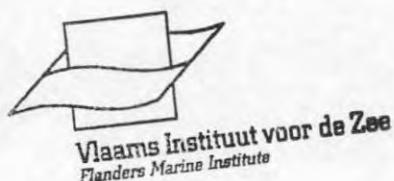


VLIZ (vzw)
 VLAAMS INSTITUUT VOOR DE ZEE
 FLANDERS MARINE INSTITUTE
 Oostende - Belgium



M. CURINI GALLETTI (*), P. MARTENS (**), I. PUCCINELLI (***)

**MECCANISMI DI EVOLUZIONE DEL CARIOTIPO
 NEI MONOCELIDIDI (TURBELLARIA PROSERIATA)**

Riassunto — Vengono illustrati e discussi i principali meccanismi di evoluzione del cariotipo presenti nella famiglia Monocelididae (Turbellaria: Proseriata). Da un assetto basico a $n = 3$ — costituito da un grande cromosoma metacentrico, uno medio metacentrico e uno piccolo nettamente eterobrachiale — si sono originati altri assetti tanto a $n = 3$ (tramite traslocazioni, riarrangiamenti coinvolgenti la posizione del centromero e aumento uniforme delle dimensioni assolute del genoma) che a $n > 3$ (derivati dalla fisione di uno o di entrambi i cromosomi metacentrici dell'assetto di base).

Abstract — *Mechanisms of karyotype evolution in the Monocelididae (Turbellaria Proseriata).* Within the Proseriata (Turbellaria: Seriata), the family Monocelididae displays several interesting patterns of chromosomal evolution. A basic set of $n = 3$ — made up of one large metacentric, one medium-sized metacentric and one small clearly heterobrachial chromosome — has been detected. It is widely distributed in species pertaining to both the subfamilies in which the Monocelididae are subdivided. From this basic set, other complements — either with $n = 3$ or $n > 3$ — would be originated.

Several karyological mechanisms of common occurrence within the family (translocations, small chromosome rearrangements involving the centromere, genome growth) have been detected. As to the chromosome complements with $n > 3$ — occurring within the subfamily Monocelidinae — they can be interpreted as the result of a fission of one or both the metacentric chromosomes of the basic set. Karyometrical data are in good agreement with this suggestion. Centric fusion or polyploidy, well known for fresh-water Tricladida, have been never found in the family.

Key words — Proseriata / karyology / chromosome evolution.

(*) Istituto di Biologia Marina, Università di Pisa.

(**) Department SBM, Limburgs Universitair Centrum, Diepenbeek, Belgium.

(***) Istituto di Zoologia e Anatomia Comparata, Università di Pisa.

CORONI-SOLLERITZ ET AL., 1983 è stato impubblicato). Dal punto di vista dei rapporti di lunghezza dei tre cromosomi dell'assetto aploide, i caratteri tipi delle tre specie appartenute molto simili fra loro ma differiscono rispetto al carattere da noi ritenuto basico

Uno degli esempi più significativi di questo tipo di meccanismi è offerto dal genere *Monocelis* (sottofam. Monocelidinae), di cui abbia-
mo analizzato tre specie, *M. lineata*, *M. fusca* e *M. longistyla*.

A - modificazioni a carico della morfologia dei cromosomi in specie $a_n = 3$, mediante traslocazioni e riarrangimenti coinvolgenti la posizione del centromero, quali le inversioni pericentriche.

rimanendo nei monasteri più frequenti dei cartomaghi e divinatori.

Dall'insieme delle originarie si riporta soltanto quella che i meccani-
smi di sostituzione del sangue hanno assunto osservata.

La comprensione della evoluzione cariologica del gruppo e per l'individuazione dei meccanismi mediante i quali dall'assetto di base si

Sovraccarico, in specie congeneri o in gruppi di specie affini, alcune presentano il corredo basico, altre corredo diverso. L'analisì cariotipica comparativa si è rivelata in questi casi di grande utilità per

REFERENCES AND NOTES

Fig. 1. Corredo cromosomico di base dei Monocelididi (da una mitosi spermatozoidale).

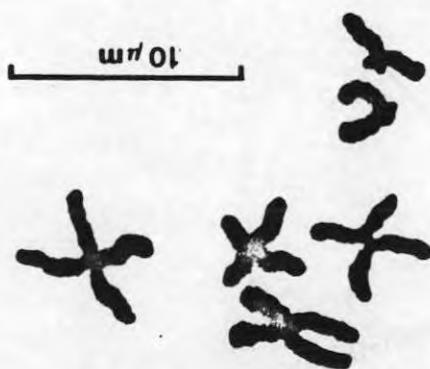


Fig. 1 - Corredo cromosomico di ba-

Una conoscenza approfondita della cardiologia dei tubercolosi si è raggiunta per i tricaldi di acqua dolce e maricoli e per i Pollicaldi, particolarmente ad opera di Benazzi e della sua scuola (cfr. Benazzi, 1982; Benazzi e Benazzi Lentati, 1976; Galleni e Puccinelli, 1985 in stampa), mentre scarsi e frammentari sono i dati relativi ad altri studi.

In questi ultimi anni è stata da noi intrapresa una indagine ca-
talogica e citoassonomica su varie famiglie del sottordine Prose-
tria, gruppo finora mai studiato sotto questo profilo e di indubbio
interesse per i suoi rapporti filogenetici, recentemente sottolineati
con i Tricaldi (cfr. Sopratt.-Ehlers, 1984). In particolare, la famiglia
Monocelididae, sulla quale è in corso un'estesa indagine citotassono-
mica, offre vari esempi di evoluzione cromosomica,
che vale la pena sottolineare (Gurni-Galletti et al., 1984 a, b; Gurni-
Galletti et al., 1985).

I Monocellidi vengono usualmente ripartiti in due sottosezioni: gliie, Minonimae e Monocelidiae, sulla base della presenza o assenza dello stiletto accessorio (Karliring, 1966, 1978). La famiglia nel complesso è cosmopolita in ambiente mesosopramicico con altre un centinaia di specie.

Noi abbiamo potuto esaminare una trentina di specie, tutte di ploidia, di entrambe le sottotamiglie e ripartite in 13 generi. Lo studio cariologico è stato condotto essenzialmente su mitosi spermatiche, per i dettagli tecnici vedi Curni-Gallietti et al. (1985).

Come primo risultato dell'amalisi cariologica dei Monoceliidi, si è potuto evidenziare un assetto aploide di base, $n = 3$, costituito da un grande cromosoma metacentrico (crom. I), un medio metacen- trico (crom. 2) e un piccolo metacentrico (crom. 3) (Fig.). I. Tale assetto è stato rimanevuto con caratteristiche pressoché co- stanti in tutte le specie da noi finora esaminate della sottofamiglia Mionidae e in numerose specie di Monocelidinae, ed è stato da noi assunto come carattere plesiomorfo per l'intera famiglia (Curni- Galliotti et al., 1985).

Oltre a questo assetto, sono stati riscontrati altri corredi che si distinguono da quelli di base per le seguenti caratteristiche:

I° - uguale numero cromosomico, $n = 3$, ma diversa morfolo-

CURINI GALLETTI M. - MARTENS R. - PUCCINELLI L.

della famiglia. Comparando le lunghezze relative, si rileva che in *Monocelis* il cromosoma 1 è più corto e il cromosoma 3 più lungo dei corrispondenti dell'assetto base, mentre il cromosoma 2 appare invariato. In base alle misurazioni si può verosimilmente ritenere che tale assetto sia insorto attraverso una traslocazione interessante i cromosomi 1 e 3 del corredo di base. Questa interpretazione è suffragata anche dai valori degli indici centromericci dei cromosomi per quanto riguarda le specie *M. lineata* e *M. fusca* (CURINI-GALLETTI *et al.*, 1985) (Fig. 2).

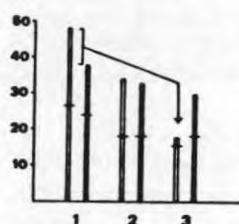


Fig. 2 - Modello di evoluzione dal cariotipo base (bianco) al cariotipo di *Monocelis lineata* (nero), tramite traslocazione 1-3.

In *M. longistyla*, i cui cromosomi presentano indici centromericci dissimili, sembrerebbe sia intervenuto un ulteriore meccanismo di evoluzione cromosomica, che ha interessato la posizione del centromero. Piccoli riarrangiamenti coinvolgenti il centromero sono assai frequenti anche in altri Monocelididi.

B - Aumento uniforme e armonico delle dimensioni assolute del genoma.

Questo particolare fenomeno è stato da noi riscontrato talvolta in specie congenere, anche con l'assetto cromosomico di base. A quest'ultimo proposito, citiamo l'esempio relativo al genere *Duploominona* (sottofam. Minoninae), due specie del quale, *D. paucispina* e *D. corsicana*, presentano lo stesso cariotipo, che è quello di base, ma differiscono largamente per le dimensioni assolute dei cromosomi (CURINI-GALLETTI *et al.*, 1985) (Tab. 1).

Tale evento è stato riscontrato anche in altri gruppi animali (Mc GREGOR, 1981) e non appare di facile interpretazione; nel nostro caso, si può notare che le due specie di *Duploominona* sono simpatiche nella baia di Calvi (Corsica), e la crescita del genoma potrebbe

TABELLA 1 - Dati cariometrici dell'assetto aploide delle due specie del genere *Duploominona* (da Curini-Galletti, Martens e Puccinelli, 1985).

		Crom. 1	Crom. 2	Crom. 3	Lunghezza assoluta genoma aploide (μm)
<i>Duploominona paucispina</i>	I.r.	44.35 ± 4.59	34.09 ± 2.60	21.54 ± 4.04	
	i.c.	47.19 ± 0.80	41.31 ± 3.35	10.78 ± 7.66	
	I.a. (μm)	3.82 ± 0.37	2.94 ± 0.34	1.85 ± 0.33	8.63 ± 0.91
<i>Duploominona corsicana</i>	I.r.	42.43 ± 0.66	37.39 ± 0.83	20.28 ± 1.42	
	i.c.	45.98 ± 1.63	46.63 ± 1.53	8.84 ± 4.84	
	I.a. (μm)	5.88 ± 0.91	5.19 ± 0.72	2.84 ± 0.53	13.93 ± 1.95

essere interpretata come un meccanismo tendente a sfasare, col rallentamento del ciclo mitotico, i cicli riproduttivi di specie che occuperebbero altrimenti la stessa nicchia ecologica.

C - Aumento del numero cromosomico ($n = 4$, $n = 5$) mediante fisione dei cromosomi metacentrici dell'assetto di base.

Corredi cromosomici con $n > 3$ sono stati riscontrati in diverse specie di Monocelididi dei generi *Promonotus*, *Monocelopsis*, *Archiloa*, *Archilopsis* e *Boreocelis*. Fra i vari esempi riportiamo per brevità quello, particolarmente evidente, del genere *Promonotus*, di cui è in corso l'analisi di tre specie: *P. schultzei* a $n = 3$, con l'assetto basico della famiglia; *P. ponticus* a $n = 4$, con un solo cromosoma metacentrico e tre eterobrachiali; *P. marci* a $n = 5$, con cromosomi tutti eterobrachiali (Fig. 3).

Comparando i dati cariometrici risulta che il corredo a $n = 4$ è insorto per la fisione del cromosoma 1 dell'assetto di base; la fisione di entrambi i metacentrici avrebbe dato origine al corredo a $n = 5$.

È da notare inoltre che i piccoli riarrangiamenti cromosomici della posizione del centromero possono talora accompagnarsi al meccanismo di fisione: il genere *Archilopsis* a $n = 5$ presenta specie con cromosomi tutti acrocentrici e altre con il cromosoma 2 submetacentrico per inversione pericentrica (MARTENS *et al.*, submitted).

BIBLIOGRAFIA

Fig. 3 - Idiogramma di: a, *Promonotus schultzei*; b, *P. ponticus*; c, *P. marci*.

