

## Squame cefaliche e determinazione dell'età nei lacertiliani: affidabilità del metodo

Marco A.L. ZUFFI<sup>1</sup>, Fabio Maria GUARINO<sup>2</sup>, Roberto SACCHI<sup>3</sup>, Marcello MEZZASALMA<sup>2</sup>, Miguel Angel CARRETERO<sup>4</sup>

<sup>1</sup> *Museum Natural History, University of Pisa, via Roma 79, 56011 Calci (PI), Italy*

<sup>2</sup> *Dipartimento di Biologia, Università di Napoli Federico II, Via Cintia 26, 80126 Naples, Italy*

<sup>3</sup> *Dipartimento di Scienze della Terra e dell'Ambiente, Via Taramelli 24, 27100 Pavia, Italy*

<sup>4</sup> *CIBIO-InBIO, Universidade do Porto, Campus de Vairão, Rua Padre Armando Quintas, 4485-661 Vairão, Portugal*

**Riassunto.** Uno studio molecolare usando un set di primers specifici per l'amplificazione di sequenze polimorfiche di DNA (RAPDs) dal genoma di *Zootoca vivipara* evidenziò la presenza di bande differenzialmente espresse nel maschio e nella femmina di *Zootoca vivipara*. Dopo clonaggio e sequenziamento, una ricerca in Repbase and BLAST N, evidenziò che una sequenza rinvenuta nel maschio conteneva un segmento con una significativa identità con: a) un frammento di un elemento SINE Squam 1 di *Podarcis muralis*; (b) una regione dell'introne 7 del gene beta-fibrinogeno (FGB) di *Lacerta viridis* e (c) una sequenza microsatellitare di *Podarcis melisellensis*.

Una sequenza di 817 bp isolata nella femmina presentava tre regioni di interesse che avevano identità con: a) il DNA trasposone TC1 Mariner di *Petromyzon marinus*; b) l'introne 7 del gene beta-fibrinogeno di lucertole muraiole del genere *Podarcis*; c) una regione di un elemento ultra-conservato nel genome di uccelli e mammiferi, suggerendo la conservazione di tale elemento durante la diversificazione di questo gruppo di Vertebrati.

Analisi con dot blot quantitativo e FISH mostrarono che le due sequenze erano intersperse sia lungo gli autosomi che lungo i cromosomi sessuali of *Z. vivipara*, nel cui genoma sono presenti per circa lo 0.03%.

**Abstract.** A molecular study using specifically designed primers for Random Amplified Polymorphic DNA sequencing (RAPDs) highlighted differentially expressed bands in male and female specimens of *Zootoca vivipara*. After cloning and sequencing, searches in Repbase and BLAST N evidenced, in the male, a sequence containing distinct segments showing high identity values with a fragment of the Squam 1 SINE family of *Podarcis muralis*, a region of the intron 7 of the beta-fibrinogen (FGB) gene from *Lacerta viridis* and a microsatellite sequence of *Podarcis melisellensis*, respectively.

A sequence of 817 bp isolated in the female had three regions of interest showing high identity values with: a) a TC1 Mariner DNA transposon of *Petromyzon marinus*; b) the intron 7 of the beta-fibrinogen (FGB) gene of wall lizards of the genus *Podarcis*; c) a region of an ultra-conserved element present in the genome of birds and mammals, suggesting its conservation during the diversification of this group of vertebrates.

Analyses with quantitative dot blot and FISH showed that the sequences isolated were interspersed on autosomes and sex chromosomes of *Z. vivipara*, each representing about the 0.03% of the genome.