER SCHOOL SANGUIS JOVIS

HERITAGE
Frontiera del valore tra terroir e storytelling



L'epigenetica tra climate change e variabilità intravarietale

- ❖ Introduzione, concetti «chiave» della genetica
- ❖ Cosa si intende per epigenetica
- ❖ La storia dell'epigenetica
- ❖ Meccanismi di regolazione epigenetica
- ❖ Ereditabilità delle modifiche epigenetiche
- ❖ La vite come pianta modello per l'epigenetica e l'epigenomica
- ❖ Epigenetica e vite: evidenze dalla letteratura
- ❖ Sanguis Jovis - Grant per la ricerca 2019
- ❖ Prospettive future e conclusioni



Dr.ssa Alessandra Zombardo

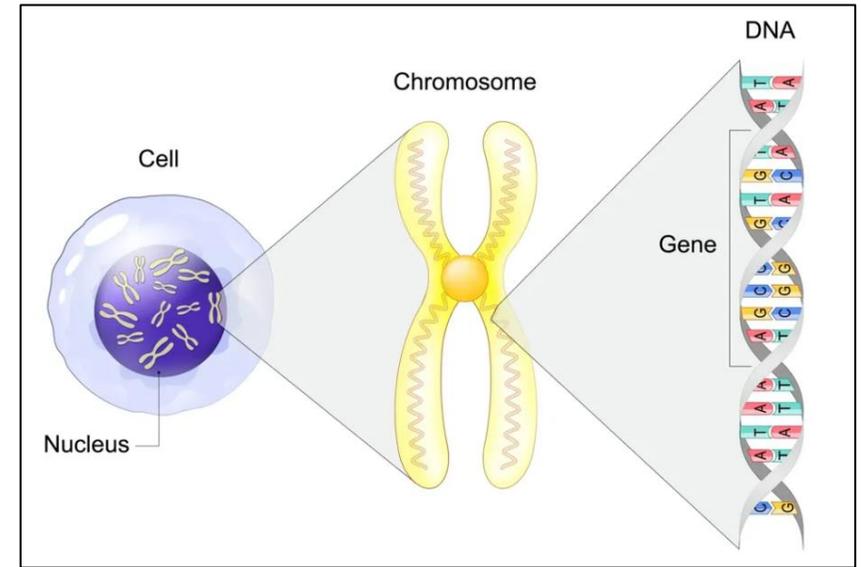


fondazione banfi
SANGUIS JOVIS
ALTA SCUOLA DEL SANGIOVESE

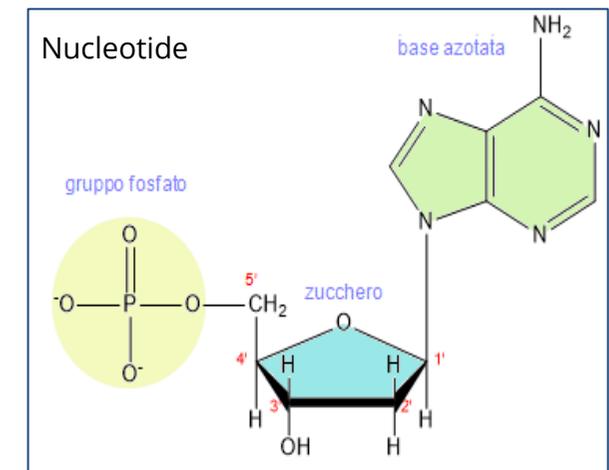


DNA, il codice della vita

- ❖ Genoma: codice genetico, informazione stabile ed ereditabile contenuta nel DNA
- ❖ 1954 → Scoperta struttura DNA: modello a doppia elica (Nobel per la medicina, 1962)



- ❖ Doppia elica: due filamenti polinucleotidici complementari
 - zucchero (5C, desossiribosio)
 - gruppo fosfato
 - base azotata (4 tipi - 2 purine: A, G; 2 pirimidine: T, C)



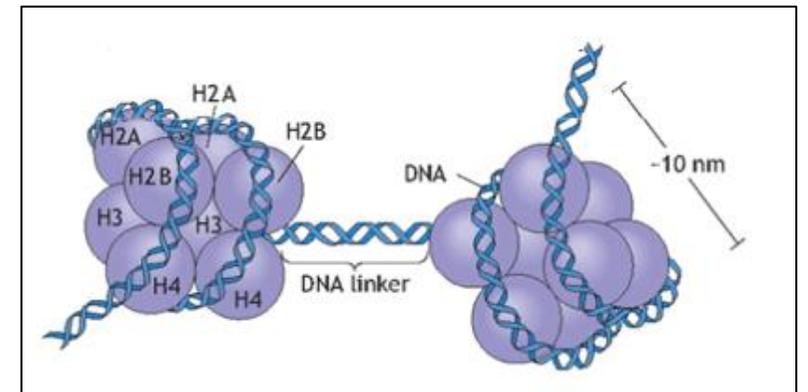
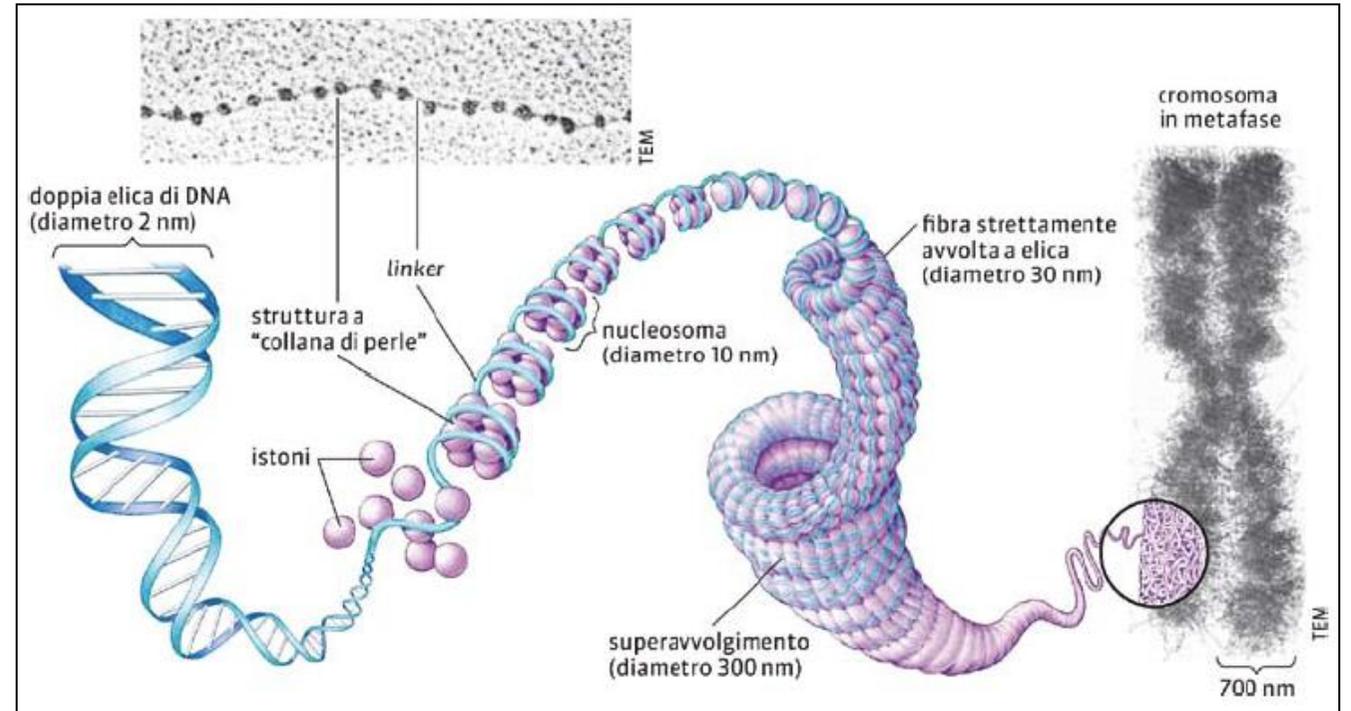
La struttura del DNA

❖ CROMATINA: DNA + istoni

❖ ISTONI (proteine): «perle»
(H2A, H2B, H3, H4) x2
core istonico, code istoniche

❖ NUCLEOSOMA:

unità fondamentale della cromatina, 8 istoni + DNA (146 bp)



Replicazione, espressione genica e sintesi proteica

❖ DNA: **Replicazione** (DNA → DNA)

Informazioni genetiche da una molecola di DNA a 1 altra, identica

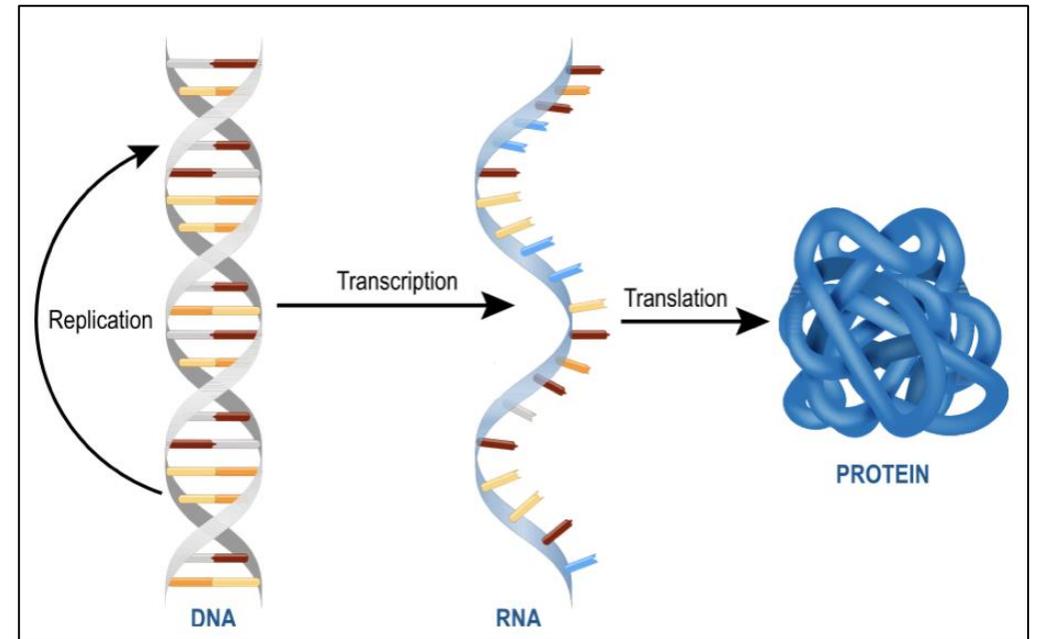
❖ DNA: **Trascrizione** (DNA → mRNA)

mRNA: singola elica, ribosio, U (no T)

❖ mRNA: **Traduzione** (RNA → PROTEINA: catena polipeptidica, aminoacidi)

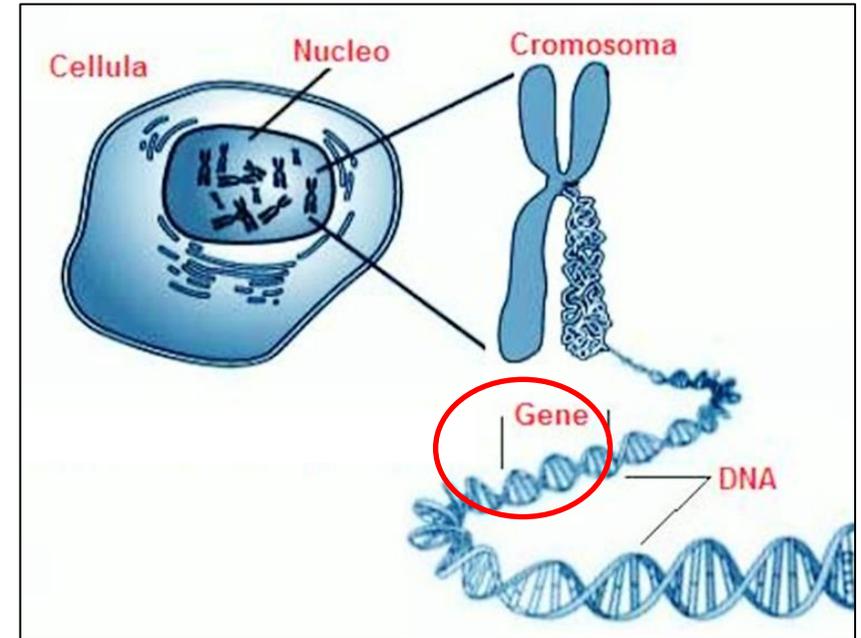
Codoni su mRNA (3 basi azotate)

complementari ad anticodoni (tRNA: 3 basi azotate, 1 AA) secondo regole del codice genetico



Differenziamento cellulare

- ❖ DNA: Sequenza identica in tutte le cellule somatiche
- ❖ Geni: unità funzionali del genoma
localizzati in una zona specifica di un cromosoma (*locus*)
- ❖ Organismi diploidi: 2 forme alternative (alleli)
- ❖ Differenziamento: pattern di espressione genica diversi nelle singole cellule, regolazione spaziale e temporale



- attivati alcuni geni (fattori di trascrizione, enzimi biosintetici, strutturali), silenziati altri
- solo una parte del patrimonio genomico è trascritta in ogni cellula!

EPIGENETICA: *al di sopra della genetica*

«The living genome»

«Epigenetic revolution»



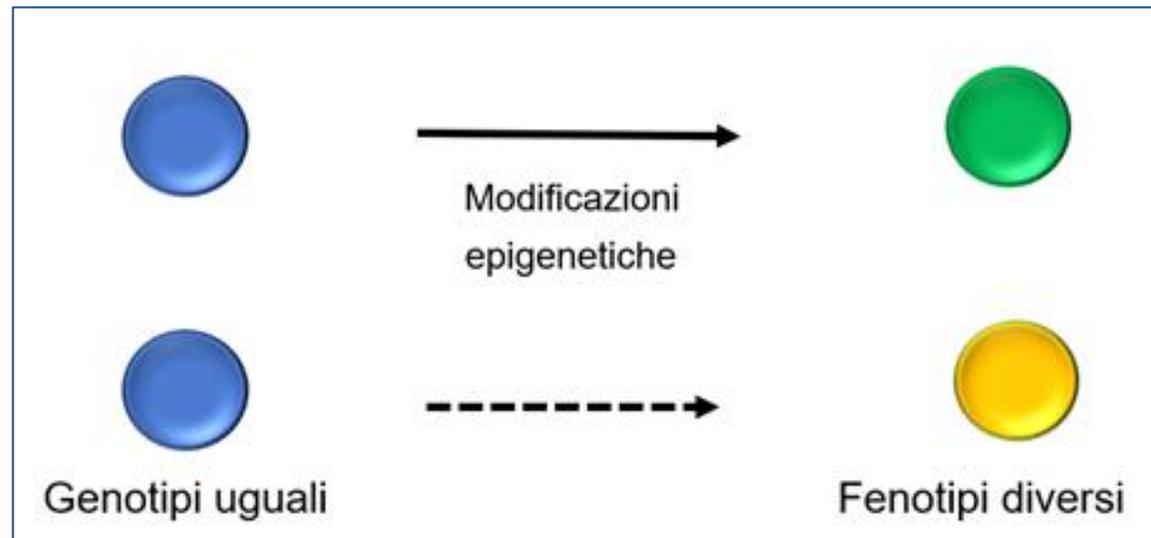
«Qualsiasi cambiamento, potenzialmente stabile ed ereditabile,
nell'espressione genica che si verifica
senza un cambiamento nella sequenza del DNA»

Haig, 2004

Un cambiamento del FENOTIPO senza un cambiamento nel GENOTIPO

- ❖ Genotipo → insieme dei geni di un individuo
- ❖ Fenotipo → insieme dei caratteri manifestati da un individuo

GENOTIPO, EPIGENOTIPO = FENOTIPO



Genetica VS Epigenetica

- ❖ Genetica → «Hardware»
- ❖ Epigenetica → «Software»

GENETICS	EPIGENETICS
<p>“Reading the book of life”</p> <p>EPIGENETIC REGULATION OF NORMAL CELLULAR PROCESSES IS TYPICALLY DRIVEN IN A CELL TYPE DEPENDENT MANNER. THIS REQUIRES AN EXQUISITE LEVEL OF INTERPLAY BETWEEN EPIGENETIC LAYERS INCLUDING DNA METHYLATION, NUCLEOSOME POSITIONS AND HISTONE MODIFICATIONS AMONGST OTHERS TOGETHER EPIGENETIC MECHANISMS ESTABLISH THE CORRECT GENE EXPRESSION PATTERNS AND HIGHER ORDER CHROMATIN STRUCTURES. THUS THE IDENTITY OF EACH CELL OF THE SEED. DNA METHYLATION IS THE BEST STUDIED EPIGENETIC MODIFICATION. PRECISE DNA METHYLATION PATTERNS ARE ESTABLISHED DURING EMBRYONIC DEVELOPMENT AND ARE MITOTICALLY HERITABLE THROUGH MULTIPLE CELLULAR DIVISIONS.</p>	<p>“Translating the book of life”</p> <p>Epigenetic regulation of normal cellular processes is typically driven in a cell type-dependent manner. This requires an exquisite level of interplay between epigenetic layers, including DNA methylation, nucleosome positions and histone modifications, amongst others.</p> <p>Together, epigenetic mechanisms establish the correct gene-expression patterns and higher-order chromatin structures; thus, the identity of each cell. Of these, DNA methylation is the best-studied epigenetic modification. Precise DNA methylation patterns are established during embryonic development and are mitotically heritable through multiple cellular divisions.</p>



Linaria vulgaris, Linaria pelorica

«Linnaeus' Peloria: the History of a Monster»

❖ *Linaria vulgaris*: variante spontanea, «wild tipe»

Fiore asimmetrico

❖ *Linaria pelorica*: scoperta casuale, Svezia, 1742

Fiore con simmetria radiale

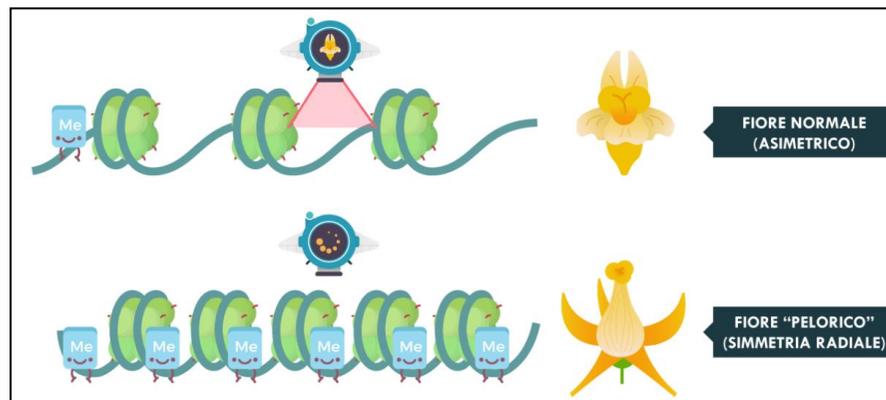
→ classificata come forma «mostruosa» (Carlo Linneo, 1744)

Mutazione genetica o processo epigenetico?!

Risposta: Fine XX secolo!



Miska and Ferguson-Smith, 2018



Progetto Bandiera EPIGEN, 2018

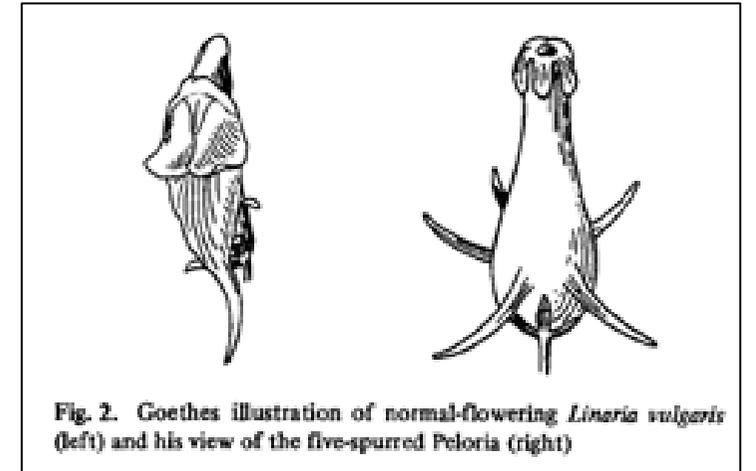


Fig. 2. Goethe's illustration of normal-flowering *Linaria vulgaris* (left) and his view of the five-spurred Peloria (right)

Gustafsson, 1979

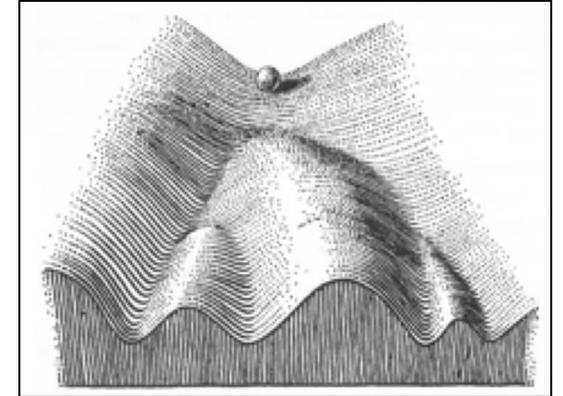


fondazione banfi

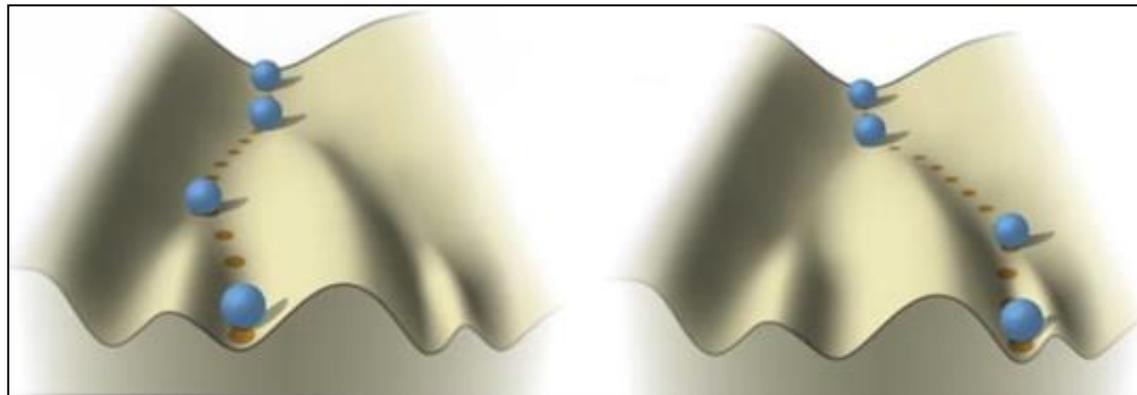
SANGUIS JOVIS
ALTA SCUOLA DEL SANGUEVESE

Epigenetic Landscape

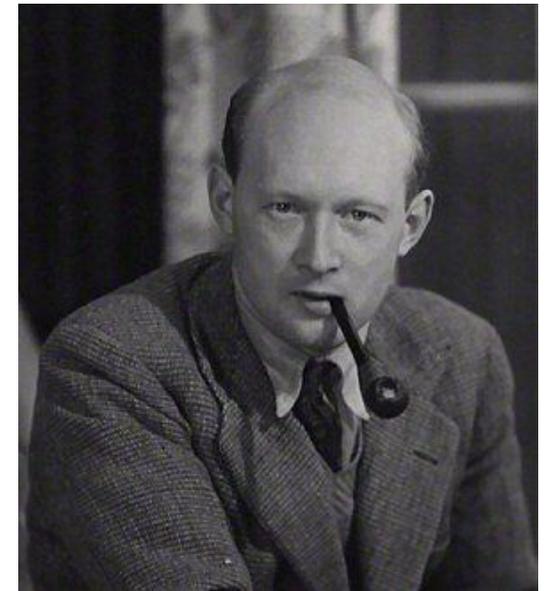
- ❖ Metafora per lo sviluppo biologico (Conrad Waddington, 1942)
- ❖ «La branca della biologia che studia le interazioni causali tra i geni e i loro prodotti, che danno origine al fenotipo»
- ❖ Destino cellulare stabilito in fase di sviluppo
- ❖ Le cellule sono come biglie: raggiungono il punto più basso rotolando in maniera casuale nelle valli separate dalle creste



Goldberg et al., 2007



Mitchell, 2007

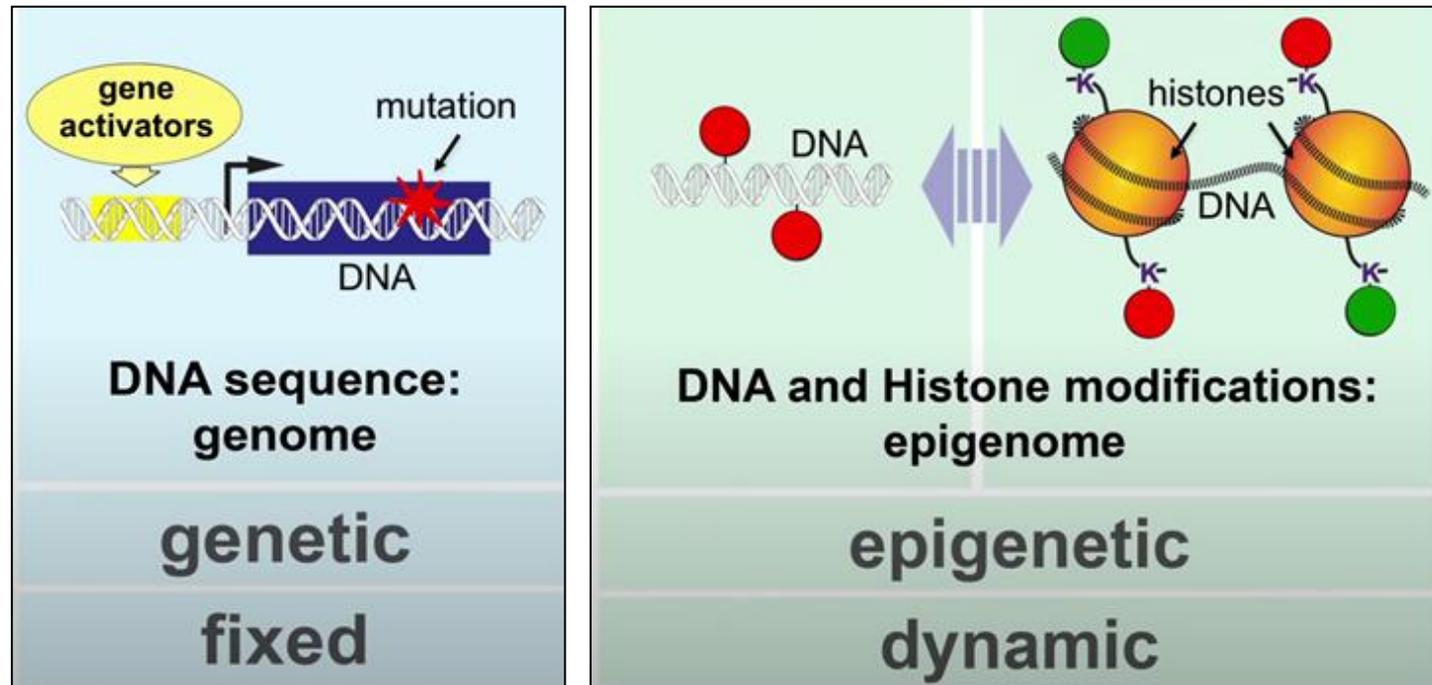


Mutazioni ≠ Epimutazioni

❖ Mutazioni: Cambiamenti nelle sequenze di nucleotidi del DNA

→ Permanenti!

❖ Epimutazioni: Modifiche chimiche del filamento di DNA o degli istoni, più frequenti e rapide → Reversibili!



La regolazione epigenetica

Fini meccanismi di regolazione che inducono cambiamenti nell'espressione genica

SENZA

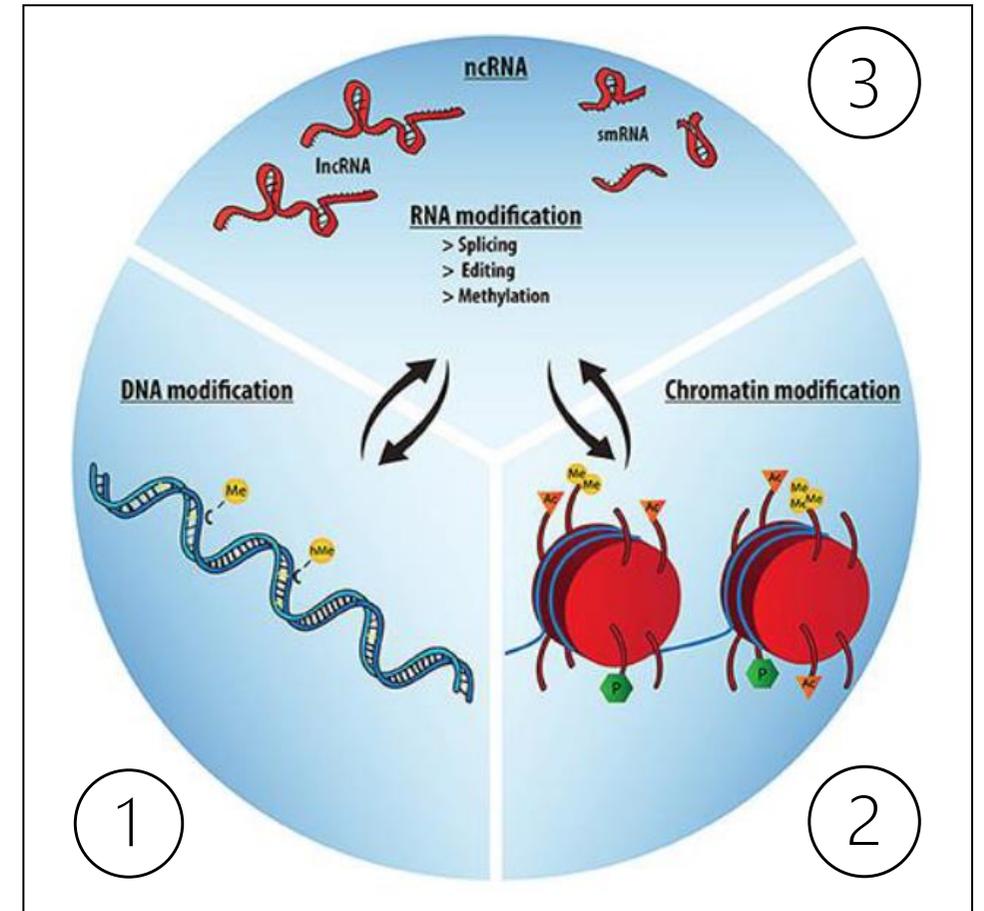
apportare modifiche alla sequenza del DNA

Transcriptional Gene Silencing

- ❖ Metilazione del DNA (1)
- ❖ Modificazioni istoniche (2)

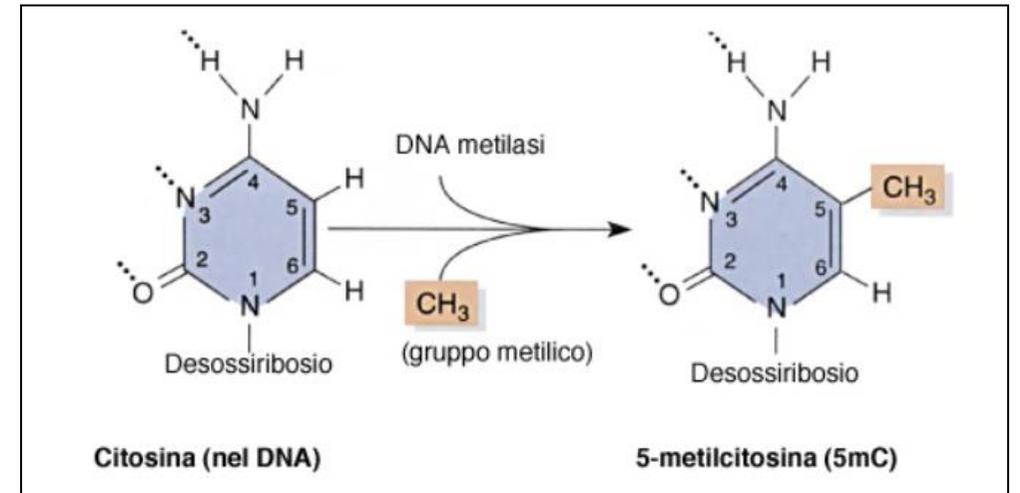
Post-Transcriptional Gene Silencing

- ❖ Editing mediato da RNA non-codificanti (3)



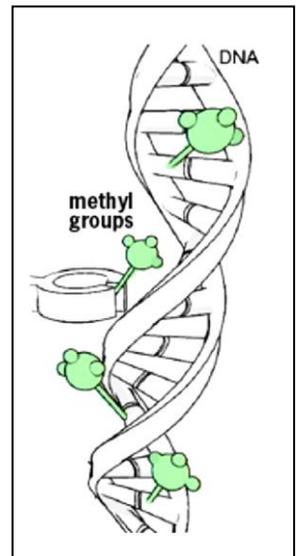
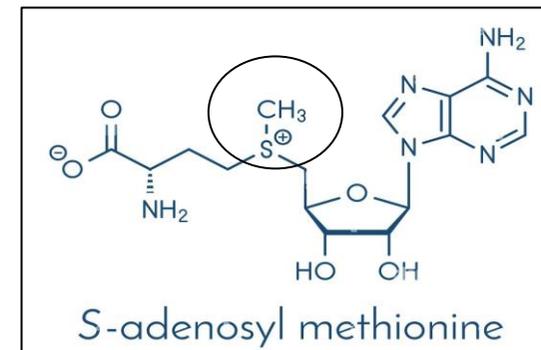
1) Metilazione del DNA

- ❖ meccanismo epigenetico più studiato
- ❖ induce silenziamento genico
- ❖ reversibile
- ❖ mediato da diversi **enzimi***



Aggiunta di un gruppo (-CH₃)

- ❖ In posizione 5' CITOSINA → 5-METILCITOSINA
- ❖ Legame covalente, donatore: S-adenosil-metionina



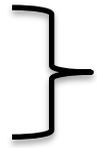
La metilazione nelle piante

TRE contesti diversi

❖ CG

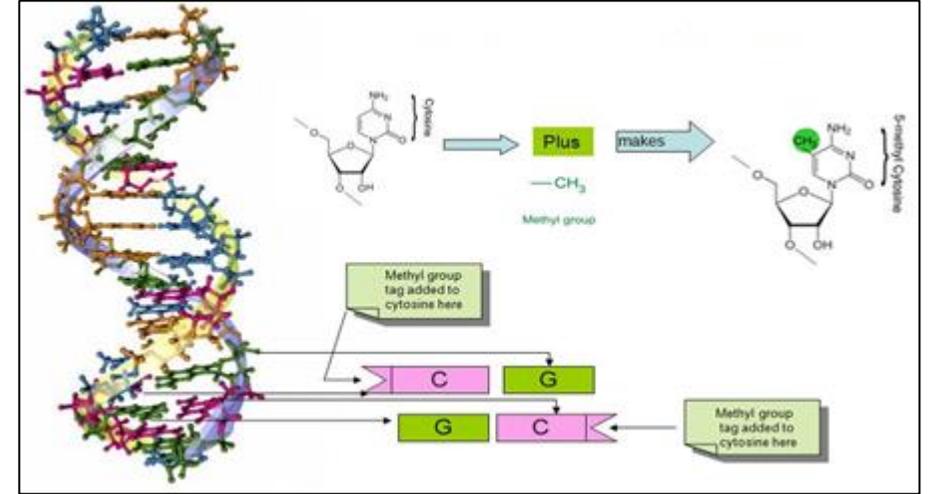
❖ CH*G

❖ CH*H*

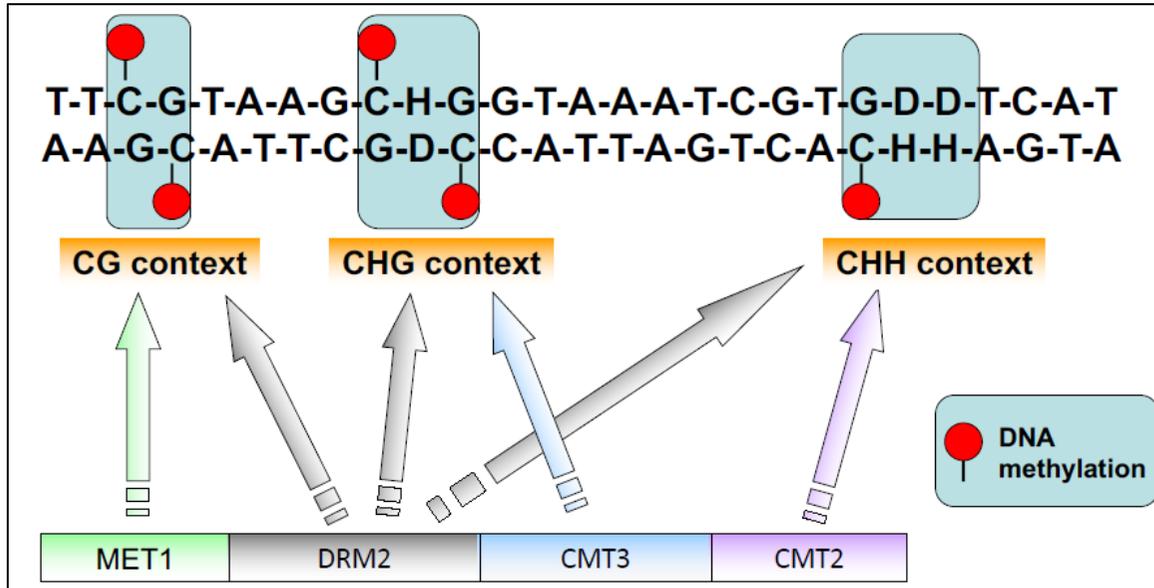


Sequenze simmetriche

Sequenze non simmetriche



H* = A, G, o T



Enzimi coinvolti nella metilazione

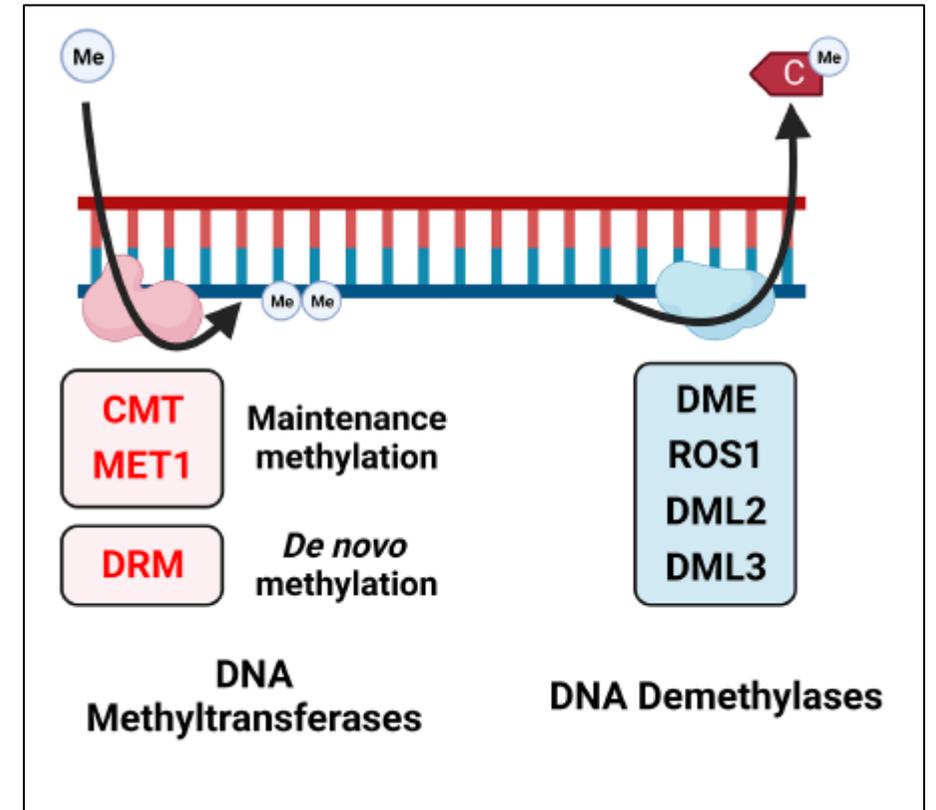
DNA methyltransferases (DNMTs)

- ❖ Metiltransferasi 1 (MET1)
- ❖ Cromometilasi 2 e 3 (CMT2, CMT3)
- ❖ Domains rearranged metiltransferasi 2 (DRM2)

→ Specificità enzimatica nei \neq contesti di metilazione

→ Metilazioni *de novo*

→ Metilazioni di mantenimento: conservate nello strand di DNA in caso di replicazione



Pereira et al., 2025



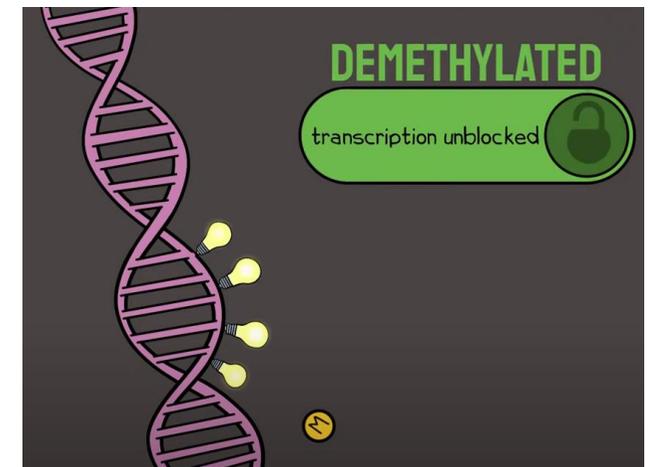
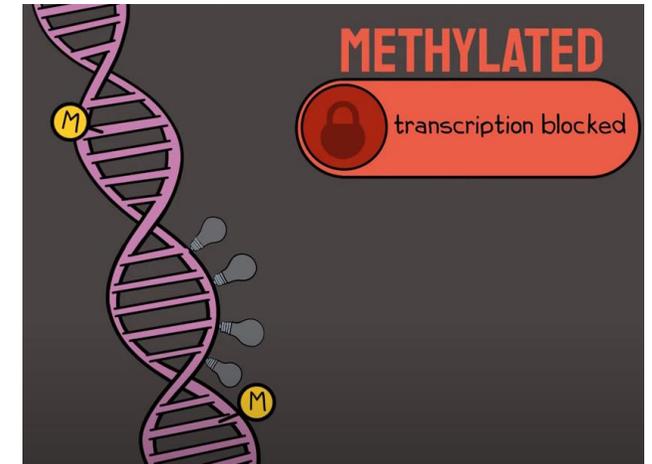
Enzimi coinvolti nella demetilazione

DNA demethylases

- ❖ Repressor of silencing 1 (ROS1)
- ❖ DEMETER-like proteins (DML), diversi tipi

- rimozione 5-metilcitosina e reinserimento citosina
- Epigenetic resetting

NB: di default vengono rimossi gruppi (-CH₃)
ad ogni rigenerazione cellulare!



Progetto Bandiera EPIGEN, 2018

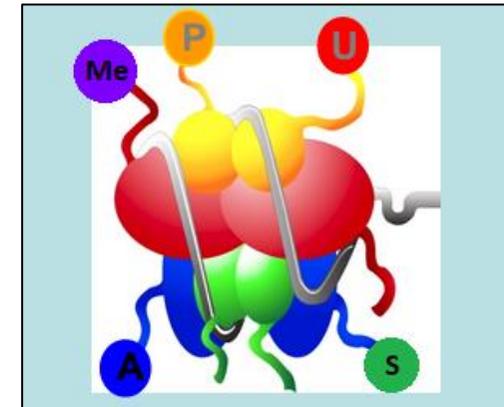
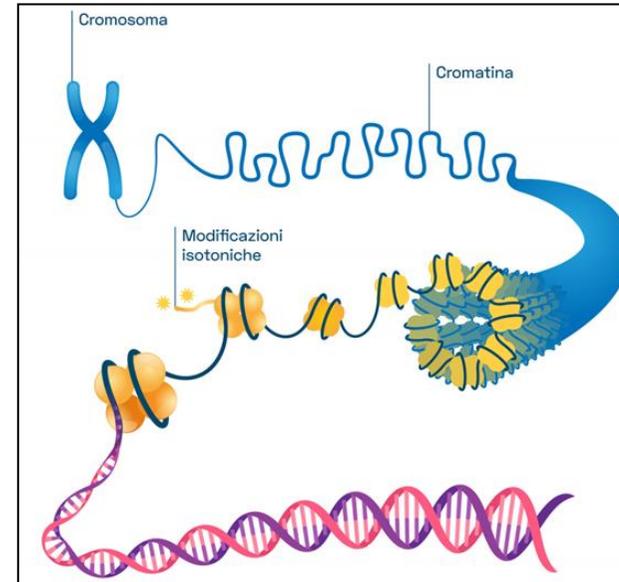


2) *Modificazione post-traduzionale degli istoni (HPTM)*

- ❖ modifiche alla regione N-terminale dei complessi istonici
- ❖ legami covalenti, reversibili

Coinvolti \neq AA presenti nelle code istoniche:

- ❖ acetilazione: lisina (K)
- ❖ metilazione: lisina (K) e arginina (R)
- ❖ fosforilazione: serina (S) e treonina (T)
- ❖ ubiquitinazione: lisina (K)
- ❖ sumoilazione: lisina (K)



→ rimodellamento della struttura della cromatina:
condensazione/de-condensazione

→ alterazione (+) o (-) dell'espressione genica: trascrizione o gene silencing!



Acetilazione / Deacetilazione istonica (K)

Enzimi responsabili:

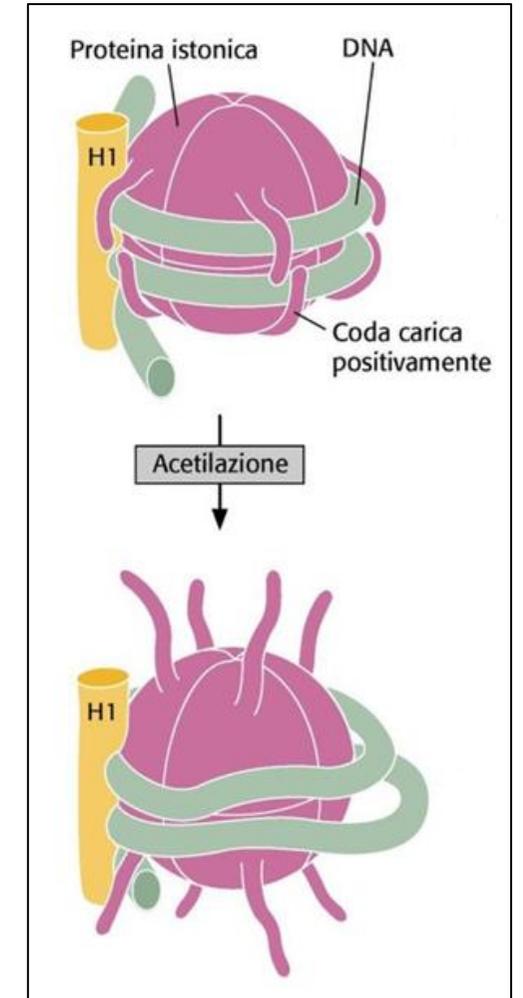
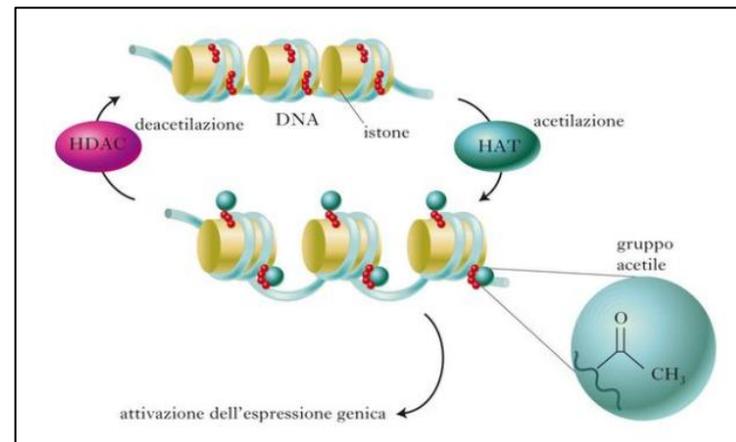
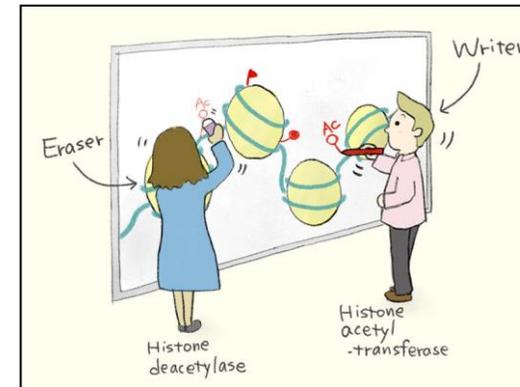
- ❖ Istone acetiltransferasi (HAT) - **WRITER**, aggiunge ($\text{CH}_3\text{CO}-$)
- ❖ Istone deacetilasi (HDAC) - **ERASER**, toglie ($\text{CH}_3\text{CO}-$)

❖ Acetilazione:

- indebolito binding degli istoni al DNA
- decondensazione della cromatina
- favorito docking TFs
- attivata trascrizione

❖ Ipoacetilazione:

- condensazione della cromatina
- inaccessibilità TFs
- repressione trascrizionale



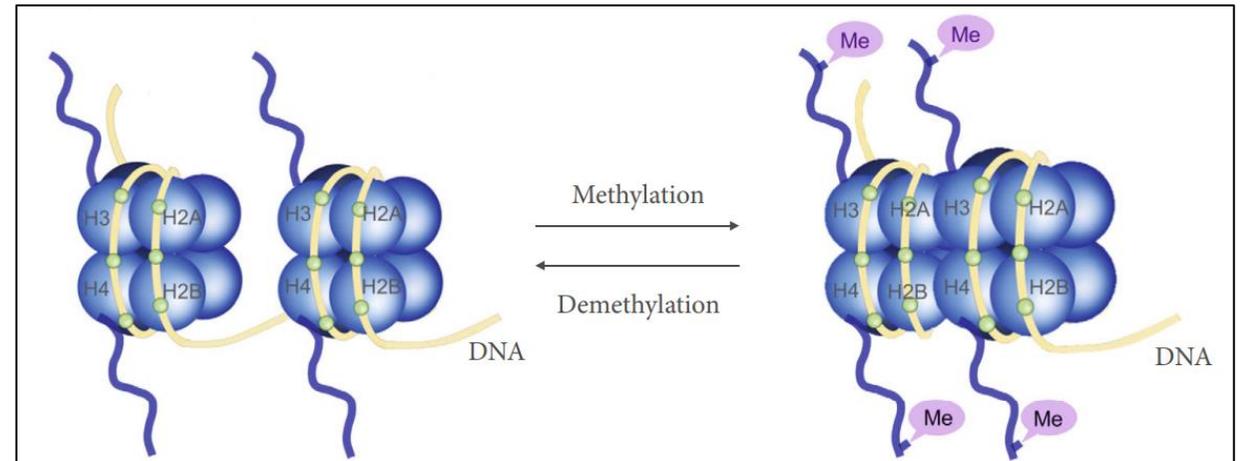
fondazione banfi

SANGUIS JOVIS
ALTA SCUOLA DEL SANGUE

Metilazione istonica (K e R)

Enzimi responsabili:

- ❖ Istone lisina metiltransferasi (HKMT)
mono-, di- e tri-metilazione
- ❖ Arginina metiltransferasi (PRMT)
mono- e di-metilazione
- ❖ Istone demetilasi (HDM)



Zhang et al., 2022

- attivazione o repressione trascrizionale a seconda della posizione del residuo metilato e del numero di residui aggiunti
- NO codice istonico preciso!



Gli stati della cromatina

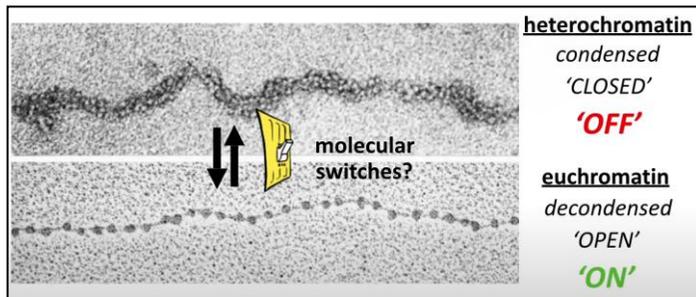
❖ Eterocromatina

Condensata, NO trascrizione, geni silenziati

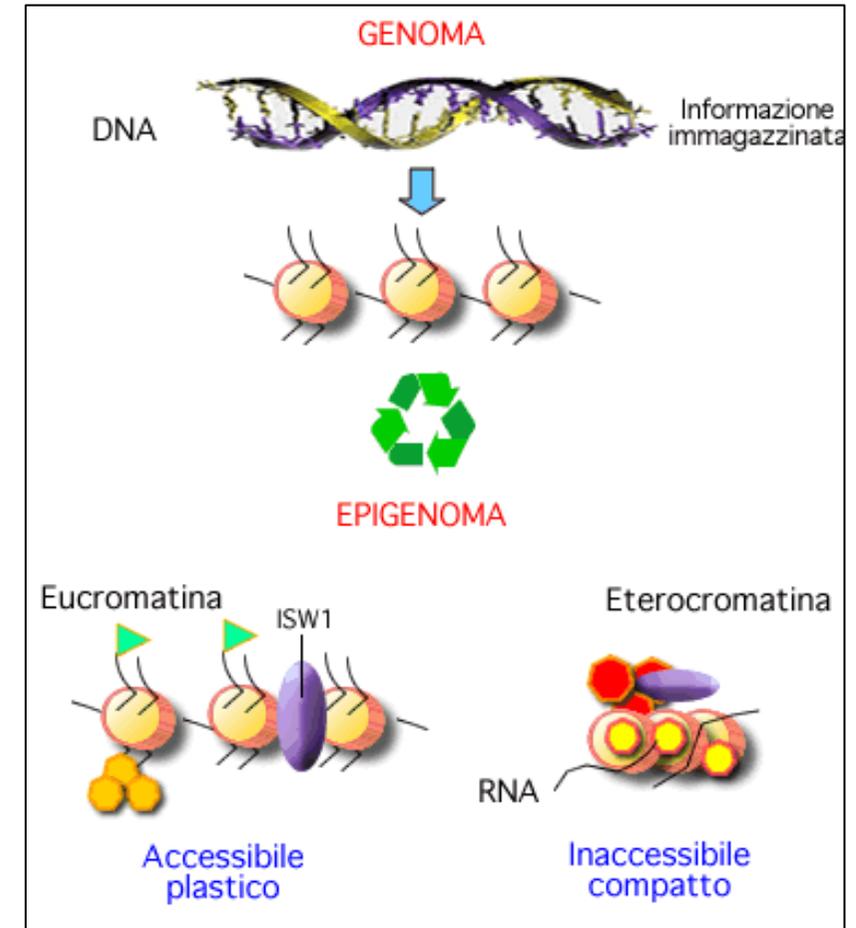
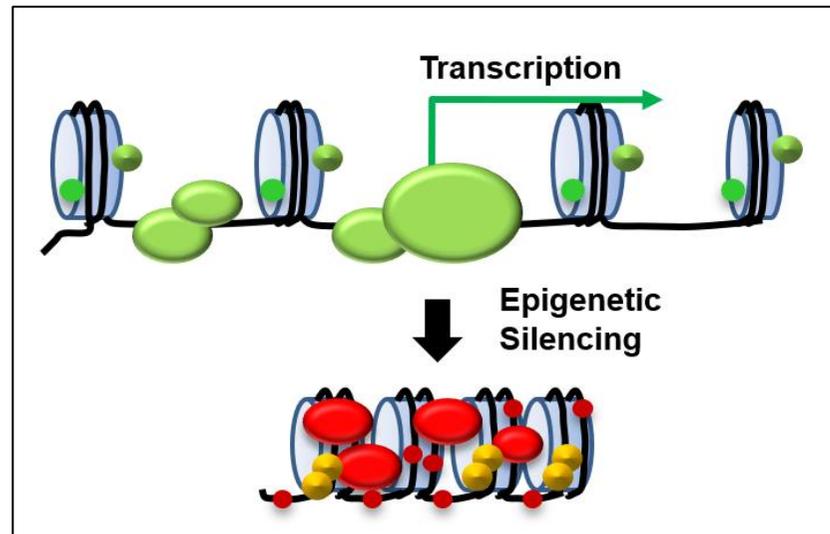
❖ Eucromatina

Decondensata, SI trascrizione, geni attivi

→ EPIGENETICA è UN INTERRUTTORE MOLECOLARE!



Adattato da Alberts et al., 2002



3) *RNA non codificanti*

❖ «RNA-dependent gene silencing process»

(Nobel per la medicina, 2006)

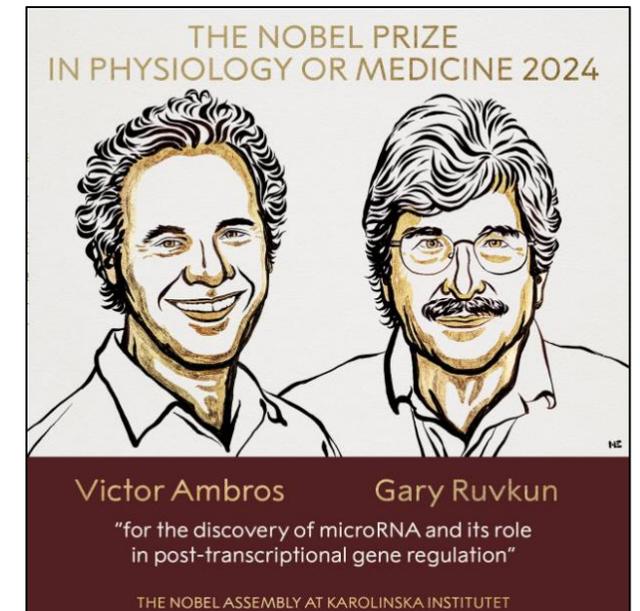
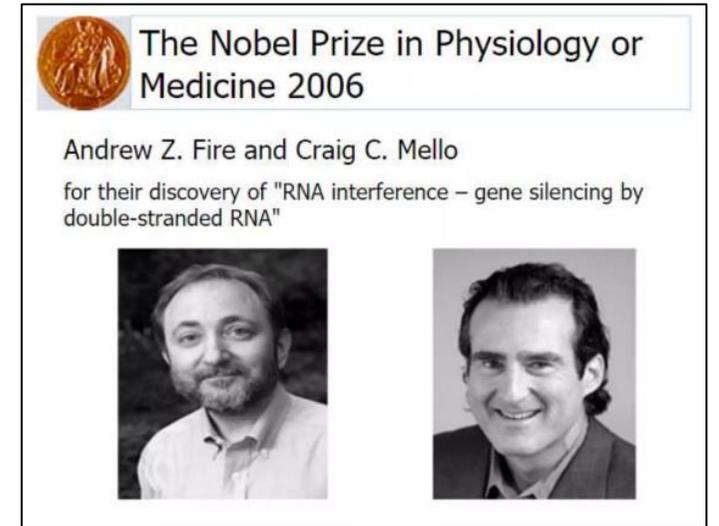
❖ Trascritti genici che non vanno incontro a traduzione:
«Small interfering RNA»

❖ «MicroRNA» e «Post-transcriptional gene regulation»

(Nobel per la medicina, 2024)

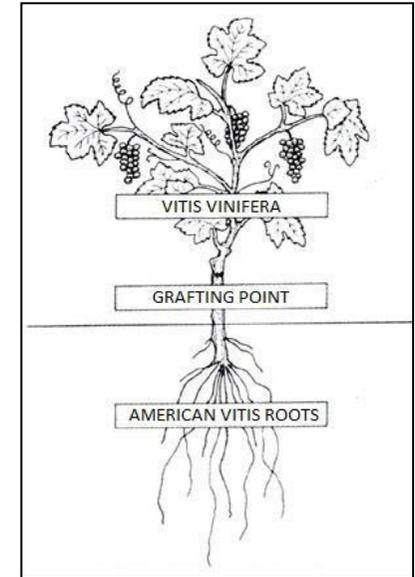
Si associano alla cromatina per controllare la localizzazione delle modificazioni epigenetiche e la lettura del DNA

❖ RNA-directed DNA methylation (RdDM), Wassenger 1994
- solo piante - «Piccole molecole di RNA non codificanti dirigono l'aggiunta di gruppi metile su specifiche sequenze di DNA»

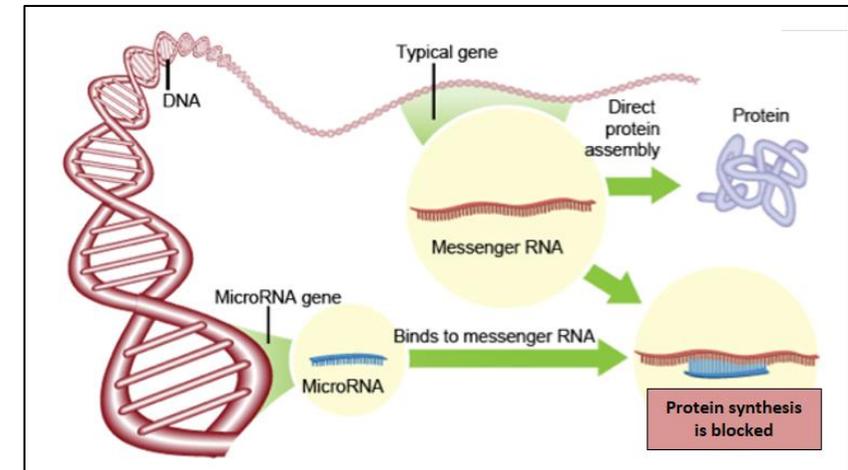


Post-transcriptional gene silencing

- ❖ Down-regolazione tramite miRNAs (18-22 nucleotidi) di specifici geni target
 - Fine regolazione dell'espressione genica
 - Silenziamento per blocco della traduzione o degradazione del ds mRNA
 - ❖ miRNAs: molecole segnale, movimento a lungo raggio, via floema
- In vite: DIMOSTRATO PASSAGGIO PORTINNESTO-NESTO



- ❖ Ruolo in molti processi metabolici
Es. sviluppo e differenziazione tessuti, metabolismo primario e secondario
- ❖ Espressione fortemente influenzata dall'ambiente!
 - Organismi sessili: serve adattamento e plasticità



Loverro et al., 2019

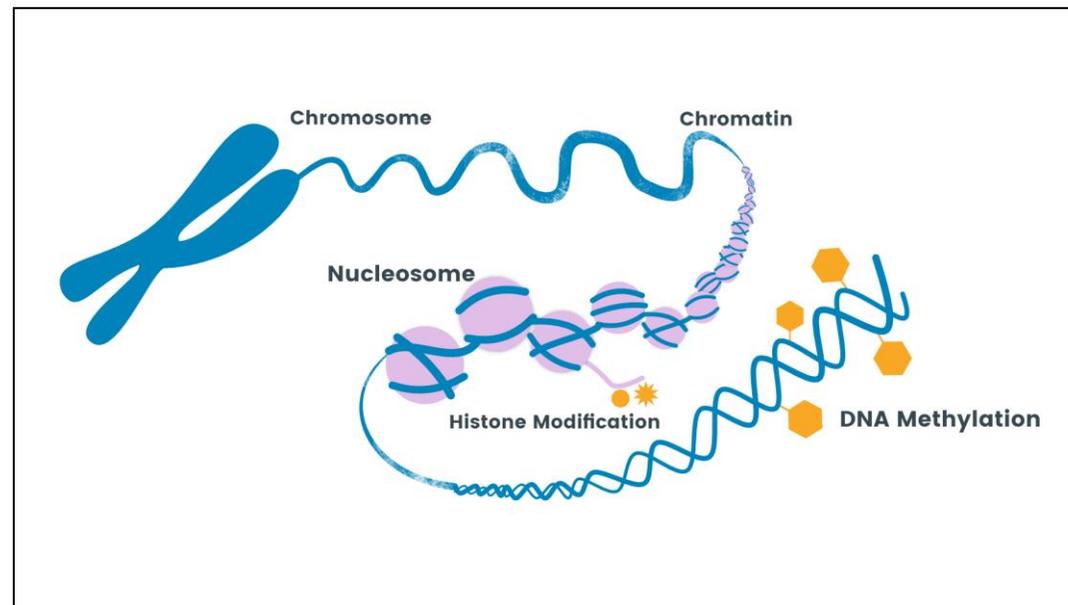


Modifiche epigenetiche: sono ereditabili?

«I cambiamenti epigenetici sono spesso temporanei e le piante possono tornare al fenotipo normale in modo relativamente semplice

MA

alcune modifiche possono essere di lunga durata e possono anche essere trasferiti durante la propagazione sessuale»



(Brettell e Dennis, 1991)



Modifiche epigenetiche: sono ereditabili?

→ NO

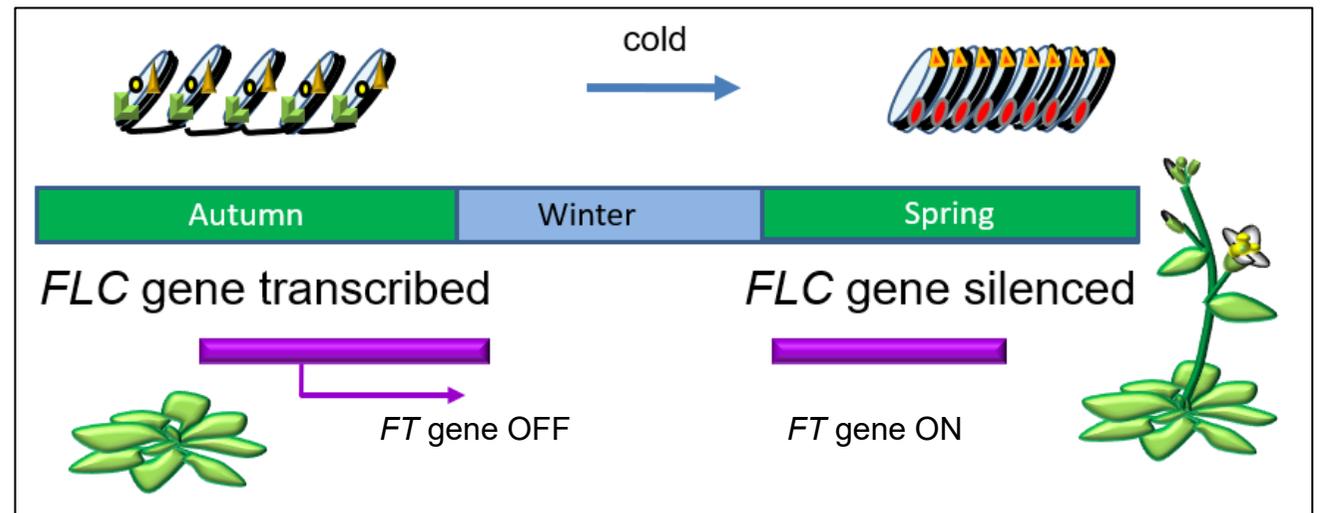
❖ gene FLOWERING LOCUS C (FLC) - Regolato tramite modifiche istoniche sensibile alla vernalizzazione, regolatore negativo della fioritura

❖ se ON inibisce FT, gene attivatore della fioritura

❖ se OFF → FT attivo

FLC viene riportato allo stato ON durante la riproduzione

→ EPIGENETIC RESETTING



Adattato da The Plant Cell, 2016



fondazione banfi

SANGUIS JOVIS
ALTA SCUOLA DEL SANG OVESE

Modifiche epigenetiche: sono ereditabili?

→ SI

❖ Modifiche epigenetiche trasmesse alla progenie (fenomeno non spiegato da genetica mendeliana!)



❖ Ok per piante propagate in modo asessuato
es. varietà e cloni di vite, marker epigenetici trasmessi per mitosi

❖ Ricordo delle risposte ad un segnale dell'ambiente

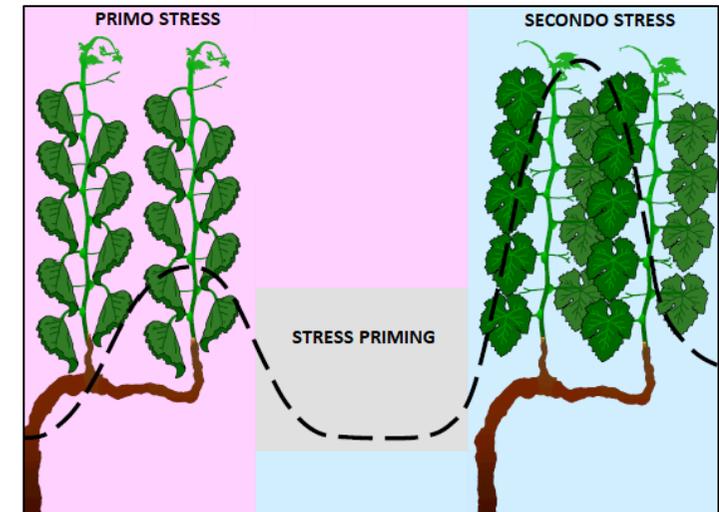
→ «priming»: Risposta più rapida vs fattore stressante!

❖ **MEMORIA EPIGENETICA:**

«Somatic, Intergenerational, Transgenerational memory»

→ Fenotipo (+) conservato nelle generazioni successive

→ Vantaggio selettivo



Adattato da Venios, 2024

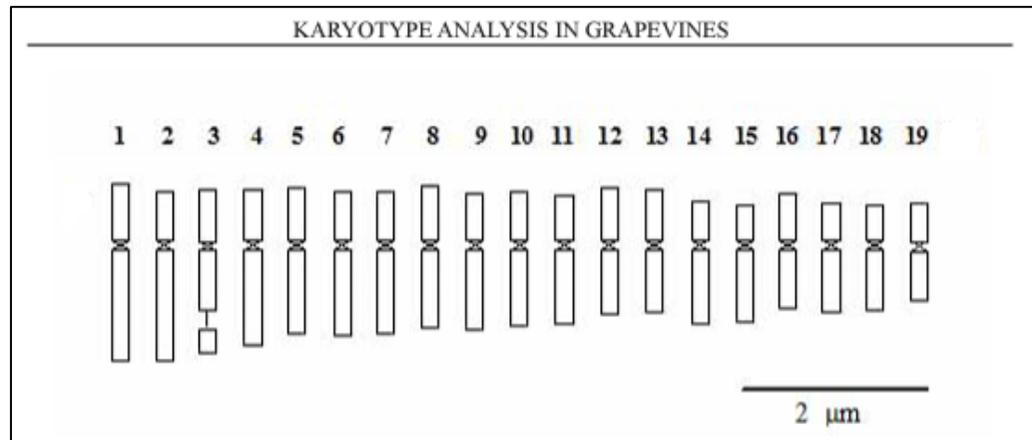


fondazione banfi

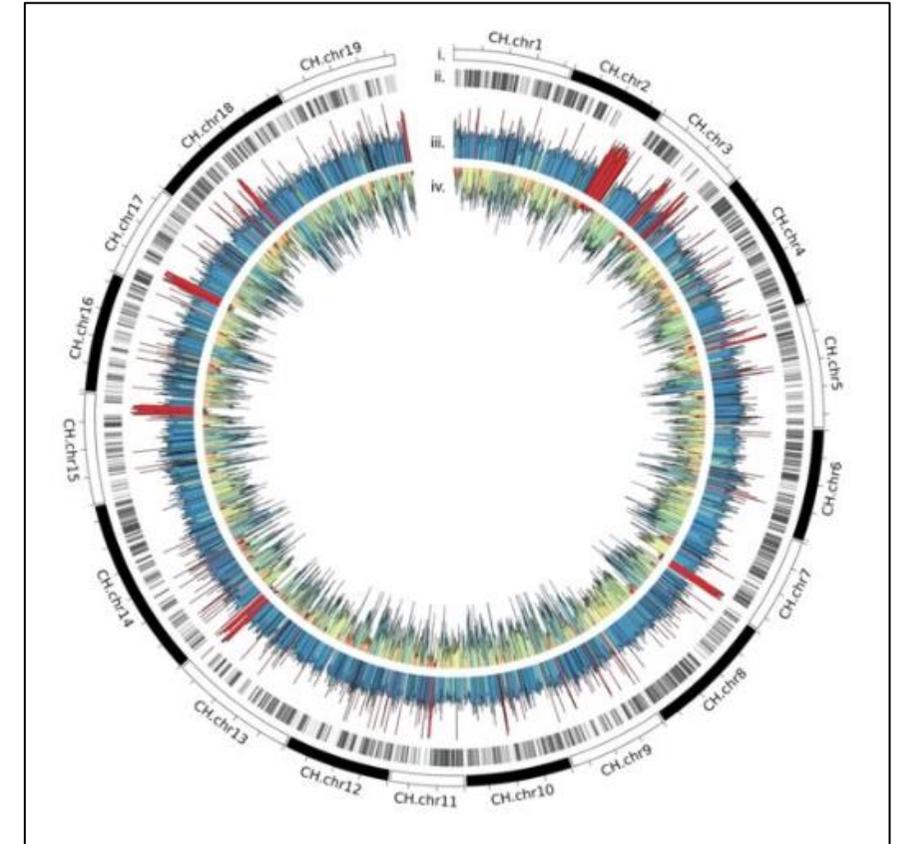
SANGUIS JOVIS
ALTA SCUOLA DEL SANGIOVESE

Il genoma della vite

- ❖ Organismo diploide
- ❖ 19 cromosomi, $2n = 38$
- ❖ Geni circa 30.000
- ❖ Primo genoma di pianta da frutto sequenziato
(Velasco et al., 2007; Jaillon et al., 2007)



Adattato da Pierozzi e Moura, 2016



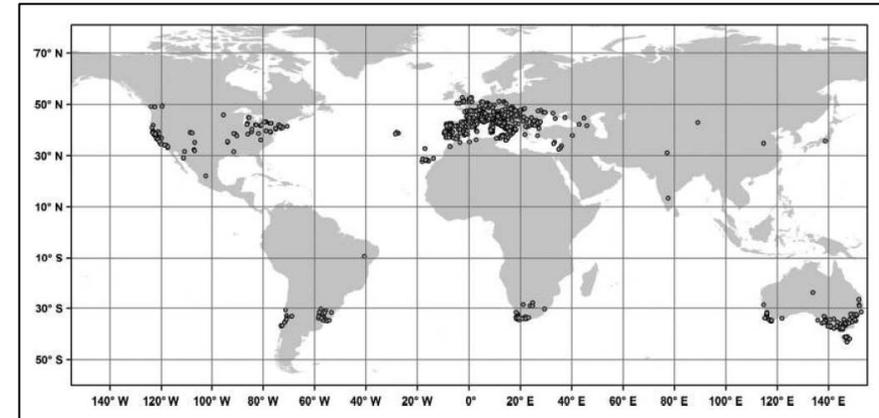
Vitis vinifera - Chardonnay cv reference genome
Roach et al., 2018



La vite: una pianta modello

«One of the most highly plastic crops»

- ❖ Vite: coltivata da secoli in zone temperate
→ estati calde e secche → acquisizione di stress tolerance
- ❖ Propagata asessualmente
→ ereditabilità delle modifiche epigenetiche
- ❖ Utilizzo «obbligato» di portinnesti: una pianta, due bionti
→ movimento smallRNAs tra radici e parte aerea
- ❖ Disponibilità di cloni della stessa cultivar
→ variabilità intra-varietale
- ❖ Invaiatura
→ epigenetica ha ruolo chiave nello sviluppo e maturazione dell'acino



Adattato da Hannah et al., 2013

Rodriguez-Izquierdo et al. *BMC Plant Biology* (2024) 24:504
<https://doi.org/10.1186/s12870-024-05197-z> BMC Plant Biology

RESEARCH **Open Access**

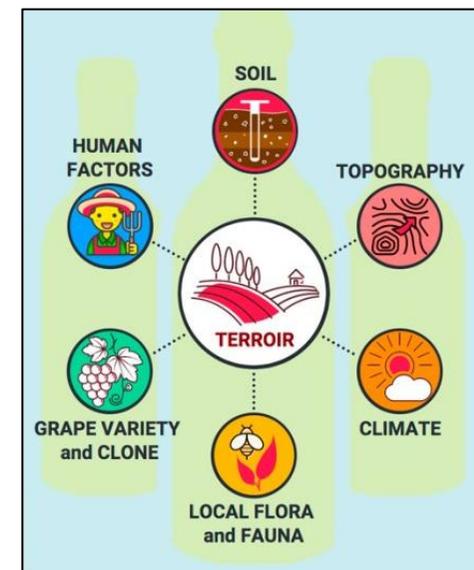
Epigenetic differences between wild and cultivated grapevines highlight the contribution of DNA methylation during crop domestication

Alberto Rodriguez-Izquierdo¹, David Carrasco¹, Lakshay Anand², Roberta Magnani², Pablo Catarecha¹, Rosa Arroyo-García^{1†*} and Carlos M. Rodríguez López^{2†*}

Check for updates

L'epigenoma definisce il concetto di Terroir

- ❖ «Terroir» in viticoltura: condizioni di crescita altamente variabili, differenze macroscopiche a livello mondiale
 - plasticità fenotipica, adattamento ambientale
- ❖ Effetto vigneto:
 - Location geografica e specificità ambientali hanno influenza dominante sul profilo di metilazione del DNA
- ❖ Meccanismi epigenetici: ruolo da intermediari tra l'ambiente e il genoma!



<https://wineandotherstories.com/>

frontiers
in Plant Science

ORIGINAL RESEARCH
published: 30 October 2017
doi: 10.3389/fpls.2017.01860

Check for updates

Global DNA Methylation Patterns Can Play a Role in Defining Terroir in Grapevine (*Vitis vinifera* cv. Shiraz)

Huahan Xie^{1,2†}, Moumouni Konate^{1,2†}, Na Sai^{1,2,3}, Kiflu G. Tesfamichael^{1,2}, Timothy Cavagnaro², Matthew Gilliam^{2,3}, James Breen^{4,5}, Andrew Metcalfe⁶, John R. Stephen⁷, Roberta De Bei², Cassandra Collins² and Carlos M. R. Lopez^{1,2*}

Czech Journal of Genetics and Plant Breeding, 57, 2021 (2): 67–75

Original Paper

<https://doi.org/10.17221/90/2020-CJGPB>

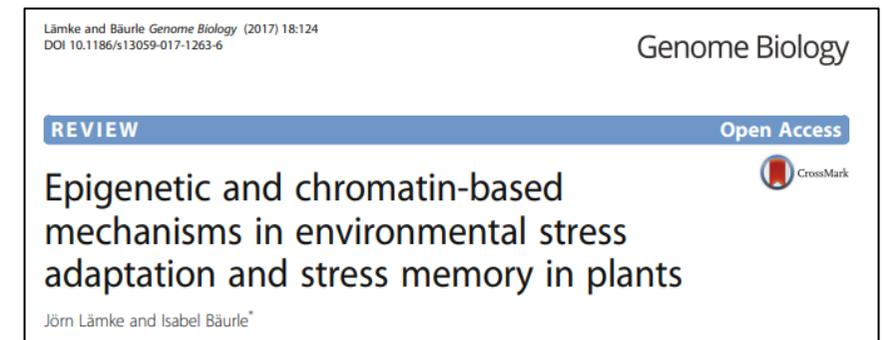
Comparison of DNA methylation landscape between Czech and Armenian vineyards show their unique character and increased diversity

KATEŘINA BARÁNKOVÁ¹, ANNA NEBISH^{2,3}, JAN TRÍSKA⁴, JANA RADOVÁ¹, MIROSLAV BARÁNEK^{1*}



Epigenetica e risposta agli stress

- ❖ Stress **ABIOTICI**: Ipermetilazione DNA dovuta a raggi UV, deficit idrico, eccesso termico
→ Epigenoma determina ≠ espressione genica in caso di stress multipli, effetto additivo
- ❖ Stress **BIOTICI**: Risposta locale e sistemica
(Systemic Acquired Resistance e Induced Systemic Resistance)
→ ridotta metilazione del DNA, aumentata reattività del sistema immunitario delle piante
- ❖ «Priming», «transgenerational stress memory», «long-term adaptation»
OPPURE adattamento transiente (ON/OFF)
- ❖ Maggiormente soggetti a modifiche epigenetiche geni chiave metabolismo secondario, TFs, switch genes → Diretta conseguenze su wine quality!

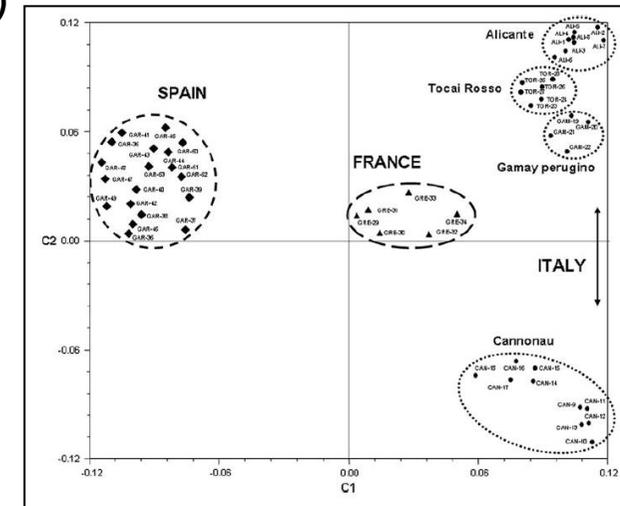
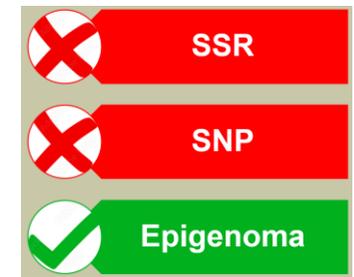


Epigenetica e cloni di vite

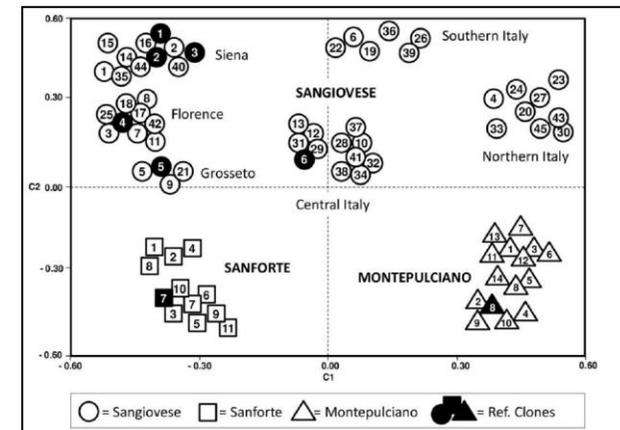
❖ Cloni di vite: fenotipo variabile, MA omogeneità genetica
Differenze non individuabili con marcatori molecolari DNA (SSR, SNP...)

❖ «clone-dependent DNA methylation patterns»
Evidenze: differenze «geografiche» intravarietalì rilevabili utilizzando marcatori molecolari sensibili a 5mC
es. MSAP (methyl-sensitive amplified length polymorphism)

❖ **Fenotipo: (Genotipo + Epigenotipo) x ambiente di origine,**
Mantenuto nelle piante discendenti,
anche a distanza geografica e temporale!



Meneghetti et al., 2010



Zombardo et al., 2022

Plant Cell Reports (2021) 40:111–125
<https://doi.org/10.1007/s00299-020-02617-w>

ORIGINAL ARTICLE



Vineyard environments influence Malbec grapevine phenotypic traits and DNA methylation patterns in a clone-dependent way

Anabella Varela¹ · Verónica N. Ibañez¹ · Rodrigo Alonso² · Diego Zavallo³ · Sebastián Asurmendi³ · Sebastián Gomez Talquenca⁴ · Carlos F. Marfil^{1,5} · Federico J. Berli^{1,5}



fondazione banfi
SANGUIS JOVIS
ALTA SCLÒLA DEL SANG OVESE

Ricerca Sanguis Jovis - Grant 2019

Studio della variabilità intravarietale di cloni di Sangiovese per l'identificazione dei tratti epigenetici

Schema sperimentale

6 «cloni»: 5 cloni RNVV, 1 biotipo UNIBO

2 ambienti di origine: Montalcino, Romagna

2 stagioni vegetative: annata 2019, annata 2020

3 fasi fenologiche di maturazione: fine invaiatura, metà maturazione, vendemmia

3 repliche biologiche di 100 acini, per analisi epigenetiche e per fenotipizzazione



Clone Sangiovese	Provenienza	Codice di assegnazione del Registro Nazionale delle Varietà di Vite
VCR 6	Montalcino (Siena, Toscana)	021
TIN 10	Montalcino (Siena, Toscana)	030
VCR 5	Montalcino (Siena, Toscana)	020
T 14	Romagna	-
FEDIT 30	Romagna	053
VCR 23	Romagna	027

Date di campionamento 2019/2020:

Fasi fenologiche	Data di prelievo	
	2019	2020
Fine invaiatura	19 agosto	4 agosto
Metà maturazione	10 settembre	31 agosto
Vendemmia	1 ottobre	18 settembre

Differenze fra le annate:

Stagioni simili a livello termico, simili giorni con ondate di calore (+35° e +40° C)
MA apporto idrico delle piogge più scarso nel 2020

- ± 15 giorni di differenza tra le date di campionamento di tutte le 3 fasi fenologiche
- intervallo di giorni tra fine invaiatura e raccolta comunque costante (45 giorni)

Tabella 4. Sommatorie delle precipitazioni riferite alle singole date di campionamento nelle due annate in studio (2019 e 2020) presso il vigneto sperimentale del CREA-VE di Arezzo.

Data (fase fenologica)	Σ precipitazioni 2019 (mm)	Σ precipitazioni 2020 (mm)
04-ago (fine invaiatura)	457	246*
19-ago (fine invaiatura)	458*	246
31-ago (metà maturazione)	525	308*
10-set (metà maturazione)	527*	308
18-set (vendemmia)	528	308*
01-ott (vendemmia)	564*	416

* in rosso i valori corrispondenti alle date di campionamento nelle due rispettive annate.



fondazione banfi

SANGUIS JOVIS
ALTA SCLLOA DEL SANG OVESE

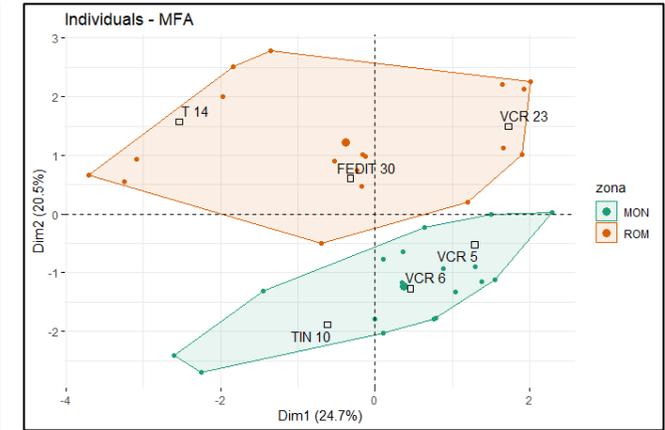
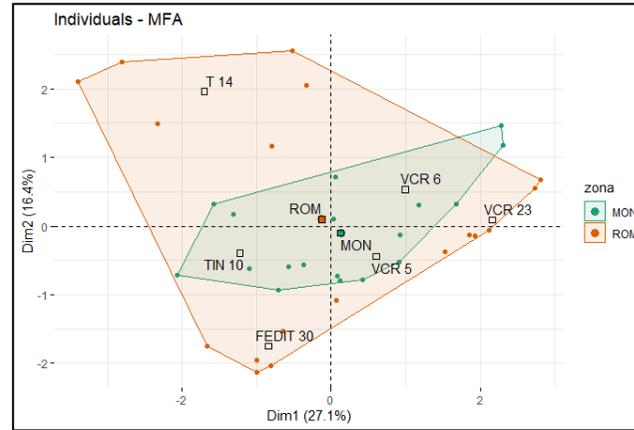
Dati fenotipici rilevati sulle uve:

Peso medio acino

Analisi tecnologiche (zuccheri, AT, pH)

Analisi fenoliche (metodo Glories)

Quadro polifenolico HPLC



Differenze evidenziate:

Buona separazione tra zone di origine in entrambe le annate

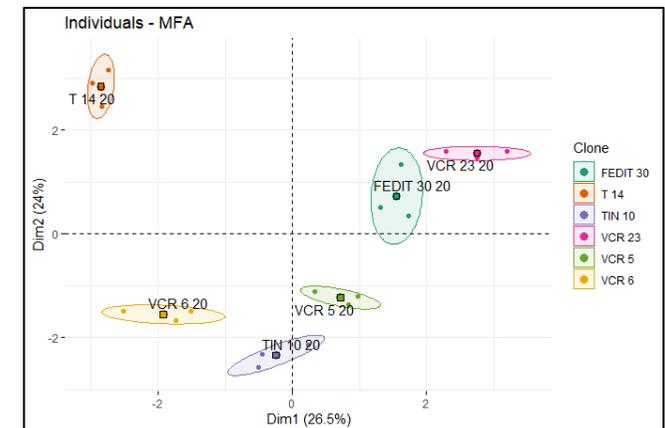
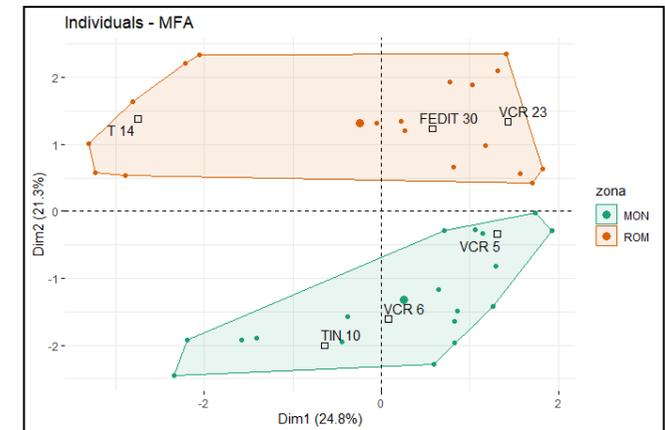
Differenze tra cloni non evidenti in fase INVAIATURA

→ Buona separazione a METÀ MATURAZIONE e VENDEMMIA

Cloni con comportamento più affine entro zone:

Romagna → FEDIT 30, VCR23

Montalcino → VCR6, TIN10



Parametri con differenze fenotipiche di rilievo:

composti fenolici, antociani

Differenze più nette: annata 2020

Campioni 2020:

Analisi genetica, profili SNP (1,5K LOCI):

Conferma, le provenienze non sono distinguibili!

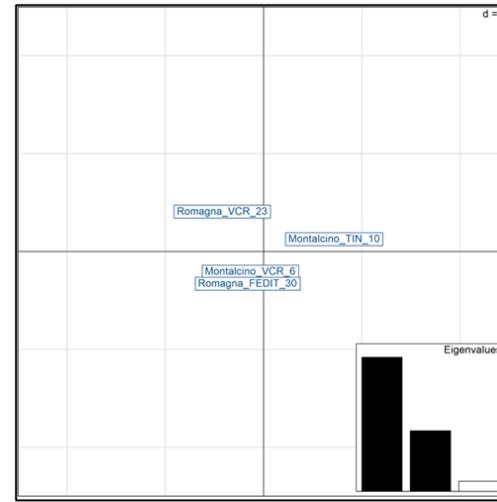
Analisi epigenetica (profilo metilazione DNA):

Netta discriminazione tra campionamenti

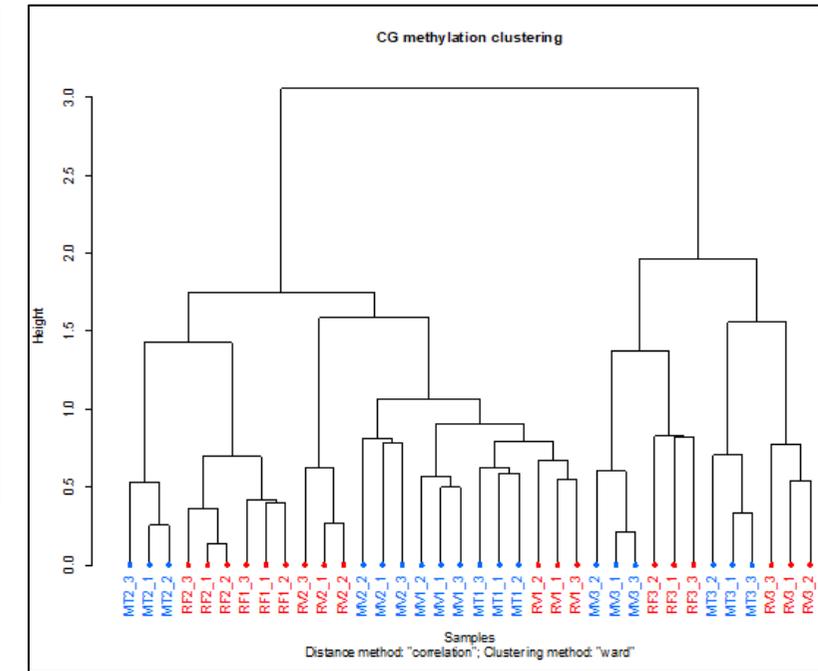
→ vendemmia VS fine invaiatura/metà maturazione (geni switch)

Es. Ethylene-responsive transcription factor: sviluppo dell'acino

Pectinesterase: responsabile del processo di maturazione dell'acino



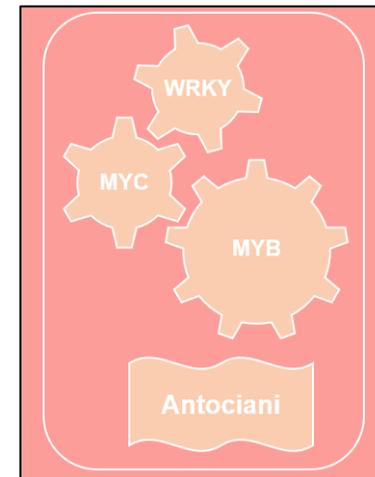
PCA profili SNP



PCA geni/loci differenzialmente metilati

Identificati geni differenzialmente metilati tra zone di origine

Es: Montalcino: geni chiave sintesi degli antociani (TF e geni strutturali), meno metilati rispetto a Romagna

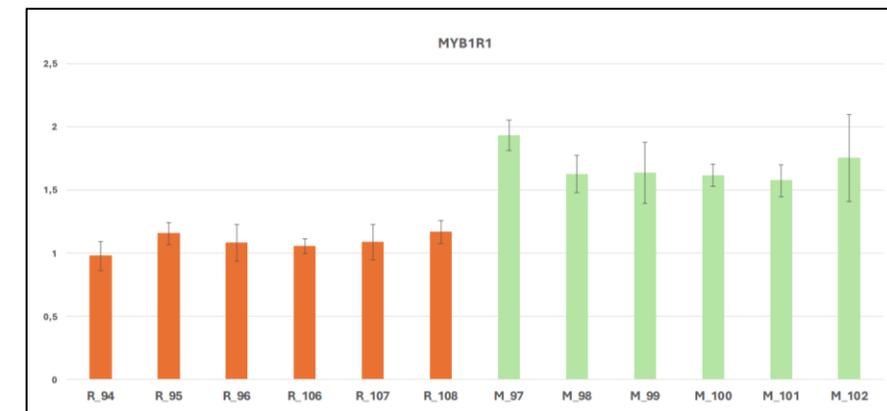


Risultati preliminari:

Possibile attribuire alle modifiche epigenetiche le differenze fenotipiche!

Ulteriori analisi in corso:

Real-time PCR di conferma su altri geni DM



Profilo di espressione gene MYB1R1



Prospettive future (1/2)



- ❖ Numerosi studi in corso, ricerca epigenetica «agli esordi»

OBIETTIVO:

Sfruttare conoscenze epigenetiche per far fronte alle problematiche della viticoltura attuale!

- ❖ Necessarie informazioni su **epigenetic marks**, sia ereditabili che reversibili
- ❖ **Epiresistenze**: strategie adattative in risposta agli stress

Esempio in riso (progetto EpiResistenze - UniPV)

→ studio delle resistenze nei giavoni in risaia:

modificazioni epigenetiche dovute alla pressione selettiva degli erbicidi!



fondazione banfi

SANGUIS JOVIS
ALTA SCUOLA DEL SANGOVESE

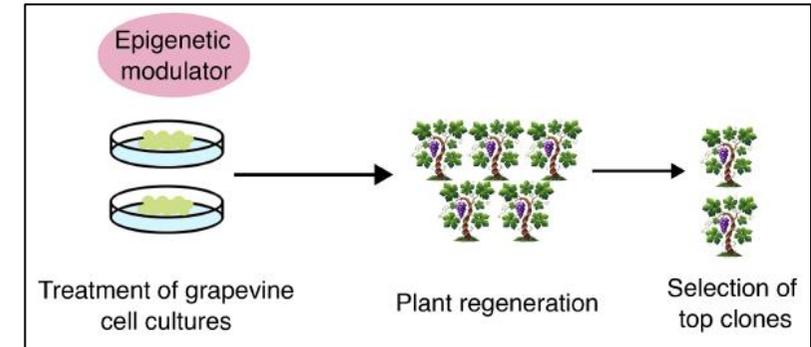
Prospettive future (2/2)



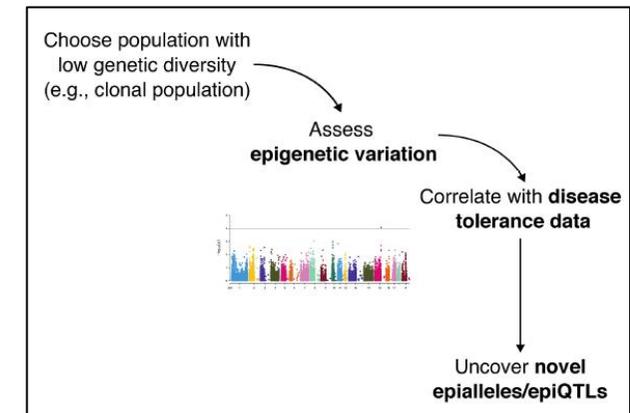
❖ **Editing epigenetico, Epimutagenesi:** uso dell'epigenetica per modulare l'espressione di un gene, senza modificare la sequenza DNA (no OGM)

❖ Tecniche di **Epibreeding** per il miglioramento genetico, Epigenetica clonale (**Epicloni**): diversità intra-varietale, ricerca di cloni resilienti con variabilità «naturale» e tratti fenotipici desiderabili (**Epiloci** – **EpiQTL**), in una sola generazione!

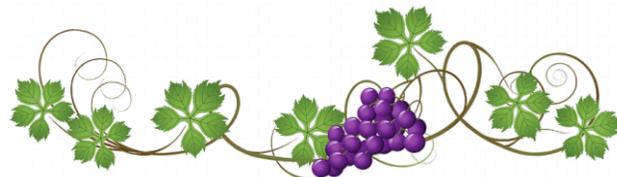
❖ RNA interference → biopesticidi target-specifici (dsRNA), silenziamento geni di suscettibilità, geni patogeno come target, gene di resistenza a stress come target



Pereira et al., 2025



Pereira et al., 2025



GRAZIE PER L'ATTENZIONE!

Per contatti:
alessandra.zombardo@crea.gov.it



fondazione banfi

SANGUIS JOVIS
ALTA SCUOLA DEL SANGIOVESE

fondazionebanfi.it

