

M. ARCULEO, T. MAGGIO, R. PELLERITO, S. LO BRUTTO

Dipartimento di Biologia Animale, Università di Palermo,  
Via Archirafi, 18 – 90123 Palermo, Italia.  
marculeo@unipa.it

**DATI PRELIMINARI SULLA VARIABILITÀ  
DELLA REGIONE DI CONTROLLO  
IN *PARAPENAEUS LONGIROSTRIS* E *ARISTEUS ANTENNATUS***

***PRELIMINARY DATA ON CONTROL REGION VARIABILITY  
IN *PARAPENAEUS LONGIROSTRIS* AND *ARISTEUS ANTENNATUS****

**Abstract** - We report preliminary data on control region variation in *Parapenaeus longirostris* and *Aristeus antennatus* collected in three Sicilian sample sites. Amplified portion of the mitochondrial control region (308 and 367 bp respectively) gave 17 and 29 haplotypes. Haplotypic diversity was high and nucleotide diversity was low in both species.

**Key-words:** *Parapenaeus longirostris*, *Aristeus antennatus*, control region, genetic variability.

**Introduzione** - *Parapenaeus longirostris* (gambero rosa) e *Aristeus antennatus* (gambero viola), costituiscono un'importante risorsa per le marinerie italiane. *P. longirostris* è molto più abbondante nel Tirreno centrale, nel Canale di Sicilia e nello Ionio su fondi sabbio-fangosi del piano batiale tra 100 e 400 m (Bombace, 1972), mentre *A. antennatus* vive su fondi fangosi ad una profondità compresa tra 200 e 1000 e viene catturato in maggiore quantità nel settore occidentale del Mediterraneo mostrando una sensibile diminuzione nel bacino orientale (Thessalou-Legaki, 1994). Le analisi genetiche sono state condotte attraverso l'uso della regione di controllo del DNA mitocondriale, tradizionalmente utilizzata per l'alto livello di variabilità, per stimare la diversità genetica delle popolazioni ai fini gestionali.

**Materiali e metodi** - Sono stati analizzati 30 e 54 individui di *P. longirostris* ed *A. antennatus* provenienti, rispettivamente, da Porticello (PA), Terrasini (PA) e Porto Palo (SR), e da San Vito Lo Capo (TP) e Terrasini. Il DNA è stato estratto con DNeasy kit (QIAGEN) da una porzione di pleiopodi. La regione di controllo è stata amplificata tramite PCR con i primer *I2S-2* e *Ile-3* (McMillen-Jackson e Bert, 2003). Le sequenze ottenute con un sequenziatore automatico sono state allineate con Clustal X e analizzate con MEGA 2.1 (Kumar *et al.*, 2001) e DNAsp 3.0 (Rozas e Rozas, 1999) per il calcolo di siti variabili e conservati, il numero di aplotipi, la diversità aplotipica e nucleotidica. Una preliminare analisi sulla struttura di popolazione è stata condotta calcolando le distanze genetiche, calcolate come *p-distance*, tra i siti di campionamento.

**Risultati** - Nel gambero rosa le sequenze nucleotidiche hanno identificato 17 aplotipi, una diversità aplotipica e nucleotidica pari, rispettivamente a 0,889 e a 0,034. Su un totale di 308 bp analizzate, sono stati trovati 59 siti variabili di cui 29 informativi. La divergenza nucleotidica media su tutti i campioni è risultata pari al 3,4%, e nel confronto a coppie i valori di distanza nucleotidica sono risultati simili tra loro, da un minimo di 3,2% (Terrasini vs Porticello) ad un massimo di 3,5% (Porto Palo vs Terrasini). Da un punto di vista intrapopolazionale, il numero di aplotipi per popolazione è simile tra le popolazioni, mentre il sito con il numero più basso di siti variabili è Porticello. Nel gambero viola l'analisi di un frammento di 367 bp ha permesso l'individuazione di 24 siti variabili di cui 15 informativi. Il numero di aplotipi totali

è risultato pari a 29, mentre i valori di diversità aplotipica e nucleotidica sono stati, rispettivamente, di 0,938 e a 0,0107. Il numero di aplotipi nel sito di S. Vito Lo Capo (16) è risultato inferiore a quello di Terrasini (18). La divergenza nucleotidica media su tutti gli individui è risultata del 1,1%. Anche in questo caso i dati ottenuti mostrano un basso grado di differenziazione genetica.

**Conclusioni** - I risultati del presente lavoro, seppur basati su dati preliminari, sono molto interessanti ed evidenziano, come riportato in altre specie di crostacei decapodi da Stamatis *et al.* (2004) e Benzie (2000), la presenza di una alta variabilità aplotipica associata a bassi valori di diversità nucleotidica. Sicuramente un maggior numero di individui provenienti da altri siti saranno indispensabili poiché lo studio della variazione genetica è ritenuto oramai uno strumento utile per la gestione delle risorse di pesca (Thorpe *et al.*, 2000).

#### **Bibliografia**

- BENZIE J.A.H. (2000) - Population genetic structure in penaeid prawns. *Aquacult. Res.*, **31**: 95-119.
- BOMBACE G. (1972) - Considerazioni sulla distribuzione delle popolazioni di livello batiale con particolare riferimento alle bentoniche. *Quad. Lab. Tecnol. Pesca.*, **1**: 65- 82.
- KUMAR S., TAMURA K., NEI M. (2004) - MEGA3: Integrated software for Molecular Evolutionary Genetics Analysis and sequence alignment. *Briefings in Bioinformatic*, **5**: 150-163.
- MCMILLEN-JACKSON A.L., BERT T.M. (2003) - Disparate patterns of population genetic structure and population history in two sympatric penaeid shrimp species (*Farfantepenaeus aztecus* and *Litopenaeus setiferus*) in the eastern United States. *Mol. Ecol.*, **12**: 2895-2905.
- ROZAS J., ROZAS R. (1999) - DNAsp version 3: an integrated program for molecular populations genetics and molecular evolution analysis. *Bioinformatics*, **15**: 174-175.
- STAMATIS C., TRIANTAFYLLIDIS A., MOUTOU K.A., MAMURIS Z. (2004) - Mitochondrial DNA variation in Northeast Atlantic and Mediterranean populations of Norway lobster, *Nephrops norvegicus*. *Mol. Ecol.*, **13**: 1377-90.
- THESSALOU-LEGAKI M. (1994) - Distribution of *Aristeus antennatus* and *Aristaeomorpha foliacea* in the Eastern Mediterranean. Proceedings of the life cycles and fisheries of the deep-water red shrimps *Aristaeomorpha foliacea* and *Aristeus antennatus*. Istituto di Tecnologia della Pesca e del Pescato, Mazara del Vallo (TP), Italy: 61-62.
- THORPE J.P., SOLÈ-CAVA A.M., WATTS P.C. (2000) - Exploited marine invertebrates: genetics and fisheries. *Hydrobiologia*, **420**: 165-184.