

CARATTERIZZAZIONE MOLECOLARE DI DNA ALTAMENTE RIPETUTO NEI MOLLUSCHI POLIPLACOFORI

M. BARUCCA¹, M.A. BISCOTTI¹, T. CAPRIGLIONE², G. ODIERNA³,
E. OLMO¹, A. CANAPA¹

m.barucca@univpm.it

¹Dip. di Biochimica, Biologia e Genetica, Univ. Politecnica delle Marche, 60131 Ancona; ²Dip. di Biologia Evolutiva e Comparata, Univ. di Napoli "Federico II", 80134 Napoli; ³Dip. di Biologia Strutturale e Funzionale, Univ. di Napoli "Federico II", 80126 Napoli

Digerendo il DNA genomico del poliplacoforo *Nuttallochiton mirandus* con l'enzima di restrizione *EcoRV* sono state identificate due famiglie di DNA altamente ripetuto denominate NmE1 e NmE5. Il confronto fra le sequenze ottenute ha evidenziato un'elevata similarità nelle regioni 3' e 5' ma anche una differenza dovuta alla presenza di una sequenza inserto in NmE5, denominata InsNmE5, che potrebbe essersi originata da un elemento trasponibile. Per studiare l'organizzazione delle sequenze ripetute isolate, sono state condotte analisi di Southern blotting e ibridazione *in situ* (FISH) utilizzando tre sonde: Ins268, corrispondente alla regione inserto, NmE1 e NmE5. I risultati suggeriscono un'organizzazione a tandem per entrambe le famiglie identificate, inoltre InsNmE5 è stata evidenziata anche come sequenza altamente ripetuta interspersa, in accordo con l'ipotesi della sua derivazione da un elemento trasponibile.

La presenza e il grado di conservazione di queste due famiglie di DNA altamente ripetuto sono state poi **indagate** in altre 9 specie della classe Polyplacophora mediante analisi dot-blot, reazione a catena della polimerasi e sequenziamento. I risultati evidenziano nelle specie analizzate la presenza di sequenze corrispondenti a Ins268, NmE1 e NmE5 (circa 99% di similarità). Inoltre, mentre InsNmE5, come sequenza interspersa, sembra essere ampiamente presente nel genoma in quasi tutte le specie studiate, le famiglie di DNA satellite NmE1 e NmE5 risultano essere molto più rappresentate in *Nuttallochiton mirandus*.