

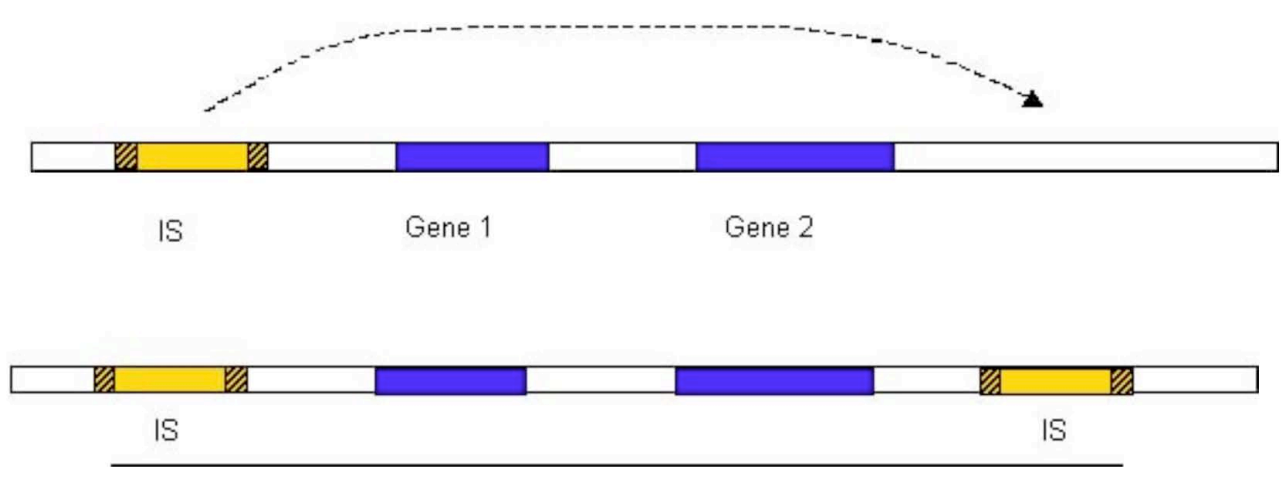
Caratteristiche delle sequenze di inserzione di *E. coli* K12

	Dimensioni (bp)	Seq. ripetute invertite (bp)	Seq. rip. dirette del sito di inserzione (bp)	N° possibili proteine codificate	N° copie per genoma di <i>E. coli</i>
IS1	768	23	9 (8)	2	6-9
IS2	1327	41	5	2	~5
IS3	1400	38	3	2?	~ 5
IS4	1426	18	11 o 12	2	1
IS5	1195	16	4	4	~ 10

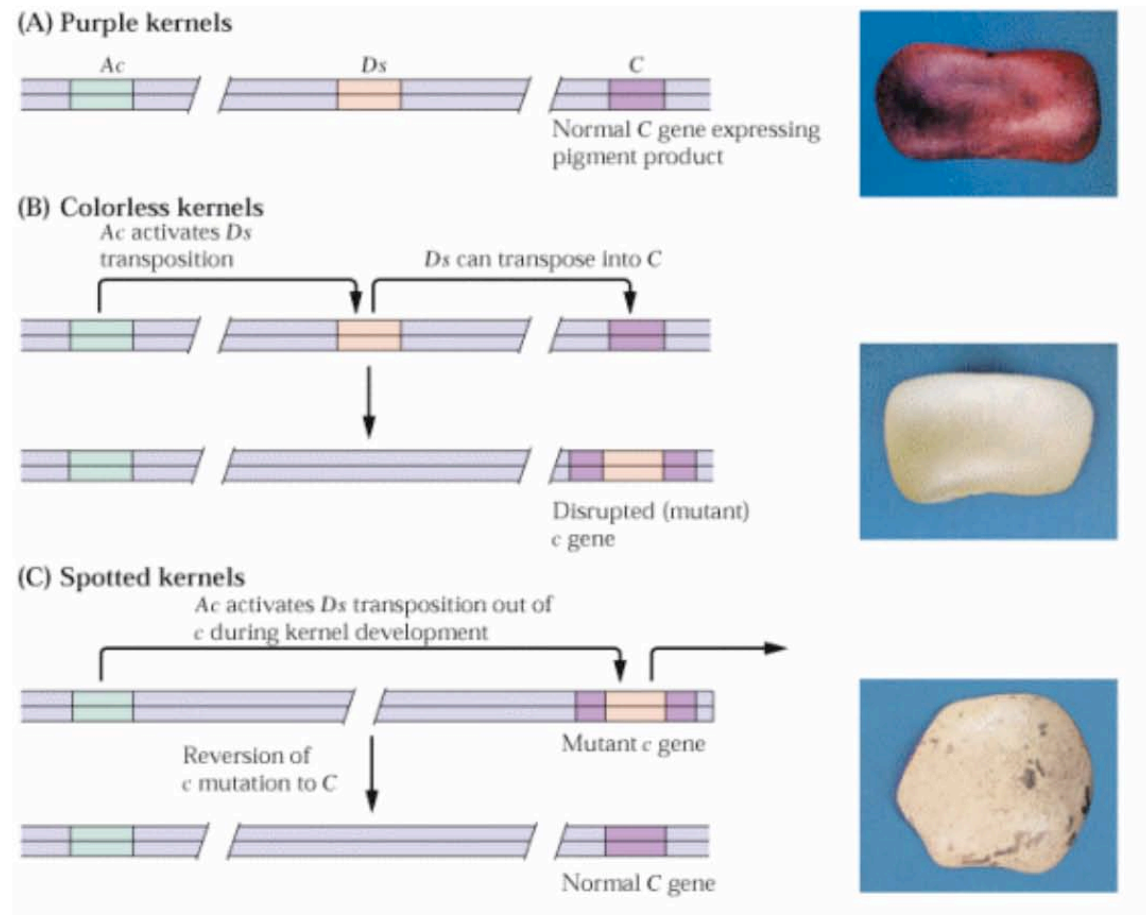
Famiglie di elementi trasponibili in mais

Famiglia	Fattori	
	autonomi	non autonomi
Ac-Ds	Ac: attivatore	Ds: dissociazione
Spm	Spm: soppressore- mutatore	Non specificato
Dt	Dt: dotted	Non specificato

Capacità di attivazione è specifica \Rightarrow viene esercitata solo su elementi della stessa famiglia



Effetti di trasposizione sul colore della cariosside di mais



Caratteristiche molecolari di sistema AcIDs di mais

- Ac lungo 4563 bp
- Sequenze ripetute invertite di 11 bp agli estremi
- mRNA di 3.5 kb \Rightarrow trasposasi di 92kDa
- Ripetizioni dirette nel sito bersaglio di 8 bp
- Sequenze residue dopo escissione
- Ds: porzioni delete di Ac

