

EVOLUZIONE MOLECOLARE DELLE METALLOTIONEINE NEI
TELEOSTEI ANTARTICI (NOTOTHENIOIDEI)

R. BAKIU, G. SANTOVITO, P. IRATO, E. PICCINNI

ester.piccinni@unipd.it

Dip. di Biologia, Univ. degli Studi di Padova, Via Ugo Bassi 58/B, 35131 Padova, Italy

Le metallothioneine (MT) sono proteine dal basso peso molecolare, ricche in cisteine ed ampiamente distribuite in natura. Le MT giocano un ruolo omeostatico nel controllo e nella detossificazione dai metalli pesanti. E' stato inoltre dimostrato che le MT fungono da scavengers delle specie reattive dell'ossigeno (ROS).

Abbiamo studiato alcuni aspetti evolutivi di queste proteine nei pesci, ponendo particolare attenzione all'evoluzione molecolare nei nototenioidi. Abbiamo caratterizzato i geni delle isoforme di MT in otto membri della famiglia Nototheniidae, in due della famiglia Bathydraconidae ed in un membro delle famiglie Artedidraconidae e Channichthyidae. Nelle nostre analisi abbiamo considerato anche sequenze di MT di altre specie di teleostei. I metodi Maximum Likelihood (ML) e Bayesiani sono stati applicati alle sequenze delle regioni codificanti. I risultati indicano la presenza di due gruppi di MT, ognuno dei quali contenente una delle due isoforme, MT-1 ed MT-2. Sono state osservate molte discrepanze tra la "gene genealogy" e la "species phylogeny" delle MT. Quindi, abbiamo analizzato le MT dei nototenioidi per la presenza di selezione positiva. I nostri risultati indicano l'assenza di selezione positiva e la presenza di una forte selezione purificante che agisce a livello amminoacidico. Inoltre, analisi filogenetiche delle UTR indicano che la 5'UTR si è evoluta diversamente dalla 3'UTR.