

4.36

Caratterizzazione molecolare e citogenetica di quattro sequenze di tipo satellite del genoma equino

S., Torti*, M., Anglana, S., Nergadze, A. Tambasco, C., Attolini, L., Bertoni e E., Giulotto.

Dipartimento di Genetica e Microbiologia "A. Buzzati-Traverso", Pavia, Italy.

*e-mail: Sabrina@ipvgen.unipv.it

Sono stati clonati quattro frammenti indipendenti contenenti sequenze ripetute in tandem da una libreria fagica di DNA di cavallo. Gli inserti sono stati quindi localizzati su preparati cromosomici equini mediante ibridazione *in situ* fluorescente e successivo bandeggio G.

Il clone 37cen è localizzato ai centromeri di tutti i cromosomi tranne il 2 e il 9. M13II mappa nelle regioni centromeriche di dei grandi cromosomi acrocentrici (14-23), di due dei piccoli acrocentrici (28-29) e di un submetacentrico (13). Il frammento 2pl marca i centromeri di tutti i cromosomi tranne i cromosomi 4, 5, 11, 12, X e Y. L'inserto del fago 35B contiene una sequenza cromosoma specifica per il cromosoma 16.

Il pattern d'ibridazione dei quattro frammenti clonati suggerisce che essi siano simili alle sequenze satellite umane e li rende estremamente utili per l'identificazione dei cromosomi di cavallo.