



Università degli Studi di Napoli Federico II
POLO DELLE SCIENZE E DELLE TECNOLOGIE PER LA VITA

XII GIORNATE SCIENTIFICHE

FACOLTÀ
MEDICINA E CHIRURGIA
AGRARIA
MEDICINA VETERINARIA
FARMACIA
SCIENZE MM.FF.NN.
SCIENZE BIOTECNOLOGICHE

Giovedì 15 e Venerdì 16
Giugno 2006

Aula Magna "G. Salvatore"
Facoltà di Medicina e Chirurgia
Via S. Pansini

IL GENE DELL'OSSITOCINA (OXT)
NELLA BUFALA MEDITERRANEA ITALIANA: STRUTTURA ED ANALISI

Alfredo Pauciullo¹, Letizia Colimoro¹, Andrea Mancusi¹, Annalisa D'Avino¹,
Ciro Iorio¹, Daniela Gallo¹, Gianfranco Cosenza¹

¹Dipartimento di Scienze Zootecniche ed Ispezione degli Alimenti, Università degli Studi di Napoli

Introduzione: L'ossitocina è un ormone neuroipofisario che svolge diverse funzioni. In particolare, è implicato nel meccanismo di eiezione del latte dalla ghiandola mammaria, stimola le contrazioni della muscolatura liscia dell'utero durante il parto e controlla la lunghezza del ciclo estrale. Il presente lavoro riporta l'analisi strutturale del gene che codifica per il complesso ossitocina-neurofisina I (OXT) nella Bufala Mediterranea Italiana.

Materiali e Metodi: Il DNA genomico è stato estratto dai leucociti ottenuti da campioni individuali di sangue di bufali allevati in Campania. Mediante PCR è stato amplificato e sequenziato l'intero gene OXT ed il suo promoter, utilizzando primers disegnati sull'omologa sequenza bovina (EMBL n° X00502, X58474).

Risultati e Discussioni: È stato sequenziato l'intero gene OXT bufalino che è risultato di 912nt (contenuto di G/C del 72%) oltre a 993nt della regione promotrice (EMBL n°AM234538). La principale caratteristica di tale gene è la semplice architettura essendo costituito da 3 esoni (512nt) e 2 introni (400nt) con un'omologia rispetto alle corrispondenti sequenze bovina ed ovina rispettivamente del 97,7% e 93,8%. Il confronto delle sequenze esoniche bufalina e bovina evidenzia 4 mutazioni, 2 delle quali responsabili delle sostituzioni aaSer3→Gly e Ala81→Glu. Il confronto con la sequenza ovina, invece, mostra 18 siti polimorfici, 2 dei quali non conservativi: sostituzioni aaSer3→Gly e Gln⁴⁵→Arg. La regione del promotore bufalino si caratterizza rispetto a quella bovina per un'inserzione di 26 nt tra i nt -880 e -917, indicando con +1 il 1° nt del 1° esone, mentre, analogamente a quella bovina, si caratterizza rispetto a quella ovina per la delezione/inserzione di 2 decameri tra i nt -504/-505 e -314/-305. Siti di legame per nuclear receptor superfamily (-56/-61, -81/-85, -101/-105, -152/-156, -158/-162, -167/-178, -329/333, -336/340) e monomeric orphan receptor (~160nt dal sito d'inizio della trascrizione) caratterizzano la regione 5'. Nella sequenza bufalina la TATA box si localizza tra i nt -24/-29, mentre il segnale ed il sito di poliadenilazione rispettivamente tra i nt +75/+83 e +89 dallo stop codon.

Conclusioni: Il confronto delle sequenze del gene OXT e del relativo promotore bufalino, bovino e ovino evidenzia mutazioni che possono essere utilizzate quali marcatori per analisi di biodiversità finalizzata alla tracciabilità/rintracciabilità dei prodotti di origine animale. Inoltre, la disponibilità di una corretta e completa sequenza del gene OXT bufalino, rende possibile, anche per tale specie, la messa a punto di protocolli per studi d'espressione basati sull'utilizzo di metodiche che richiedono la conoscenza di sequenze nucleotidiche (qPCR, microarray).