



fondazione
banfi

IX Edizione
SUMMER SCHOOL SANGUIS JOVIS

ARTIFICIALE

Quando la mano dell'uomo migliora la natura



Dal DNA al RNA: dalla genetica all'epigenetica

Dr.ssa Alessandra Zombardo

CREA - Centro di Ricerca Viticoltura e Enologia, Arezzo



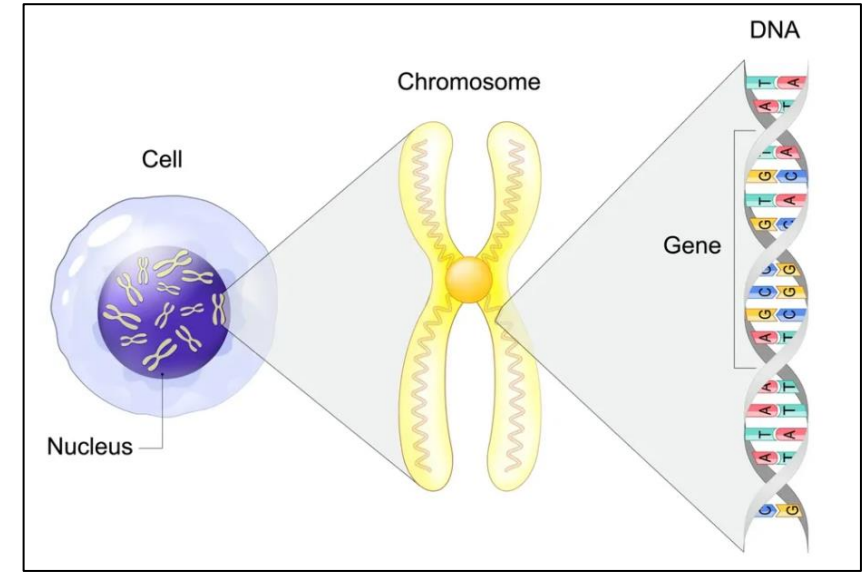
fondazione banfi

SANGUIS JOVIS
ALTA SCUOLA DEL SANGIOVESE

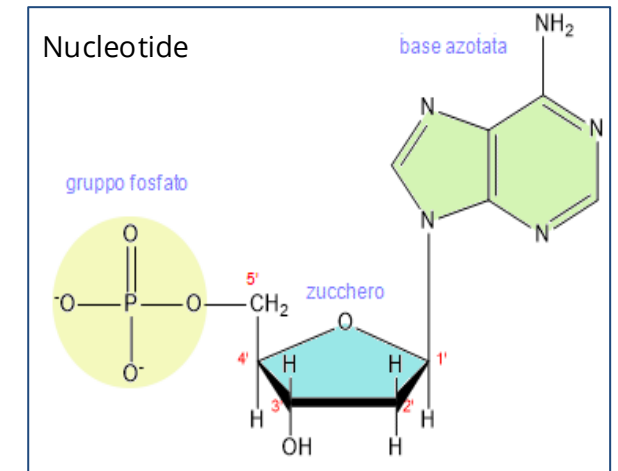


DNA, il codice della vita

- ❖ 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)



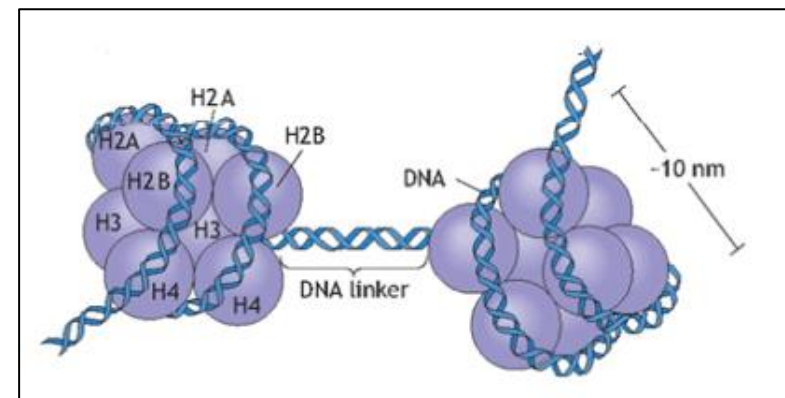
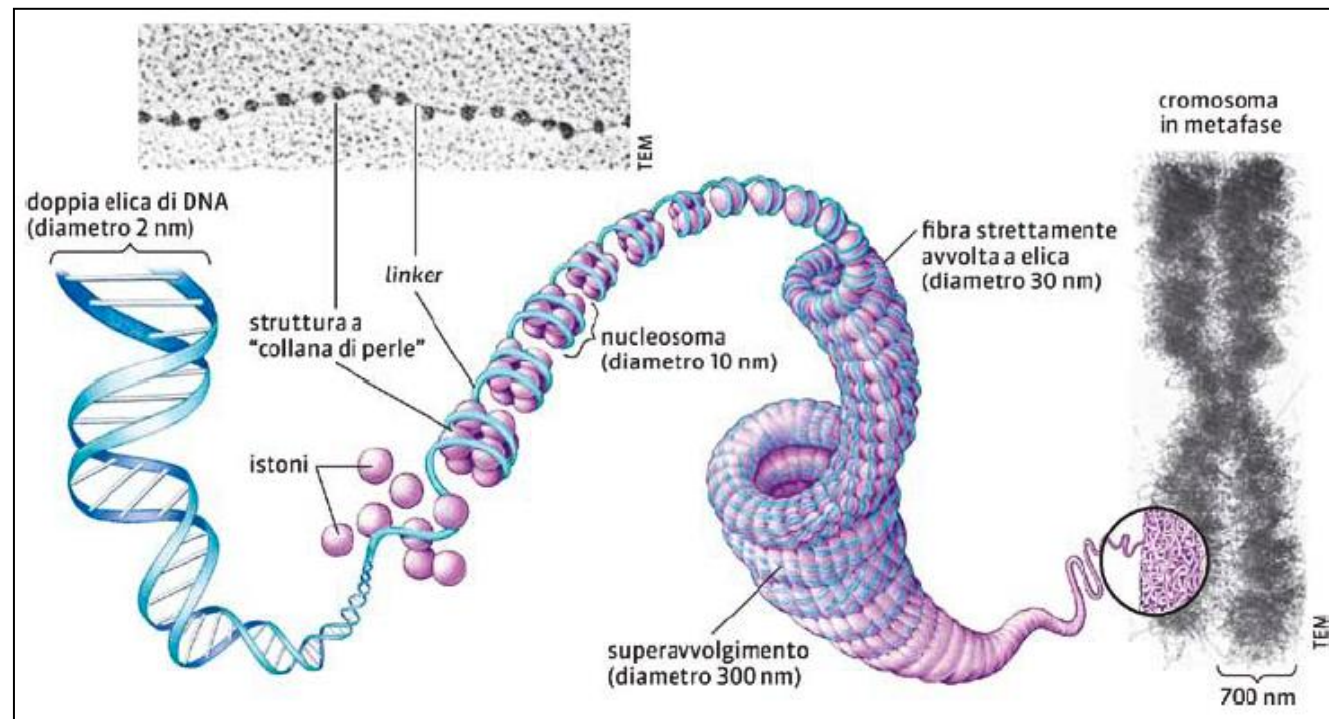
La struttura del DNA

❖ 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

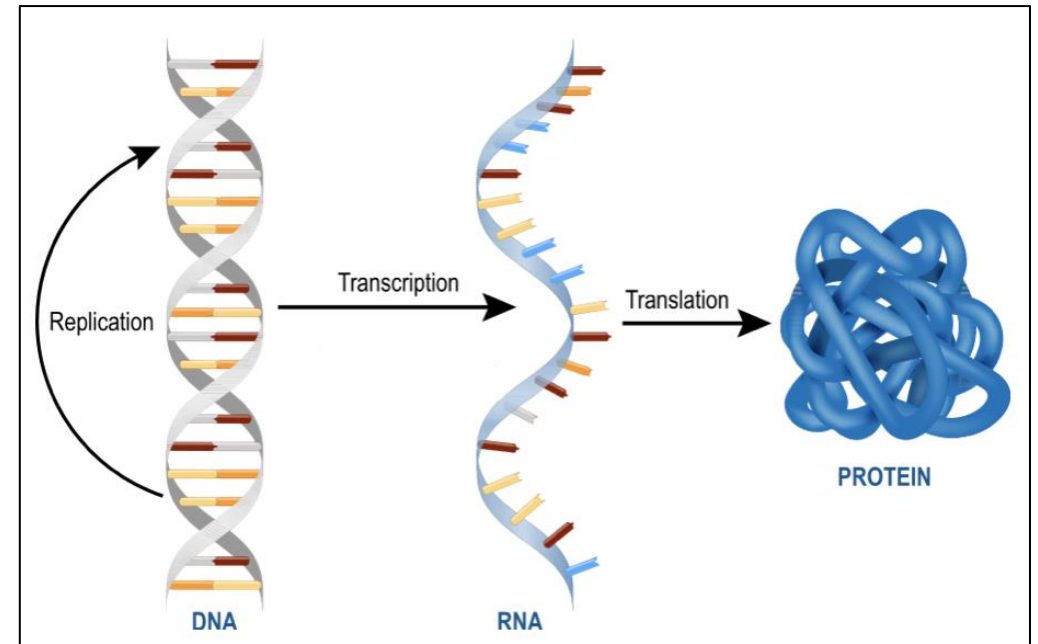
❖ DNA: **Trascrizione** (DNA → mRNA)

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

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

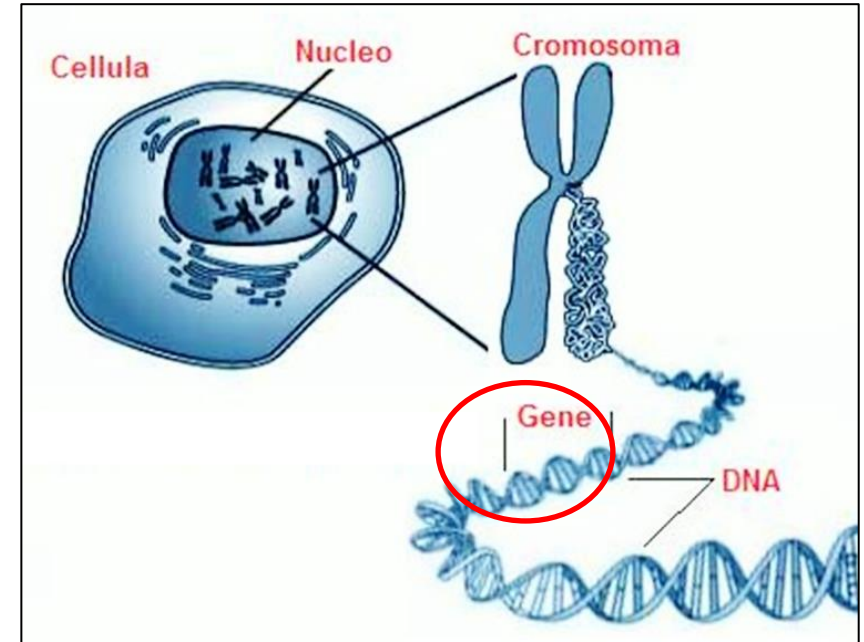
Codoni su mRNA (3 basi azotate)

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



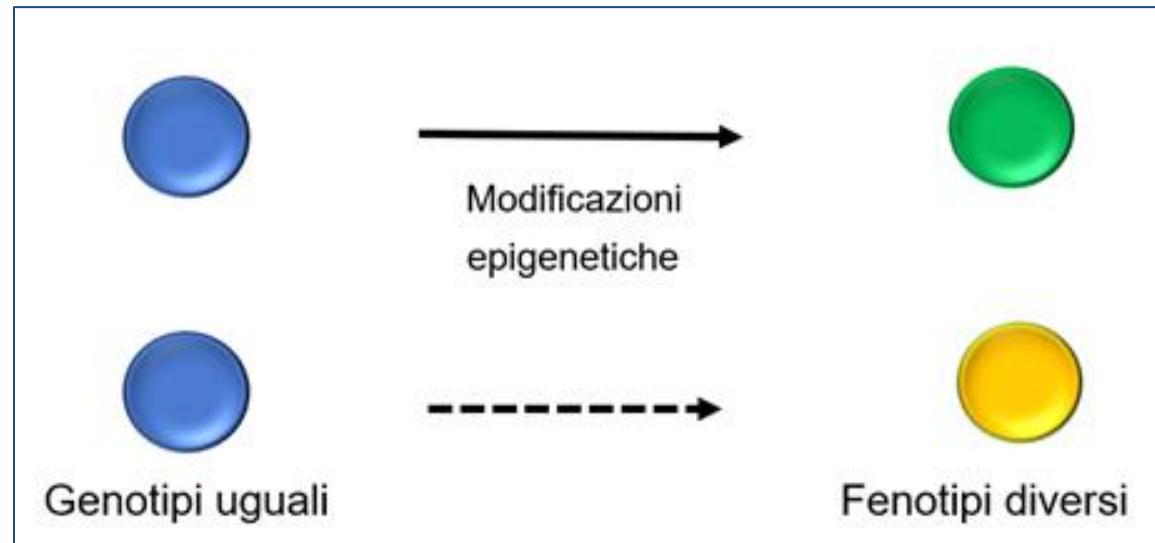
fondazione banfi

SANGUIS JOVIS
ALTA SCUOLA DEL SANGOVESE

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

“Reading the book of life”

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 BODY IS THE BEST STUDIED EPIGENETIC MODIFICATION. PRECISE DNA METHYLATION PATTERNS ARE ESTABLISHED DURING EMBRYONIC DEVELOPMENT AND ARE MITOTICALLY HERITABLE THROUGH MULTIPLE CELLULAR DIVISIONS.

EPIGENETICS

“Translating the book of life”

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 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.



fondazione banfi

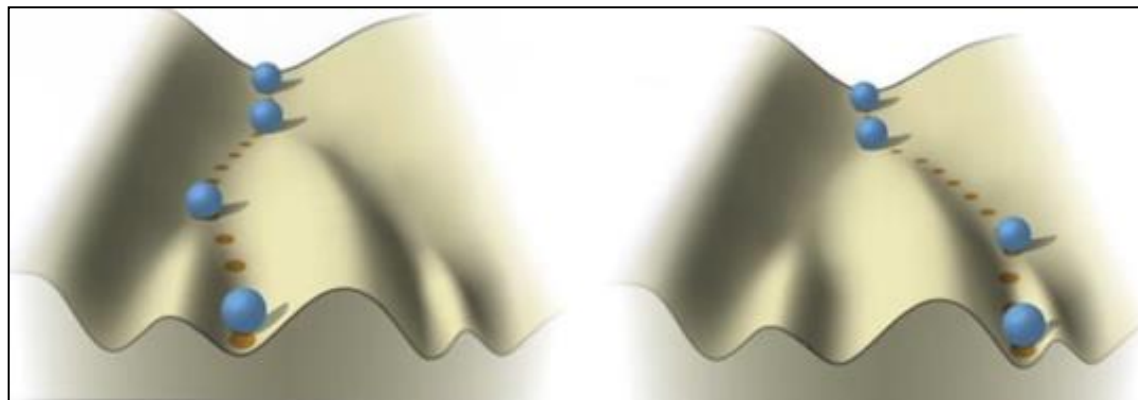
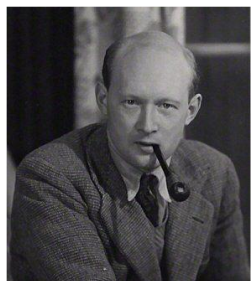
SANGUIS JOVIS
ALTA SCUOLA DEL SANGUE

Dalla Linaria all'Epigenetic Landscape

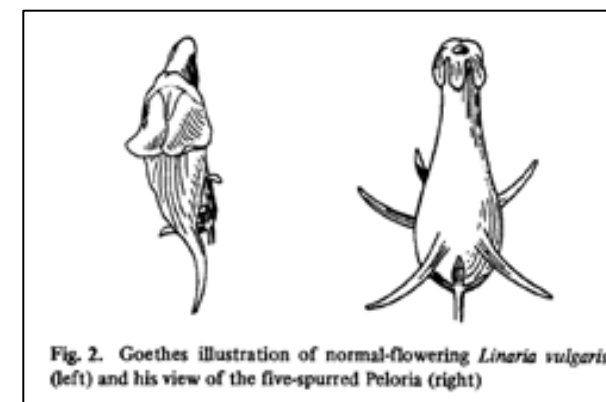
- ❖ Scoperta casuale della «*Linaria pelorica*» (Carlo Linneo, 1744)
- ❖ Metafora per lo sviluppo biologico (Conrad Waddington, 1942)
«La branca della biologia che studia le interazioni causali tra i geni e i loro prodotti, che danno origine al fenotipo»
- ❖ Destino cellulare stabilito in fase di sviluppo: le cellule sono come biglie → raggiungono il punto più basso rotolando in maniera casuale nelle valli separate dalle creste



Miska and Ferguson-Smith, 2018



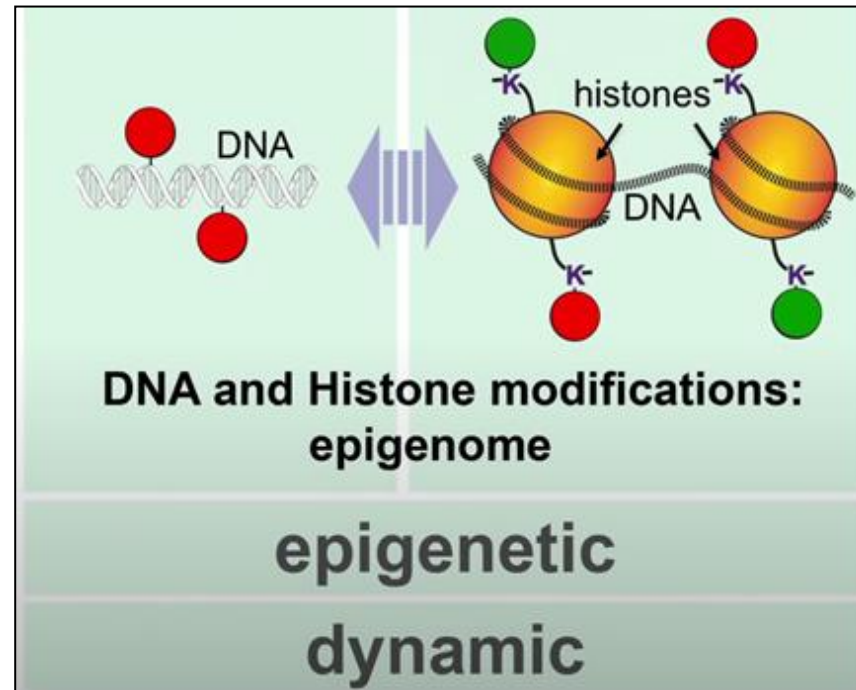
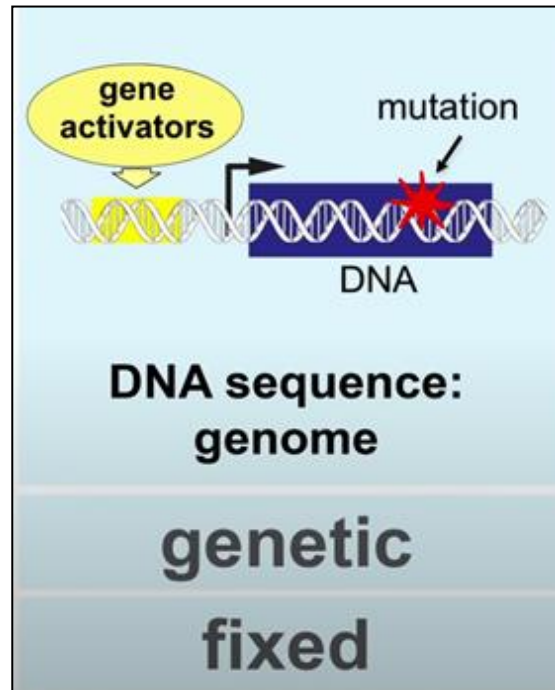
Mitchell, 2007



Gustafsson, 1979

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

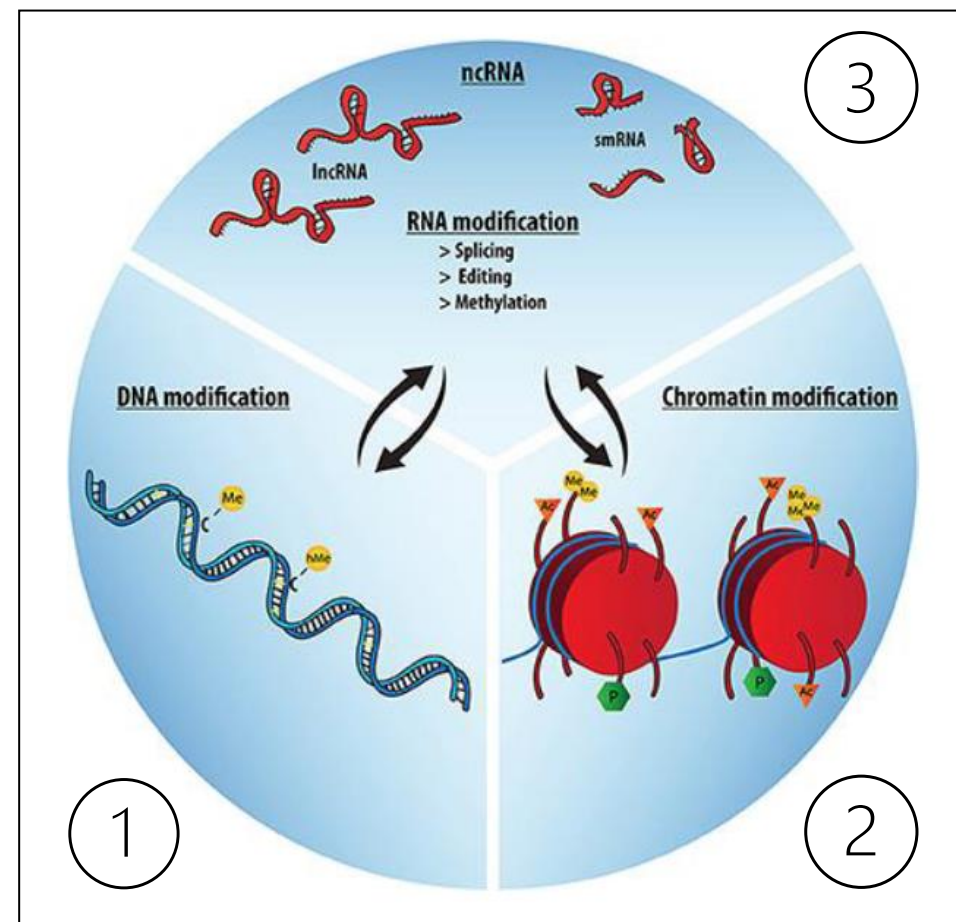
Fini meccanismi di regolazione che inducono cambiamenti nell'espressione genica
SENZA
apportare modifiche alla sequenza del DNA

Transcriptional Gene Silencing

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

Post-Transcriptional Gene Silencing

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

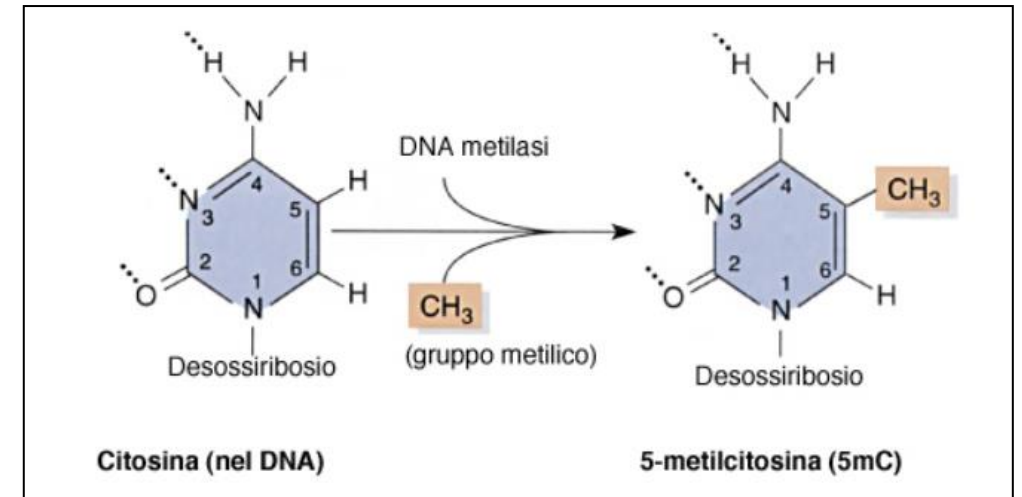


Stilling et al., 2014



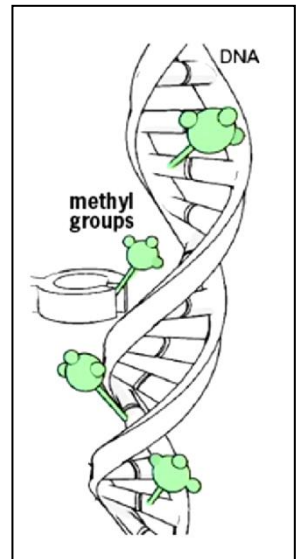
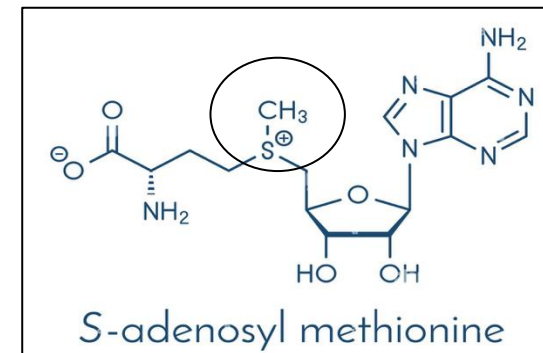
1) Metilazione del DNA

- ❖ 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

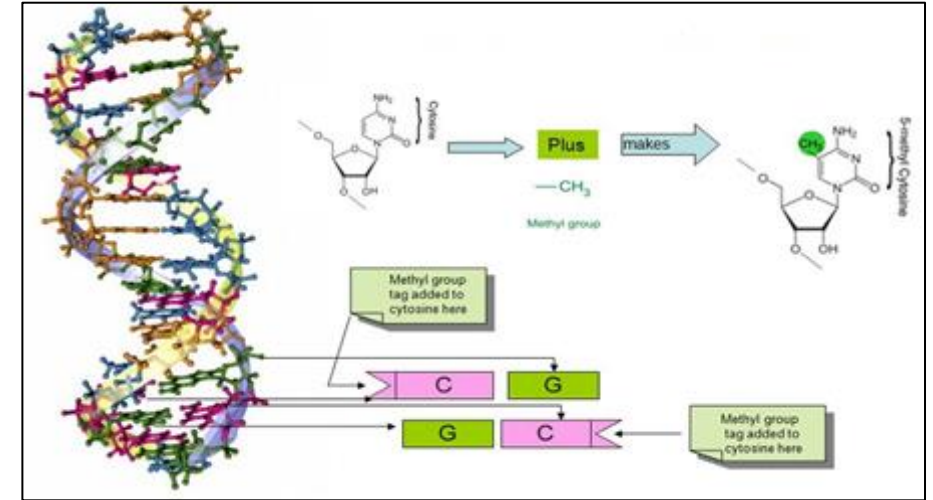
❖ CH*G

❖ CH*H*

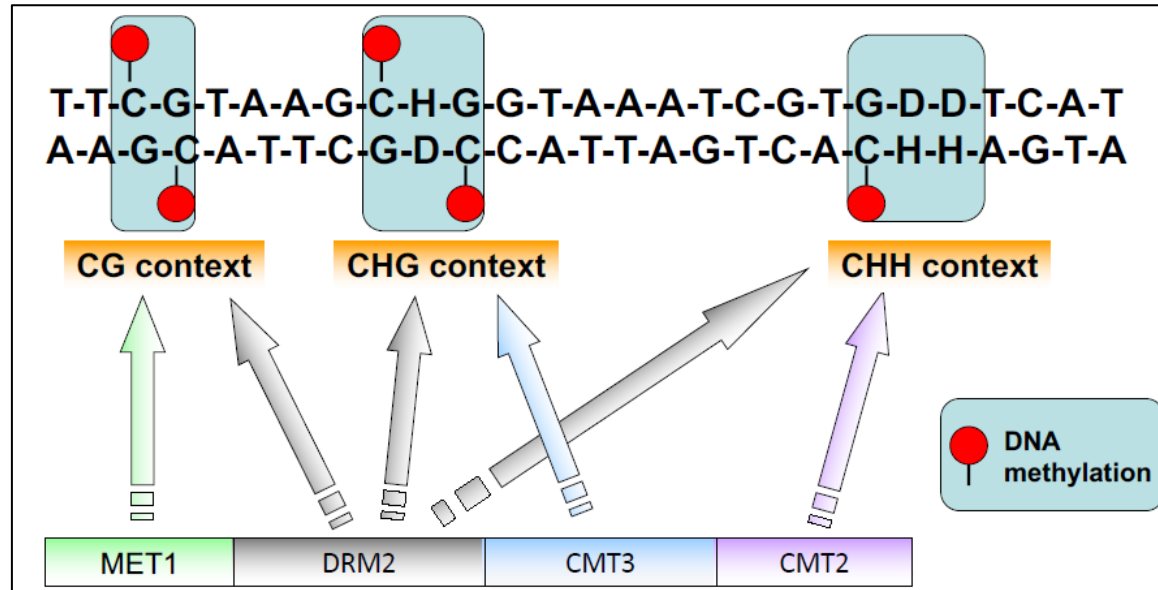


Sequenze simmetriche

Sequenze non simmetriche



H* = A, G, o T



Enzimi coinvolti nella metilazione

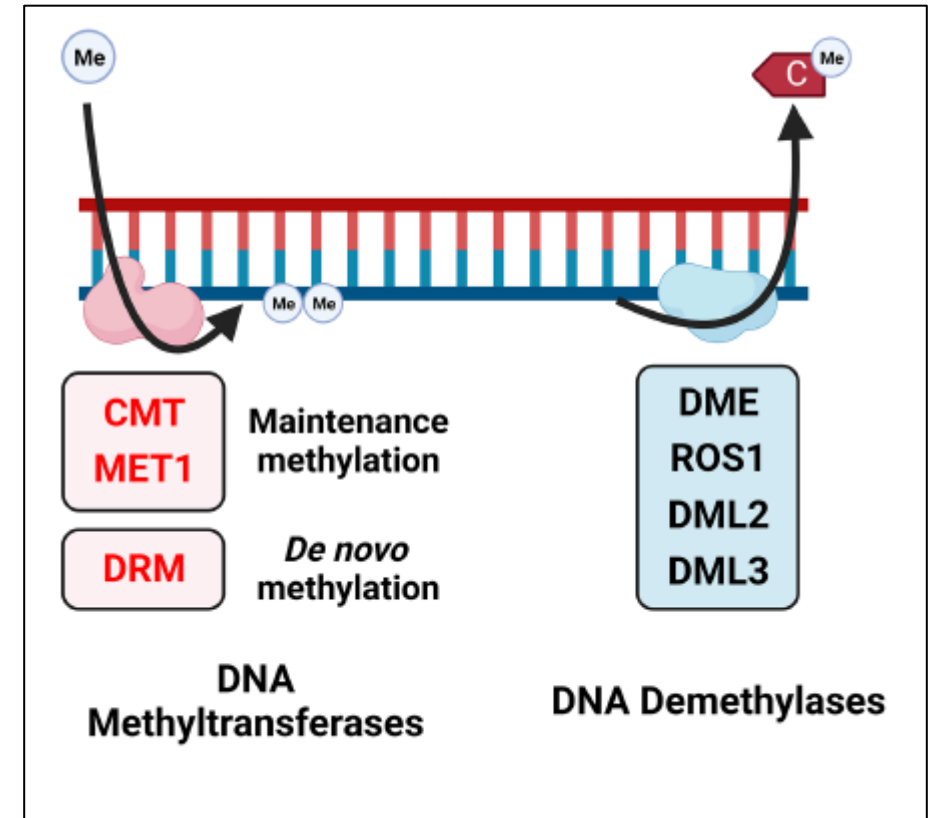
DNA methyltransferases (DNMTs)

- ❖ 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



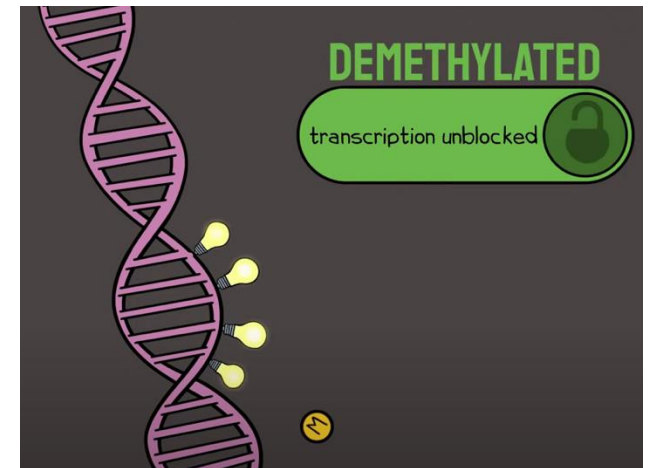
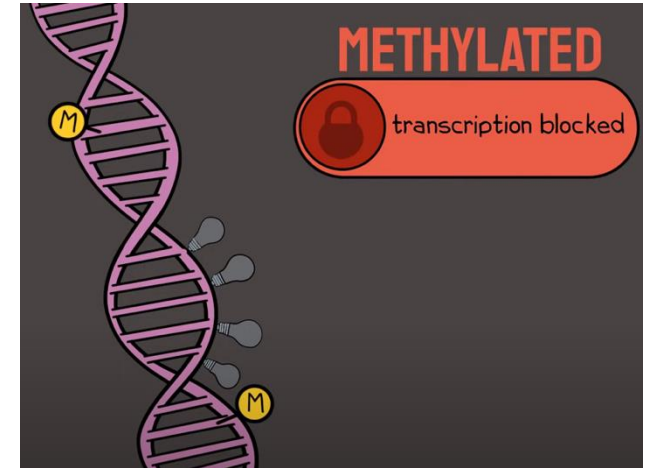
Enzimi coinvolti nella demetilazione

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



fondazione banfi

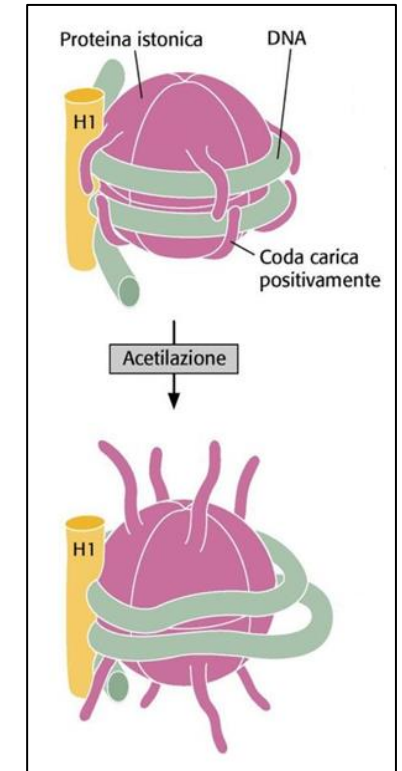
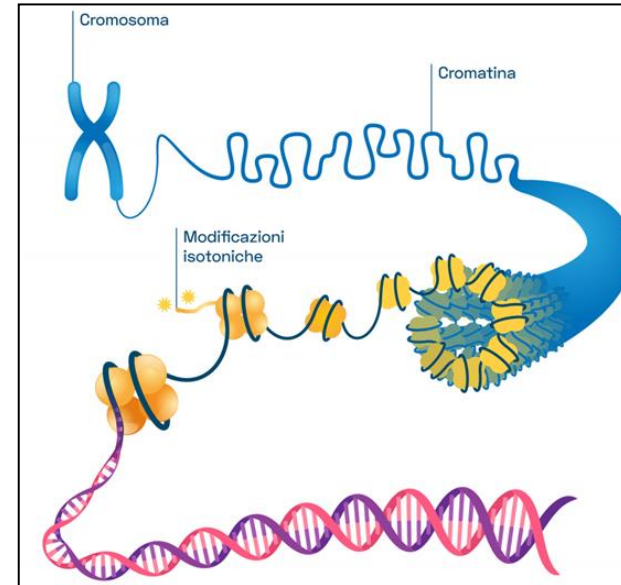
SANGUIS JOVIS
ALTA SCUOLA DEL SANGUE

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

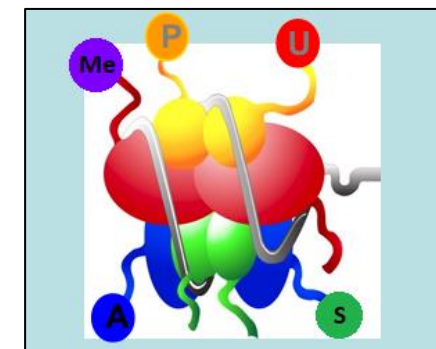
- ❖ modifiche alla regione N-terminale dei complessi istonici
- ❖ legami covalenti, reversibili

Coinvolti ≠ 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!



fondazione banfi

SANGUIS JOVIS
ALTA SCUOLA DEL SANGUE

Gli stati della cromatina

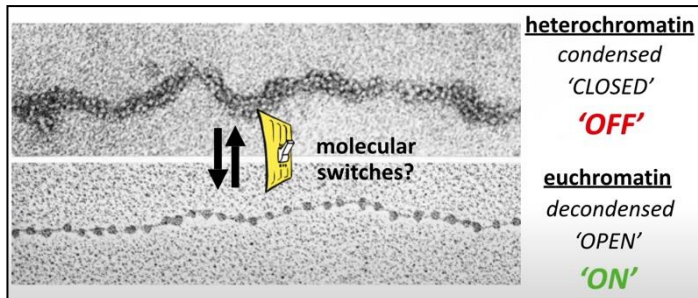
❖ Eterocromatina

Condensata, NO trascrizione, geni silenziati

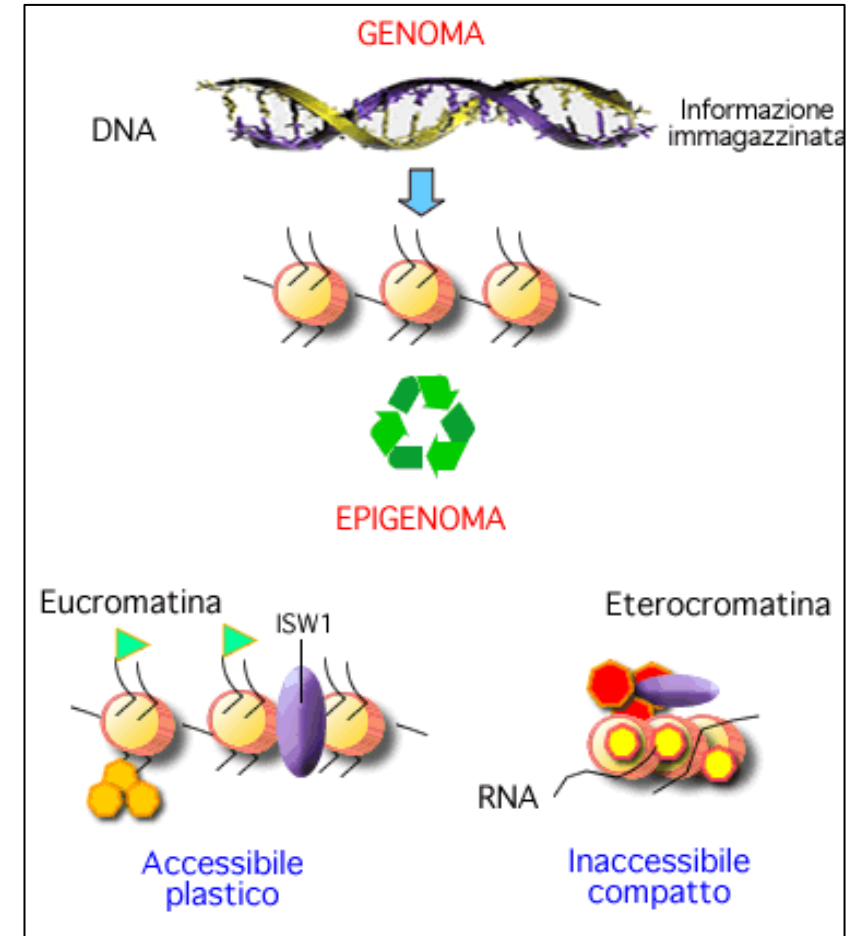
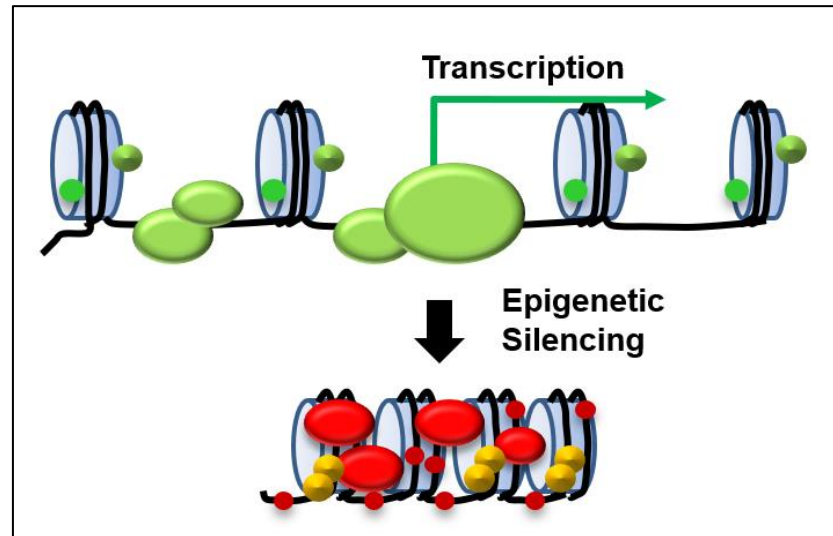
❖ Eucromatina

Decondensata, SI trascrizione, geni attivi

→ EPIGENETICA è UN INTERRUETTORE MOLECOLARE!



Adattato da Alberts et al., 2002



fondazione banfi

SANGUIS JOVIS
ALTA SCUOLA DEL SANGUE

3) *RNA non codificanti*

❖ «RNA-dependent gene silencing process»

(Nobel per la medicina, 2006)

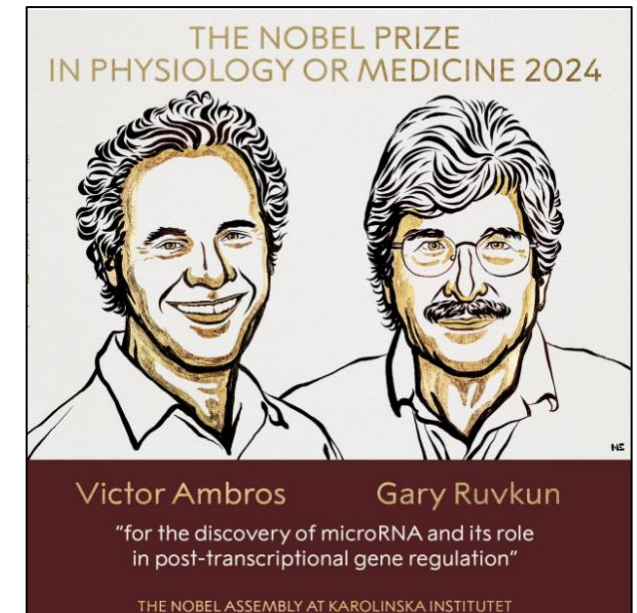
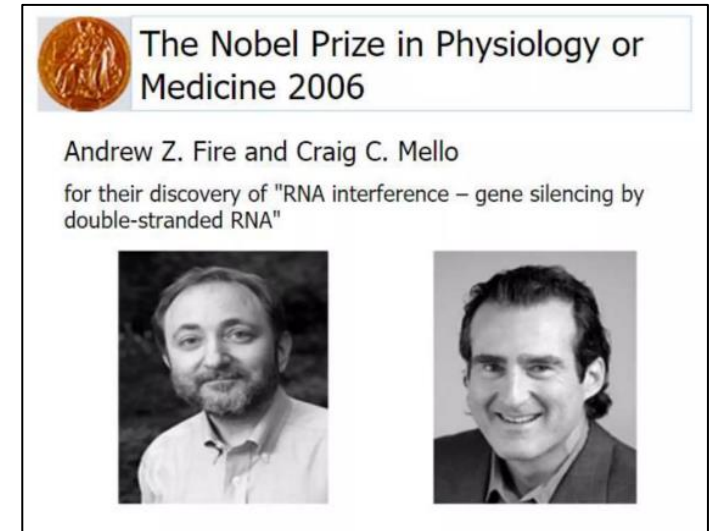
❖ Trascritti genici che non vanno incontro a traduzione: «Small interfering RNA»

❖ «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»



fondazione banfi

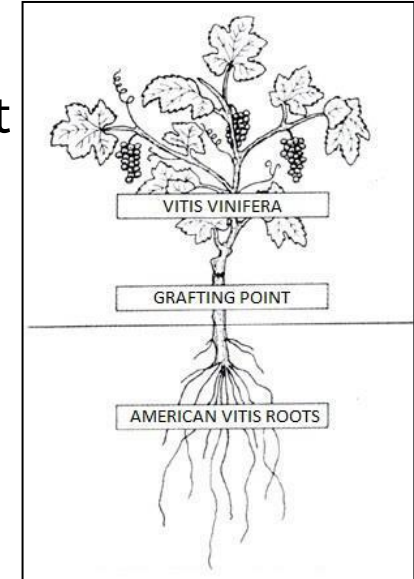
SANGUIS JOVIS
ALTA SCUOLA DEL SANGUE

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

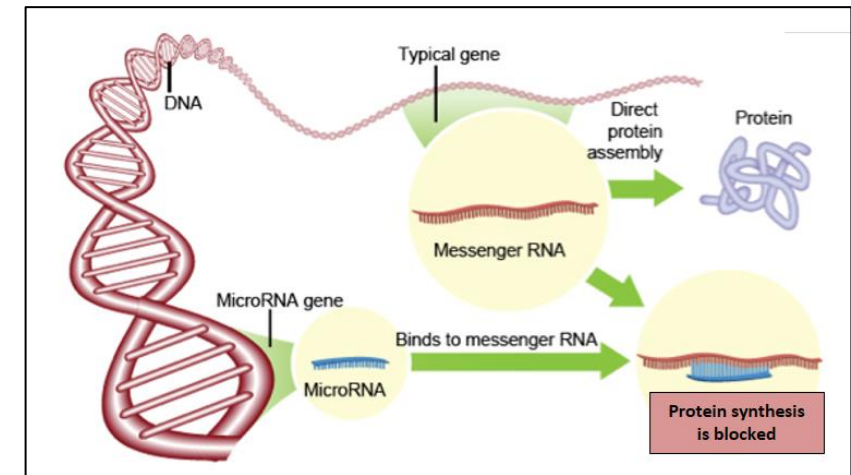
- ❖ miRNAs: molecole segnale, movimento a lungo raggio, via floema

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



fondazione banfi

SANGUIS JOVIS
ALTA SCUOLA DEL SANGOVESE

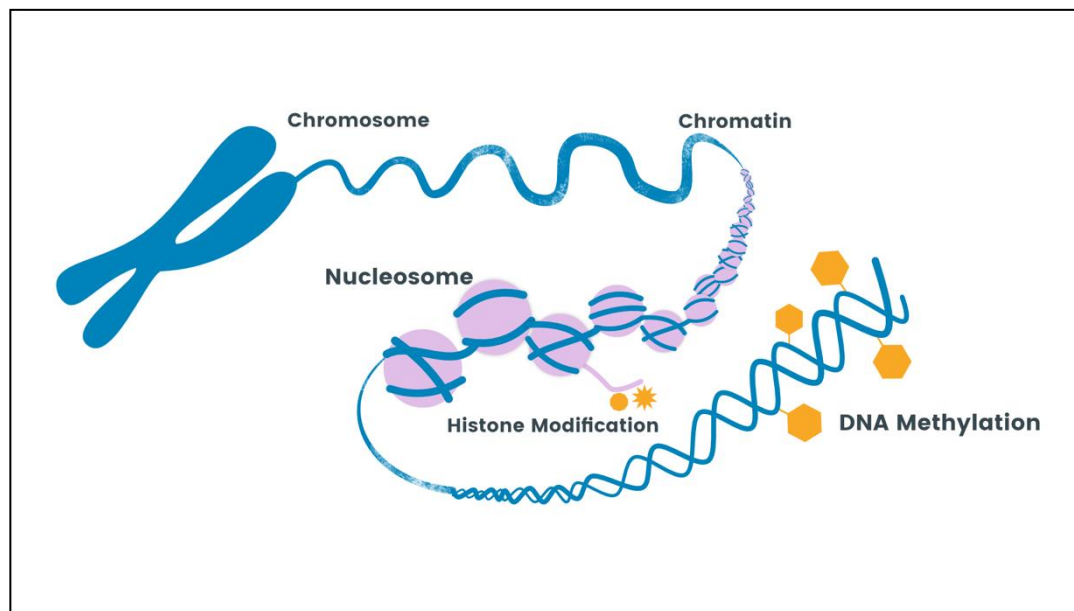
Modifiche epigenetiche: sono ereditabili?

«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)



Alvarez, 2021

Modifiche epigenetiche: sono ereditabili?

→ NO

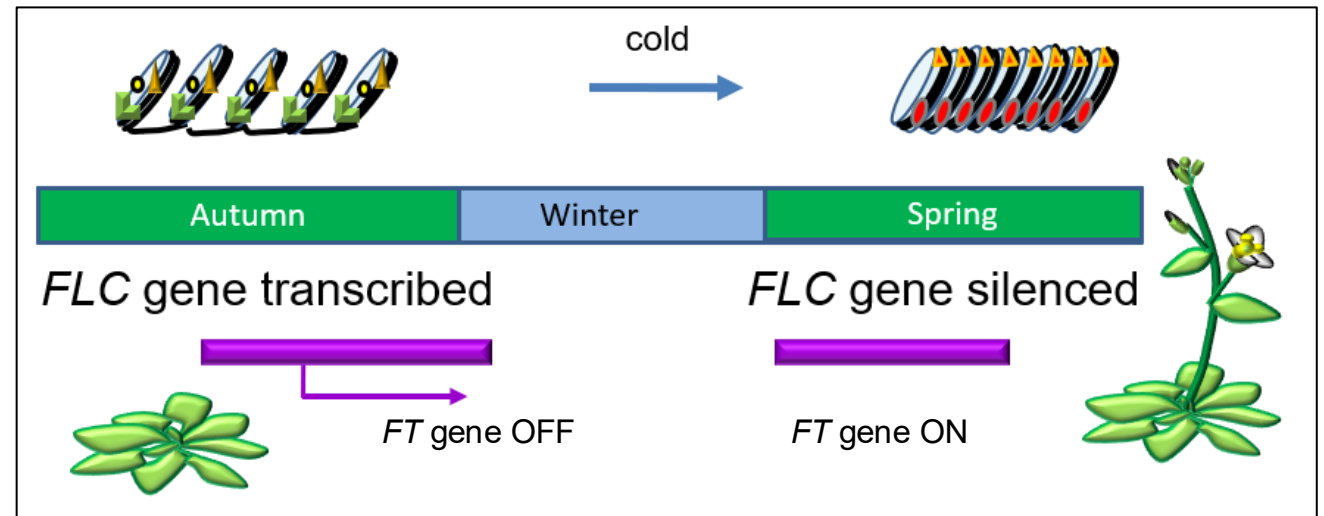
❖ gene FLOWERING LOCUS C (FLC) - Regolato tramite modifiche istoniche sensibile alla vernalizzazione, regolatore negativo della fioritura

❖ 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

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

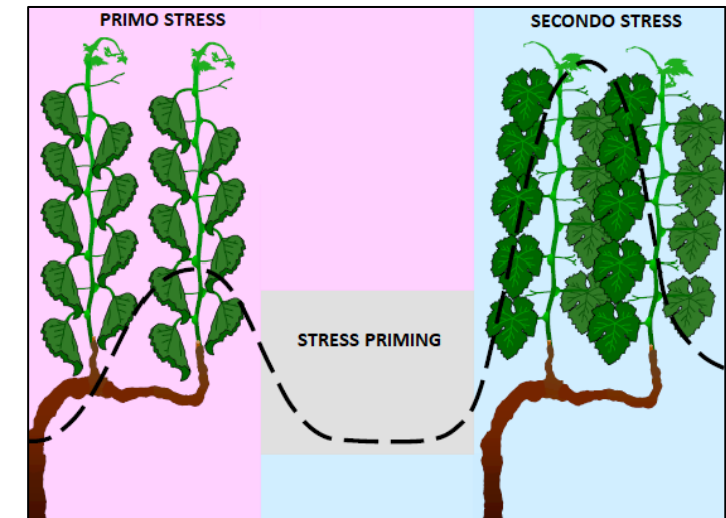
→ «priming»: Risposta più rapida vs fattore stressante!

❖ **MEMORIA EPIGENETICA:**

«Somatic, Intergenerational, Transgenerational memory»

→ Fenotipo (+) conservato nelle generazioni successive

→ Vantaggio selettivo



Adattato da Venios, 2024

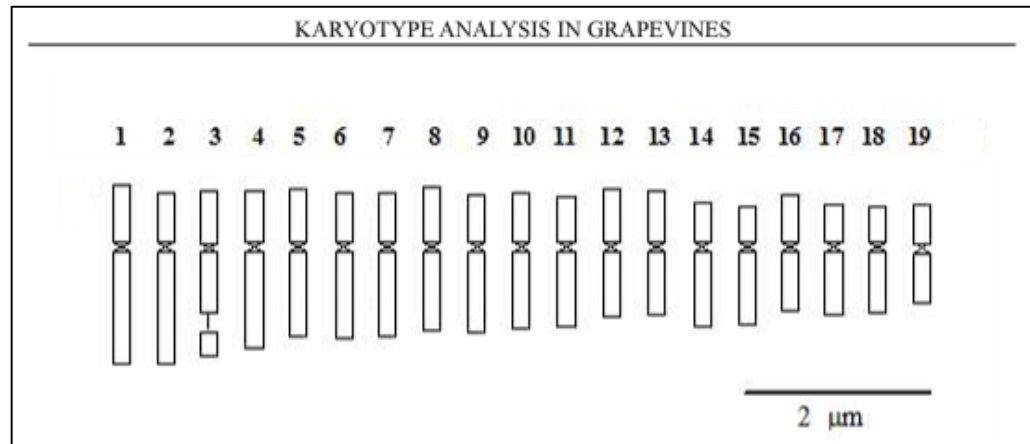


fondazione banfi

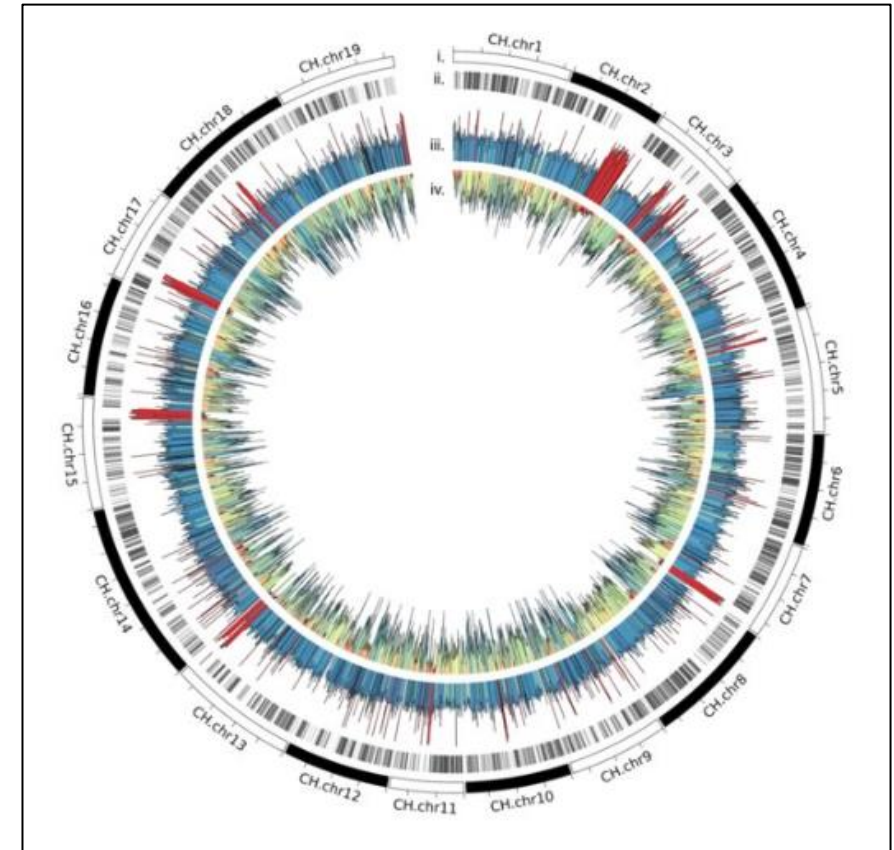
SANGUIS JOVIS
ALTA SCUOLA DEL SANGIOVESE

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)
- ❖ Ora disponibile genoma T2T
(Shi et al., 2023)



Adattato da Pierozzi e Moura, 2016



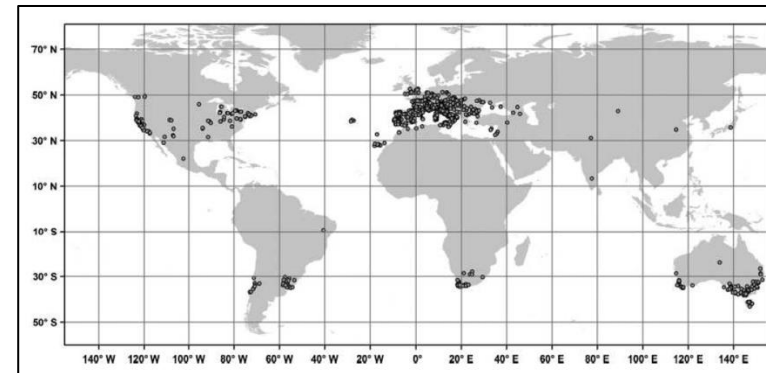
Vitis vinifera – Chardonnay cv reference genome
Roach et al., 2018



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
- ❖ Invaiaitura
→ Epigenetica: ruolo chiave nello sviluppo e maturazione dell'acino



Adattato da Hannah *et al.*, 2013

Horticulture
Research

Horticulture Research, 2025, 12: uhaf238

<https://doi.org/10.1093/hr/uhaf238>

Article

The grape berry methylome reveals tissue-specific features associated with metabolism in ripening

Junhua Kong^{1,2}, Yu Ma^{2,3}, Huan Huang^{1,2}, Virginie Garcia¹, Qingfeng Niu^{1,4,5}, Ghislaine Hilbert-Masson¹, Linda Stammitt¹, Siqun Wu¹, Yonglei Yu², Philippe Gallusci^{1,6} and Zhaobo Lang^{1,2,4}

npj | science of plants

Perspective



<https://doi.org/10.1038/s44383-026-00028-6>

The grapevine as a model plant to describe intra- and interspecific mechanisms of drought acclimation

Check for updates

Claudio Lovisolo¹, Irene Perrone², Walter Chitarra^{2,3}, Luca Nerva³ & Alessandra Ferrandino¹

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

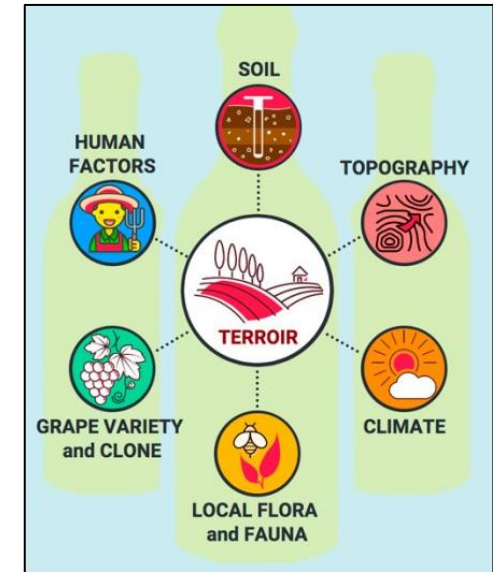
Alberto Rodríguez-Izquierdo¹, David Carrasco¹, Lakshay Anand², Roberta Magnani², Pablo Catarecha¹, Rosa Arroyo-García^{1,11} and Carlos M. Rodríguez López^{2,1}



fondazione banfi
SANGUIS JOVIS
ALTA SCLOA DEL SANGOVESE

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>

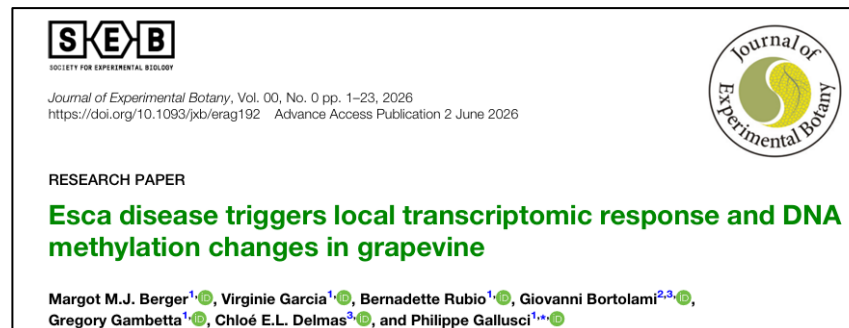
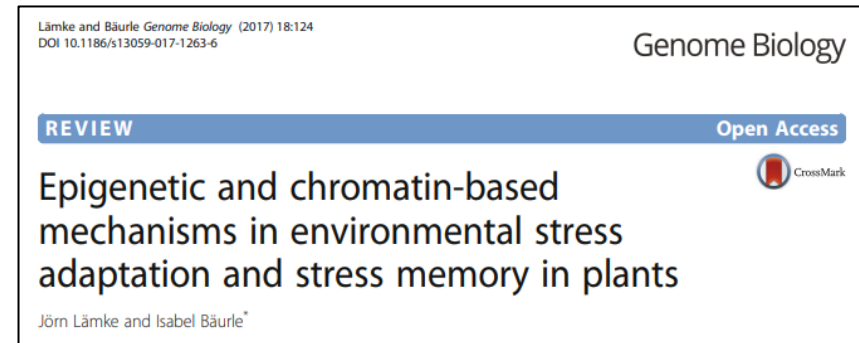
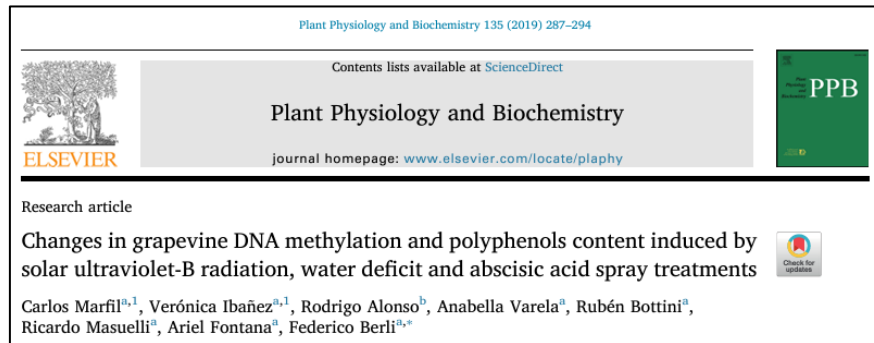
Comparison of DNA methylation landscape between Czech and Armenian vineyards show their unique character and increased diversity

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



Epigenetica e risposta agli stress

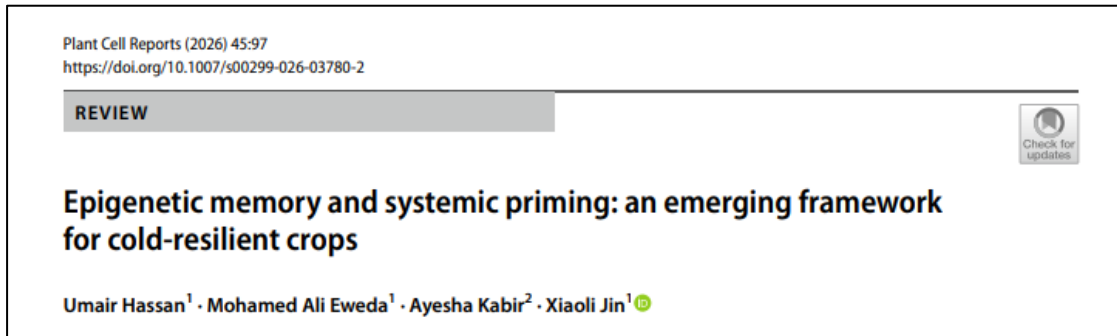
- ❖ Stress **ABIOTICI**: Ipermetilazione DNA dovuta a raggi UV, deficit idrico, eccesso termico
 - Epigenoma determina ≠ espressione genica in caso di stress multipli, effetto additivo
- ❖ Stress **BIOTICI**: Risposta locale e sistemica (Systemic Acquired Resistance e Induced Systemic Resistance)
 - ridotta metilazione del DNA, aumentata reattività del sistema immunitario delle piante



Epigenetica e risposta agli stress

❖ «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!

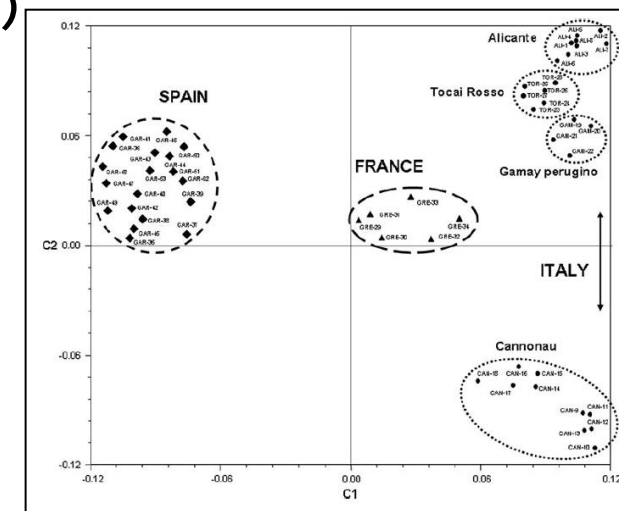
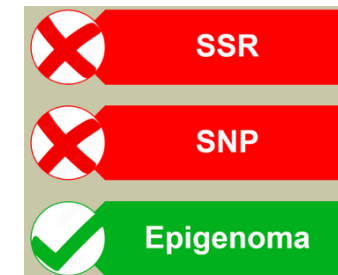


Epigenetica e cloni di vite

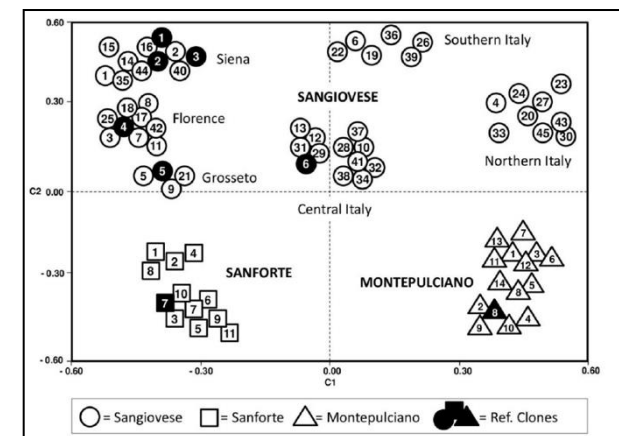
❖ Cloni di vite: fenotipo variabile, MA omogeneità genetica
Differenze non individuabili con marcatori molecolari DNA (SSR, SNP...)

❖ «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 SCLONIA DEL SANGIOVESE

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



fondazione banfi
SANGUIS JOVIS
ALTA SCUOLA DEL SANGIOVESE



**UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI
DI MILANO**

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 SCUOLA DEL SANGIOVESE

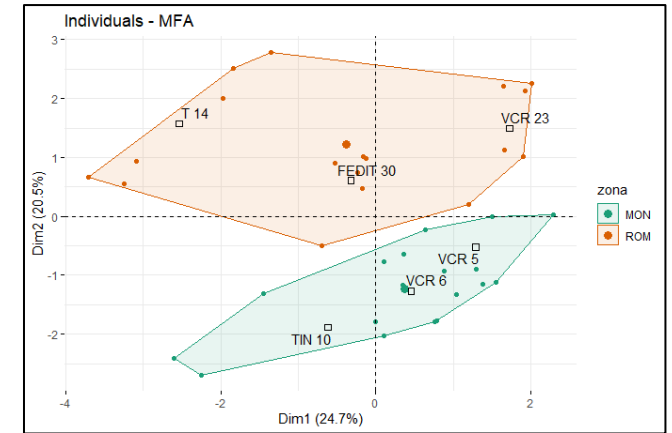
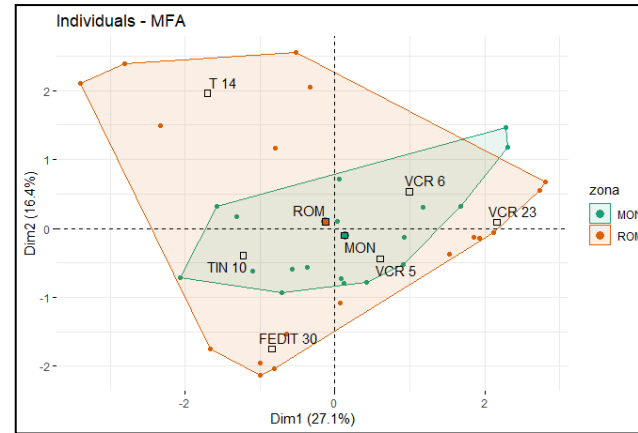
Dati fenotipici rilevati sulle uve:

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

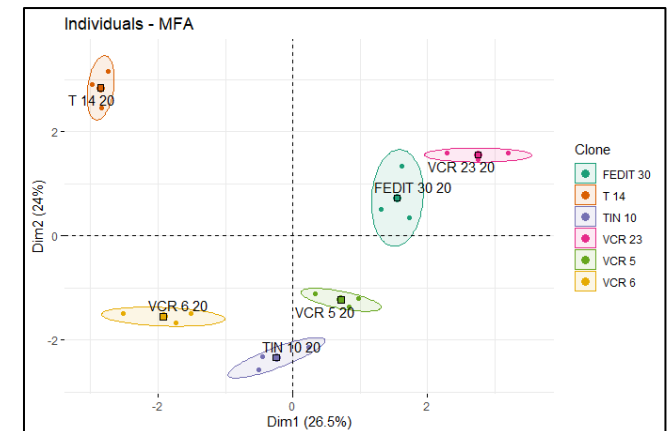
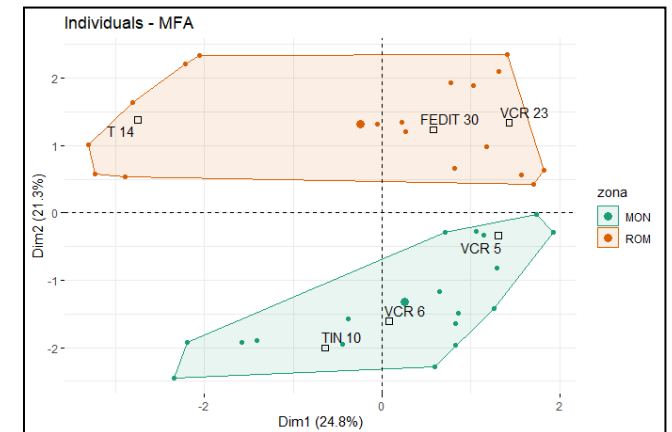
Differenze tra cloni non evidenti in fase INVAIATURA

→ 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



fondazione banfi

SANGUIS JOVIS
ALTA SCUOLA DEL SANGIOVESE

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

Identificati geni differenzialmente metilati tra zone di origine

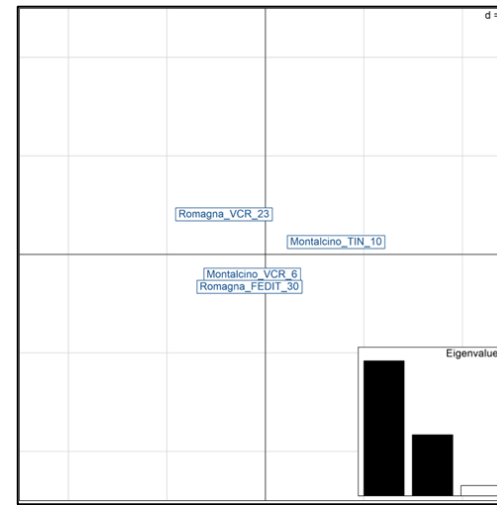
Es: Montalcino: geni chiave sintesi degli antociani (TF e geni strutturali), meno metilati rispetto a Romagna

Risultati preliminari:

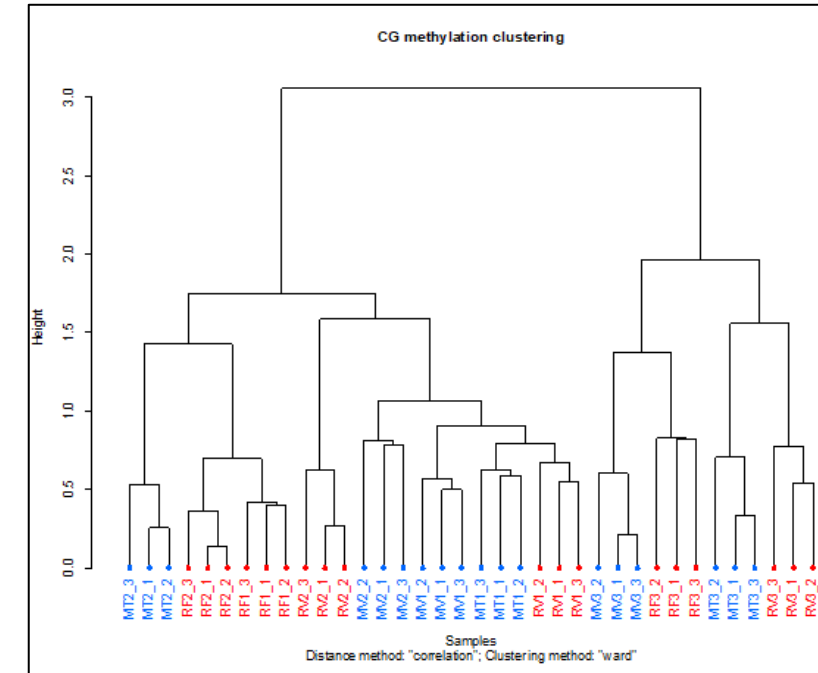
Possibile attribuire alle modifiche epigenetiche le differenze fenotipiche!

Ulteriori analisi in corso:

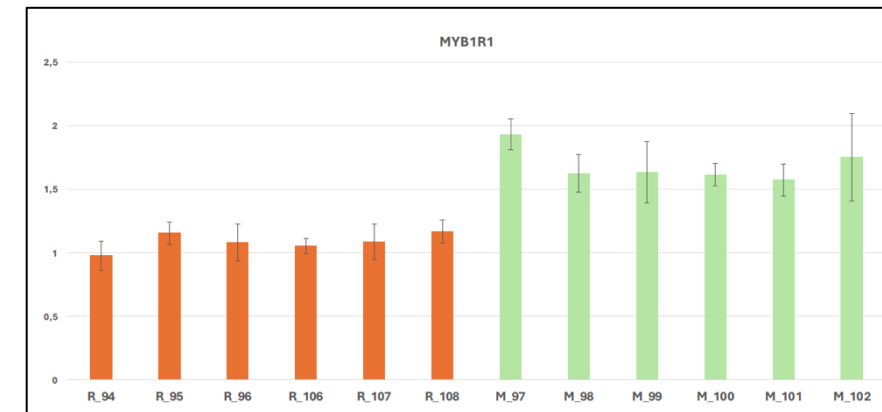
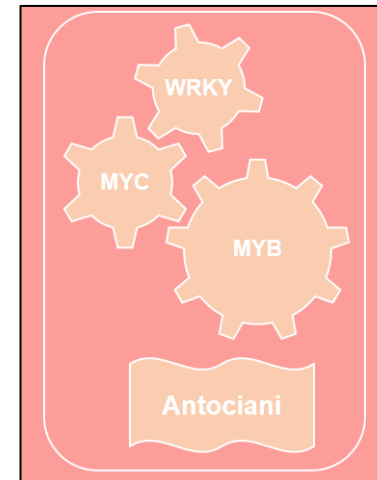
Real-time PCR di conferma su altri geni DM



PCA profili SNP



PCA geni/loci differenzialmente metilati



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!

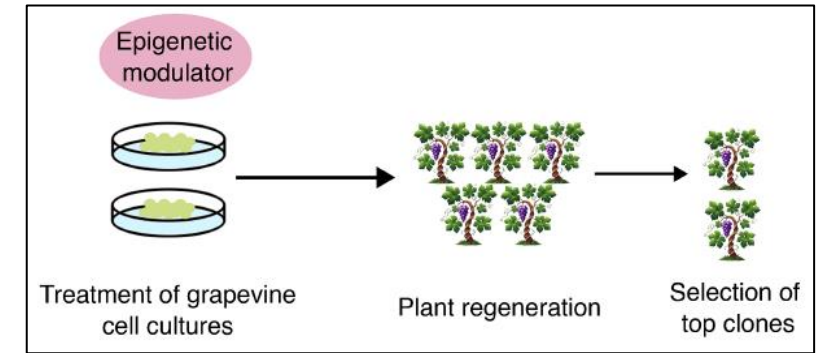


Prospettive future (2/2)



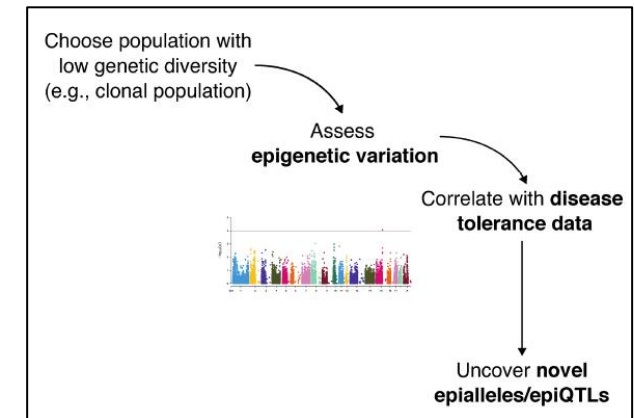
❖ **Editing epigenetico, Epimutagenesi**: uso dell'epigenetica per modulare l'espressione di un gene, senza modificare la sequenza DNA (no OGM)

❖ 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!



Pereira et al., 2025

❖ 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



GRAZIE PER L'ATTENZIONE!

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



fondazione banfi

SANGUIS JOVIS
ALTA SCUOLA DEL SANGIOVESE

fondazionebanfi.it

