



Università degli Studi di Napoli Federico II

■ GIORNATE SCIENTIFICHE
INTERPOLO - POLO DELLE
SCIENZE E DELLE TECNOLOGIE
PER LA VITA - POLO DELLE SCIENZE
E DELLE TECNOLOGIE - FACOLTÀ DI
MEDICINA E CHIRURGIA
FARMACIA - MEDICINA
VETERINARIA - AGRARIA
SCIENZE MATEMATICHE
FISICHE E NATURALI - INGEGNERIA

*Giovedì 26 e Venerdì 27
Maggio 2005*

Complesso Monte S. Angelo - Via Cinthia

ANALISI PRELIMINARE DEL GENE CHE CODIFICA L'ACIL COA:
DIACILGLICEROLO ACILTRANSFERASI (DGAT1) NELLA SPECIE BUFALINA

D. Gallo, L. Colimoro, A. Pauciullo, E. Iengo, A. Mancusi, G. Cosenza

Dipartimento di Scienze Zootecniche ed Ispezione degli Alimenti, sez. T. M. Bettini,
Università degli Studi di Napoli "Federico II", Portici, Italia

Introduzione: L'Acil CoA: diacilglicerol aciltransferasi (DGAT) è un enzima microsomiale che svolge un ruolo centrale nel metabolismo dei glicolipidi a livello cellulare e catalizza l'ultimo step nella sintesi del triacilglicerolo utilizzando come substrato il diacilglicerolo (DAG) e gli acil CoA dell'acido grasso. Nella specie bovina il gene che lo codifica (DGAT1) mappa sul cromosoma 14, nella regione che comprende il QTL del grasso del latte (Winter et al. 2002). L'obiettivo della ricerca è quello di studiare la variabilità genetica al locus DGAT1 nella specie bufalina allevata in Campania.

Materiali e Metodi: Il DNA genomico è stato estratto dai leucociti ottenuti da campioni di sangue di 3 bufale allevate nella provincia di Caserta e che producono latte con diverse caratteristiche quali-quantitative. L'amplificazione del gene DGAT1 bufalino è stata realizzata per mezzo di PCR utilizzando primer disegnati sull'omologa sequenza bovina (EMBL n° AJ318490). I prodotti di amplificazione sono stati purificati e sequenziali.

Risultati e Discussione: L'intero gene DGAT1 di bufala è stato amplificato per un totale di ~8300 nt ed è stato sequenziato il tratto di DNA che va dal 4° esone al 12° introne per un totale di 1576 nt. Il gene DGAT1 presenta un'architettura estremamente frazionata essendo costituito da 17 esoni e 16 introni e si caratterizza per una maggiore percentuale di G/C rispetto al contenuto di A/T (68,26% vs 31,74%). Il confronto delle sequenze bufaline ottenute non ha messo in evidenza nessuna differenza nucleotidica a livello esonico, mentre sono state individuate due mutazioni a livello intronico: una trasversione C→G al 69° nt del 7° introne, responsabile della scomparsa di un sito di restrizione dell'endonucleasi DdeI, ed una transizione C→T realizzatesi al 14° nt dell'8° introne che determina la creazione di un sito di restrizione dell'enzima MspI. Entrambe le mutazioni si sono realizzate nell'individuo che si caratterizza per una maggiore presenza di grasso nel latte. Le sequenze bufaline a tutt'oggi disponibili mostrano un'omologia con le corrispondenti sequenze bovine depositate in Banca Dati pari a ~95,1%. Tale differenza è dovuta, oltre che a singole sostituzioni/delezioni nucleotidiche realizzatesi sia a livello intronico che esonico, ad una inserzione nel bufalo di 18 bp (TCGGCCCGGGCGGGAAGG) tra il 4° ed il 5° nt del 10° introne.

Conclusioni: I marcatori genetici fino ad ora evidenziati nel bufalo possono essere utilizzati per interpretare le affinità o diversità tra le specie e per la messa a punto di protocolli rapidi per l'analisi di biodiversità finalizzata alla tracciabilità/rintracciabilità dei prodotti.