

STUDIO DELLA REGIONE TELOMERICA IN
ALCUNE FAMIGLIE DI
CROSTACEI DECAPODI

S. SALVADORI, E. COLUCCIA, F. DEIDDA, R. CANNAS, A.M. DEIANA

salvador@unica.it

Dip. di Biologia Animale ed Ecologia, Univ. di Cagliari, Via T. Fiorelli 1, 09126 Cagliari, Italy

Negli eucarioti la regione terminale dei cromosomi è costituita da una corta sequenza altamente ripetuta, i telomeri, la cui peculiare organizzazione previene la degradazione cromosomica e le fusioni termino-terminali. Le sequenze telomeriche di organismi evolutivamente distanti tra loro mostrano grandi similitudini, generalmente sono costituite da corte sequenze ricche in GC e alcune risultano conservate in interi gruppi tassonomici; la sequenza telomerica umana (TTAGGG) n , è altamente conservata in tutti i Vertebrati ed è presente in altri taxa compresi Poriferi e Cnidari. Negli insetti differenti tipi di sequenze telomeriche sono state identificate e tra queste la sequenza pentanucleotidica (TTAGG) n è risultata la più frequente e presente anche in altri artropodi, compresi i crostacei.

Scopo di questo studio è stato determinare la sequenza telomerica di differenti specie di crostacei decapodi appartenenti alle famiglie Palinuridae e Scyllaridae mediante ibridazione *in situ* in fluorescenza (FISH). Sono state usate come sonde la sequenza esamerica umana (TTAGGG) e quella pentamerica degli insetti (TTAGG) su preparati cromosomi di *Palinurus elephas*, *P. mauritanicus* (Palinuridae) e di *Scyllarus arctus* (Scyllaridae) ottenuti con metodo diretto da tessuto gonadico maschile.

In tutte le specie studiate sono presenti chiari segnali telomerici su tutti i cromosomi dopo ibridazione della sonda pentamerica (TTAGG), mentre non è presente alcun segnale dopo ibridazione della sonda esamerica (TTAGGG).

Questi risultati ampliano le conoscenze sulle sequenze telomeriche presenti nei crostacei e rafforzano l'ipotesi che la sequenza telomerica (TTAGG) n , sia la più diffusa negli artropodi e che potrebbe essere considerata la sequenza telomerica ancestrale in questo taxon.