

UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI
DI PADOVA

UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI PADOVA

DIPARTIMENTO DI BIOLOGIA

SCUOLA DI DOTTORATO DI RICERCA IN
BIOLOGIA E MEDICINA DELLA RIGENERAZIONE
INDIRIZZO: ENDOCRINOLOGIA COMPARATA
CICLO XXII

ANALISI DELLA CONSERVAZIONE
DELLE SEQUENZE INTRONICHE NEI GENI
CODIFICANTI PER IL RECETTORE DEGLI
ESTROGENI FORMA ALFA
IN TELEOSTEI E MAMMIFERI

ALLEGATO

DIRETTORE DELLA SCUOLA: CH.MO PROF. PIER PAOLO PARNIGOTTO
COORDINATORE D'INDIRIZZO: CH.MO PROF. LORENZO COLOMBO
SUPERVISORE: CH.MO PROF. LORENZO COLOMBO

DOTTORANDA: ALESSANDRA DE NADAI

Tabella 27: la tabella rappresenta la lunghezza espressa in nucleotidi dell'introne I117 delle specie analizzate di teleostei.

SPECIE	LUNGHEZZA INTRONE I117 (nt)
<i>B. plebejus</i>	913
<i>C. genei</i>	266
<i>P. phoxinus</i>	730
<i>R. amarus</i>	458
<i>R. aula</i>	266
<i>R. rutilus</i>	266
<i>D. rerio</i>	1850
<i>T. rubripes</i>	404
<i>O. latipes</i>	334
<i>A. boyeri</i>	509
<i>P. americanus</i>	597
<i>G. aculeatus</i>	501
<i>P. maxima</i>	590
<i>S. porcus</i>	569
<i>S. aurata</i>	909

Tabella 28: la tabella rappresenta la lunghezza espressa in nucleotidi degli introni I191, I117, I336, I139, I134 e I184 delle specie analizzate di mammiferi.

INTRONE I191		INTRONE I117		INTRONE I336	
SPECIE	LUNGHEZZA INTRONE (nt)	SPECIE	LUNGHEZZA INTRONE (nt)	SPECIE	LUNGHEZZA INTRONE (nt)
<i>B. taurus</i>	32074	<i>B. taurus</i>	63879		
<i>C. familiaris</i>	29643	<i>C. familiaris</i>	47501	<i>C. familiaris</i>	78185
<i>H. sapiens</i>	37867	<i>H. sapiens</i>	63401	<i>H. sapiens</i>	67147
<i>M. mulatta</i>	34377	<i>M. mulatta</i>	60834	<i>M. mulatta</i>	68148
<i>M. domestica</i>	45013	<i>M. domestica</i>	56258	<i>M. domestica</i>	101141
<i>M. musculus</i>	37049	<i>M. musculus</i>	72884	<i>M. musculus</i>	82018
		<i>O. cuniculus</i>	7119	<i>O. cuniculus</i>	8275
INTRONE I139		INTRONE I134		INTRONE I184	
SPECIE	LUNGHEZZA INTRONE (nt)	SPECIE	LUNGHEZZA INTRONE (nt)	SPECIE	LUNGHEZZA INTRONE (nt)
<i>H. sapiens</i>	49196	<i>H. sapiens</i>	33260	<i>H. sapiens</i>	4163
<i>M. mulatta</i>	43291	<i>M. mulatta</i>	33255		
<i>M. domestica</i>	39189	<i>M. domestica</i>	43414	<i>M. domestica</i>	5135
<i>M. musculus</i>	29808	<i>M. musculus</i>	28537	<i>M. musculus</i>	3175
<i>C. familiaris</i>	38786	<i>E. telfairi</i>	6144	<i>O. princeps</i>	3699

Tabella 29: specie di mammiferi analizzate; si riporta il numero di esoni e introni del trascritto considerato, la lunghezza (in nucleotidi) e il rapporto in percentuale tra il numero totale di nucleotidi (nt) nelle sequenze esoniche.

SPECIE	n° ESONI	LUNGHEZZA ESONI (nt)	n° INTRONI	LUNGHEZZA INTRONI (nt)	RAPPORTO LUNGHEZZE ESONI / INTRONI
<i>H. sapiens</i>	8	6455	7	289266	2,23%
<i>M. musculus</i>	10	6339	9	387287	1,64%
<i>O. cuniculus</i>	8	1797	7	185816	0,97%
<i>M. mulatta</i>	8	2033	7	277213	0,73%
<i>C. familiaris</i>	8	1497	7	278322	0,54%
<i>O. princeps</i>	8	1788	7	298683	0,60%
<i>E. telfairi</i>	14	1548	13	367241	0,42%
<i>B. taurus</i>	9	1098	8	136831	0,80%
<i>M. domestica</i>	8	1770	7	322603	0,55%

Tabella 30: elenco delle specie di teleostei analizzate, per le quali è stato riportato il numero di esoni e introni del trascritto considerato, la lunghezza (in nucleotidi) e il rapporto in percentuale tra il numero totale di nucleotidi (NT) nelle sequenze esoniche rispetto al totale di nucleotidi nelle sequenze introniche.

SPECIE	n. ESONI	LUNGHEZZA ESONI (nt)	n. INTRONI	LUNGHEZZA INTRONI (nt)	RAPPORTO NT ESONI/ NT INTRONI
<i>D. rerio</i>	9	3442	8	20171	17%
<i>G. aculeatus</i>	11	2202	10	11643	18.9%
<i>O. latipes</i>	11	1890	10	5370	35.2%
<i>T. rubripes</i>	10	1662	9	5971	27.8%

Tabella 31: contenuto in GC, espresso in percentuale, delle sequenze I91, E191, I117, E117, I336, E336 delle specie di mammiferi analizzate.

SPECIE	I191	E191	I117	E117	I336	E336
<i>B. taurus</i>	38,7%	51,0%	40,2%	52,1%		
<i>C. familiaris</i>	38,0%	50,3%	36,7%	49,6%	36,6%	52,4%
<i>E. telfairi</i>						
<i>H. sapiens</i>	38,9%	49,2%	37,7%	50,4%	38,3%	55,4%
<i>M. mulatta</i>	38,9%	49,7%	36,4%	52,1%	38,5%	55,7%
<i>M. domestica</i>	51,1%	51,8%	34,2%	49,6%	35,2%	47,0%
<i>M. musculus</i>	20,3%	50,3%	39,9%	52,1%	40,8%	50,0%
<i>O. princeps</i>						
<i>O. cuniculus</i>			39,3%	48,7%	35,9%	53,9%

Tabella 32: contenuto in GC, espresso in percentuale, delle sequenze I139, E139, I134, E134, I184, E184 delle specie di mammiferi analizzate.

SPECIE	I139	E139	I134	E134	I184	E184
<i>B. taurus</i>						
<i>C. familiaris</i>	38,5%	50,4%				
<i>E. telfairi</i>			50,6%	50,7%		
<i>H. sapiens</i>	39,5%	52,5%	41,4%	46,3%	45,1%	57,1%
<i>M. mulatta</i>	39,2%	50,4%	40,7%	45,5%		
<i>M. domestica</i>	35,0%	44,6%	35,4%	44,8%	36,0%	46,7%
<i>M. musculus</i>	39,9%	55,4%	41,0%	46,3%	42,7%	53,8%
<i>O. princeps</i>					43,8%	54,8%
<i>O. cuniculus</i>						

Tabella 33: elenco contenuto in GC, espresso in percentuale, delle sequenze esoniche ed introni che delle specie di teleostei analizzate.

SPECIE	I117	E117	SPECIE	E117
<i>A. boyeri</i>	34,2%		<i>H. hippoglossus</i>	53,0%
<i>B. plebejus</i>	30,7%		<i>M. salmoides</i>	47,0%
<i>C. genei</i>	37,2%		<i>A. schlegelii</i>	48,7%
<i>D. rerio</i>	34,2%	47,9%	<i>A. flavimanus</i>	49,6%
<i>P. americanus</i>	36,9%		<i>T. nilotica</i>	50,4%
<i>G. aculeatus</i>	38,1%	47,9%	<i>F. heteroclitus</i>	47,0%
<i>O. latipes</i>	41,9%	48,7%	<i>O. bonariensis</i>	46,2%
<i>P. phoxinus</i>	43,8%		<i>O. masou</i>	52,1%
<i>P. maxima</i>	37,8%		<i>C. barbata</i>	47,9%
<i>R. amarus</i>	34,5%		<i>P. promelas</i>	47,0%
<i>R. aula</i>	36,1%		<i>V. barbatulus</i>	48,7%
<i>R. rutilus</i>	36,5%	47,9%	<i>S. denticulatus</i>	48,7%
<i>S. porcus</i>	34,3%		<i>C. auratus</i>	47,9%
<i>S. aurata</i>	40,4%	48,7%	<i>M. undulatus</i>	48,7%
<i>T. rubripes</i>	41,3%	54,7%		

Tabella 34: confronto del contenuto medio in GC, espresso in percentuale, delle sequenze esoniche ed introniche delle specie di mammiferi e teleostei analizzate.

	CONTENUTO IN GC MEDIO INTRONI	CONTENUTO IN GC MEDIO ESONI
<i>Mammiferi</i>	38,9%	50,5%
<i>Teleostei</i>	37,2%	48,9%

Tabella 35: localizzazione del sito di ramificazione all'interno delle sequenze introniche dei mammiferi, espressa come distanza calcolata in nucleotidi a partire dal 3'- terminale. Nel caso in cui il sito non fosse presente, viene indicato come N.P.

SPECIE	I191	I117	I336	I139	I134	I184
<i>B. taurus</i>	16707	33925-8645	N.P.			
<i>C. familiaris</i>	16013	17396	59767	22873-718		
<i>E. telfairi</i>					N.P.	
<i>H. sapiens</i>	34786- 22634	54490-43871-41484- 32045-4796	54059-17645	26207-24979	N.P.	N.P.
<i>M. mulatta</i>	20849	51921-42956-26412- 4352	12510	26639	27747- 26396	
<i>M. domestica</i>	12588- 9233	46865-41971-21310	87680- 79084-54087	23436	21475	N.P.
<i>M. musculus</i>	N.P.	16363-16259-11416	26369-26321	N.P.	N.P.	N.P.
<i>O. princeps</i>						N.P.
<i>O. cuniculus</i>		N.P.	N.P.			

Tabella 36: analisi delle sequenze conservate non codificanti (CNS) compiute sull'introne I191 nelle specie di mammiferi analizzate. Nello schema riportato le singole colonne rappresentano l'organismo di riferimento dell'allineamento *pair-wise*, l'organismo allineato, la lunghezza media delle stringhe conservate espresse in nucleotidi, la percentuale media d'identità di sequenza, il numero delle sequenze conservate non codificanti, il numero di nucleotidi totali di tali sequenze e il rapporto espresso in percentuale tra i nucleotidi delle CNS e la lunghezza complessiva dell'introne dell'organismo di riferimento, infine lo stesso rapporto calcolato per l'organismo allineato. I rapporti delle ultime due colonne non stati riportati per gli allineamenti effettuati tra *H. sapiens* e *M. mulatta* in quanto, a causa dell'elevata conservazione, il numero di nucleotidi non conservati è talmente inferiore rispetto agli altri valori che i rapporti restituirebbero un valore numerico del tutto scostato dalla realtà. Per questo al posto del valore numerico del rapporto è stato rappresentato un asterisco.

INTRONE I191							
ORGANISMO BASE	ORGANISMO ALLINEATO	LUNGH. MEDIA CNS	% IDENTITÀ MEDIA	n° CNS	NT TOTALI CNS	NT TOTALI CNS/NT INTRONE ORG. BASE	NT TOTALI CNS/NT INTRONE ORG. ALLINEATO
B. taurus	<i>H. sapiens</i>	260,3	73,5%	72	18742	58,4%	49,5%
	<i>M. mulatta</i>	262,7	73,5%	62	16288	50,8%	47,4%
	<i>M. domestica</i>	258,3	73,4%	4	1033	3,2%	2,3%
	<i>M. musculus</i>	221,4	72,5%	23	5092	15,9%	13,7%
	<i>C. familiaris</i>	290,5	74,0%	51	14817	46,2%	50,0%
C. familiaris	<i>B. taurus</i>	291,9	74,0%	51	14889	50,2%	46,4%
	<i>H. sapiens</i>	290,2	74,3%	61	17700	59,7%	46,7%
	<i>M. mulatta</i>	278,0	74,1%	60	16682	56,3%	48,5%
	<i>M. domestica</i>	202,6	72,0%	7	1418	4,8%	3,2%
	<i>M. musculus</i>	194,8	73,2%	16	3117	10,5%	8,4%
H. sapiens	<i>B. taurus</i>	261,6	73,3%	72	18838	49,7%	58,7%
	<i>M. mulatta</i>	1668,7	88,6%	22	36711	*	*
	<i>M. domestica</i>	238,8	73,2%	6	1433	3,8%	3,2%
	<i>M. musculus</i>	188,6	72,0%	41	7334	19,4%	19,8%
	<i>C. familiaris</i>	291,6	74,3%	60	17495	46,2%	59,0%
M. mulatta	<i>B. taurus</i>	263,4	73,4%	62	16333	47,5%	50,9%
	<i>H. sapiens</i>	1672,1	88,6%	22	36787	*	*
	<i>M. domestica</i>	237,0	72,9%	6	1422	4,1%	3,2%
	<i>M. musculus</i>	184,1	71,8%	35	6444	18,7%	17,4%
	<i>C. familiaris</i>	277,9	74,0%	60	16671	48,5%	56,2%
M. domestica	<i>B. taurus</i>	261,5	73,2%	4	1046	2,3%	3,3%
	<i>H. sapiens</i>	240,0	73,2%	6	1440	3,2%	3,8%
	<i>M. mulatta</i>	235,8	73,3%	6	1415	3,1%	4,1%
	<i>M. musculus</i>	130,5	73,7%	4	522	1,2%	1,4%
	<i>C. familiaris</i>	202,0	72,0%	7	1414	3,1%	0,7%
M. musculus	<i>B. taurus</i>	221,0	72,5%	23	5082	13,7%	15,8%
	<i>H. sapiens</i>	188,1	72,1%	41	7713	20,8%	20,4%
	<i>M. mulatta</i>	182,7	71,8%	35	63,93	0,2%	0,2%
	<i>M. domestica</i>	128,0	73,8%	4	512	1,4%	1,1%
	<i>C. familiaris</i>	192,9	73,4%	16	3086	8,3%	10,4%

Tabella 37: analisi delle CNS (sequenze conservate non codificanti) dell'I117 nei mammiferi. Sono riportati: gli organismi dell'allineamento *pair-wise*, la lunghezza media delle CNS (in nucleotidi), la percentuale media di identità di sequenza, il numero delle CNS, il numero dei nucleotidi totali (NT) delle CNS e il rapporto in percentuale tra quest'ultimo valore rispetto alla lunghezza complessiva dell'introne dell'organismo base e infine dell'organismo allineato. Tali rapporti non sono stati riportati per le CNS restituite dagli allineamenti tra *H. sapiens* e *M. mulatta* (identificati dall'asterisco) in quanto, a causa dell'elevata conservazione riscontrata, il numero di nucleotidi al di fuori delle CNS risulta talmente basso che i rapporti darebbero un valore numerico del tutto scostato dalla realtà.

INTRONE I117							
ORGANISMO BASE	ORGANISMO ALLINEATO	LUNGH. MEDIA CNS	% IDENTITÀ MEDIA	N° CNS	NT TOTALI CNS	NT TOTALI CNS/NT INTRONE ORG. BASE	NT TOTALI CNS/NT INTRONE ORG. ALLINEATO
<i>B. taurus</i>	<i>H. sapiens</i>	285,2	73,0%	72	20534	32,1%	32,3%
	<i>M. mulatta</i>	269,3	73,0%	75	20197	31,6%	33,2%
	<i>M. domestica</i>	262,0	76,7%	6	1654	2,6%	2,9%
	<i>M. musculus</i>	564,0	80,0%	12	2460	3,8%	3,3%
	<i>O. cuniculus</i>	169,3	70,8%	5	677	1,0%	9,5%
	<i>C. familiaris</i>	361,5	74,2%	64	23134	36,2%	48,7%
<i>C. familiaris</i>	<i>H. sapiens</i>	328,4	73,2%	95	31196	65,6%	49,2%
	<i>M. mulatta</i>	325,7	72,9%	93	29965	63,1%	49,2%
	<i>M. domestica</i>	257,1	73,5%	12	3085	6,5%	5,5%
	<i>M. musculus</i>	197,3	72,1%	36	7104	14,9%	9,7%
	<i>O. cuniculus</i>	235,0	71,4%	3	705	1,5%	9,9%
	<i>B. taurus</i>	361,0	74,3%	64	23101	48,6%	36,1%
<i>H. sapiens</i>	<i>C. familiaris</i>	328,4	73,3%	95	31202	49,2%	65,7%
	<i>M. mulatta</i>	2370,9	87,0%	26	61643	/	/
	<i>M. domestica</i>	188,0	72,7%	18	3384	5,3%	6,0%
	<i>M. musculus</i>	181,6	71,3%	64	11624	18,3%	15,9%
	<i>O. cuniculus</i>	187,5	73,1%	6	1125	1,8%	15,8%
	<i>B. taurus</i>	284,6	73,1%	72	20474	32,3%	32,0%
<i>M. mulatta</i>	<i>C. familiaris</i>	2364,5	87,1%	26	30020	49,3%	63,2%
	<i>H. sapiens</i>	326,3	72,8%	92	61478	/	/
	<i>M. domestica</i>	203,9	73,5%	14	2850	4,7%	5,0%
	<i>M. musculus</i>	178,7	71,8%	46	8220	13,5%	11,3%
	<i>O. cuniculus</i>	229,3	75,0%	4	917	1,5%	12,9%
	<i>B. taurus</i>	270,2	73,0%	75	20263	33,3%	31,7%
<i>M. domestica</i>	<i>C. familiaris</i>	254,4	73,7%	12	3053	5,4%	6,4%
	<i>H. sapiens</i>	185,4	72,7%	18	3338	5,9%	5,2%
	<i>M. mulatta</i>	202,7	73,5%	14	2838	5,0%	4,6%
	<i>M. musculus</i>	189,6	72,4%	11	2086	3,7%	2,8%
	<i>O. cuniculus</i>		0,0%				
	<i>B. taurus</i>	271,7	77,1%	6	1630	0,3%	2,5% ^{as}

Tabella 37: analisi delle CNS (sequenze conservate non codificanti) dell'I117 nei mammiferi. Sono riportati: gli organismi dell'allineamento *pair-wise*, la lunghezza media delle CNS (in nucleotidi), la percentuale media di identità di sequenza, il numero delle CNS, il numero dei nucleotidi totali (NT) delle CNS e il rapporto in percentuale tra quest'ultimo valore rispetto alla lunghezza complessiva dell'introne dell'organismo base e infine dell'organismo allineato. Tali rapporti non sono stati riportati per le CNS restituite dagli allineamenti tra *H. sapiens* e *M. mulatta* (identificati dall'asterisco) in quanto, a causa dell'elevata conservazione riscontrata, il numero di nucleotidi al di fuori delle CNS risulta talmente basso che i rapporti darebbero un valore numerico del tutto scostato dalla realtà.

INTRONE I117							
ORGANISMO BASE	ORGANISMO ALLINEATO	LUNGH. MEDIA CNS	% IDENTITÀ MEDIA	N° CNS	NT TOTALI CNS	NT TOTALI CNS/NT INTRONE ORG. BASE	NT TOTALI CNS/NT INTRONE ORG. ALLINEATO
<i>M. musculus</i>	<i>C. familiaris</i>	197,1	72,0%	36	7094	9,7%	14,9%
	<i>H. sapiens</i>	181,6	71,3%	64	11625	15,9%	18,3%
	<i>M. mulatta</i>	178,2	71,8%	46	8199	11,2%	13,4%
	<i>M. domestica</i>	189,7	72,4%	11	2087	2,8%	3,7%
	<i>O. cuniculus</i>		0,0%				
	<i>B. taurus</i>	200,8	73,6%	12	2410	3,3%	3,7%
<i>O. cuniculus</i>	<i>C. familiaris</i>	234,0	71,4%	3	702	9,8%	1,4%
	<i>H. sapiens</i>	190,3	73,0%	6	1142	16,0%	1,8%
	<i>M. mulatta</i>	231,5	75,1%	4	926	13,0%	1,5%
	<i>M. domestica</i>		0,0%				
	<i>M. musculus</i>		0,0%				
	<i>B. taurus</i>	167,0	70,7%	4	668	9,4%	1,0%

Tabella 38: analisi delle CNS (sequenze conservate non codificanti) dell'I117 nei mammiferi. Sono riportati: gli organismi dell'allineamento *pair-wise*, la lunghezza media delle CNS (in nucleotidi), la percentuale media di identità di sequenza, il numero delle CNS, il numero dei nucleotidi totali (NT) delle CNS e il rapporto in percentuale tra quest'ultimo valore rispetto alla lunghezza complessiva (in nucleotidi) dell'introne dell'organismo base e infine dell'organismo allineato. Tali rapporti non sono stati riportati per le CNS restituite dagli allineamenti tra *H. sapiens* e *M. mulatta* (identificati dall'asterisco) in quanto, a causa dell'elevata conservazione riscontrata, il numero di nucleotidi al di fuori delle CNS risulta talmente basso che i rapporti darebbero un valore numerico del tutto scostato dalla realtà.

INTRONE I336							
ORGANISMO BASE	ORGANISMO ALLINEATO	LUNGH. MEDIA CNS	% IDENTITÀ MEDIA	N° CNS	NT TOTALI CNS	NT TOTALI CNS/NT INTRONE ORG. BASE	NT TOTALI CNS/NT INTRONE ORG. ALLINEATO
<i>C. familiaris</i>	<i>H. sapiens</i>	281,2	73,1%	153	43019	55,0%	64,1%
	<i>M. mulatta</i>	286,5	73,0%	145	41549	53,1%	61,0%
	<i>M. domestica</i>	203,2	73,3%	12	2438	3,1%	2,4%
	<i>M. musculus</i>	185,4	71,5%	34	6305	8,1%	7,7%
	<i>O. cuniculus</i>	189,0	73,5%	15	2835	3,6%	34,3%
<i>H. sapiens</i>	<i>C. familiaris</i>	282,4	73,0%	153	43207	64,3%	55,3%
	<i>M. mulatta</i>	3196,1	86,4%	21	67139	*	*
	<i>M. domestica</i>	232,7	72,5%	12	2792	4,2%	2,8%
	<i>M. musculus</i>	203,3	71,5%	40	8131	12,1%	9,9%
	<i>O. cuniculus</i>	328,6	72,7%	16	5257	7,8%	63,5%
<i>M. mulatta</i>	<i>C. familiaris</i>	288,8	72,8%	144	41587	61,0%	53,2%
	<i>H. sapiens</i>	3191,4	86,5%	21	67020	*	*
	<i>M. domestica</i>	218,8	72,1%	9	1969	2,9%	1,9%
	<i>M. musculus</i>	179,6	71,3%	44	7902	11,6%	9,6%
	<i>O. cuniculus</i>	313,4	72,3%	17	5327	7,8%	64,4%
<i>M. domestica</i>	<i>C. familiaris</i>	202,3	73,5%	12	2428	2,4%	3,1%
	<i>H. sapiens</i>	232,9	72,5%	12	2795	2,8%	4,2%
	<i>M. mulatta</i>	218,2	72,2%	12	1964	1,9%	2,9%
	<i>M. musculus</i>	135,2	72,1%	9	1217	1,2%	1,5%
	<i>O. cuniculus</i>	164,3	70,9%	3	493	0,5%	6,0%
<i>M. musculus</i>	<i>C. familiaris</i>	184,5	71,5%	34	6274	7,6%	8,0%
	<i>H. sapiens</i>	200,4	71,5%	41	8216	10,0%	12,2%
	<i>M. mulatta</i>	179,4	71,4%	44	7894	9,6%	11,6%
	<i>M. domestica</i>	135,3	72,2%	9	1218	1,5%	1,2%
	<i>O. cuniculus</i>	168,3	70,5%	4	673	0,8%	8,1%
<i>O. cuniculus</i>	<i>C. familiaris</i>	187,2	73,5%	15	2808	33,9%	3,6%
	<i>H. sapiens</i>	330,5	72,6%	16	5288	63,9%	7,9%
	<i>M. mulatta</i>	313,9	72,2%	17	5337	64,5%	7,8%
	<i>M. domestica</i>	166,0	71,0%	3	498	6,0%	0,5%
	<i>M. musculus</i>	166,5	70,6%	4	666	8,0%	0,8%

Tabella 39: analisi delle CNS (sequenze conservate non codificanti) dell'I139 nei mammiferi. Sono riportati: gli organismi dell'allineamento *pair-wise*, la lunghezza media delle CNS (in nucleotidi), la percentuale media di identità di sequenza, il numero delle CNS, il numero dei nucleotidi totali (NT) delle CNS e il rapporto in percentuale tra quest'ultimo valore rispetto alla lunghezza complessiva (in nucleotidi) dell'introne dell'organismo base e infine dell'organismo allineato. Tali rapporti non sono stati riportati per le CNS restituite dagli allineamenti tra *H. sapiens* e *M. mulatta* (identificati dall'asterisco) in quanto, a causa dell'elevata conservazione riscontrata, il numero di nucleotidi al di fuori delle CNS risulta talmente basso che i rapporti darebbero un valore numerico del tutto scostato dalla realtà.

INTRONE I139							
ORGANISMO BASE	ORGANISMO ALLINEATO	LUNGH. MEDIA CNS	% IDENTITÀ MEDIA	N° CNS	NT TOTALI CNS	NT TOTALI CNS/NT INTRONE ORG. BASE	NT TOTALI CNS/NT INTRONE ORG. ALLINEATO
<i>C. familiaris</i>	<i>H. sapiens</i>	281,1	73,4%	82	23049	59,4%	46,9%
	<i>M. mulatta</i>	262,9	73,1%	86	22606	58,3%	52,2%
	<i>M. domestica</i>	220,0	74,7%	7	1540	4,0%	3,9%
	<i>M. musculus</i>	265,8	72,6%	13	3456	8,9%	11,6%
<i>H. sapiens</i>	<i>C. familiaris</i>	279,8	73,4%	82	22945	46,6%	59,2%
	<i>M. mulatta</i>	2571,6	87,1%	17	43549	*	*
	<i>M. domestica</i>	280,1	74,0%	7	1961	4,0%	5,0%
	<i>M. musculus</i>	214,7	74,0%	19	4079	8,3%	13,7%
<i>M. mulatta</i>	<i>C. familiaris</i>	265,3	72,9%	85	22548	52,1%	58,1%
	<i>H. sapiens</i>	2556,8	86,9%	17	43466	*	*
	<i>M. domestica</i>	251,4	73,7%	8	2011	4,6%	5,1%
	<i>M. musculus</i>	195,4	72,5%	23	4495	10,4%	15,1%
<i>M. domestica</i>	<i>C. familiaris</i>	220,1	74,7%	7	1541	3,9%	4,0%
	<i>H. sapiens</i>	279,6	74,0%	7	1957	5,0%	4,0%
	<i>M. mulatta</i>	251,4	73,7%	8	2011	5,1%	4,6%
	<i>M. musculus</i>	236,2	73,7%	5	1181	3,0%	4,0%
<i>M. musculus</i>	<i>C. familiaris</i>	267,0	72,6%	13	3471	11,6%	8,9%
	<i>H. sapiens</i>	209,8	72,9%	20	4195	14,1%	8,5%
	<i>M. mulatta</i>	193,9	72,6%	23	4460	15,0%	10,3%
	<i>M. domestica</i>	233,4	84,2%	5	1167	3,9%	3,0%

Tabella 40: analisi delle CNS (sequenze conservate non codificanti) dell'I134 nei mammiferi. Sono riportati: gli organismi dell'allineamento *pair-wise*, la lunghezza media delle CNS (in nucleotidi), la percentuale media di identità di sequenza, il numero delle CNS, il numero dei nucleotidi totali (NT) delle CNS e il rapporto in percentuale tra quest'ultimo valore rispetto alla lunghezza complessiva (in nucleotidi) dell'introne dell'organismo base e infine dell'organismo allineato. Tali rapporti non sono stati riportati per le CNS restituite dagli allineamenti tra *H. sapiens* e *M. mulatta* (identificati dall'asterisco) in quanto, a causa dell'elevata conservazione riscontrata, il numero di nucleotidi al di fuori delle CNS risulta talmente basso che i rapporti darebbero un valore numerico del tutto scostato dalla realtà.

INTRONE I134							
ORGANISMO BASE	ORGANISMO ALLINEATO	LUNGH. MEDIA CNS	% IDENTITÀ MEDIA	N° CNS	NT TOTALI CNS	NT TOTALI CNS/NT INTRONE ORG. BASE	NT TOTALI CNS/NT INTRONE ORG. ALLINEATO
<i>E. telfairi</i>	<i>H. sapiens</i>	269,5	72,0%	2	539	8,8%	1,6%
	<i>M. mulatta</i>	326,0	72,2%	2	652	10,6%	2,0%
	<i>M. domestica</i>	155,3	70,7%	3	466	7,6%	1,1%
	<i>M. musculus</i>	257,0	72,4%	1	257	4,2%	0,9%
<i>H. sapiens</i>	<i>E. telfairi</i>	252,5	73,4%	2	505	1,5%	8,2%
	<i>M. mulatta</i>	10967,0	92,6%	3	32901	/	/
	<i>M. domestica</i>	192,5	74,4%	6	1155	3,5%	2,7%
	<i>M. musculus</i>	189,6	71,4%	19	3602	10,8%	12,6%
<i>M. mulatta</i>	<i>H. sapiens</i>	10968,0	91,9%	3	32904	/	/
	<i>E. telfairi</i>	305,5	72,8%	2	611	1,8%	9,9%
	<i>M. domestica</i>	195,5	73,9%	6	1173	3,5%	2,7%
	<i>M. musculus</i>	168,7	71,6%	24	4288	12,9%	15,0%
<i>M. domestica</i>	<i>E. telfairi</i>	155,3	70,7%	4	466	1,1%	7,6%
	<i>H. sapiens</i>	188,3	74,9%	6	1130	2,6%	3,4%
	<i>M. mulatta</i>	196,0	74,0%	6	1176	2,7%	3,5%
	<i>M. musculus</i>	197,7	73,7%	3	593	1,4%	2,1%
<i>M. musculus</i>	<i>E. telfairi</i>	257,0	72,4%	1	257	0,9%	4,2%
	<i>H. sapiens</i>	190,4	71,7%	19	3618	12,7%	10,9%
	<i>M. mulatta</i>	177,2	71,7%	24	4252	0,1%	0,1%
	<i>M. domestica</i>	200,0	73,6%	3	600	2,1%	1,4%

Tabella 41: analisi delle CNS (sequenze conservate non codificanti) dell'I184 nei mammiferi. Sono riportati: gli organismi dell'allineamento *pair-wise*, la lunghezza media delle CNS (in nucleotidi), la percentuale media di identità di sequenza, il numero delle CNS, il numero dei nucleotidi totali (NT) delle CNS e il rapporto in percentuale tra quest'ultimo valore rispetto alla lunghezza complessiva (in nucleotidi) dell'introne dell'organismo base e infine dell'organismo allineato.

INTRONE I184							
ORGANISMO BASE	ORGANISMO ALLINEATO	LUNGH. MEDIA CNS	% IDENTITÀ MEDIA	N° CNS	NT TOTALI CNS	NT TOTALI CNS/NT INTRONE ORG. BASE	NT TOTALI CNS/NT INTRONE ORG. ALLINEATO
<i>H. sapiens</i>	<i>M. musculus</i>	155,0	69,0%	1	155	3,7%	4,9%
	<i>O. princeps</i>	169,8	70,5%	4	679	16,3%	18,4%
<i>M. musculus</i>	<i>H. sapiens</i>	155,0	69,0%	1	155	4,9%	3,7%
	<i>O. princeps</i>		0,0%				
<i>O. princeps</i>	<i>H. sapiens</i>	169,8	70,5%	4	679	18,4%	16,3%
	<i>M. musculus</i>		0,0%				

Tabella 42: analisi delle CNS (sequenze conservate non codificanti) dell'I117 nei teleostei Cyprinidae. Sono riportati: gli organismi dell'allineamento *pair-wise*, la percentuale media di identità di sequenza, la lunghezza media delle CNS (in nucleotidi), il numero delle CNS, il numero dei nucleotidi totali (NT) delle CNS e il rapporto in percentuale tra quest'ultimo valore rispetto alla lunghezza complessiva dell'introne dell'organismo base e infine dell'organismo allineato.

INTRONE I117						
ORGANISMO BASE	ORGANISMO ALLINEATO	% IDENTITÀ MEDIA	LUNGHEZZA CNS	N° CNS	NT TOTALI CNS/NT INTRONE ORG. BASE	NT TOTALI CNS/NT INTRONE ORG. ALLINEATO
B. plebejus	<i>C. genei</i>	0,0%				
	<i>P. phoxinus</i>	0,0%				
	<i>R. amarus</i>	73,0%	163	1	17,9%	35,6%
	<i>R. aula</i>	0,0%				
	<i>R. rutilus</i>	0,0%				
	<i>D. rerio</i>	69,6%	115	1	12,6%	6,2%
C. genei	<i>B. plebejus</i>	0,0%				
	<i>P. phoxinus</i>	93,9%	165	1	62,0%	22,6%
	<i>R. amarus</i>	0,0%				
	<i>R. aula</i>	97,4%	266	1	100,0%	100,0%
	<i>R. rutilus</i>	97,7%	266	1	100,0%	100,0%
	<i>D. rerio</i>	0,0%				
P. phoxinus	<i>B. plebejus</i>	0,0%				
	<i>C. genei</i>	91,2%	232	2	31,8%	87,2%
	<i>R. amarus</i>	0,0%				
	<i>R. aula</i>	92,2%	253	2	34,7%	95,1%
	<i>R. rutilus</i>	92,8%	253	2	34,7%	95,1%
	<i>D. rerio</i>	0,0%				
R. amarus	<i>B. plebejus</i>	0,0%				
	<i>C. genei</i>	0,0%				
	<i>P. phoxinus</i>	0,0%				
	<i>R. aula</i>	70,0%	100	1	21,8%	37,6%
	<i>R. rutilus</i>	70,0%	100	1	21,8%	37,6%
	<i>D. rerio</i>	0,0%	0	1	0,0%	0,0%
R. aula	<i>B. plebejus</i>	0,0%				
	<i>C. genei</i>	97,4%	266	1	100,0%	100,0%
	<i>P. phoxinus</i>	94,5%	165	1	62,0%	22,6%
	<i>R. amarus</i>	70,0%	100	1	37,6%	21,8%
	<i>R. rutilus</i>	99,6%	266	1	100,0%	100,0%
	<i>D. rerio</i>	0,0%	0	1		
R. rutilus	<i>B. plebejus</i>	0,0%				
	<i>C. genei</i>	95,8%	165	1	62,0%	62,0%
	<i>P. phoxinus</i>	70,0%	100	1	37,6%	13,7%
	<i>R. amarus</i>	99,6%	266	1	100,0%	58,1%
	<i>R. aula</i>	97,7%	266	1	100,0%	100,0%
	<i>D. rerio</i>	0,0%	0	1	0,0%	0,0%
D. rerio	<i>B. plebejus</i>	69,6%	115	1	6,2%	12,6%
	<i>C. genei</i>	0,0%				
	<i>P. phoxinus</i>	0,0%				
	<i>R. amarus</i>	0,0%				
	<i>R. aula</i>	0,0%				
	<i>R. rutilus</i>	0,0%				

Tabella 43: analisi delle CNS (sequenze conservate non codificanti) dell'I117 nei teleostei Percomorpha. Sono riportati: gli organismi dell'allineamento *pair-wise*, la percentuale media di identità di sequenza, la lunghezza media delle CNS (in nucleotidi), il numero delle CNS, il numero dei nucleotidi totali (NT) delle CNS e il rapporto in percentuale tra quest'ultimo valore rispetto alla lunghezza complessiva dell'introne dell'organismo base e infine dell'organismo allineato.

INTRONE I117						
ORGANISMO BASE	ORGANISMO ALLINEATO	% IDENTITÀ MEDIA	LUNGHEZZA CNS	N° CNS	NT TOTALI CNS/NT INTRONE ORG. BASE	NT TOTALI CNS/NT INTRONE ORG. ALLINEATO
A. boyeri	<i>P. americanus</i>	73,8%	206	1	40,5%	34,5%
	<i>G. aculeatus</i>	75,1%	237	1	46,6%	47,3%
	<i>P. maxima</i>	0,0%				
	<i>S. porcus</i>	73,0%	241	1	47,3%	42,4%
	<i>S. aurata</i>	71,7%	138	1	27,1%	15,2%
P. americanus	<i>A. boyeri</i>	73,1%	208	1	34,8%	40,9%
	<i>G. aculeatus</i>	82,5%	286	1	47,9%	57,1%
	<i>P. maxima</i>	73,4%	271	1	45,4%	45,9%
	<i>S. porcus</i>	77,9%	430	1	72,0%	75,6%
	<i>S. aurata</i>	74,6%	340	2	57,0%	37,4%
G. aculeatus	<i>A. boyeri</i>	74,8%	242	1	48,3%	47,5%
	<i>P. americanus</i>	82,5%	286	1	57,1%	47,9%
	<i>P. maxima</i>	75,5%	269	1	53,7%	45,6%
	<i>S. porcus</i>	78,9%	336	1	67,1%	59,1%
	<i>S. aurata</i>	75,9%	203	1	40,5%	22,3%
P. maxima	<i>A. boyeri</i>	0,0%				
	<i>P. americanus</i>	73,4%	271	1	45,9%	45,4%
	<i>G. aculeatus</i>	75,5%	269	1	45,6%	53,7%
	<i>S. porcus</i>	73,3%	303	1	51,4%	53,3%
	<i>S. aurata</i>	70,3%	128	1	21,7%	14,1%
S. porcus	<i>A. boyeri</i>	73,0%	241	1	42,4%	47,3%
	<i>P. americanus</i>	76,5%	436	2	76,6%	73,0%
	<i>G. aculeatus</i>	78,9%	336	1	59,1%	67,1%
	<i>P. maxima</i>	73,3%	303	1	53,3%	51,4%
	<i>S. aurata</i>	75,3%	231	1	40,6%	25,4%
S. aurata	<i>A. boyeri</i>	71,7%	138	1	15,2%	27,1%
	<i>P. americanus</i>	73,7%	359	1	39,5%	60,1%
	<i>G. aculeatus</i>	75,9%	203	1	22,3%	40,5%
	<i>P. maxima</i>	70,3%	128	1	14,1%	21,7%
	<i>S. aurata</i>	75,3%	231	1	25,4%	40,6%

Tabella 44: lunghezze dei frammenti restituiti dal programma DotPlot 1.0 dell'introne I117 tra le specie indicate in tabella.

<i>H. sapiens</i> <i>M. mulatta</i>	<i>H. sapiens</i> <i>M. domestica</i>	<i>H. sapiens</i> <i>M. musculus</i>	<i>H. sapiens</i> <i>O. cuniculus</i>	<i>M. mulatta</i> <i>M. domestica</i>
189	50	34	22	48
157	42	32	19	28
141	39	29	19	25
123	25	25	17	21
119	25	23	17	20
114	24	23	17	20
112	23	23	16	19
102	22	23	16	19
102	21	23	16	19
102	19	23	15	19
97	19	23	15	19
94	19	23	15	19
90	19	23	15	19
86	19	23	15	19
85	19	23	14	19
85	19	23	14	19
84	19	23	14	19
83	18	23	14	19
82	18	23	14	19
82	18	23	13	19
81	18	23	13	19
81	17	23	13	19
80	17	23	13	19
79	17	23	13	18
79	17	23	13	18
79	16	23	13	18
78	16	23	13	18
78	16	23	13	17
77	16	23	13	17
76	16	23	13	17
76	16	23	13	17
76	16	23	13	16
75	16	23	13	16
75	16	23	13	16
75	16	23	13	16
75	16	22	13	16
74	16	22	13	16
74	16	22	13	16
73	15	22	13	16
73	15	22	13	16

Tabella 44: lunghezze dei frammenti restituiti dal programma DotPlot 1.0 dell'introne I117 tra le specie indicate in tabella.

<i>M. mulatta</i> <i>M. musculus</i>	<i>M. mulatta</i> <i>O. cuniculus</i>	<i>M. domestica</i> <i>M. musculus</i>	<i>M. domestica</i> <i>O. cuniculus</i>	<i>O. cuniculus</i> <i>M. musculus</i>
47	19	58	16	31
43	17	57	15	29
36	17	57	15	28
34	17	57	15	28
34	17	56	14	28
34	16	53	14	28
34	15	53	14	28
34	15	53	13	28
34	15	52	13	28
34	15	52	13	28
34	15	52	13	28
34	14	52	13	28
34	14	51	13	28
34	14	49	13	28
34	14	49	13	28
33	13	49	13	28
32	13	49	13	28
32	13	49	13	27
32	13	48	13	27
32	13	48	13	27
31	13	48	13	26
30	13	48	13	26
30	13	48	13	26
30	13	47	13	25
30	13	47	13	25
29	13	47	12	25
28	13	46	12	24
28	13	46	12	24
28	13	46	12	24
27	13	45	12	23
26	13	45	12	23
26	13	45	12	23
26	13	45	12	22
25	13	45	12	22
24	13	45	12	22
24	13	45	12	21
24	13	45	12	21
23	13	45	12	21
23	13	45	12	20
23	13	45	12	20

Tabella 45: lunghezza dei frammenti restituiti dal programma DotPlot per l'introne I117.

<i>C. familiaris</i> <i>B. taurus</i>	<i>H. sapiens</i> <i>B. taurus</i>	<i>M. mulatta</i> <i>B. taurus</i>	<i>M. domestica</i> <i>B. taurus</i>	<i>M. musculus</i> <i>B. taurus</i>	<i>B. taurus</i> <i>O. cuniculus</i>	<i>H. sapiens</i> <i>C. familiaris</i>	<i>M. mulatta</i> <i>C. familiaris</i>	<i>M. domestica</i> <i>C. familiaris</i>	<i>M. domestica</i> <i>M. musculus</i>	<i>O. cuniculus</i> <i>C. familiaris</i>
92	67	74	37	48	23	52	43	48	43	28
71	43	59	37	44	23	43	40	40	43	28
41	39	55	32	42	23	40	39	28	42	28
40	34	43	29	37	22	39	35	28	42	28
39	31	42	25	25	21	36	34	28	41	28
34	29	31	23	25	20	34	33	28	40	28
33	29	30	23	25	19	34	33	28	40	28
30	25	29	23	24	18	33	31	28	40	28
30	25	25	23	24	17	31	31	28	39	27
29	24	25	23	23	17	30	31	28	39	26
28	24	24	23	23	16	29	29	28	39	25
28	23	24	22	23	15	29	29	28	38	24
28	23	23	22	23	15	29	28	28	38	23
26	22	23	21	23	15	28	27	28	37	23
25	22	22	20	23	14	27	27	28	37	23
25	21	21	20	23	14	27	26	28	36	23
25	21	21	20	23	14	27	26	28	36	22
24	20	21	20	23	13	27	26	28	36	22
24	20	21	19	23	13	26	26	28	35	22
24	20	20	19	23	13	26	26	28	35	21
24	20	20	18	23	13	26	26	27	34	21
23	20	20	18	23	13	26	25	26	34	20
23	20	20	18	23	13	25	25	26	33	20
23	19	20	18	23	13	24	24	25	33	20
23	19	20	18	23	13	24	24	25	32	19
23	19	20	17	23	13	24	24	24	32	18
23	19	20	17	23	13	24	24	24	31	18
23	19	20	17	23	13	24	24	23	31	18
23	19	20	17	23	13	24	23	22	30	17
23	19	20	16	23	12	23	23	22	30	16
23	18	20	16	23	12	23	23	21	29	16
23	18	20	16	23	12	23	23	21	29	16
23	18	20	16	23	12	23	23	21	29	16
23	18	20	16	23	12	23	23	21	29	16
23	18	19	15	23	12	22	23	21	29	16
23	18	19	15	23	12	22	23	21	29	16
23	18	19	15	23	12	22	23	20	29	16
23	18	19	15	23	12	22	23	20	29	16
23	18	19	15	23	12	22	23	20	29	15

Tabella 46: analisi dei frammenti restituiti dal programma DotPlot per l'introne 117. I valori sono stati divisi in intervalli riportati nella prima colonna di sinistra.

	<i>H. sapiens</i> - <i>M. mulatta</i>	<i>H. sapiens</i> - <i>M. domestica</i>	<i>H. sapiens</i> - <i>M. mus</i>	<i>H. sapiens</i> - <i>O. cuniculus</i>	<i>M. mulatta</i> - <i>M. domestica</i>	<i>M. mulatta</i> - <i>M. musculus</i>	<i>M. mulatta</i> - <i>O. cuniculus</i>	<i>M. domestica</i> - <i>M. musculus</i>	<i>M. domestica</i> - <i>O. cuniculus</i>	<i>O. cuniculus</i> - <i>M. musculus</i>
190-186	1									
185-181										
180-176										
175-171										
170-166										
165-161										
160-156	1									
155-151										
150-146										
145-141	1									
140-136										
135-131										
130-126										
125-121	1									
120-116	1									
115-111	2									
110-106										
105-101	3									
100-96	1									
95-91	1									
90-86	2									
85-81	8									
80-76	10									
75-71	8									
70-66										
65-61								5		
60-56								8		
55-51								16		
50-46		1			1	1		11		
45-41		1				1				
40-36		1				1				
35-31			2			18				1
30-26			1		1	12				22
25-21		6	37	1	2	7		1		15
20-16		29		8	36		6	39		2
15-11		2		31			34			

Tabella 46: analisi dei frammenti restituiti dal programma DotPlot per l'introne 117. I valori sono stati divisi in intervalli riportati nella prima colonna di sinistra.

	<i>C. familiaris</i> - <i>B. taurus</i>	<i>H. sapiens</i> - <i>B. taurus</i>	<i>M. mulatta</i> - <i>B. taurus</i>	<i>M. domestica</i> - <i>B. taurus</i>	<i>M. musculus</i> - <i>B. taurus</i>	<i>B. taurus</i> - <i>O. cuniculus</i>	<i>H. sapiens</i> - <i>C. familiaris</i>	<i>M. mulatta</i> - <i>C. familiaris</i>	<i>M. domestica</i> - <i>C. familiaris</i>	<i>M. domestica</i> - <i>M. musculus</i>	<i>O. cuniculus</i> - <i>C. familiaris</i>
190-186											
185-181											
180-176											
175-171											
170-166											
165-161											
160-156											
155-151											
150-146											
145-141											
140-136											
135-131											
130-126											
125-121											
120-116											
115-111											
110-106											
105-101											
100-96											
95-91	1										
90-86											
85-81											
80-76											
75-71	1		1								
70-66		1									
65-61											
60-56			1								
55-51			1				2				
50-46					1			1			
45-41	1	1	2		2		1	1		5	
40-36	2	1		2	1		3	2	1	13	
35-31	2	2	1	1	36		4	7		10	
30-26	7	2	2	1			13	11	21	12	10
25-21	26	10	11	10		5	17	19	14		11
20-16		23	21	20		6		3			18
15-11				6		29					1

Tabella 47: lunghezza dei frammenti restituiti dal programma DotPlot per l'introne I139.

<i>H. sapiens- C. familiaris</i>	<i>M. mul- C. familiaris</i>	<i>M. domestica C. familiaris</i>	<i>M. musculus- C. familiaris</i>	<i>H. sapiens- M. mulatta</i>	<i>H. sapiens- M. domestica</i>	<i>H. sapiens- M. mus</i>	<i>M. mulatta- M. domestica</i>	<i>M. mulatta- M. musculus</i>	<i>M. domestica M. musculus</i>
62	52	30	46	250	34	46	51	38	37
52	49	26	46	200	34	35	51	37	37
49	43	25	41	116	34	35	51	37	37
41	41	24	38	112	34	35	51	37	37
35	35	21	36	110	34	34	51	37	37
35	35	20	36	104	34	33	51	37	37
35	35	20	36	99	34	33	51	37	37
34	34	20	36	89	34	32	51	37	37
33	33	17	36	88	34	32	51	36	37
31	31	17	36	86	34	31	50	36	37
29	29	17	36	86	34	31	49	36	37
29	28	16	36	84	34	31	48	35	37
28	28	16	36	81	34	31	47	35	37
28	27	16	36	80	34	30	46	35	37
27	26	16	36	78	34	30	45	35	37
25	26	15	36	78	34	30	44	35	37
25	26	15	36	75	34	30	43	35	36
24	25	15	36	75	34	30	42	35	35
24	25	15	36	75	32	30	41	35	35
24	25	15	36	74	32	30	40	35	35
24	25	15	36	74	31	30	39	34	35
23	25	15	36	74	30	29	38	34	35
23	24	15	35	73	30	29	37	33	35
23	24	15	35	73	30	29	37	33	35
23	24	15	34	72	30	29	36	32	35
22	24	15	33	71	30	29	35	32	35
22	23	15	33	71	30	29	35	31	35
22	23	15	33	70	30	28	34	31	35
22	22	14	33	70	30	28	33	31	35
21	22	14	33	70	30	28	32	31	35
21	22	14	33	69	30	28	31	30	35
21	22	14	33	69	30	28	30	30	35
21	22	14	33	69	30	28	30	30	35
21	22	14	32	68	30	28	30	30	35
21	21	14	32	67	30	27	30	30	34
21	21	14	32	67	30	27	30	30	34
21	21	14	32	67	30	27	30	30	33
21	21	14	32	66	30	27	30	30	33
21	20	14	32	66	30	27	30	29	32

Tabella 48: analisi dei frammenti restituiti dal programma DotPlot per l'introne I139. I valori sono stati divisi in intervalli riportati nella prima colonna di sinistra.

	<i>H. sapiens-C. familiaris</i>	<i>M. mul-C. familiaris</i>	<i>M. domestica-C. familiaris</i>	<i>M. musculus-C. familiaris</i>	<i>H. sapiens-M. mulatta</i>	<i>H. sapiens-M. domestica</i>	<i>H. sapiens-M. mus</i>	<i>M. mulatta-M. domestica</i>	<i>M. mulatta-M. musculus</i>	<i>M. domestica-M. musculus</i>
250-246					1					
245-241										
240-236										
235-231										
230-226										
225-221										
220-216										
215-211										
210-206										
205-201										
200-196					1					
195-191										
190-186										
185-181										
180-176										
175-171										
170-166										
165-161										
160-156										
155-151										
150-146										
145-141										
140-136										
135-131										
130-126										
125-121										
120-116					1					
115-111					1					
110-106					1					
105-101					1					
100-96					1					
95-91										
90-86					4					
85-81					2					
80-76					3					
75-71					11					
70-66					13					
65-61	1									
60-56										
55-51	1	1						9		
50-46	1	1		2			1	5		
45-41	1	2		1				5		
40-36				19				6	11	17
35-31	6	6		18		21	12	6	19	23
30-26	5	7	2			19	27	9	10	
25-21	25	22	3							
20-16		1	10							
15-11			25							

Tabella 49: lunghezza dei frammenti restituiti dal programma DotPlot per l'introne I184.

<i>H. sapiens</i> - <i>M. domestica</i>	<i>H. sapiens</i> - <i>M. musculus</i>	<i>H. sapiens</i> - <i>O. princeps</i>	<i>M. domestica</i> - <i>M. musculus</i>	<i>M. domestica</i> - <i>O. princeps</i>	<i>M. musculus</i> - <i>O. princeps</i>
13	19	16	15	14	13
12	17	16	12	12	12
12	16	14	11	12	11
12	15	13	11	11	11
11	15	13	11	11	11
11	15	12	11	11	11
11	14	12	11	11	10
11	13	11	11	11	10
11	13	11	10	10	10
11	13	11	10	10	10
11	13	11	10	10	10
11	13	11	10	10	10
11	13	11	10	10	10
11	13	11	10	10	10
10	12	11	10	10	10
10	12	11	10	10	10
10	12	11	10	10	10
10	12	11	10	10	10
10	11	10	10	10	9
10	11	10	10	10	9
10	11	10	10	10	9
10	11	10	10	10	9
10	10	10	10	10	9
10	10	10	10	10	9
10	10	10	10	10	9
10	10	10	9	10	9
10	10	10	9	10	9
10	10	10	9	10	9
10	10	10	9	10	9
10	10	10	9	9	9
10	10	10	9	9	9
10	10	10	9	9	9
10	10	10	9	9	9
10	10	10	9	9	9
10	10	10	9	9	9
10	10	10	9	9	9
9	10	10	9	9	9
9	10	10	9	9	9
9	10	10	9	9	9
9	10	10	9	9	9

Tabella 50: analisi dei frammenti restituiti dal programma DotPlot per l'introne I184. I valori sono stati divisi in intervalli riportati nella prima colonna di sinistra.

	<i>H. sapiens</i> - <i>M. domestica</i>	<i>H. sapiens</i> - <i>M. musculus</i>	<i>H. sapiens</i> - <i>O. princeps</i>	<i>M. domestica</i> - <i>M. musculus</i>	<i>M.</i> <i>domestica</i> - <i>O. princeps</i>	<i>M. musculus</i> - <i>O. princeps</i>
25-21						
20-16		3	2			
15-11	14	20	16	8	8	6
10-6	26	17	22	32	32	34

Tabella 51: lunghezza dei frammenti restituiti dal programma DotPlot per l'introne I134.

<i>E. telfairi</i> - <i>H. sapiens</i>	<i>E. telfairi</i> - <i>M. mulatta</i>	<i>E. telfairi</i> - <i>M. domestica</i>	<i>E. telfairi</i> - <i>M. musculus</i>	<i>H. sapiens</i> - <i>M. mulatta</i>	<i>H. sapiens</i> - <i>M. domestica</i>	<i>H. sapiens</i> - <i>M. mus</i>	<i>M. mulatta</i> - <i>M. domestica</i>	<i>M. mulatta</i> - <i>M. musculus</i>	<i>M. domestica</i> - <i>M. musculus</i>
20	21	17	30	195	22	35	29	35	32
20	20	16	18	186	22	25	23	29	28
19	20	16	13	155	21	21	22	29	28
18	19	13	13	144	19	21	21	28	27
18	19	13	13	121	19	21	19	28	27
17	19	13	13	115	18	19	19	28	26
16	18	13	13	111	17	18	17	28	26
16	18	13	12	107	17	18	17	28	26
16	17	13	12	96	16	18	17	28	25
16	17	13	12	93	16	17	16	28	24
15	17	13	12	92	15	16	16	28	24
15	16	12	12	88	15	16	16	27	24
15	15	12	12	86	15	16	16	27	23
15	15	12	12	84	15	16	16	26	22
15	15	12	12	83	15	16	16	26	22
15	15	12	12	82	14	16	16	25	22
15	14	12	12	81	14	16	16	25	22
15	14	12	12	81	14	15	16	25	21
14	14	12	12	78	14	15	16	24	20
14	14	12	12	78	14	15	16	24	20
14	14	12	12	77	14	15	16	23	20
14	14	12	12	76	14	15	16	23	20
14	14	12	12	76	14	15	16	22	20
14	14	12	11	75	14	15	15	22	19
13	14	12	11	75	14	15	15	21	18
13	13	12	11	74	14	15	15	21	18
13	13	11	11	72	14	15	15	21	18
13	13	11	11	72	14	15	15	21	17
13	12	11	11	72	14	15	15	21	17
13	12	11	11	71	14	15	15	20	17
13	12	11	11	69	14	14	15	20	16
13	12	11	11	69	14	14	15	19	16
13	12	11	11	68	14	14	15	19	16
12	12	11	11	68	13	14	15	19	16
12	12	11	11	67	13	14	15	18	16
12	12	11	11	67	13	14	15	18	16
12	12	11	11	67	13	14	15	17	16
12	12	11	11	67	13	14	15	17	16
12	12	11	11	67	13	14	15	17	16
12	12	11	11	67	13	14	15	17	16
12	12	11	11	67	13	14	15	17	16

Tabella 52: analisi dei frammenti restituiti dal programma DotPlot per l'introne I134. I valori sono stati divisi in intervalli riportati nella prima colonna di sinistra.

	<i>E. telfairi</i> - <i>H. sapiens</i>	<i>E. telfairi</i> - <i>M. mulatta</i>	<i>E. telfairi</i> - <i>M. domestica</i>	<i>E. telfairi</i> - <i>M. musculus</i>	<i>H. sapiens</i> - <i>M. mulatta</i>	<i>H. sapiens</i> - <i>M. domestica</i>	<i>H. sapiens</i> - <i>M. mus</i>	<i>M. mulatta</i> - <i>M. domestica</i>	<i>M. mulatta</i> - <i>M. musculus</i>	<i>M. domestica</i> - <i>M. musculus</i>
195-191					1					
190-186					1					
185-181										
180-176										
175-171										
170-166										
165-161										
160-156										
155-151					1					
150-146										
145-141					1					
140-136										
135-131										
130-126										
125-121					1					
120-116										
115-111					2					
110-106					1					
105-101										
100-96					1					
95-91					2					
90-86					2					
85-81					5					
80-76					5					
75-71					7					
70-66					10					
65-61										
60-56										
55-51										
50-46										
45-41										
40-36										
35-31							1		1	1
30-26				1				1	15	7
25-21		1				3	4	3	14	10
20-16	10	11	3	1		7	12	19	10	22
15-11	30	28	37	38		30	23	17		

Tabella 53: lunghezza dei frammenti restituiti dal programma DotPlot per l'introne I336.

<i>H. sapiens</i> - <i>C. familiaris</i>	<i>C. familiaris</i> - <i>M. mulatta</i>	<i>C. familiaris</i> - <i>M. domestica</i>	<i>C. familiaris</i> - <i>M. musculus</i>	<i>C. familiaris</i> - <i>O. cuniculus</i>	<i>H. sapiens</i> - <i>M. mulatta</i>	<i>H. sapiens</i> - <i>M. domestica</i>
78	67	58	39	29	170	41
47	41	58	39	23	149	36
46	41	56	39	19	119	36
41	38	56	38	19	118	34
38	36	52	38	18	113	34
37	35	52	38	18	111	32
31	34	48	38	16	109	32
31	33	48	38	16	106	32
29	32	44	38	15	104	32
29	31	44	38	15	104	32
29	31	41	38	15	103	31
28	30	41	38	15	101	31
28	29	40	38	15	97	30
28	29	40	38	15	96	30
28	28	39	38	15	95	30
27	28	38	38	15	94	29
27	28	38	38	15	91	28
27	27	38	38	14	91	28
27	27	38	37	14	89	28
27	27	38	37	14	87	27
26	26	38	36	14	87	26
26	26	36	36	14	87	26
26	26	36	36	14	86	26
26	25	36	36	14	85	25
26	25	36	35	14	84	24
24	25	35	35	14	84	24
24	25	34	35	14	83	24
23	24	34	35	14	82	23
23	24	34	34	14	81	22
23	24	34	34	13	80	22
23	23	34	34	13	80	22
23	23	34	34	13	79	21
23	23	34	34	13	78	21
23	23	34	34	13	78	21
23	23	34	34	13	78	21
23	23	34	33	13	77	21
23	23	34	33	13	77	21
22	23	34	33	13	77	21
22	23	34	32	13	77	21
22	23	34	32	13	77	21

Tabella 54: analisi delle lunghezze dei frammenti restituiti dal programma DotPlot per l'introne I336. Gli intervalli sono riportati nella prima colonna di sinistra.

	<i>H. sapiens</i> - <i>C. familiaris</i>	<i>C. familiaris</i> - <i>M. mulatta</i>	<i>C. familiaris</i> - <i>M. domestica</i>	<i>C. familiaris</i> - <i>M. musculus</i>	<i>C. familiaris</i> - <i>O. cuniculus</i>	<i>H. sapiens</i> - <i>M. mulatta</i>	<i>H. sapiens</i> - <i>M. domestica</i>	<i>H. sapiens</i> - <i>M. musculus</i>
170-166						1		
165-161								
160-156								
155-151								
150-146						1		
145-141								
140-136								
135-131								
130-126								
125-121								
120-116						2		
115-111						2		
110-106						2		
105-101						4		
100-96						2		
95-91						4		
90-86						5		
85-81						6		
80-76	1					11		
75-71								
70-66		1						
65-61								
60-56			4					
55-51			2					
50-46	2		2					
45-41	1	2	4	24			1	
40-36	2	2	13	16			2	6
35-31	2	6	15				9	29
30-26	17	12			1		11	5
25-21	15	17			1		17	
20-16					6			
15-11					32			

Tabella 54: analisi delle lunghezze dei frammenti restituiti dal programma DotPlot per l'introne I336. Gli intervalli sono riportati nella prima colonna di sinistra.

	<i>H. sapiens</i> - <i>O. cuniculus</i>	<i>M. mulatta</i> - <i>M. domestica</i>	<i>M. mulatta</i> - <i>M. musculus</i>	<i>M. mulatta</i> - <i>O. cuniculus</i>	<i>M. domestica</i> - <i>M. musculus</i>	<i>M. domestica</i> - <i>O. cuniculus</i>	<i>M. musculus</i> - <i>O. cuniculus</i>
170-166							
165-161							
160-156							
155-151							
150-146							
145-141							
140-136							
135-131							
130-126							
125-121							
120-116							
115-111							
110-106							
105-101							
100-96							
95-91							
90-86							
85-81							
80-76							
75-71							
70-66							
65-61							
60-56					1		
55-51							
50-46					39		
45-41							
40-36							
35-31		2	1				
30-26		2	8				
25-21	1	36	31	1		1	
20-16	12			11		6	7
15-11	27			28		33	33

Tabella 55: lunghezze dei frammenti restituiti dal programma DotPlot per l'introne I190.

<i>H. sapiens- B. taurus</i>	<i>H. sapiens- C. familiaris</i>	<i>H. sapiens- M. mulatta</i>	<i>H. sapiens- M. domestica</i>	<i>H. sapiens- M. mus</i>	<i>M. mulatta- B. taurus</i>	<i>M. mul- C. familiaris</i>	<i>M. mulatta- M. domestica</i>
42	79	185	26	35	45	79	26
42	69	181	25	32	44	62	21
32	59	168	21	32	42	59	20
32	44	143	21	29	42	58	20
32	43	140	21	29	32	44	19
30	42	133	21	29	32	41	19
28	41	112	20	29	31	37	17
27	40	108	20	29	28	36	17
27	36	107	20	29	28	35	17
26	34	105	19	29	27	34	17
26	32	100	19	29	26	32	17
25	32	99	19	29	26	32	17
25	30	91	19	29	25	27	17
24	30	85	19	29	25	26	17
24	26	85	19	27	25	26	16
24	25	84	19	27	24	26	16
24	24	81	19	25	24	26	16
23	24	80	18	25	24	25	16
23	24	80	18	25	24	25	16
23	23	77	18	24	24	24	16
23	23	75	17	23	24	24	16
23	23	75	17	23	24	24	16
23	23	75	17	23	24	24	16
23	23	75	17	22	23	23	16
23	23	74	17	22	23	23	16
22	22	74	17	21	23	23	16
22	22	74	17	21	23	23	16
22	21	73	17	21	23	23	16
22	21	72	17	21	23	23	16
22	21	72	17	21	23	23	16
22	21	70	17	20	22	23	16
21	21	70	17	19	22	22	16
21	21	70	17	19	22	22	16
21	21	68	17	19	22	22	16
21	21	68	17	19	22	22	16
21	21	68	16	19	22	22	16
21	20	68	16	19	22	22	16
21	20	68	16	19	22	22	16
21	20	68	16	19	22	22	16
20	20	68	16	19	22	22	15

Tabella 55: lunghezze dei frammenti restituiti dal programma DotPlot per l'introne I190.

<i>M. mulatta</i> - <i>M. musculus</i>	<i>M. domestica</i> - <i>B. taurus</i>	<i>M. domestica</i> - <i>C. familiaris</i>	<i>M. domestica</i> - <i>M. musculus</i>	<i>M. musculus</i> - <i>B. taurus</i>	<i>M. musculus</i> - <i>C. familiaris</i>	<i>C. familiaris</i> - <i>B. taurus</i>
53	24	24	25	46	53	104
48	20	24	25	28	37	45
48	20	23	23	26	30	42
47	19	23	23	23	28	39
45	19	22	23	21	28	36
45	19	21	21	18	28	32
43	19	21	21	17	28	32
43	18	21	21	17	28	28
41	18	21	19	17	28	27
41	17	20	19	17	28	26
39	17	20	19	17	28	26
39	17	20	19	17	28	25
39	17	20	18	16	28	25
38	16	20	18	16	28	25
38	16	20	18	16	28	25
38	16	20	17	16	28	25
38	16	20	17	16	28	24
38	16	19	17	16	28	24
38	16	19	17	16	28	24
37	16	19	17	16	28	24
37	16	19	17	16	28	24
37	16	19	17	16	28	24
36	16	19	16	16	28	23
35	16	19	15	16	28	23
35	15	18	15	16	27	23
35	15	18	15	16	26	23
34	15	18	15	16	25	23
33	15	18	15	16	24	23
33	15	18	15	16	23	22
33	15	18	15	16	23	22
32	15	18	15	16	23	22
32	15	18	15	16	23	22
31	15	18	15	16	23	22
31	15	17	15	15	23	22
31	15	17	15	15	23	22
30	15	17	15	15	23	22
30	15	17	15	15	23	21
29	15	17	15	15	23	21
29	15	17	15	15	23	21
29	15	17	15	15	23	21

Tabella 56: analisi delle lunghezze dei frammenti restituiti dal programma DotPlot per l'introne I190. Gli intervalli sono riportati nella prima colonna di sinistra.

	<i>M. mulatta</i> - <i>M. musculus</i>	<i>M. domestica</i> - <i>B. taurus</i>	<i>M. domestica</i> - <i>C. familiaris</i>	<i>M. domestica</i> - <i>M. musculus</i>	<i>M. musculus</i> - <i>B. taurus</i>	<i>M. musculus</i> - <i>C. familiaris</i>	<i>C. familiaris</i> - <i>B. taurus</i>
185-181							
180-176							
175-171							
170-166							
165-161							
160-156							
155-151							
150-146							
145-141							
140-136							
135-131							
130-126							
125-121							
120-116							
115-111							
110-106							
105-101						1	
100-96							
95-91							
90-86							
85-81							
80-76							
75-71							
70-66							
65-61							
60-56							
55-51	1						
50-46	3				1		
45-41	6					2	
40-36	13					2	
35-31	12					2	
30-26	5				2	4	
25-21		1	9	8	2	29	
20-16		23	31	15	29		
15-11		16		17	7		

Tabella 57: lunghezze dei frammenti restituiti dal programma DotPlot per gli introni di *M. musculus*.

I190- I117	I190- I336	I190- I139	I190- I134	I190- I184	I117- I336	I117- I139	I117- I134	I117- I184	I336- I139	I336- I134	I336- I184	I139- I134	I139- I184	I134- I184
148	143	37	46	21	135	65	47	22	43	56	21	30	22	22
132	122	37	44	20	90	65	44	20	42	56	21	30	21	22
122	111	37	31	20	89	65	42	20	41	56	20	30	21	20
118	89	37	30	20	87	65	42	20	41	56	20	29	20	20
116	78	37	30	20	85	64	41	20	41	55	20	29	20	20
103	74	37	30	20	81	64	36	20	41	52	20	29	20	19
94	74	37	30	20	80	62	35	20	41	51	20	28	20	19
90	74	36	30	20	78	62	34	20	41	50	20	28	20	19
86	72	36	30	20	76	60	33	20	41	48	20	27	20	18
83	71	36	30	20	75	60	32	20	41	47	20	27	20	18
83	71	35	30	20	74	58	31	20	41	44	20	27	20	17
76	69	35	30	20	69	58	30	20	41	43	20	27	20	17
76	65	35	29	20	68	56	30	20	41	42	20	27	20	17
74	60	35	29	20	67	56	30	20	41	42	20	27	20	17
72	60	35	28	20	67	54	30	20	41	40	20	27	20	17
69	59	35	28	20	66	54	30	20	41	39	20	27	20	17
68	57	35	27	20	66	52	30	20	41	36	20	27	20	17
65	57	35	27	19	65	52	30	20	39	36	20	27	20	17
64	57	34	27	18	63	50	30	20	39	35	20	27	20	16
63	56	34	27	18	63	50	30	20	38	34	20	27	20	16
62	56	34	27	17	62	48	30	20	37	33	20	27	20	16
62	55	33	27	17	60	48	30	20	37	33	20	26	20	15
62	55	33	27	16	59	46	30	20	37	33	20	26	20	15
60	55	33	27	16	59	46	30	20	37	33	20	26	20	15
60	55	33	27	15	58	44	30	20	37	33	20	26	20	15
58	54	33	27	15	58	44	30	20	37	33	20	25	20	15
58	54	33	27	15	57	42	30	20	37	33	20	25	20	15
58	53	33	27	15	57	42	30	20	37	33	20	25	20	15
57	53	33	27	15	57	40	29	20	37	33	20	25	19	14
57	52	33	27	14	56	40	29	19	37	33	20	25	19	14
57	52	32	26	14	56	38	29	19	37	33	20	25	18	14
57	52	32	26	14	56	38	29	19	37	32	20	25	18	14
57	51	32	26	13	56	37	29	18	37	32	20	24	18	14
57	51	32	25	13	56	37	29	18	37	32	20	24	18	14
56	51	32	24	13	56	37	29	18	37	32	20	24	18	13
56	51	32	24	13	56	37	28	17	37	32	20	24	18	13
56	51	32	24	13	56	37	28	17	37	32	20	24	18	13
56	50	32	24	13	55	37	28	17	37	31	20	24	18	13
56	50	32	24	12	55	37	28	16	37	31	20	24	18	13
55	49	32	24	12	55	36	27	16	36	31	20	23	18	13

Tabella 59: lunghezze dei frammenti restituiti dal programma dotplot per gli introni di *C. familiaris*.

I190-I117	I190-I336	I190-I139	I117-I336	I117-I139	I336-I139
41	47	47	103	47	101
40	42	38	59	47	77
38	41	36	52	43	76
35	38	34	47	39	54
31	34	34	43	39	53
30	32	32	43	37	53
29	31	29	43	36	53
28	31	28	42	35	53
26	30	28	39	35	49
26	30	28	38	33	48
24	30	26	38	32	48
24	29	25	38	31	48
24	28	24	38	30	47
24	28	24	37	30	46
23	27	24	37	30	46
23	26	24	36	29	46
23	26	24	35	28	39
23	26	24	34	28	37
23	26	24	33	28	36
23	25	24	33	28	36
23	24	24	32	28	36
23	24	24	32	27	35
23	24	24	32	27	34
23	24	24	32	27	34
22	24	24	32	26	34
22	24	23	32	26	34
22	24	23	31	25	34
22	24	23	31	24	34
22	24	23	30	24	34
22	24	23	30	24	34
22	24	23	29	24	34
22	23	23	29	24	34
22	23	23	29	24	33
21	23	22	29	24	33
21	23	22	28	23	32
21	23	22	28	23	32
21	23	22	28	23	31
21	23	22	28	23	31
21	23	22	28	22	31
21	23	22	28	22	31

Tabella 60: analisi dei frammenti restituiti dal programma DotPlot per gli introni di *C. familiaris*. I valori sono stati divisi in intervalli riportati nella prima colonna di sinistra.

intervalli lunghezze	I190-I117	I190-I336	I190-I139	I117-I336	I117-I139	I336-I139
105-101				1		1
100-96						
95-91						
90-86						
85-81						
80-76						2
75-71						
70-66						
65-61						
60-56				1		
55-51				1		5
50-46		1	1	1	2	8
45-41	1	2		4	1	
40-36	2	1	2	8	3	5
35-31	2	4	3	12	5	19
30-26	5	11	5	12	14	
25-21	30	21	29		14	

Tabella 61: lunghezze dei frammenti restituiti dal programma DotPlot per gli introni di *H. sapiens*.

I190- I117	I190- I336	I190- I139	I190- I134	I190- I184	I117- I336	I117- I139	I117- I134	I117- I184	I336- I139	I336- I134	I336- I184	I139- I134	I139- I184	I134- I184
135	94	146	60	15	48	52	38	23	46	47	14	74	17	31
114	76	103	55	15	42	36	34	21	44	31	14	67	16	21
81	47	76	50	15	42	33	27	16	43	31	14	62	16	15
79	45	67	44	15	41	33	27	15	39	29	14	53	16	15
50	44	63	41	15	38	33	26	15	37	28	14	52	16	15
49	43	58	35	15	37	32	25	15	34	27	13	49	15	15
47	43	58	34	15	32	31	25	15	33	27	13	48	15	15
46	42	53	33	15	31	31	25	15	32	27	13	47	15	15
44	41	53	32	15	31	31	24	15	32	26	13	46	15	15
43	39	47	32	15	31	30	24	15	31	26	13	46	15	15
41	36	41	31	14	30	29	24	15	30	25	13	44	15	15
40	34	40	30	14	29	29	23	14	29	24	13	43	15	15
36	33	39	29	14	29	29	23	14	29	24	13	41	15	15
34	32	38	29	14	28	29	23	13	28	23	13	41	15	15
33	31	38	28	14	28	29	22	13	27	23	13	40	15	14
33	31	37	27	14	28	29	21	13	27	22	13	39	15	14
32	30	37	27	14	27	29	21	13	26	22	13	39	15	14
32	29	36	27	14	27	29	21	13	26	21	13	38	15	13
31	29	35	27	13	27	28	21	13	26	21	13	38	15	13
30	29	34	26	13	27	28	21	13	26	20	13	37	15	13
30	28	33	26	13	27	28	21	13	25	20	13	36	15	13
30	28	33	26	13	26	27	21	13	25	20	13	36	15	13
30	28	32	26	13	26	27	21	13	24	20	13	36	15	13
29	28	32	25	13	26	27	21	13	24	20	13	35	15	13
29	27	31	24	13	26	26	21	13	24	19	13	35	15	13
29	27	31	24	13	26	26	20	13	24	19	13	33	15	13
29	27	30	24	13	26	25	20	13	24	19	13	33	15	13
28	27	30	24	13	26	24	20	13	23	19	13	32	15	12
27	27	30	23	13	25	24	20	13	23	18	13	32	15	12
27	26	30	23	13	25	24	20	13	22	18	13	32	15	12
27	26	30	23	13	25	24	20	13	22	18	13	31	15	12
27	26	29	22	13	25	24	20	13	22	18	13	30	15	12
27	26	29	22	13	25	24	20	12	22	18	13	30	15	12
27	26	29	22	13	24	24	20	12	22	18	13	30	15	12
26	26	29	22	13	24	23	19	12	22	18	13	30	15	12
26	26	28	22	13	24	23	19	12	22	17	13	29	15	12
26	26	28	21	13	24	23	19	12	22	17	13	29	15	12
26	26	28	21	13	23	23	19	12	22	17	13	28	15	12
26	26	27	21	13	23	23	19	12	22	17	13	28	15	12
26	26	27	21	13	23	23	18	12	22	17	13	28	15	12

Tabella 62: analisi dei frammenti restituiti dal programma DotPlot per gli introni di *H. sapiens*. I valori sono stati divisi in intervalli riportati nella prima colonna di sinistra.

Range lunghezze	I190- I117	I190- I336	I190- I139	I190- I134	I190- I184	I117- I336	I117- I139	I117- I134	I117- I184	I336- I139	I336- I134	I336- I184	I139- I134	I139- I184	I134- I184
150-146			1												
145-141															
140-136															
135-131	1														
130-126															
125-121															
120-116															
115-111	1														
110-106															
105-101			1												
100-96															
95-91		1													
90-86															
85-81	1														
80-76	1	1	1												
75-71													1		
70-66			1										1		
65-61			1										1		
60-56			2	1											
55-51			2	1			1						2		
50-46	4	1	1	1		1				1	1		5		
45-41	3	6	1	1		3				2			4		
40-36	2	2	7			2	1	1		2			9		
35-31	6	5	8	6		4	7	1		5	2		8		1
30-26	21	24	14	12		18	17	3		10	7		9		
25-21				17		12	14	20	2	20	9				1
20-16								15	1		21			4	
15-11					40				37			40		36	38

Tabella 63: lunghezze dei frammenti restituiti dal programma DotPlot per gli introni di *M. mulatta*.

I190-I117	I190-I336	I190-I139	I190-I134	I117-I336	I117-I139	I117-I134	I336-I139	I336-I134	I139-I134
35	45	50	39	40	46	33	60	45	36
31	40	49	37	39	43	29	52	40	24
31	35	47	32	39	43	28	48	35	24
30	35	45	32	38	42	28	44	35	24
29	35	45	29	38	42	28	43	35	23
29	33	43	29	38	41	28	39	33	23
29	32	43	28	38	40	28	35	32	22
29	32	41	28	38	40	28	33	32	21
29	32	41	27	38	40	28	33	32	21
29	30	41	27	38	39	28	33	30	21
29	30	39	27	38	39	28	32	30	21
29	30	39	26	38	39	28	31	30	21
29	29	38	26	38	38	28	31	29	20
29	29	38	25	38	38	28	31	29	20
29	29	38	25	38	36	28	31	29	20
29	29	38	25	38	35	28	30	29	20
29	29	38	24	38	35	28	30	29	20
29	29	38	24	37	35	28	29	29	20
29	29	37	23	37	34	28	29	29	20
29	29	37	23	37	34	28	29	29	20
29	29	37	23	37	32	28	29	29	20
29	29	36	23	36	32	28	29	29	20
29	29	35	22	36	31	28	28	29	20
29	29	35	22	36	31	28	28	29	20
29	29	35	22	36	31	27	28	29	20
28	29	34	22	35	31	27	28	29	20
28	29	33	22	35	30	27	27	29	20
28	29	33	22	35	30	27	27	29	20
28	29	33	22	35	30	27	27	29	19
28	29	33	22	34	29	27	27	29	19
28	29	33	22	34	28	27	27	29	19
28	29	33	22	34	28	26	27	29	19
28	28	33	21	34	28	26	25	28	19
28	28	32	21	34	28	26	25	28	19
27	28	31	21	34	27	26	25	28	19
27	28	31	21	33	27	25	25	28	18
27	28	31	21	33	27	25	24	28	18
27	28	30	21	33	27	25	24	28	18
27	28	30	21	33	27	25	24	28	18
27	27	30	20	32	27	25	24	27	18

Tabella 64: analisi dei frammenti restituiti dal programma DotPlot per gli introni di *M. mulatta*. I valori sono stati divisi in intervalli riportati nella prima colonna di sinistra.

intervalli lunghezze	I190- I117	I190- I336	I190- I139	I190- I134	I117- I336	I117- I139	I117- I134	I336- I139	I336- I134	I139- I134
60-56								1		
55-51								1		
50-46			3			1		1		
45-41		1	7			5		2	1	
40-36		1	12	2	25	19		1	1	1
35-31	3	7	15	2	15	15	1	9	7	
30-26	37	31	3	9			34	17	31	
25-21				26			5	8		11
20-16				1						28

Tabella 65: lunghezze dei frammenti restituiti dal programma dotplot per gli introni di *M. domestica*.

I117- I190	I117- I336	I117- I139	I117- I134	I117- I184	I336- I190	I336- I139	I336- I134	I336- I184	I139- I190	I139- I134	I139- I184	I134- I190	I134- I184	I184- I190
83	56	58	60	22	41	46	80	17	37	27	39	33	21	16
52	50	28	60	19	38	46	50	16	30	23	28	30	19	14
36	50	22	59	17	34	46	50	16	28	21	28	30	19	14
36	50	21	58	17	31	46	50	15	23	21	28	29	16	14
32	50	19	57	16	30	46	50	15	21	21	28	27	15	14
31	50	19	56	16	26	46	50	15	20	20	28	27	15	14
29	50	18	55	15	26	46	49	14	20	20	28	26	14	14
29	49	17	54	15	25	46	49	14	19	18	28	25	14	14
28	48	17	53	15	25	46	47	14	19	18	28	25	14	13
27	47	17	52	15	25	46	47	14	18	18	27	24	14	13
27	46	17	52	15	25	46	45	14	18	18	27	24	14	13
26	45	17	51	14	25	46	45	14	18	18	27	23	14	13
26	44	17	50	14	25	44	43	13	18	17	26	23	14	13
25	43	17	49	14	25	44	43	13	17	17	24	23	14	13
25	42	17	48	14	25	42	41	13	17	16	23	21	14	13
24	41	17	47	14	25	42	41	13	17	16	23	20	14	13
24	40	17	46	14	25	40	39	13	17	16	23	20	14	13
23	39	17	45	14	25	40	39	13	17	16	22	20	13	13
22	38	17	44	14	25	38	37	13	16	16	21	20	13	13
21	37	17	43	14	25	38	37	13	16	16	20	20	13	13
21	37	17	42	14	25	36	36	13	16	16	19	19	13	13
21	36	17	41	14	25	36	35	13	16	16	19	19	13	13
21	35	17	40	13	25	34	35	13	16	16	19	19	13	12
21	35	16	40	13	25	34	34	13	16	16	19	18	12	12
21	34	16	39	13	25	34	33	13	16	15	19	18	12	12
21	34	16	38	13	25	32	33	13	16	15	19	18	12	12
21	34	16	38	13	25	32	31	13	16	15	19	18	12	12
20	33	16	37	13	25	30	31	13	16	15	18	17	12	12
20	33	16	37	13	25	30	30	13	15	15	18	17	12	12
20	33	16	36	13	25	28	30	13	15	15	18	17	12	12
19	33	16	36	13	25	28	30	13	15	15	18	17	12	12
19	33	16	35	13	25	26	30	13	15	15	18	17	12	12
19	33	16	34	13	25	26	30	13	15	15	18	17	12	12
19	33	16	34	13	25	24	29	13	15	15	18	17	12	12
19	33	16	34	13	25	24	29	12	15	15	18	17	12	12
19	33	16	33	13	25	23	28	12	15	15	18	16	12	12
19	33	16	33	13	25	22	28	12	15	15	18	16	12	12
19	33	16	33	13	25	22	27	12	15	15	18	16	12	12
19	33	16	33	13	25	22	27	12	15	15	18	16	12	12

Tabella 67: elenco, definizione e breve descrizione dei fattori di trascrizione che riconoscono siti di legame nelle sequenze introni che dell'ER α di teleostei e mammiferi, individuati mediante il programma TFSEARCH.

FATTORE	DEFINIZIONE	DESCRIZIONE
NF-kappaB (p65)	nuclear factor (NF)-kB/Rel	nelle plasma cellule e nelle cellule B mature, si lega a livello dell'enhancer intronico della catena leggera dell'immunoglobulina kappa
Evi-1	ectopic viral integration site 1 encoded factor	coinvolto in molteplici vie di segnalazione per la corepressione e coattivazione dei geni del ciclo cellulare
USF	upstream stimulating factors	elemento chiave per la trascrizione, media il reclutamento degli enzimi rimodellanti la cromatina, interagisce con coattivatori e membri del complesso di pre-inizio; può interagire con gli elementi di regolazione affini a E-box
CRE-BP1/c-Jun	CRE-binding protein 1/c-Jun	lega in modo specifico CRE (cAMP response element) come omo- o eterodimero con c-Jun
Pbx-1	pre-B-cell transcription factor 1	è coinvolto nella regolazione della trascrizione AMPc-dipendente del gene umano CYP17; può interagire con prodotti dei geni Hox
deltaEF1	binding protein of the lens-specific core sequence of the chicken delta-crystallin enhancer	è coinvolto nello sviluppo delle strutture scheletriche; la sequenza presenta similarità con la sequenza di E2-box
MyoD	myogenic differentiation antigen	appartiene alla famiglia dei fattori di trascrizione basic-helix-loop-helix (bHLH); è coinvolto nella formazione del muscolo striato in vertebrati e invertebrati
Nkx-2.5	homeo domain factor Nkx-2.5/Csx	è l'omologo del fattore <i>tinman</i> in <i>Drosophila</i> ; è coinvolto nella regolazione di geni espressi nel cuore e nella morfogenesi di tale organo
AML-1a SRY	acute myeloid leukemia-1 sex determining factor	regola l'espressione di MIP-1-alfa (Macrophage inflammatory protein-1) lega un fattore nucleare contenente domini di interazione proteici PDZ
E2F	E2F family of transcription factors	lega due siti nel promotore E2 dell'adenovirus; regola l'espressione di un vasto numero di geni importanti nella proliferazione cellulare, tra cui quelli coinvolti nella fase G1 e S del ciclo cellulare
Lyf-1	lymphoid transcription factor LyF-1	interagisce con elementi di controllo critici nel promotore della TdT (terminal deoxynucleotidyltransferase) e in altri promotori di geni espressi nei primi stadi dello sviluppo delle cellule B e T
GATA-3	GATA-binding factor 3	coinvolto in diversi aspetti dell'ematopoiesi
TATA	retroviral TATA box	coinvolto nella regolazione della trascrizione del genoma retrovirale
HNF-3beta	hepatocyte nuclear factor 3b (HNF3b)	regola l'espressione genica a livello del fegato durante l'embriogenesi
Oct-1	octamer-binding factor 1	espresso in tutte le cellule eucariotiche agendo come regolatore positivo o negativo sulla trascrizione genica e sulla replicazione del DNA; può interagire con Sp1 a livello della trascrizione del gene U2 snRNA
GATA-1	GATA-binding factor 1	implicato nello sviluppo e nella funzione testicolare
CDP CR3+HD	cut-like homeodomain protein	potenziale regolatore della trascrizione di molti geni; originariamente è stato identificato per comparazione delle sequenze di prodotti genici in <i>Drosophila</i> che controllano lo sviluppo embrionale
CdxA	caudal type homeobox transcription factor 1	sono nove i geni di tipo caudale identificati nei vertebrati; agiscono come regolatori positivi dell'espressione genica
MZF1	myeloid zinc finger 1	lega la regione fiancheggiante il 5' di CD34 e del gene c-myb
SOX5	SRY-box 5	coinvolto nella regolazione dello sviluppo dell'embrione e nella determinazione del destino della cellula

Tabella 68: elenco e numero dei fattori di trascrizione ottenuti per l'introne I336 tramite TFSEARCH, che legano siti di legame presenti all'interno delle CNS negli allineamenti *pair-wise*, di cui sono indicate le specie di riferimento in colonna e le specie allineate in riga.

INTRONE I336 - FATTORI DI TRASCRIZIONE NELLE CNS						
	<i>H. sapiens</i>	<i>M. mulatta</i>	<i>C. familiaris</i>	<i>M. domestica</i>	<i>M. musculus</i>	<i>O. cuniculus</i>
<i>H. sapiens</i>	/	CdxA (x69) AML-1a (x43) SRY (x60) Lyf-1 (x4) Evi-1 (x2) Nkx-2 (x10) USF (X1) GATA-3 (X2) Pbx-1 (x2) MZF1 (x1)	CdxA (x64) AML-1a (x20) SRY (x39) Lyf-1 (x1) Evi-1 (x2) NKx-2 (x7) GATA-3 (x1)	SRY (x6) NKx-2 (x1) AML-1a (x5) CdxA (x3)	CdxA (x9) AML-1a (x10) SRY (x11) NKx-2 (x2) Lyf-1 (x1)	CdxA (x4) SRY (x6) AML-1a (x1) NKx-2 (x1)
<i>M. mulatta</i>	CdxA (x79) AML-1a (x57) SRY (x62) Nkx-2 (x10) Evi-1 (x2) Pbx-1 (x3) MyoD (x2) Lyf (x7) HNF-3b (x2) TATA (x1) Oct-1 (x1) MZF (x4) GATA-3 (x1)	/	CdxA (x58) AML-1a (x37) SRY (x48) Nkx-2 (x3) Evi-1 (x2) HNF-3b (x2) TATA (x1) Oct-1 (x1) MZF (x1) GATA-3 (x1)	CdxA (x2) SRY (x2) Nkx-2 (x1)	CdxA (x15) AML-1a (x6) SRY (x12) Nkx-2 (x1)	CdxA (x7) AML-1a (x3) SRY (x5) MZF (x1)
<i>C. familiaris</i>	CdxA (x50) AML-1a (x34) SRY (x38) Nkx-2 (x11) NF-kap (x2) USF (x1) CER-BP (x1) Evi-1 (x1) Pbx-1 (x1) deltaE (x1) MyoD (x1)	CdxA (x51) AML-1a (x34) SRY (x40) Nkx-2 (x12) NF-kap (x2) USF (x1) CRE-BP (x1) Evi-1 (x1) Pbx-1 (x1) delta (x1) MyoD (x1)	/	CdxA (x2) SRY (x1)	CdxA (x10) Nkx-2 (x2) SRY (x3) AML-1a (x5) Pbx-1 (x1) MyoD (x1)	CdxA (x3) SRY (x6) Nkx-2 (x1)
<i>O. cuniculus</i>	CdxA (x4) AML-1a (x1) SRY (x3) Lyf-1 (x2) Nkx-2 (x1)	CdxA (x11) AML-1a (x1) SRY (x2) Lyf-1 (x1) Nkx-2 (x1)	CdxA (x11) AML-1a (x1) SRY (x2) Nkx-2 (x1)	CdxA (x3)	CdxA (x1) SRY (x1)	/
<i>M. domestica</i>	CdxA (x6) SRY (x1)	CdxA (x3)	CdxA (x2) SRY (x2)	/	CdxA (x4)	CdxA (x2)
<i>M. musculus</i>	CdxA (x8) AML-1a (x10) SRY (x3) Nkx-2 (x2) Pbx (x1)	CdxA (x7) AML-1a (x7) SRY (x3) Nkx-2 (x1) Pbx (x1)	CdxA (x6) AML-1a (x10) SRY (x5) Nkx-2 (x1)	CdxA (x2) AML-1a (x1) SRY (x2)	/	/

Tabella 69: elenco e numero dei fattori di trascrizione ottenuti per l'introne I336 tramite TFSEARCH, che legano siti di legame presenti all'esterno delle CNS negli allineamenti *pair-wise*, di cui sono indicate le specie di riferimento in colonna e le specie allineate in riga.

INTRONE I336 - FATTORI DI TRASCRIZIONE ESTERNI ALLE CNS						
	<i>H. sapiens</i>	<i>M. mulatta</i>	<i>C. familiaris</i>	<i>M. domestica</i>	<i>M. musculus</i>	<i>O. cuniculus</i>
<i>H. sapiens</i>	/	CdxA (x8) AML-1a (x4) SRY (x2) Nkx-2 (x2)	CdxA (x19) AML-1a (x26) Lyf-1 (x4) NKX-2 (x6) SRY (x23) USF (x1) GATA-3 (x1) Pbx-1 (x2) MZF (x1)	SRY (x56) NKx-2 (x11) AML-1a (x54) CdxA (x68) Lyf-1 (x5) USF (x1) Evi-1 (x2) GATA-3 (x1) Pbx-1 (x2) MZF (x1) GATA-3 (x1)	CdxA (x60) AML-1a (x47) SRY (x52) NKX-2 (x11) Lyf-1 (x4) USF (x1) Evi (x2) GATA-3 (x2) Pbx (x2) MZF (x1)	CdxA (x66) SRY (x56) AML-1a (x59) NKX-2 (x12) Lyf-1 (x5) USF (x1) Evi (x2) GATA-3 (x2) Pbx (x2) MZF (x1)
				<i>M. mulatta</i>	/	CdxA (x25) AML-1a (x25) SRY (x23) Nkx-2 (x7) Lyf (x10) MyoD (x2) Pbx (x3) CRE-BP (x2) MZF (x3)
<i>C. familiaris</i>	/	/	CdxA (x107) AML-1a (x61) SRY (x95) NKX-2 (x13) NF-kap (x2) USF (x1) CER-BP (x1) Evi-1 (x7) Pbx-1 (x1) deltaE (x1) MyoD (x1) MFZ (x3) E2F (x1)			
			<i>O. cuniculus</i>	/	/	CdxA (x17) AML-1a (x4) SRY (x5) Lyf-1 (x1) Nkx-2 (x1)
<i>M. domestica</i>	/	/				AML-1a (x46) AP-1 (x1) CdxA (x158) CREB (x2) CRE-BP (x3) MZF1 (x3) Nkx-2 (x16) Pbx-1 (x6) Sox-5 (x1) SRY (x60) Tst-1 (x1)
			<i>M. musculus</i>	/	/	CdxA (x81) AML-1a (x63) SRY (x73) NKX-2 (x14) MZF1 (x4) NF-E2(x2) Pbx (x1)

Tabella 70: elenco e numero dei fattori di trascrizione ottenuti per l'introne I134 tramite TFSEARCH, che legano siti di legame presenti all'esterno delle CNS negli allineamenti *pair-wise*, di cui sono indicate le specie di riferimento in colonna e le specie allineate in riga.

INTRONE I134 - FATTORI DI TRASCRIZIONE NELLE CNS					
	<i>H. sapiens</i>	<i>M. mulatta</i>	<i>M. domestica</i>	<i>M. musculus</i>	<i>E. telfairi</i>
<i>H. sapiens</i>	/	Evi-1 (x3) CdxA (x18) SRY (x44) AML-1a (x32) MZF1 (x2) Lyf-1 (x3) Nkx-2 (x8)	CdxA (x1) SRY (x2)	SRY (x2) AML-1a (x7) Nkx-2 (x1)	/
<i>M. mulatta</i>	SRY (x43) AML-1a (x32) CdxA (x18) Nkx-2 (x8) Lyf-1 (x3) Evi-1 (x3) MZF1 (x2)	/	SRY (x3)	AML-1a (x4) SRY (x5) Nkx-2 (x2) CdxA (x1)	SRY (x1)
<i>M. domestica</i>	Lyf-1 (x1) CdxA (x1) SRY (x1)	Lyf-1 (x1) CdxA (x1) SRY (x1)	/	CdxA (x1)	/
<i>M. musculus</i>	SRY (x3) AML-1a (x2) CdxA (x3)	AML-1a (X4) SRY (x4) CdxA (x3)	/	/	/
<i>E. telfairi</i>	/	/	/	SRY (x1)	/

Tabella 71: elenco e numero dei fattori di trascrizione ottenuti per l'introne I134 tramite TFSEARCH, che legano siti di legame presenti all'esterno delle CNS negli allineamenti *pair-wise*, di cui sono indicate le specie di riferimento in colonna e le specie allineate in riga.

INTRONE I134 - FATTORI DI TRASCRIZIONE ESTERNI NELLE CNS					
	<i>H. sapiens</i>	<i>M. mulatta</i>	<i>M. domestica</i>	<i>M. musculus</i>	<i>E. telfairi</i>
<i>H. sapiens</i>	/	CdxA (x1) SRY (x1) AML-1a (x1)	Evi-1 (x3) CdxA (x18) SRY (x43) AML-1a (x33) MZF1 (x2) Lyf-1 (x3) Nkx-2 (x8)	Evi-1 (x3) CdxA (x18) SRY (x41) AML-1a (x26) MZF1 (x2) Lyf-1 (x3) Nkx-2 (x7)	Evi-1 (x3) CdxA (x19) SRY (x45) AML-1a (x33) MZF1 (x2) Lyf-1 (x3) Nkx-2 (x8)
<i>M. mulatta</i>	SRY (x 2) CdxA (x1) AML-1a (x 1)	/	SRY (x 42) AML-1a (x33) CDXA (x19) Nkx-2 (x8) Lyf-1 (x3) MZF1 (x2) Evi-1 (x3)	SRY (x40) AML-1a (x29) CdxA (x18) Nkx-2 (x6) LYF-1 (x3) Evi-1 (x3) MZF1 (x2)	SRY (x44) AML-1a (x33) CDXA (x19) Nkx-2 (x8) Lyf-1 (x3) MZF1 (x2) Evi-1 (x3)
<i>M. domestica</i>	Nkx-2 (x13) Lyf-1 (x2) CdxA (x58) MZF1 (x2) SRY (x26) AML-1a (x28) Evi-1 (x2) TATA (x2) Sox-5 (x1)	Nkx-2 (x13) Lyf-1 (x2) CdxA (x58) MZF1 (x2) SRY (x26) AML-1a (x28) Evi-1 (x2) TATA (x2) Sox-5 (x1)	/	Nkx-2 (x13) Lyf-1 (x3) CdxA (x58) MZF1 (x2) SRY (x27) AML-1a (x28) Evi-1 (x2) TATA (x2) Sox-5 (x1)	Nkx-2 (x13) Lyf-1 (x3) CdxA (x59) MZF1 (x2) SRY (x27) AML-1a (x28) Evi-1 (x2) TATA (x2) Sox-5 (x1)
<i>M. musculus</i>	SRY (x23) AML-1a (x24) MZF1 (x2) Pbx (x1) CdxA (x15) Nkx-2 (x4) Evi-1 (x2)	AML-1a (x4) SRY (x4) CdxA (x3)	AML-1a (x26) SRY (x26) CdxA (x18) Pbx (x1) MZF1 (x2) Nkx-2 (x4) Evi-1 (x2)	/	AML-1a (x26) SRY (x26) CdxA (x18) Pbx (x1) MZF1 (x2) Nkx-2 (x4) Evi-1 (x2)
<i>E. telfairi</i>	SRY (x5) AML-1a (x5) CdxA (x1)	SRY (x5) AML-1a (x5) CdxA (x1)	SRY (x4) AML-1a (x5) CdxA (x1)	SRY (x5) AML-1a (x5) CdxA (x1)	/

Tabella 72: elenco e numero dei fattori di trascrizione ottenuti per l'introne I191 tramite TFSEARCH, che legano siti di legame presenti all'interno delle CNS negli allineamenti *pair-wise*, di cui sono indicate le specie di riferimento in colonna e le specie allineate in riga.

INTRONE I191 - FATTORI DI TRASCRIZIONE NELLE CNS						
	<i>B. taurus</i>	<i>H. sapiens</i>	<i>M. mulatta</i>	<i>M. domestica</i>	<i>M. musculus</i>	<i>C. familiaris</i>
<i>B. taurus</i>		CdxA (x22)	CdxA (x21)			CdxA (x23)
		AML-1a (x8)	AML-1a (x10)			AML-1a (x6)
		SRY (x13)	SRY (x14)		AML-1a (x2)	SRY (x13)
		Nkx-2 (x5)	Nkx-2 (x5)		MZF (x1)	Nkx-2 (x4)
		Lyf (x1)	Lyf (x2)			Pbx-1 (x1)
		MZF (x1)	MZF (x2)			Lyf (x2)
<i>C. familiaris</i>		GATA-1 (x1)	GATA-3 (x)			MZF (x2)
	CdxA (x16)	CdxA (x25)	CdxA (x26)			
	AML-1a (x6)	AML-1a (x7)	AML-1a (x5)	AML-1a (x3)	CdxA (x3)	
	SRY (x12)	SRY (x13)	SRY (x13)	SRY (x3)	AML-1a (x2)	
<i>H. sapiens</i>		Nkx-2 (x4)	Nkx-2 (x3)	Nkx-2 (x1)	SRY (x1)	
		MZF (x1)	MZF (x1)			
	CdxA (x29)		CdxA (x41)			CdxA (x29)
	AML-1a (x18)		AML-1a (x37)			AML-1a (x15)
	SRY (x17)		SRY (x32)			SRY (x11)
	Nkx-2 (x1)		Nkx-2 (x8)	CdxA (x2)	CdxA (x10)	Nkx-2 (x2)
Evi-1 (x1)		GATA-3 (x1)	AML-1a (x3)	AML-1a (x10)	Evi-1 (x1)	
MZF (x2)		Evi-1 (x1)	SRY (x3)	SRY (x6)	Lyf (x1)	
<i>M. mulatta</i>			Lyf (x9)			MZF (x1)
			MZF (x2)			
			SOX-5 (x1)			
	AML-1a (x12)	AML-1a (x30)				AML-1° (x12)
	CdxA (x17)	CdxA (x31)				CdxA (x17)
	Evi-1 (x1)	Evi-1 (x1)			AML-1a (x5)	Evi-1 (x1)
	Lyf-1 (x1)	GATA-3 (x1)	/	AML-1° (x2)	CdxA (x9)	Lyf-1 (x1)
	MZF1 (x1)	Lyf-1 (x8)		SRY (x1)	SRY (x4)	MZF1 (x1)
Nkx-2 (x1)	MZF1 (x2)				Nkx-2 (x1)	
SRY (x11)	Nkx-2 (x6)				SRY (x11)	
<i>M. domestica</i>		Sox-5 (x1)				
		SRY (x34)				
	AML-1a (x2)	AML-1a (x2)	AML-1a (x1)			AML-1a (x1)
CdxA (x3)	CdxA (x4)	CdxA (x4)	/	/	CdxA (x3)	
SRY (x2)	SRY (x2)	Nkx-2 (x1)			Nkx-2 (x1)	
		SRY (x3)			SRY (x3)	
<i>M. musculus</i>						
	AML-1a (x6)	AML-1a (x7)	AML-1a (x5)			AML-1a (x2)
	CdxA (x11)	CdxA (x17)	CdxA (x15)		/	CdxA (x5)
	Nkx-2 (x3)	Nkx-2 (x1)	Nkx-2 (x2)	CdxA (x1)		SRY (x3)
	SRY (x6)	SRY (x5)				

Tabella 73: elenco e numero dei fattori di trascrizione ottenuti per l'introne I191 tramite TFSEARCH, che legano siti di legame presenti all'esterno delle CNS negli allineamenti *pair-wise*, di cui sono indicate le specie di riferimento in colonna e le specie allineate in riga.

INTRONE I191 - FATTORI DI TRASCRIZIONE ESTERNI ALLE CNS						
	<i>B. taurus</i>	<i>H. sapiens</i>	<i>M. mulatta</i>	<i>M. domestica</i>	<i>M. musculus</i>	<i>C. familiaris</i>
<i>B. taurus</i>		CdxA (x26)	CdxA (x27)	CdxA (x48)	CdxA (x41)	
		AML-1a (x6)	AML-1a (x4)	AML-1a (x12)	AML-1a (x11)	CdxA (x25)
		SRY (x16)	SRY (x15)	SRY (x29)	SRY (x25)	AML-1a (x8)
		Nkx-2 (x6)	Nkx-2 (x6)	Nkx-2 (x11)	Nkx-2 (x10)	SRY (x16)
		Evi-1 (x1)	Evi-1 (x1)	Evi-1 (x1)	Evi-1 (x1)	Nkx-2 (x7)
		Pbx-1 (x1)	Pbx-1 (x1)	Pbx-1 (x1)	Pbx-1 (x1)	Evi-1 (x1)
		Lyf (x1)	MZF (x1)	Lyf (x2)	Lyf (x2)	MZF (x1)
		MZF (x2)	GATA-1 (x1)	MZF (x2)	MZF (x3)	GATA-1 (x1)
		CER-BP (x1)	CRE-BP (x1)	GATA-1 (x1)	GATA-1 (x1)	CRE-BP (x1)
		CDP-CR (x1)	CDP-CR (x1)	CRE-BP (x1)	CRE-BP (x1)	CDP-CR (x1)
		SOX-5 (x1)	SOX-5 (x1)	CDP-CR (x1)	CDP-CR (x1)	SOX-5 (x1)
			SOX-5 (x1)	SOX-5 (x1)		
<i>C. familiaris</i>	CdxA (x27)	CdxA (x18)	CdxA (x17)	CdxA (x43)	CdxA (x40)	
	AML-1a (x10)	AML-1a (x9)	AML-1a (x11)	AML-1a (x13)	AML-1a (x14)	
	SRY (x15)	SRY (x14)	SRY (x14)	SRY (x24)	SRY (x26)	
	Nkx-2 (x3)	Nkx-2 (x1)	Nkx-2 (x2)	Nkx-2 (x4)	Nkx-2 (x5)	
	MZF (x3)	MZF (x2)	MZF (x2)	MZF (x3)	MZF (x3)	
<i>H. sapiens</i>				CdxA (x41)	CdxA (x33)	
	CdxA (x14)			AML-1a (x38)	AML-1a (x31)	CdxA (x14)
	AML-1a (x23)			SRY (x29)	SRY (x26)	AML-1a (x26)
	SRY (x15)		CdxA (x2)	Nkx-2 (x9)	Nkx-2 (x9)	SRY (x21)
	Nkx-2 (x8)		AML-1a (x4)	GATA-3 (x1)	GATA-3 (x1)	Nkx-2 (x7)
	GATA-3 (x1)		Nkx-2 (x1)	Evi-1 (x1)	Evi-1 (x1)	Lyf (x9)
	Lyf (x10)		Lyf (x1)	Lyf (x10)	Lyf (x10)	MZF (x1)
SOX-5 (x1)			MZF (x2)	MZF (x2)	SOX-5 (x1)	
			SOX-5 (x1)	SOX-5 (x1)		
<i>M. mulatta</i>	AML-1a (x18)			AML-1a (x28)	AML-1a (x25)	AML-1a (x17)
	CdxA (x14)			CdxA (x31)	CdxA (x22)	CdxA (x11)
	GATA-3 (x1)			Evi-1 (x1)	Evi-1 (x1)	Evi-1 (x1)
	Lyf-1 (x9)	Lyf-1 (x2)	/	GATA-3 (x1)	GATA-3 (x1)	GATA-3 (x1)
	MZF1 (x1)	Nkx-2 (x1)	/	Lyf-1 (x10)	Lyf-1 (x10)	Lyf-1 (x9)
	Nkx-2 (x6)			MZF1 (x2)	MZF1 (x2)	MZF1 (x1)
	Sox-5 (x1)			Nkx-2 (x7)	Nkx-2 (x7)	Nkx-2 (x6)
	SRY (x23)			Sox-5 (x1)	Sox-5 (x1)	Sox-5 (x1)
			SRY (x33)	SRY (x30)	SRY (x34)	
<i>M. domestica</i>	AML-1a (x22)	AML-1a (x22)	AML-1a (x23)		AML-1a (x24)	AML-1a (x23)
	CdxA (x72)	CdxA (x71)	CdxA (x71)		CdxA (x75)	CdxA (x72)
	Evi-1 (x6)	Evi-1 (x6)	Evi-1 (x6)		Evi-1 (x6)	Evi-1 (x6)
	HFH-1 (x1)	HFH-1 (x1)	HFH-1 (x1)		HFH-1 (x1)	HFH-1 (x1)
	HSF2 (x1)	HSF2 (x1)	HSF2 (x1)	/	HSF2 (x1)	HSF2 (x1)
	MZF1 (x1)	MZF1 (x1)	MZF1 (x1)		MZF1 (x1)	MZF1 (x1)
	NF-kap (x2)	NF-kap (x2)	NF-kap (x2)		NF-kap (x2)	NF-kap (x2)
	Nkx-2 (x9)	Nkx-2 (x9)	Nkx-2 (x8)		Nkx-2 (x9)	Nkx-2 (x8)
SRY (x34)	SRY (x34)	SRY (x33)		SRY (x36)	SRY (x33)	
<i>M. musculus</i>	AML-1a (x21)	AML-1a (x20)	AML-1a (x22)	AML-1a (x27)		AML-1a (x25)
	CdxA (x25)	CdxA (x19)	CdxA (x21)	CdxA (x35)		CdxA (x31)
	GATA-3 (x1)	GATA-3 (x1)	GATA-3 (x1)	GATA-3 (x1)		GATA-3 (x1)
	MyoD (x1)	MyoD (x1)	MyoD (x1)	MyoD (x1)	/	MyoD (x1)
	MZF-1 (x2)	MZF-1 (x2)	MZF-1 (x2)	MZF-1 (x2)		MZF-1 (x2)
	Nkx-2 (x4)	Nkx-2 (x6)	Nkx-2 (x5)	Nkx-2 (x7)		Nkx-2 (x7)
	Pbx-1 (x1)	Pbx-1 (x1)	Pbx-1 (x1)	Pbx-1 (x1)		Pbx-1 (x1)
	SRY (x41)	SRY (x37)	SRY (x36)	SRY (x43)		SRY (x40)

Tabella 74: elenco e numero dei fattori di trascrizione ottenuti per l'introne I184 tramite TFSEARCH, che legano siti di legame presenti nelle sequenze di *H. sapiens*, *M. domestica*, *M. musculus* e *O. princeps*.

INTRONE I184 - FATTORI DI TRASCRIZIONE ESTERNI ALLE CNS			
<i>H. sapiens</i>	<i>M. domestica</i>	<i>M. musculus</i>	<i>O. princeps</i>
CdxA (x1)	CdxA (x8)	CdxA (x4)	
AML-1a (x2)	AML-1a (x1)	Pbx-1 (x2)	CdxA (x1)
SRY (x1)	SRY (x5)	SRY (x5)	AML-1a (x3)
Nkx-2 (x1)	Nkx-2 (x4)	MZF (x1)	SRY (x3)
	MZF (x1)	HNF-3b (x1)	

Tabella 75: allineamenti *pair-wise* dell'introne I336, di cui sono indicate le specie di riferimento e le specie allineate. Rapporto in percentuale tra il numero totale di nucleotidi (NT) appartenenti al sito di legame per fattori di trascrizione presenti all'interno delle CNS e il numero totale di nucleotidi (NT) che compongono le CNS; nell'ultima colonna è riportato il rapporto in percentuale tra il numero totale di nucleotidi (NT) appartenenti al sito di legame per fattori di trascrizione presenti all'esterno delle CNS e il numero totale di nucleotidi (NT) che sono esclusi dalle CNS. Tali rapporti non sono stati calcolati per gli allineamenti tra *H. sapiens* e *M. mulatta* (identificati dall'asterisco) in quanto, a causa dell'elevata conservazione riscontrata, il numero di nucleotidi al di fuori delle CNS risulta talmente basso che i rapporti darebbero un valore numerico del tutto scostato dalla realtà.

INTRONE I336			
SPECIE DI RIFERIMENTO	SPECIE ALLINEATA	RAPPORTO NT SITI LEGAME INTERNI CNS/ NT CNS	RAPPORTO NT SITI LEGAME ESTERNI CNS/ NT ESTERNI CNS
<i>H. sapiens</i>	<i>C. familiaris</i>	2,32%	2,59%
	<i>M. mulatta</i>	2,17%	*
	<i>M. domestica</i>	4,01%	2,32%
	<i>M. musculus</i>	3,01%	2,29%
	<i>O. cuniculus</i>	1,81%	2,44%
<i>C. familiaris</i>	<i>H. sapiens</i>	2,42%	3,53%
	<i>M. mulatta</i>	2,58%	3,36%
	<i>M. domestica</i>	0,94%	2,92%
	<i>M. musculus</i>	2,54%	2,86%
	<i>O. cuniculus</i>	2,89%	2,85%
<i>M. mulatta</i>	<i>C. familiaris</i>	2,69%	2,91%
	<i>H. sapiens</i>	2,46%	*
	<i>M. domestica</i>	1,98%	2,80%
	<i>M. musculus</i>	3,24%	2,71%
	<i>O. cuniculus</i>	2,33%	2,81%
<i>O. cuniculus</i>	<i>C. familiaris</i>	3,85%	2,01%
	<i>H. sapiens</i>	1,46%	3,01%
	<i>M. mulatta</i>	2,19%	3,10%
	<i>M. domestica</i>	4,22%	2,62%
	<i>M. musculus</i>	2,40%	2,75%

Tabella 76: allineamenti *pair-wise* dell'introne I191, di cui sono indicate le specie di riferimento e le specie allineate. Rapporto in percentuale tra il numero totale di nucleotidi (NT) appartenenti al sito di legame per fattori di trascrizione presenti all'interno delle CNS e il numero totale di nucleotidi (NT) che compongono le CNS; nell'ultima colonna è riportato il rapporto in percentuale tra il numero totale di nucleotidi (NT) appartenenti al sito di legame per fattori di trascrizione presenti all'esterno delle CNS e il numero totale di nucleotidi (NT) che sono esclusi dalle CNS.

INTRONE I191			
SPECIE DI RIFERIMENTO	SPECIE ALLINEATA	RAPPORTO NT SITI LEGAME INTERNI CNS/ NT CNS	RAPPORTO NT SITI LEGAME ESTERNI CNS/ NT ESTERNI CNS
<i>B. taurus</i>	<i>H. sapiens</i>	2,05%	3,62%
	<i>M. mulatta</i>	2,52%	2,90%
	<i>M. domestica</i>	2,32%	2,72%
	<i>M. musculus</i>	2,16%	2,81%
	<i>C. familiaris</i>	2,65%	2,76%
<i>C. familiaris</i>	<i>B. taurus</i>	1,81%	2,99%
	<i>H. sapiens</i>	2,11%	2,82%
	<i>M. mulatta</i>	2,17%	2,69%
	<i>M. domestica</i>	1,27%	2,33%
	<i>M. musculus</i>	1,35%	2,52%
<i>H. sapiens</i>	<i>B. taurus</i>	2,67%	2,30%
	<i>M. mulatta</i>	2,65%	4,76%
	<i>M. domestica</i>	4,12%	2,67%
	<i>M. musculus</i>	2,51%	2,77%
	<i>C. familiaris</i>	2,49%	2,92%

Tabella 77: elenco e numero dei fattori di trascrizione ottenuti per l'introne I117 dei teleostei Percomorpha tramite TFSEARCH, che legano siti di legame presenti all'interno e all'esterno delle CNS negli allineamenti *pair-wise*, di cui sono indicate le specie di riferimento nella prima colonna e le specie allineate nella seconda colonna. Rapporto in percentuale tra il numero totale di nucleotidi (NT) appartenenti al sito di legame per fattori di trascrizione presenti all'interno delle CNS e il numero totale di nucleotidi (NT) che compongono le CNS; nell'ultima colonna è riportato il rapporto in percentuale tra il numero totale di nucleotidi (NT) appartenenti al sito di legame per fattori di trascrizione presenti all'esterno delle CNS e il numero totale di nucleotidi (NT) che sono esclusi dalle CNS.

INTRONE I117					
SPECIE DI RIFERIMENTO	SPECIE ALLINEATA	FATTORI TRASCRIZIONE ALL'INTERNO CNS	FATTORI TRASCRIZIONE ALL'ESTERNO CNS	RAPPORTO NT SITI LEGAME INTERNI CNS/ NT CNS	RAPPORTO NT SITI LEGAME ESTERNI CNS/ NT ESTERNI CNS
<i>A. boyeri</i>	<i>P. americanus</i>	1 SRY, 1 AML-1a	2 USF	7,28%	5,94%
	<i>G. aculeatus</i>	1 SRY, 1 AML-1a	2 USF	6,33%	6,62%
	<i>P. maxima</i>		1 SRY, 1 AML-1a, 2 USF	0,00%	6,48%
	<i>S. porcus</i>	1 SRY, 1 AML-1a	2 USF	6,22%	6,72%
	<i>S. aurata</i>	1 SRY, 1 AML-1a	2 USF	10,87%	4,85%
<i>P. americanus</i>	<i>A. boyeri</i>	1 SRY		4,33%	0,00%
	<i>G. aculeatus</i>	1 SRY		3,15%	0,00%
	<i>P. maxima</i>	1 SRY		3,32%	0,00%
	<i>S. porcus</i>	1 SRY		2,09%	0,00%
	<i>S. aurata</i>	1 SRY		2,65%	0,00%
<i>G. aculeatus</i>	<i>A. boyeri</i>	1 SRY, 2 AML-1a	1 SRY	8,68%	3,47%
	<i>P. americanus</i>	1 SRY, 2 AML-1a	1 SRY	7,34%	4,19%
	<i>P. maxima</i>	1 SRY, 2 AML-1a	1 SRY	7,81%	3,88%
	<i>S. porcus</i>	1 SRY, 2 AML-1a	1 SRY	6,25%	5,45%
	<i>S. aurata</i>	1 SRY, 2 AML-1a	1 SRY	10,34%	3,02%
<i>P. maxima</i>	<i>A. boyeri</i>		2 Pbx-1	0,00%	2,71%
	<i>P. americanus</i>	1 Pbx-1	1 Pbx-1	2,95%	2,51%
	<i>G. aculeatus</i>	1 Pbx-1	1 Pbx-1	2,97%	2,49%
	<i>S. porcus</i>	1 Pbx-1	1 Pbx-1	2,64%	2,79%
	<i>S. aurata</i>		2 Pbx-1	0,00%	3,46%
<i>S. porcus</i>	<i>A. boyeri</i>	1 SRY, 1 AML-1a	2 SRY	6,22%	5,49%
	<i>P. americanus</i>	2 SRY, 1 AML-1a	1 SRY	5,50%	6,77%
	<i>G. aculeatus</i>	1 SRY, 1 AML-1a	2 SRY	4,46%	7,73%
	<i>P. maxima</i>	1 SRY, 1 AML-1a	2 SRY	4,95%	6,77%
	<i>S. aurata</i>	1 SRY, 1 AML-1a	2 SRY	6,49%	5,33%
<i>S. aurata</i>	<i>A. boyeri</i>	1 AML-1a	2 AML-1a, 3 CdxA	4,35%	4,28%
	<i>P. americanus</i>	1 AML-1a	2 AML-1a, 3 CdxA	1,67%	6,00%
	<i>G. aculeatus</i>	1 AML-1a	2 AML-1a, 3 CdxA	2,96%	4,67%
	<i>P. maxima</i>		3 AML-1a, 3 CdxA	0,00%	4,99%
	<i>S. porcus</i>	1 AML-1a	2 AML-1a, 3 CdxA	2,60%	4,87%

Tabella 78: elenco e numero dei fattori di trascrizione ottenuti per l'introne I117 dei teleostei Cyprinidae tramite TFSEARCH, che legano siti di legame presenti all'interno e all'esterno delle CNS negli allineamenti *pair-wise*, di cui sono indicate le specie di riferimento nella prima colonna e le specie allineate nella seconda colonna. Rapporto in percentuale tra il numero totale di nucleotidi (NT) appartenenti al sito di legame per fattori di trascrizione presenti all'interno delle CNS e il numero totale di nucleotidi (NT) che compongono le CNS; nell'ultima colonna è riportato il rapporto in percentuale tra il numero totale di nucleotidi (NT) appartenenti al sito di legame per fattori di trascrizione presenti all'esterno delle CNS e il numero totale di nucleotidi (NT) che sono esclusi dalle CNS.

INTRONE I117					
SPECIE DI RIFERIMENTO	SPECIE ALLINEATA	FATTORI TRASCRIZIONE ALL'INTERNO CNS	FATTORI TRASCRIZIONE ALL'ESTERNO CNS	RAPPORTO NT SITI LEGAME INTERNI CNS/ NT CNS	RAPPORTO NT SITI LEGAME ESTERNI CNS/ NT ESTERNI CNS
B. plebejus	<i>C. genei</i>		1 SRY, 2 CdxA	0,00%	2,52%
	<i>P. phoxinus</i>		1 SRY, 2 CdxA	0,00%	2,52%
	<i>R. amarus</i>	1 CdxA	1 SRY, 1 CdxA	4,29%	2,13%
	<i>R. aula</i>		1 SRY, 2 CdxA	0,00%	2,52%
	<i>R. rutilus</i>		1 SRY, 2 CdxA	0,00%	2,52%
	<i>D. rerio</i>	1 CdxA	1 SRY, 1 CdxA	6,09%	2,01%
R. amarus	<i>B. plebejus</i>		1 CdxA	0,00%	1,53%
	<i>C. genei</i>		1 CdxA	0,00%	1,53%
	<i>P. phoxinus</i>		1 CdxA	0,00%	1,53%
	<i>R. aula</i>		1 CdxA	0,00%	1,96%
	<i>R. rutilus</i>		1 CdxA	0,00%	1,96%
	<i>D. rerio</i>		1 CdxA	0,00%	1,53%
D. rerio	<i>B. plebejus</i>		3 CdxA, 1 Pbx-1, 1 AML-1a	0,00%	2,02%
	<i>C. genei</i>		3 CdxA, 1 Pbx-1, 1 AML-1a	0,00%	1,89%
	<i>P. phoxinus</i>		3 CdxA, 1 Pbx-1, 1 AML-1a	0,00%	1,89%
	<i>R. amarus</i>		3 CdxA, 1 Pbx-1, 1 AML-1a	0,00%	1,89%
	<i>R. aula</i>		3 CdxA, 1 Pbx-1, 1 AML-1a	0,00%	1,89%
	<i>R. rutilus</i>		3 CdxA, 1 Pbx-1, 1 AML-1a	0,00%	1,89%

Tabella 79: nucleotidi totali (NT) che compongono gli elementi ripetuti delle sequenze introniche dei mammiferi e rapporto in percentuale tra questo valore e la lunghezza di ogni introne. I dati sulle sequenze ripetute sono stati ottenuti tramite mreps.

SPECIE	NT ELEMENTI RIPETUTI	RAPPORTO NT ELEMENTI RIPETUTI / LUNGH. INTRONE	SPECIE	NT ELEMENTI RIPETUTI	RAPPORTO NT ELEMENTI RIPETUTI / LUNGH. INTRONE
INTRONE I191			INTRONE I117		
<i>H. sapiens</i>	928	2,45%	<i>H. sapiens</i>	1050	1,66%
<i>C. familiaris</i>	827	2,79%	<i>C. familiaris</i>	1023	2,15%
<i>M. mulatta</i>	959	2,79%	<i>M. mulatta</i>	1247	2,05%
<i>M. musculus</i>	1539	4,15%	<i>M. musculus</i>	3826	5,25%
<i>M. domestica</i>	583	1,30%	<i>M. domestica</i>	1088	1,93%
<i>B. taurus</i>	423	1,32%	<i>B. taurus</i>	1045	1,64%
			<i>O. cuniculus</i>	101	1,42%
INTRONE I139			INTRONE I336		
<i>H. sapiens</i>	828	1,68%	<i>H. sapiens</i>	1239	1,85%
<i>C. familiaris</i>	1220	3,15%	<i>C. familiaris</i>	2258	2,89%
<i>M. mulatta</i>	826	1,91%	<i>M. mulatta</i>	1131	1,66%
<i>M. musculus</i>	912	3,06%	<i>M. musculus</i>	4419	5,39%
<i>M. domestica</i>	852	2,17%	<i>M. domestica</i>	2800	2,77%
			<i>O. cuniculus</i>	68	0,82%
INTRONE I134			INTRONE I184		
<i>H. sapiens</i>	406	1,22%	<i>H. sapiens</i>	122	2,93%
<i>M. mulatta</i>	319	0,96%	<i>M. musculus</i>	73	2,30%
<i>M. musculus</i>	1142	4,00%	<i>M. domestica</i>	107	2,08%
<i>M. domestica</i>	512	1,18%	<i>O. princeps</i>	16	0,43%
<i>E. telfairi</i>	55	0,90%			

Tabella 80: nucleotidi totali (NT) che compongono gli elementi ripetuti delle sequenze introniche dei teleostei e rapporto in percentuale tra questo valore e la lunghezza di ogni introne. I dati sulle sequenze ripetute sono stati ottenuti tramite mreps.

SPECIE	ELEMENTI RIPETUTI (nt)	RAPPORTO (nt) ELEMENTI RIPETUTI / LUNGHEZZA INTRONE
<i>A. boyeri</i>	10	1,96%
<i>B. plebejus</i>	28	3,07%
<i>C. genei</i>	0	0,00%
<i>D. rerio</i>	124	6,70%
<i>P. americanus</i>	0	0,00%
<i>G. aculeatus</i>	0	0,00%
<i>P. phoxinus</i>	21	2,88%
<i>O. latipes</i>	0	0,00%
<i>P. maxima</i>	18	3,05%
<i>R. amarus</i>	0	0,00%
<i>R. aula</i>	0	0,00%
<i>R. rutilus</i>	0	0,00%
<i>S. porcus</i>	0	0,00%
<i>S. aurata</i>	0	0,00%
<i>T. rubripes</i>	23	5,69%

Tabella 81: rapporto tra i nucleotidi (NT) degli elementi ripetuti all'interno e all'esterno delle CNS rispetto ai nucleotidi totali degli elementi ripetuti, per ogni allineamento *pair-wise* dell'introne I117 dei teleostei, di cui è indicata la specie di riferimento e le specie allineate. Nelle due ultime colonne: rapporto in percentuale tra il numero totale di nucleotidi (NT) appartenenti agli elementi ripetuti presenti all'interno delle CNS e il numero totale di nucleotidi (NT) che compongono le CNS e infine, rapporto in percentuale tra il numero totale di nucleotidi (NT) degli elementi ripetuti all'esterno delle CNS e il numero totale di nucleotidi (NT) che sono esclusi dalle CNS.

INTRONE I117					
SPECIE DI RIFERIMENTO	SPECIE ALLINEATA	RAPPORTO NT ELEMENTI RIPETUTI ALL'INTERNO CNS/ NT ELEMENTI RIPETUTI TOTALI	RAPPORTO NT ELEMENTI RIPETUTI ALL'ESTERNO CNS/ NT ELEMENTI RIPETUTI TOTALI	RAPPORTO NT ELEMENTI RIPETUTI ALL'INTERNO CNS/ NT CNS	RAPPORTO NT ELEMENTI RIPETUTI ALL'ESTERNO CNS/ NT ESTERNI CNS
<i>P. phoxinus</i>	<i>R. aula</i>	42,86%	57,14%	3,56%	2,52%
	<i>R. rutilus</i>	42,86%	57,14%	3,56%	2,52%

Tabella 82: rapporto tra i nucleotidi (NT) degli elementi ripetuti all'interno e all'esterno delle CNS rispetto ai nucleotidi totali ripetuti, per ogni allineamento *pair-wise* dell'introne I117. Nelle due ultime colonne: rapporto in percentuale tra il numero totale di nucleotidi (NT) appartenenti agli elementi ripetuti presenti all'interno delle CNS e il numero totale di nucleotidi (NT) delle CNS e infine, rapporto in percentuale tra il numero totale di nucleotidi (NT) degli elementi ripetuti all'esterno delle CNS e il numero totale di nucleotidi (NT) che sono esclusi dalle CNS. Tali rapporti non sono stati calcolati per le CNS restituite dagli allineamenti tra *H. sapiens* e *M. mulatta* (identificati dall'asterisco).

INTRONE I117					
SPECIE DI RIFERIMENTO	SPECIE ALLINEATA	RAPPORTO NT ELEMENTI RIPETUTI ALL'INTERNO CNS/ NT ELEMENTI RIPETUTI TOTALI	RAPPORTO NT ELEMENTI RIPETUTI ALL'ESTERNO CNS/ NT ELEMENTI RIPETUTI TOTALI	RAPPORTO NT ELEMENTI RIPETUTI ALL'INTERNO CNS/ NT CNS	RAPPORTO NT ELEMENTI RIPETUTI ALL'ESTERNO CNS/ NT ESTERNI CNS
B. taurus	<i>H. sapiens</i>	16,27%	83,73%	0,83%	2,02%
	<i>M. mulatta</i>	10,05%	89,95%	0,52%	2,15%
	<i>M. domestica</i>	0,00%	100,00%	0,00%	1,68%
	<i>M. musculus</i>	0,00%	100,00%	0,00%	1,70%
	<i>O. cuniculus</i>	0,00%	100,00%	0,00%	1,65%
	<i>C. familiaris</i>	17,32%	82,68%	0,78%	2,12%
C. familiaris	<i>H. sapiens</i>	22,58%	77,42%	0,74%	4,86%
	<i>M. mulatta</i>	19,75%	80,25%	0,67%	4,68%
	<i>M. domestica</i>	1,76%	98,24%	0,58%	2,26%
	<i>M. musculus</i>	3,71%	96,29%	0,53%	2,44%
	<i>O. cuniculus</i>	0,98%	99,02%	1,42%	2,16%
	<i>B. taurus</i>	17,40%	82,60%	0,77%	3,46%
H. sapiens	<i>C. familiaris</i>	25,90%	74,10%	0,87%	2,42%
	<i>M. mulatta</i>	83,33%	16,67%	*	*
	<i>M. domestica</i>	4,38%	95,62%	1,36%	1,67%
	<i>M. musculus</i>	9,71%	90,29%	0,88%	1,83%
	<i>O. cuniculus</i>	0,00%	100,00%	0,00%	1,69%
	<i>B. taurus</i>	12,48%	87,52%	0,64%	2,14%
M. mulatta	<i>C. familiaris</i>	32,72%	67,28%	1,36%	2,72%
	<i>H. sapiens</i>	91,58%	8,42%	*	*
	<i>M. domestica</i>	2,81%	97,19%	1,23%	2,09%
	<i>M. musculus</i>	9,54%	90,46%	1,45%	2,14%
	<i>O. cuniculus</i>	0,80%	99,20%	1,09%	2,06%
	<i>B. taurus</i>	16,52%	83,48%	1,02%	2,57%
M. domestica	<i>C. familiaris</i>	1,56%	98,44%	0,56%	2,01%
	<i>H. sapiens</i>	2,30%	97,70%	0,75%	2,01%
	<i>M. mulatta</i>	1,75%	98,25%	0,67%	2,00%
	<i>M. musculus</i>	0,18%	99,82%	0,10%	2,00%
	<i>O. cuniculus</i>	0,00%	100,00%	0,00%	1,93%
	<i>B. taurus</i>	1,56%	98,44%	1,04%	1,96%
M. musculus	<i>C. familiaris</i>	0,73%	99,27%	0,39%	5,77%
	<i>H. sapiens</i>	1,80%	98,20%	0,59%	6,13%
	<i>M. mulatta</i>	1,75%	98,25%	0,82%	5,81%
	<i>M. domestica</i>	0,71%	99,29%	1,29%	5,37%
	<i>O. cuniculus</i>	0,00%	100,00%	0,00%	5,25%
	<i>B. taurus</i>	0,68%	99,32%	1,08%	5,39%
O. cuniculus	<i>C. familiaris</i>	14,85%	85,15%	2,14%	1,34%
	<i>H. sapiens</i>	14,85%	85,15%	1,31%	1,44%
	<i>M. mulatta</i>	25,74%	74,26%	2,81%	1,21%
	<i>M. domestica</i>	0,00%	100,00%	0,00%	1,42%
	<i>M. musculus</i>	0,00%	100,00%	0,00%	1,42%
	<i>B. taurus</i>	0,00%	100,00%	0,00%	1,57%

Tabella 83: rapporto tra i nucleotidi (NT) degli elementi ripetuti all'interno e all'esterno delle CNS rispetto ai nucleotidi totali degli elementi ripetuti, per ogni allineamento *pair-wise* dell'introne I117, di cui sono indicate le specie di riferimento e le specie allineate. Nelle due ultime colonne: rapporto in percentuale tra il numero totale di nucleotidi (NT) appartenenti agli elementi ripetuti presenti all'interno delle CNS e il numero totale di nucleotidi (NT) che compongono le CNS e infine, rapporto in percentuale tra il numero totale di nucleotidi (NT) degli elementi ripetuti all'esterno delle CNS e il numero totale di nucleotidi (NT) che sono esclusi dalle CNS. Tali rapporti non sono stati calcolati per le CNS restituite dagli allineamenti tra *H. sapiens* e *M. mulatta* (identificati dall'asterisco) in quanto, a causa dell'elevata conservazione riscontrata, il numero di nucleotidi al di fuori delle CNS risulta talmente basso che i rapporti darebbero un valore numerico del tutto scostato dalla realtà.

INTRONE I191

SPECIE DI RIFERIMENTO	SPECIE ALLINEATA	RAPPORTO NT	RAPPORTO NT	RAPPORTO NT	RAPPORTO NT
		ELEMENTI RIPETUTI ALL'INTERNO CNS/ NT ELEMENTI RIPETUTI TOTALI	ELEMENTI RIPETUTI ALL'ESTERNO CNS/ NT ELEMENTI RIPETUTI TOTALI	ELEMENTI RIPETUTI ALL'INTERNO CNS/ NT CNS	ELEMENTI RIPETUTI ALL'ESTERNO CNS/ NT ESTERNI CNS
<i>B. taurus</i>	<i>H. sapiens</i>	11,35%	88,65%	0,26%	2,81%
	<i>M. mulatta</i>	16,08%	83,92%	0,42%	2,25%
	<i>M. domestica</i>	0,00%	100,00%	0,00%	1,36%
	<i>M. musculus</i>	6,15%	93,85%	0,51%	1,47%
	<i>C. familiaris</i>	16,31%	83,69%	0,47%	2,05%
<i>H. sapiens</i>	<i>B. taurus</i>	12,72%	87,28%	0,63%	4,26%
	<i>M. mulatta</i>	72,74%	27,26%	*	*
	<i>M. domestica</i>	8,41%	91,59%	5,44%	2,33%
	<i>M. musculus</i>	4,74%	95,26%	0,60%	2,90%
	<i>C. familiaris</i>	15,09%	84,91%	0,80%	3,87%
<i>M. mulatta</i>	<i>B. taurus</i>	11,68%	88,32%	0,69%	4,69%
	<i>H. sapiens</i>	87,38%	12,62%	*	*
	<i>M. domestica</i>	0,00%	100,00%	0,00%	2,91%
	<i>M. musculus</i>	3,86%	96,14%	0,57%	3,30%
	<i>C. familiaris</i>	17,10%	82,90%	0,98%	4,49%
<i>M. domestica</i>	<i>B. taurus</i>	0,00%	100,00%	0,00%	1,33%
	<i>H. sapiens</i>	0,00%	100,00%	0,00%	1,34%
	<i>M. mulatta</i>	3,09%	96,91%	1,27%	1,30%
	<i>M. musculus</i>	0,00%	100,00%	0,00%	1,31%
	<i>C. familiaris</i>	0,00%	100,00%	0,00%	1,34%
<i>M. musculus</i>	<i>B. taurus</i>	3,96%	96,04%	1,20%	4,62%
	<i>H. sapiens</i>	3,18%	96,82%	0,64%	5,08%
	<i>M. mulatta</i>	3,18%	96,82%	0,77%	4,86%
	<i>M. domestica</i>	0,00%	100,00%	0,00%	4,21%
	<i>C. familiaris</i>	3,18%	96,82%	1,59%	4,39%
<i>C. familiaris</i>	<i>B. taurus</i>	19,83%	80,17%	1,10%	4,49%
	<i>H. sapiens</i>	20,80%	79,20%	0,97%	5,48%
	<i>M. mulatta</i>	22,25%	77,75%	1,10%	4,96%
	<i>M. domestica</i>	0,73%	99,27%	0,42%	2,91%
	<i>M. musculus</i>	3,26%	96,74%	0,87%	3,02%

Tabella 84: rapporto tra i nucleotidi (NT) degli elementi ripetuti all'interno e all'esterno delle CNS rispetto ai nucleotidi totali degli elementi ripetuti, per ogni allineamento *pair-wise* dell'introne I139, di cui sono indicate le specie di riferimento e le specie allineate. Nelle due ultime colonne: rapporto in percentuale tra il numero totale di nucleotidi (NT) appartenenti agli elementi ripetuti presenti all'interno delle CNS e il numero totale di nucleotidi (NT) che compongono le CNS e infine, rapporto in percentuale tra il numero totale di nucleotidi (NT) degli elementi ripetuti all'esterno delle CNS e il numero totale di nucleotidi (NT) che sono esclusi dalle CNS. Tali rapporti non sono stati calcolati per le CNS restituite dagli allineamenti tra *H. sapiens* e *M. mulatta* (identificati dall'asterisco) in quanto, a causa dell'elevata conservazione riscontrata, il numero di nucleotidi al di fuori delle CNS risulta talmente basso che i rapporti darebbero un valore numerico del tutto scostato dalla realtà.

INTRONE I139

SPECIE DI RIFERIMENTO	SPECIE ALLINEATA	RAPPORTO NT ELEMENTI RIPETUTI ALL'INTERNO CNS/ NT ELEMENTI RIPETUTI TOTALI	RAPPORTO NT ELEMENTI RIPETUTI ALL'ESTERNO CNS/ NT ELEMENTI RIPETUTI TOTALI	RAPPORTO NT ELEMENTI RIPETUTI ALL'INTERNO CNS/ NT CNS	RAPPORTO NT ELEMENTI RIPETUTI ALL'ESTERNO CNS/ NT ESTERNI CNS
<i>C. familiaris</i>	<i>H. sapiens</i>	10,33%	89,67%	0,55%	6,95%
	<i>M. mulatta</i>	10,82%	89,18%	0,58%	6,72%
	<i>M. domestica</i>	0,00%	100,00%	0,00%	3,28%
	<i>M. musculus</i>	2,05%	97,95%	0,72%	3,38%
<i>H. sapiens</i>	<i>C. familiaris</i>	25,97%	74,03%	0,94%	2,34%
	<i>M. mulatta</i>	89,98%	10,02%	*	*
	<i>M. domestica</i>	3,38%	96,62%	1,43%	1,69%
	<i>M. musculus</i>	6,16%	93,84%	1,25%	1,72%
<i>M. mulatta</i>	<i>C. familiaris</i>	23,73%	0,00%	0,87%	0,00%
	<i>H. sapiens</i>	14,04%	85,96%	*	*
	<i>M. domestica</i>	2,18%	97,82%	0,90%	1,96%
	<i>M. musculus</i>	8,23%	91,77%	1,51%	1,95%
<i>M. domestica</i>	<i>C. familiaris</i>	0,00%	100,00%	0,00%	2,26%
	<i>H. sapiens</i>	0,00%	100,00%	0,00%	2,29%
	<i>M. mulatta</i>	0,00%	100,00%	0,00%	2,29%
	<i>M. musculus</i>	0,00%	100,00%	0,00%	2,24%
<i>M. musculus</i>	<i>C. familiaris</i>	12,39%	87,61%	3,26%	3,03%
	<i>H. sapiens</i>	1,86%	98,14%	0,41%	3,49%
	<i>M. mulatta</i>	9,54%	90,46%	1,95%	3,25%
	<i>M. domestica</i>	0,00%	100,00%	0,00%	3,18%

Tabella 85: rapporto tra i nucleotidi (NT) degli elementi ripetuti all'interno e all'esterno delle CNS rispetto ai nucleotidi totali degli elementi ripetuti, per ogni allineamento *pair-wise* dell'introne I184, di cui sono indicate le specie di riferimento e le specie allineate. Nelle due ultime colonne: rapporto in percentuale tra il numero totale di nucleotidi (NT) appartenenti agli elementi ripetuti presenti all'interno delle CNS e il numero totale di nucleotidi (NT) che compongono le CNS e infine, rapporto in percentuale tra il numero totale di nucleotidi (NT) degli elementi ripetuti all'esterno delle CNS e il numero totale di nucleotidi (NT) che sono esclusi dalle CNS.

INTRONE I184					
SPECIE DI RIFERIMENTO	SPECIE ALLINEATA	RAPPORTO NT ELEMENTI RIPETUTI ALL'INTERNO CNS/ NT ELEMENTI RIPETUTI TOTALI	RAPPORTO NT ELEMENTI RIPETUTI ALL'ESTERNO CNS/ NT ELEMENTI RIPETUTI TOTALI	RAPPORTO NT ELEMENTI RIPETUTI ALL'INTERNO CNS/ NT CNS	RAPPORTO NT ELEMENTI RIPETUTI ALL'ESTERNO CNS/ NT ESTERNI CNS
<i>H. sapiens</i>	<i>M. domestica</i>	0,00%	100,00%	0,00%	2,93%
	<i>M. musculus</i>	0,00%	100,00%	0,00%	3,04%
	<i>O. princeps</i>	3,28%	96,72%	0,59%	3,39%
<i>M. musculus</i>	<i>H. sapiens</i>	0,00%	100,00%	0,00%	2,42%
	<i>M. domestica</i>	0,00%	100,00%	0,00%	2,30%
	<i>O. princeps</i>	0,00%	100,00%	0,00%	2,30%
<i>O. princeps</i>	<i>H. sapiens</i>	0,00%	100,00%	0,00%	0,53%
	<i>M. domestica</i>	0,00%	100,00%	0,00%	0,43%
	<i>M. musculus</i>	0,00%	100,00%	0,00%	0,43%
<i>M. domestica</i>	<i>H. sapiens</i>	0,00%	100,00%	0,00%	2,08%
	<i>M. musculus</i>	0,00%	100,00%	0,00%	2,08%
	<i>O. princeps</i>	0,00%	100,00%	0,00%	2,08%

Tabella 86: rapporto tra i nucleotidi (NT) degli elementi ripetuti all'interno e all'esterno delle CNS rispetto ai nucleotidi totali degli elementi ripetuti, per ogni allineamento *pair-wise* dell'introne I336, di cui sono indicate le specie di riferimento e le specie allineate. Nelle due ultime colonne: rapporto in percentuale tra il numero totale di nucleotidi (NT) appartenenti agli elementi ripetuti presenti all'interno delle CNS e il numero totale di nucleotidi (NT) che compongono le CNS e infine, rapporto in percentuale tra il numero totale di nucleotidi (NT) degli elementi ripetuti all'esterno delle CNS e il numero totale di nucleotidi (NT) che sono esclusi dalle CNS. Tali rapporti non sono stati calcolati per le CNS restituite dagli allineamenti tra *H. sapiens* e *M. mulatta* (identificati dall'asterisco) in quanto, a causa dell'elevata conservazione riscontrata, il numero di nucleotidi al di fuori delle CNS risulta talmente basso che i rapporti darebbero un valore numerico del tutto scostato dalla realtà.

INTRONE I336

SPECIE DI RIFERIMENTO	SPECIE ALLINEATA	RAPPORTO NT ELEMENTI RIPETUTI ALL'INTERNO CNS/ NT ELEMENTI RIPETUTI TOTALI	RAPPORTO NT ELEMENTI RIPETUTI ALL'ESTERNO CNS/ NT ELEMENTI RIPETUTI TOTALI	RAPPORTO NT ELEMENTI RIPETUTI ALL'INTERNO CNS/ NT CNS	RAPPORTO NT ELEMENTI RIPETUTI ALL'ESTERNO CNS/ NT ESTERNI CNS
<i>C. familiaris</i>	<i>H. sapiens</i>	11,03%	88,97%	0,58%	5,71%
	<i>M. mulatta</i>	11,47%	88,53%	0,62%	5,46%
	<i>M. domestica</i>	0,93%	99,07%	0,86%	2,95%
	<i>M. musculus</i>	2,08%	97,92%	0,75%	3,08%
	<i>O. cuniculus</i>	0,00%	100,00%	0,00%	3,00%
<i>H. sapiens</i>	<i>C. familiaris</i>	31,64%	68,36%	0,91%	3,54%
	<i>M. mulatta</i>	80,06%	19,94%	*	*
	<i>M. domestica</i>	1,45%	98,55%	0,64%	1,90%
	<i>M. musculus</i>	7,18%	92,82%	1,09%	1,95%
<i>M. mulatta</i>	<i>O. cuniculus</i>	1,13%	98,87%	0,27%	1,98%
	<i>C. familiaris</i>	35,10%	64,90%	0,95%	2,76%
	<i>H. sapiens</i>	5,75%	94,25%	*	*
	<i>M. domestica</i>	0,09%	99,91%	0,05%	1,71%
	<i>M. musculus</i>	4,51%	95,49%	0,65%	1,79%
<i>M. domestica</i>	<i>O. cuniculus</i>	0,09%	99,91%	0,02%	1,80%
	<i>C. familiaris</i>	0,25%	99,75%	0,29%	2,83%
	<i>H. sapiens</i>	0,50%	99,50%	0,50%	2,83%
	<i>M. mulatta</i>	0,00%	100,00%	0,00%	2,82%
	<i>M. musculus</i>	10,89%	89,11%	25,06%	2,50%
<i>M. musculus</i>	<i>O. cuniculus</i>	0,50%	99,50%	2,84%	2,77%
	<i>C. familiaris</i>	0,75%	99,25%	0,53%	5,79%
	<i>H. sapiens</i>	1,04%	98,96%	0,56%	5,93%
	<i>M. mulatta</i>	1,31%	98,69%	0,73%	5,88%
	<i>M. domestica</i>	1,22%	98,78%	4,43%	5,40%
<i>O. cuniculus</i>	<i>O. cuniculus</i>	0,34%	99,66%	2,23%	5,41%
	<i>C. familiaris</i>	8,82%	91,18%	0,21%	1,13%
	<i>H. sapiens</i>	26,47%	73,53%	0,34%	1,67%
	<i>M. mulatta</i>	23,53%	76,47%	0,30%	1,77%
<i>M. domestica</i>	<i>M. domestica</i>	0,00%	100,00%	0,00%	0,87%
	<i>M. musculus</i>	0,00%	100,00%	0,00%	0,89%

Tabella 87: rapporto tra i nucleotidi (NT) degli elementi ripetuti all'interno e all'esterno delle CNS rispetto ai nucleotidi totali degli elementi ripetuti, per ogni allineamento *pair-wise* dell'introne I134, di cui sono indicate le specie di riferimento e le specie allineate. Nelle due ultime colonne: rapporto in percentuale tra il numero totale di nucleotidi (NT) appartenenti agli elementi ripetuti presenti all'interno delle CNS e il numero totale di nucleotidi (NT) che compongono le CNS e infine, rapporto in percentuale tra il numero totale di nucleotidi (NT) degli elementi ripetuti all'esterno delle CNS e il numero totale di nucleotidi (NT) che sono esclusi dalle CNS. Tali rapporti non sono stati calcolati per le CNS restituite dagli allineamenti tra *H. sapiens* e *M. mulatta* (identificati dall'asterisco) in quanto, a causa dell'elevata conservazione riscontrata, il numero di nucleotidi al di fuori delle CNS risulta talmente basso che i rapporti darebbero un valore numerico del tutto scostato dalla realtà.

INTRONE I134

SPECIE DI RIFERIMENTO	SPECIE ALLINEATA	RAPPORTO NT ELEMENTI RIPETUTI ALL'INTERNO CNS/ NT ELEMENTI RIPETUTI TOTALI	RAPPORTO NT ELEMENTI RIPETUTI ALL'ESTERNO CNS/ NT ELEMENTI RIPETUTI TOTALI	RAPPORTO NT ELEMENTI RIPETUTI ALL'INTERNO CNS/ NT CNS	RAPPORTO NT ELEMENTI RIPETUTI ALL'ESTERNO CNS/ NT ESTERNI CNS
<i>E. telfairi</i>	<i>H. sapiens</i>	0,00%	100,00%	0,00%	0,98%
	<i>M. mulatta</i>	0,00%	100,00%	0,00%	1,00%
	<i>M. domestica</i>	0,00%	100,00%	0,00%	0,97%
	<i>M. musculus</i>	0,00%	100,00%	0,00%	0,93%
<i>H. sapiens</i>	<i>E. telfari</i>	0,00%	100,00%	0,00%	1,24%
	<i>M. mulatta</i>	100,00%	0,00%	1,23%	0,00%
	<i>M. domestica</i>	5,42%	94,58%	1,90%	1,20%
	<i>M. musculus</i>	4,19%	95,81%	0,47%	1,31%
<i>M. mulatta</i>	<i>H. sapiens</i>	100,00%	0,00%	0,97%	0,00%
	<i>E. telfari</i>	0,00%	100,00%	0,00%	0,98%
	<i>M. domestica</i>	0,63%	99,37%	0,17%	0,99%
	<i>M. musculus</i>	0,00%	100,00%	0,00%	1,10%
<i>M. domestica</i>	<i>E. telfari</i>	0,00%	100,00%	0,00%	1,19%
	<i>H. sapiens</i>	0,00%	100,00%	0,00%	1,21%
	<i>M. mulatta</i>	0,00%	100,00%	0,00%	1,21%
	<i>M. musculus</i>	0,00%	100,00%	0,00%	1,20%
<i>M. musculus</i>	<i>E. telfari</i>	0,00%	100,00%	0,00%	4,04%
	<i>H. sapiens</i>	0,00%	100,00%	0,00%	4,58%
	<i>M. mulatta</i>	0,09%	99,91%	0,02%	4,70%
	<i>M. domestica</i>	0,00%	100,00%	0,00%	4,09%

Tabella 88: identificazione degli elementi ripetuti nelle sequenze introniche dei teleostei, ottenuti mediante il programma mreps. Sono riportati il numero e la posizione in nucleotidi dal 5'- terminale dei microsatelliti classificati in interrotti, composti e puri.

SPECIE	MICROSATELLITI				
	INTERROTTI		COMPOSTI		PURI
	N°	POSIZIONE	N°	POSIZIONE	N°
<i>A. boyeri</i>					1
<i>B. plebejus</i>	1	459-476			1
<i>D. rerio</i>	1	1686-1708			2
<i>P. phoxinus</i>					1
<i>P. maxima</i>	1	154-171			
<i>T. rubripes</i>					2

Tabella 89: identificazione degli elementi ripetuti nelle sequenze introniche dei mammiferi, ottenuti tramite mreps. Sono riportati il numero dei minisatelliti, il numero e la posizione in nucleotidi dal 5'-terminale dei microsattelliti classificati in interrotti, composti e puri.

INTRONE	SPECIE	MICROSATELLITI					MINI SATELLITI	
		INTERROTTI		COMPOSTI		PURI		
		N°	POSIZIONE	N°	POSIZIONE	N°	N°	
I191	<i>B. taurus</i>					18	7	
	<i>C. familiaris</i>	1	16922-16958	1	10422-10460	36	9	
	<i>H. sapiens</i>	2	5692-5717, 7242-7288	3	14695-14728, 28056-28082, 37221-37250	31	10	
	<i>M. mulatta</i>	1	24662-24782	3	5563-5608, 8770-8802, 31715-31742	33	8	
	<i>M. domestica</i>			3	174448-17494, 22269-22292, 29318-29346	21	9	
	<i>M. musculus</i>	1	8046-8079	2	6124-6168, 29298-29338	41	16	
I117	<i>B. taurus</i>			2	36504-36530, 57130-57164	46	11	
	<i>C. familiaris</i>			3	5376-5427, 28976-29009, 35666-35686	42	11	
	<i>H. sapiens</i>	1	17614-17646	5	35066-35099, 40151-40174, 43645-43666, 54435-54460, 62620-62645	37	13	
	<i>M. mulatta</i>	1	14443-14474			51	17	
	<i>M. domestica</i>	1	35468-35558	1	8311-8338	37	15	
	<i>M. musculus</i>	3	19420-19489, 19609-19689, 23031-23251	3	19813-19905, 23612-23633, 43862-43909	60	50	
	<i>O. cuniculus</i>					5	1	
I336	<i>C. familiaris</i>	1	31321-32173	7	4961-4989, 18015-18034, 38762-38787, 40087-40116, 46571-46592, 53618-53645, 64633-64661	84	24	
	<i>H. sapiens</i>			3	41033-41055, 52563-52583, 66377-66401	50	16	
	<i>M. mulatta</i>			2	39728-39749, 42714-42734	48	8	
	<i>M. domestica</i>			8	40688-40712, 58019-58232, 71226-71250, 71264-71288, 71334-71374, 84441-84518, 92293-92319, 92417-92438	81	26	
	<i>M. musculus</i>	4	15715-15845, 41015-41111, 64427-66428, 73244-73305	6	19408-19467, 24847-24889, 31510-31567, 69047-69082, 80866-80902, 81212-81255	109	54	
	<i>O. cuniculus</i>					3	1	
I139	<i>C. familiaris</i>			2	26940-26964, 33016-33060	65	13	
	<i>H. sapiens</i>					37	11	
	<i>M. mulatta</i>			1	11319-11342	33	10	
	<i>M. domestica</i>			2	16466-16487, 17190-17212	33	10	
	<i>M. musculus</i>			3	12122-12168, 12187-12209, 29020-29076	27	9	
I134	<i>E. telfairi</i>					3		
	<i>H. sapiens</i>	3	611-649, 23298-23326, 32207-32246			9	7	
	<i>M. mulatta</i>	1	32097-32119			10	3	
	<i>M. domestica</i>					26	4	
	<i>M. musculus</i>	1	2302-2334	1	13949-14241	21	20	
I184	<i>H. sapiens</i>					6	1	
	<i>M. domestica</i>					5	1	
	<i>M. musculus</i>					3	1	
	<i>O. princeps</i>						1	

I117 di *Atherina boyeri*

```
GTGAGCAGGAACACTAACAGAAATGTTTTTTTTTTGTTGTTTTTTCCACGTGCAGTTTGT 60
CTGATGTGGGGTCTCTTTATTTGAACCTGTTTCCCTTTTTTTATCAGCAGCACTTTATTT 120
TTGGCTTTTCATTTTCACAATTCAAAATTCACAATCTAGTATCACTTCTCTCTCATCATAA 180
AAAAGAAAAAAAAAATACCAGTGATCACTTCTGGCTTGTATTAAAAGAATATTGGCACGA 240
ATATCAAAGTGCTGGTGGATACAGATAAGCTCGAACCTTAACATGACCTTGACAATTTTT 300
CCTTTTAAGGAATAAAGTTTCTGATTATTACACACCAACATTTTTGTTTTTCATACCTCTT 360
GAATCTCTTAGTCATCTATGTTATCTTCAGGTTTTAGACTTTGTGGTAAAAACCGGAAAT 420
TAAGTCTGATGGTTTACATGCAAAAAGTCCGTGTGTGGAGTCTTTTCTGTAGTTGGGGCTA 480
TGTTTTCTTAAGTTCCTGTGTCCTTAAG 509
```

Fig. 46: sequenza nucleotidica dell'introne I117 dell'ER α di *A. boyeri*, ottenuta con i primer ER-Ms-F e ER-Ab-R.

I117 di *Chondrostoma genei*

```
GTACATCAAGTATATTCCTACTTTTTCTTCCCTTTCTCTCTCTTAAAGTCTCACATAAAC 60
ATGACCTCCATCACAATCATGATTTAAGCCTATAGGCCTATGTGTGTGTTAAATGTAAG 120
TGAAATATACACACATATACAAAAAGGCATGTCTCCCATCAACTACCTCATATAATCAGG 180
ATGTGACAAGCTTGTTCACGTGTACCGCACAGGCTTTCATCTTTCTCTTTTTTCAAATTG 240
TTTGGCCCGCATCTTTTCCATTGCAG 266
```

Fig. 47: sequenza nucleotidica dell'introne I117 dell'ER α di *C. genei*, ottenuta con i primer ER-Ip-F e ER-2R.

I117 di *Barbus plebejus*

```
GAGGTACATAAAAGATTTCTCTTCCCTTCTCTCTTTATTTCTCACATACACACATGCA 60
TCTGTCATGATCTCCACATTTAAAGCAGCATCTAGAGTAGAGTTTCCCCTACTTCTGTC 120
TAGGGTTGGGCAACATTCAGAAATTAATAATGGACTCCCTTTCAATTAATGCGTAAATTT 180
GAATGGAATTGGTCACAACAGTGAATCTTATGGCTACACCATGGTATTACAGGTGATTTT 240
CATCTCTTTTTTTCCACAAGGTGGAACAAATCTGCCTTCATTCAATGGATTTTTAAATACT 300
TTTGCTCTATTTTTAAGTTAAATACTGCATTAATTGAAAAAGTATATATTTTTAATAATT 360
TGTTTTACATTTTATACTGAAAATAGTCCATTTAGATATGAATATTAATTAGTAACATGA 420
AATACAATTAATTTGCTCAATGTTAAAGAAAAAACATTGAAATGAAATGAAATGATTAC 480
ACAATTACGGCCTCCTGTCTGTTTTGACCAGCGACCAACACAAGTGTGACTCCCAAATGA 540
ACAATATCAGAGGGTTATTGTGTGAAGTAGTGCTGAAGTCCAATTAAGATATACCGAAG 600
ATCATAGTCCTCATCAATAGTGACATTAACACATTTTAGGCTTGATAATAAGAAATAT 660
GCATTGTGCACAAGTAGTACTCCAAAAAATAATTAATTAATTTTTATATCAGTAAG 720
TCTCGAGCGATTTGTCAGTAAATATGTTAACAGATTTGAACTATACTTAATATGAAATAA 780
AATTTATTTTAAATATATTACTTTTTTACTAGGGTGTTACACATGTACTGCACAGTCTTTC 840
ATTTTTCTCTGTTGTCAAATAGTTTGAAAAAAGGATACACTAAAATGAATAACCTGCATG 900
TTTCCCATTGCAG 13
```

Fig. 48: sequenza nucleotidica dell'introne I117 dell'ER α di *B. plebejus*, ottenuta con i primer ER-Ip-F, ER-Bp-INT-F e ER-2R.

I117 di *Polyprion americanus*

```
GTAATGCCAGCAGACAACAGACTTCCCATATTTTCCAAGACCTGTCTTATTTAAAAAAT 60
TTGCTTTATTTTACATGATGTTTTTTTGCAATTTGCTGTCTATTGCTAAATTCGGTTGCA 120
TTATTATTGGTTATCCTGTTTTTACTTGTFTTCATTTTTGGTTAAATTTGTTTGATTTATTT 180
TTCTGTTTGCACAATTTAGCTCTTCTGTGTATTGTTTAACTTATTTGATCGCCACATTG 240
TAACAAATTCAAAATAATAGCCTCTATCAAGCTTGTTGCTGAGAGGATTGGCACAAAT 300
ATGAGTGCTGGTGGATGCAGATAAGCTTGAGACTAACTTTAACGTGACCTTGAAGTGATT 360
TCCTCTTAAGGAGTACAACCACTGATTAACCCACCCACATCTTTGTTTTTACTACTTCT 420
TAAATCACACAGGCATCCATAGAATCTGCACTGCTGGACTTTGTCGTAGAAACAGGGTGT 480
GAAGTTACGTGTGAGTGATGAAGCCTGATGAGTTTGTATGCAGCTGTGTGCATGGATGTT 540
TGTGGGGTTTTTTTCTGTGTATGTTATTTTGTGCTAAACTCCCTGGTGTGTGCTTCAG 597
```

Fig. 49: sequenza nucleotidica dell'introne I117 dell'ER α di *P. americanus*, ottenuta con i primer ER-Ms-F e ER-Ab-R.

I117 di *Gasterosteus aculeatus*

```
GTGGGTAGACACGCTTTTTATTTGTTTTATTTTACAAAATGTACTTTTTCCAATTGGATGTC 60
ATTCACCAACATTATCCTGTTGTTTTTACTGTCATTTTATTTATTTTTCTTTTTAGCTT 120
TTTATATATTGTTTTAATGCCGGCAAATGCTCCACATTTGTATCACCTGTTCTTAAGAA 180
ATTTAAAAAAGGCCATGGATCAACCGTGGCCTTTTGTGAGAGGTTTGGCACAAAATATGA 240
GTGTCCCTGGTGGATGCAGATAAGCTCGAGACTAACTTTAACATGACCTTGAAGTTATTTT 300
CTCTTAAGGAGTACGACAACCTGATTAACACACCCACATTTTTGTTTTTACTACTTCTTG 360
AATCCCTCAGGCATCCAAGTAATCTGCACTGCTGGACTTTTGTGGTAAAAACAGGATATAC 420
AGTTATGTGTGAGCGATGTTTGTGCGGTACACGCATCTCTGGGGTTTTGTGTGTACTAAAA 480
ACCCCTTGCCGGGTGTTTAAAG 501
```

Fig. 50: sequenza nucleotidica dell'introne I117 dell'ER α di *G. aculeatus*, ottenuta con i primer ER-Ms-F e ER-Ab-R.

I117 di *Phoxinus phoxinus*

```
GGACATCAAATATATTTCTATTTCTCTCTTCTCTCTTTAAGTCTCGCATAAACA 60
TGAGCTCCCCACGATCATGATTTTAAAGCAGCCTTTTGAATGCAGAATTTAAAGGAACATG 120
CCGACTTTTTGGGACTTTAGCTTATTACCCGTATCCCTCAAAGTTAGATAAGTCCATGCA 180
TACCCTTCTCATCTCCGTGCGTGCCATAACTCTGTCTGACGCACCCACCGCTAGCCTAGC 240
TTAGCACAAAAGACTGGAGGTAAGGCTCCAGCTAGCATATTGCTCCCAATAAGTGACAG 300
AATAACGCCAACATTTTCTTATTTACATGTTGTGATTTGTATAGTACAGCGGTGACAAA 360
TAACAAGGTCACATGAGACACAGCCATCTTCTATCCGTAGACATACTGGGAACATATTTT 420
TCAGAAGGCGAAGCACTGCTATTTCTGCGGAGGGATTTGCTCGCGGCGCCTGAGAAGCCC 480
CGTGGGGAGGAGACGAGAGTTCGCTCAGAGTGTGCGCTAATCACTTCGCCCCGAGTATCA 540
GTGCTTTGCCTGTATGTGTGTGTGTGTGTGTGTTAAATGTAAATTAATATACACACA 600
TATACAAAAGGCGTGTCTCCCATTAACACTCATATAATCAGGCTGTGACAAGGTGTT 660
CACATGCACTGCACAGGCTTTCATCTTTCTTTTTTTCAAATAGTTTGGCCCCGCATCTTT 720
TCCATTGCAG 73
```

Fig. 51: sequenza nucleotidica dell'introne I117 dell'ER α di *P. phoxinus*, ottenuta con i primer ER-Ip-F e ER-2R.

I117 di *Psetta maxima*

```
GTGGGCAGGAACACCAGCAGATGGAAGATTCAAATGTGCTTTTTAATTTTGTGTTTATTT 60
GTATACTGTGTTTTGGCACATTTGTTGTTTGTAAATATGGTTGTGTTACTAGTGATCCT 120
CCTTTAGTTTTTAGCATTTCATTGACTATTTTTTCTCTTGTCTCTTGTTTTTTCTCT 180
TGTGTGCAGAAAAATAAAGCCAATTTACCTTTTGTCTCCTTTTTAACAATAATAGAATT 240
GCCACCTATCAATCAAGGCTTTTTGCGTAGAGGATCTGTGCTAATAAAAAGACTTCTGGT 300
GGATGCAGATAAGCTCGAAACCAACTTCAACCTGACCTTGAAATGATTTCTCGGAGTAC 360
AACTACTGATTAGAGCACACACGCCACATTTTTTTTTGTCCACGTACTTCTTGAATCTCA 420
CAGACATCCGTAAAAATCAACACTGCTGGATTTTATGGGAAGAACAGGATATGAAGTTAT 480
GTGTGAGTGGCTCTAGGAAGAAGCCCGATGAACGCACGTGTTAGGGAACCTGGCTGGTAT 540
TGTGTACATGAGAAGGCCTATTGCCAATTCTTTTGTATTAACTTCTGCT 590
```

Fig. 52: sequenza nucleotidica dell'introne I117 dell'ER α di *P. maxima*, ottenuta con i primer ER-Om-F e ER-4R.

I117 di *Rhodeus amarus*

```
GTACATAAAAAATATTCCTACTGTTGTCTCCATTCTCTGTCTTTAAGCCTCACATAAAC 60
ATATGCAGCTTCTGTCAGAAACTCCCTCCTGATCATGATTTAAAGGAGCTTCTAGAGGGA 120
AGTTTCCTCTACTTCTAACCAGGGTTTGGCATAATGCAGAAGTTAAGAATTCACCTCCTT 180
TCAGTTCATGAATGGCCACAACACAGGAAGATTTTGTATTATTATATACAATTTTATTTA 240
TGTTTTATTTTTCAGCTTTTCCAAGTTGGCTAATGTTAACATTAATGAACATGCGTCTGT 300
GTTCAATGTAAATTAATATATATGCATATAGAAAATCCCATCAGCCAGCTAGGCTGTGA 360
CCAGCTTGTTTAAATGCACTGTACAGGCTTTCATCTTTCAATTTTTTTTTGATTAGTTTGA 420
AAATGGAGTATAACAGCCTGCATTTTTTTTTTCACTGCAG 458
```

Fig. 53: sequenza completa degli introni I117 dell'ER α di *R. amarus*, ottenuta con i primer ER-Ip-F e ER-2R.

I117 di *Rutilus aula*

```
GTACATCAAATATATTCCTACTTTTTCTCTTCCTTTCTCTCTTTAAGTCTCACTTAAAC 60
ATGACCTCCATCACAATCATGATTTTAAGCCTATAGGCCTATGTGTGTGTTAAATGTAAA 120
TTAAATATACACACATATACAAAAAGGCATGTCTCCCATCAACTACCTCATATAATCAGG 180
CTGTGACAAGCTTGTTCACGTGTACTGCACAGGCTTTCATCTTTCTCTTTTTTCAAATTG 240
TTTGGCCACATCTTTTCCATTGCAG 266
```

Fig. 54: sequenza completa degli introni I117 dell'ER α di *R. aula*, ottenuta con i primer ER-Ip-F e ER-2R.

I117 di *Rutilus rutilus*

```
GTACATCAAATATATTCCTACTTTTTCTCTTCCTTTCTCTCTTTAAGTCTCACTTAAAC 60
ATGACCTCCATCACAATCATGATTTTAAGCCTATAGGCCTATGTGTGTGTTAAATGTAAA 120
TTAAATATACACACATATACAAAAAGGCATGTCTCCCATCAACTACCTCATATAATCAGG 180
CTGTGACAAGCTTGTTCACGTGTACTGCACAGGCTTTCATCTTTCTCTTTTTTCAAATTG 240
TTTGGCCCGCATCTTTTCCATTGCAG 266
```

Fig. 55: sequenza completa degli introni I117 dell'ER α di *R. rutilus*, ottenuta con i primer ER-Ip-F e ER-2R.

I117 di *Scorpaena porcus*

```
GTGGGTAGAAACACCAACAACACCAATCTTTTATTTCTTTGTTTTATTTGACATGGCCAT 60
TTTTTGGCAGTTTGGCTGCTATTACTAAATTCAGTTGTGTTATTGTTTTTCATCTCGCTGT 120
TTTTACTTTTTAAATTGTTAATAAGCCTGCTGATTTGTTTTTGCACCATTTTCTGTATATT 180
GTTTTTATCTCAGCAAAAATAATATTATTTGGTTGCCGTCTTCTTAACACATTTCAAAACT 240
ATTACTATCTATCAACCATGGCTTGTGCTGAGAGGATTGGCACAAATATGAGAGAGCTG 300
GTGGATGCAAGATAAGCTTGAGACTAACTTTAACATGACCTTGAAGTGATTTCTCTTAA 360
GGAGTACAACACTACTGATTAACCCACCCACATTTTGTTCATACTTCTTGAACCACAC 420
AGGCATCCATATAATCTACATTGCTGGACTTAGTGGTTAAAAACAGGATATTAAGTCATG 480
TGTGAACAATGTAGAGAAAACAAGCCTGACGAGTTTGTGTGTGTTTATGGTTTTTCTTCTC 540
TGTATTCTATTTTGTATTTAACTCCTGCT 569
```

Fig. 56: sequenza completa degli introni I117 dell'ER α di *S. porcus*, ottenuta con i primer ER-Ms-F e ER-Ab-R.

I117 di *Sparus aurata*

```
GTGGGTAGAAACACCAGCAGACAGAAGATATAACATATTTTCCAACAACATTTTCCCTTT 60
TTTTATTTTATTTTATGTTTTTTGCAACTTCTGTATATTAGTAAATGGAGTGATAGTAT 120
TATTGGATATCCTGTAGTTTTTACTTGTCTTTTTTTGGTTGAATTGTCTTAATAAAGCT 180
TATTTGGTTTTAGATTAGATTCAACTTCATTGTCATTTTACAGAGTACAGGTAATAAGAA 240
AACAGTAACGTGCAGAGTAACGTACACACAGAATATTATTAATTTCCAAAGACCTATGTT 300
AGACTTGGATAGAGTTATATAAATAACAGTGAGGGGTAAATATAAATACATTAACATAAA 360
GATGAACATGGAGATGAACCTCGCAGGACACCCCAAGAGGCCCTCAGAGGCCCGTGGTC 420
AGTTTCAGGGCAAAGTCCGATCTACGTTGGGGCCTCCCTGGACTGGACTTGTTCGGGCAC 480
ATTCGAAGGGTTCTCGATTTCAGATTGGGGTCTGAGGAACACGGAGGCCAGGTCAAAGCCT 540
GGTTGACCTCACGTTCTTAGCAGCTCCTGTGCAGTTATGCTTGGTCAAATTTCCAAACT 600
AAATGCCGTCTGTCACTTATGGCTGAATTCTGAGAGGACTGAAAAAATACGAGTGCTCG 660
TGGAATCTTGAGTCTAACTTTAATGTGACCCTTGAAGTGATTTCTCTTAATGGGGTGAA 720
ACTACTGATTAACACACACCCACATTCCTGTTTTTATACTTCTTGGAGTCACACAGGCATC 780
CATTTTCATCTGCGTGCCTGTGCTTTTGTGGTAACAGATGACGAAGTCATTCTGATTCGGCT 840
GAAAAGCCTGATGAGGGTGTGTTCCCAACTGCATTTTATTTTACGTTAATCTCCTGCTGT 900
GTGGTTAAG 909
```

Fig. 57: sequenza completa degli introni I117 dell'ER α di *S. aurata*, ottenuta con i primer ER-1F, ER-Sa-INT-F e ER-Ab-R.

```

H. sapiens      ---GCCAAATTCAGATAATCGACGCCAGGGTGGCAGAGAAAGATTGGCCAGTACCAATGA 57
M. mulatta     ---GCCAAATTCAGATAATCGACGCCAGGGTGGCAGAGAGAGATTGGCCAGTACCAATGA 57
B. taurus      CAGGCCAAATTCAGATAATCGACGCCAAGGTGGCAGAGAGAGATTGGCCAGTACCAATGA 60
C. familiaris  ---GCCAAATTCAGATAATCGACGCCAGGGTGGCAGAGAGAGATTGGCCAGTACCAATGA 57
O. princeps    ---GCCAGTTCAGATAACCGACGCCAGGGTGGCCGGGAGAGATTGGCCAGCAGCGGTGA 57
O. cuniculus   ---GCCAAGTTCAGATAACCGACGCCAAGGTGGCCGGGAGAGATTGGCCAGCACTGGTGA 57
E. telfairi    ---GCCAAATTCAGATAACCGGCGCCAAGGTGGCAGAGAGAGCTTGGCTAGTACTGGTGA 57
M. domestica   ---GCCAAGTTCAGACAACCGACGCCAGGGTGGTAGAGAAAGATTGGCCAGTGTGGTGA 57
M. musculus    ---GTCTAATTCTGACAAATCGACGCCAAGTGGCCGAGAGAGACTGTCCAGCAGTAACGA 57
                * * * * *
H. sapiens      CAAGGGAAGTATGGCTATGGAATCTGCCAAGGAGACTCGCTACTGTGCAGTGTGCAATGA 117
M. mulatta     CAAGGGAAGTATGGCTATGGAATCTGCCAAGGAGACTCGCTACTGTGCAGTGTGCAATGA 117
B. taurus      CAAGGGAAGCATGGCCATGGAATCTGCCAAGGAGACTCGCTACTGTGCAGTGTGCAATGA 120
C. familiaris  CAAAGGAAACATGGCCATGGAGTCTGCCAAGGAGACTCGCTACTGTGCAGTGTGCAATGA 117
O. princeps    CAGAGGAAGCATGGCCATGGAATCTGCCAAGGAGACACGCTATTGTGCGGTGTGCAATGA 117
O. cuniculus   CAAAGGAGGCATGGCCGTGGAATCTGCCAAGGAGACGCGCTACTGTGCAGTGTGCAATGA 117
E. telfairi    CAAGGGAACATGGCCCTGGAACCTGCCAAGGAGACTCGCTACTGCGCTGTGTGCAATGA 117
M. domestica   CAAGGGAACCTTGGCCATGGAATCCACCAAGGAGACTCGCTACTGTGCAGTGTGCAATGA 117
M. musculus    GAAAGGAAACATGATCATGGAGTCTGCCAAGGAGACTCGCTACTGTGCCGTGTGCAATGA 117
                * * * * *
H. sapiens      CTATGCTTCAGGCTACCATTATGGAGTCTGGTCTGTGAGGGCTGCAAGGCCTTCTTCAA 177
M. mulatta     CTATGCTTCAGGCTACCATTATGGAGTCTGGTCTGTGAGGGCTGCAAGGCCTTCTTCAA 177
B. taurus      CTATGCCTCAGGCTACCATTACGGAGTTGGTCTTGCAGGGCTGTAAGGCCTTCTTCAA 180
C. familiaris  CTATGCCTCAGGCTACCATTATGGAGTCTGGTCTGTGAGGGCTGTAAGGCCTTTCTTCAA 177
O. princeps    CTATGCCTCAGGCTACCATTATGGAGTCTGGTCTGTGAGGGCTGTAAGGCCTTCTTCAA 177
O. cuniculus   TTATGCCTCAGGCTACCATTACGGAGTCTGGTCTGTGAGGGTTGTAAGGCCTTCTTCAA 177
E. telfairi    CTATGCCTCAGGCTACCATTATGGAGTCTGGTCTGCGAGGGCTGTAAGGCCTTCTTCAA 177
M. domestica   TTATGCTTCAGGCTACCATTATGGTGTCTGGTCTGCGAGGGCTGTAAGGCCTTCTTCAA 177
M. musculus    CTATGCCTCTGGCTACCATTATGGGTTCTGGTCTGCGAAGGCTGCAAGGCCTTCTTCAA 177
                * * * * *
H. sapiens      GAGAAGTATTCAAG 191
M. mulatta     GAGAAGTATTCAAG 191
B. taurus      GAGAAGTATTCAAG 194
C. familiaris  GAGAAGTATTCAAG 191
O. princeps    GAGAAGTATTCAAG 191
O. cuniculus   GAGAAGTATTCAAG 191
E. telfairi    GAGAAGTATTCAAG 191
M. domestica   AAGAAGCATTCAAG 191
M. musculus    GAGAAGCATTCAAG 191
                * * * * *

```

Fig. 58: allineamento multiplo tra le sequenze degli esoni E191 delle specie di mammiferi, mediante il programma CLUSTAL W. I nucleotidi colorati in giallo e identificati dall'asterisco risultano conservati all'interno delle sequenze di tutti gli organismi.

```

C. familiaris  GACATAATGACTACATGTGTCCAGCTACCAACCAGTGCACAATTGATAAAGAACAGGAGGA 60
B. taurus      GACATAATGACTACATGTGTCCGGCCACCAACCAGTGCACGATTGATAAAAAACAGGAGGA 60
M. musculus    GACACAATGACTACATGTGTCCAGCTACAAACCAATGCACCATTGACAAGAACCAGGAGGA 60
H. sapiens     GACATAACGACTATATGTGTCCAGCCACCAACCAGTGCACCATTGATAAAAAACAGGAGGA 60
M. mulatta     GACATAACGACTATATGTGTCCAGCCACCAACCAGTGCACCATTGATAAAGAACAGGAGGA 60
O. princeps    GGCATAATGACTACATGTGTCCAGCTACCAACCAGTGCACGATTGACAAAAACAGGAGGA 60
O. cuniculus   GGCATAATGACTACATGTGTCCAGCTACCAACCAGTGCACAATTGACAAAAACAGGAGGA 60
M. domestica   GGCATAACGATTACATGTGTCTGCGACCAACCAGTGTACCATTGACAAGAACAGGAGAA 60
* * * * *

```



```

C. familiaris  AGAGCTGTTCAGGCCTGTCGGCTGCGCAAGTGCTATGAAGTTGGCATGATGAAAGGCG 117
B. taurus      AGAGCTGTTCAGGCCTGCCGGCTACGCAAGTGCTATGAAGTGGGCATGATGAAAGGCG 117
M. musculus    AGAGTTGCCAGGCCTGTCGGCTGCGCAAGTGTTACGAAGTGGGCATGATGAAAGGCG 117
H. sapiens     AGAGCTGCCAGGCCTGCCGGCTCCGTAAATGCTACGAAGTGGGAATGATGAAAGGTG 117
M. mulatta     AGAGCTGCCAGGCCTGCCGGCTCCGCAAATGCTACGAAGTGGGAATGATGAAAGGTG 117
O. princeps    AGAGCTGCCAGGCCTGCAGGCTCCGAAAATGCTACGAAGTGGGGATGATGAAAGGAG 117
O. cuniculus   AGAGCTGCCAGGCCTGCAGGCTTCGAAAATGCTACGAAGTGGGAATGATGAAAGGTG 117
M. domestica   AGAGCTGTTCAGGCCTGTCGGCTACGAAAATGCTACGAAGTGGGCATGATGAAAGGAG 117
* * * * *

```

Fig. 59: allineamento multiplo tra le sequenze degli esoni E117 delle specie di mammiferi, mediante il programma CLUSTAL W. I nucleotidi colorati in giallo e identificati dall'asterisco risultano conservati all'interno delle sequenze di tutti gli organismi.

```

H. sapiens      GAGTGTACACATTTCTGTCCAGCACCTGAAGTCTCTGGAAGAGAAGGACCATATCCACC 60
M. mulatta     GAGTGTACACATTTCTGTCCAGCACCTGAAGTCTCTGGAAGAGAAGGACCATATCCACC 60
O. princeps    GGGTGTACACCTTTCTGTCCAGCACCTCAAGTCTCTGGAAGAGAAGGACCATATCCACC 60
O. cuniculus   GAGTGTACACATTTCTGTCCAGCACCTCAAATCTCTGGAAGAGAAGGACCATATCCATC 60
E. telfairi    GGGTGTACACCTTCTGTCCAGCACTTTGAAGTCTCTGGATGAGAAGGAGCACATCCATC 60
M. musculus    GAGTGTACACGTTTCTGTCCAGCACCTGAAGTCTCTGGAAGAGAAGGACCACATCCACC 60
M. domestica   GAGTGTATACATTTCTTCCAGCACCTTGAAGTCTCTGGAAGAAAAAGACCACATTCA 60
* * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *

H. sapiens      GAGTCCTGGACAAGATCACAGACACTTTTGATCCACCTGATGGCCAAGGCAGGCCTGACCC 120
M. mulatta     GAGTCCTGGACAAGATCACAGACACTTTTGATCCACCTGATGGCCAAGGCAGGCCTGACCC 120
O. princeps    GTGTCTGGACAAGATCATAGACACTTGATACACCTGATGGCCAAGGCAGGTCTGACTC 120
O. cuniculus   GTGTCTGGACAAGATCACAGACACTTTTGATCCACCTGATGGCCAAGGCAGGTCTGACTC 120
E. telfairi    GTGTCTGGACAAGATCACAGACACTTTTGATCCACCTGATGGCCAAGGCAGGTCTGACTC 120
M. musculus    GTGTCTGGACAAGATCACAGACACTTTTGATCCACCTGATGGCCAAGGCAGGTCTGACTC 120
M. domestica   GAGTCCTGGATAAGATCACAGACACTTTGATCCACCTGATGGCCAAGGCAGGTCTGACTC 120
* * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *

H. sapiens      TGCAGCAGCAGCACCCAGCGGCTGGCCAGCTCCTCCTCATCCTCTCCACATCAGGCACA 180
M. mulatta     TGCAGCAGCAGCACCCAGCGGCTGGCCAGCTCCTCCTCATCCTCTCCACATCAGGCACA 180
O. princeps    TGCAACAACAGCATCGACGCATGGCCAGCTCCTCCTCATCCTCTCCACATCCGCCACA 180
O. cuniculus   TGCAACAACAGCATCGACGCATGGCCAGCTCCTCCTCATCCTCTCCACATCCGCCACA 180
E. telfairi    TGCAGCAGCAGCACCCAGCGGCTGGCTCAGCTGCTCCTCATCCTCTCCACATCAGGCACA 180
M. musculus    TGCAGCAGCAGCATCGCCGCTAGCTCAGTCCTTCTCATCTTTCCCATATCCGCCACA 180
M. domestica   TGCAACAACAACACCGCGCCTGGCTCAACTACTCCTGATCCTTTCCACATCAGGCACA 180
* * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *

H. sapiens      TGAG 184
M. mulatta     TGAG 184
O. princeps    TGAG 184
O. cuniculus   TGAG 184
E. telfairi    TG-- 182
M. musculus    TGAG 184
M. domestica   TGAG 184
* *

```

Fig. 60: allineamento multiplo tra le sequenze degli esoni E184 delle specie di mammiferi, mediante il programma CLUSTAL W. I nucleotidi colorati in giallo e identificati dall'asterisco risultano conservati all'interno delle sequenze di tutti gli organismi.

```

H. sapiens      GGATACGAAAAGACCGAAGAGGAGGGAGAATGTTGAAACACAAGCGCCAGAGAGATGATG 60
M. mulatta     GGATACGAAAAGACCGAAGAGGAGGGAGAATGTTGAAACACAAGCGCCAGAGAGATGATG 60
C. familiaris  GGATACGAAAAGACCGAAGAGGAGGAAGAATGTTGAAACACAACCGCCAGAGAGATGATG 60
O. princeps   GTATACGAAAAGACCGAAGAGGAGGGAGAATGTTGAAACACAAGCGCCAGAGAGATGATG 60
O. cuniculus  GTATACGAAAAGACCGAAGAGGAGGGAGAATGTTGAAACACAAGCGCCAGAGAGATGATG 60
E. telfairi   GGATTGCGAAAAGATCGAAGAGGAGGGAGGATGTTGAAACACAAGCGCCAGAGAGATGATG 60
M. musculus   GCATACGAAAAGACCGCCGAGGAGGGAGAATGTTGAAACACAAGCGTCCAGAGAGATGACT 60
M. domestica  GAATCCGGAAGGATCGCCGAGGGGGCGTATGTTGAAACATAAACGCCAAAGAGATGATC 60
* ** ** ** * * **** * * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * **

H. sapiens      GGGAGGCAGGGGTGAAGTGGGGTCTGCTGGAGACATGAGAGCTGCCAACCTTTGGCCAA 120
M. mulatta     GGGAGGCAGGGGTGAAGTGGGGTCCGCTGGAGACATGAGAGCTGCCAACCTTTGGCCAA 120
C. familiaris  GGGAGGCAGGAATGAAGTGGGGTCTCTGGAGATGTGAGGACTTCCAGCCTTTGGCCAA 120
O. princeps   GGGATGGCCGGAATGACACAGGGCCCTCTGGAGACATGAGAGCAGCCAACCTCTGGCCAA 120
O. cuniculus  GGGAAAGCAGGAATGAAACAGGGCCCTCTGGAGACATGAGGGCTGCCAACCTCTGGCCAA 120
E. telfairi   GGGAAAGCAGGAGTGAATCGGGGCCCTCTGGAGATATGAGAGGAACCAACCTTTGGCCAA 120
M. musculus   TGGAAAGCCGAAATGAAATGGGTGCTTCAGGAGACATGAGGGCTGCCAACCTTTGGCCAA 120
M. domestica  AGGATGGAAGAAATGAAGCAGGTCCTCTGACTGACATGAGAGCTTCTAACCTTTGGCCAA 120
* ** ** * ** * ** * * * * ** * ** * ** * ** * ** * ** * **

H. sapiens      GCCCGCTCATGATCAAACGCTCTAAGAAGAACAGCCTGGCCTTGTCCTTGACGGCCGACC 180
M. mulatta     GCCCGCTCATGATCAAGCACTCTAAGAAGAACAGCCCGCCTTGTCCTTGACGGCCGACC 180
C. familiaris  GCCCTCTCTTGATTAAGCATACTAAGAAGAACAGCCAGCCTTGTCCTTGACAGCCGATC 180
O. princeps   GCCCTCTGTTGATTAAGCACACCAAGAAGAATAGCCAGCCCTGTCCTTGACGGCTGATC 180
O. cuniculus  GCCCTCTGTTGATCAAGCACACTAAGAAGAATAGCCAGCCTTGTCCTTGACGGCCGATC 180
E. telfairi   GTCCCTCTCTTGATTAAGCACACCAAGAAGAACAGTCCAGCCTTGTCCTTGACAGCCGATC 180
M. musculus   GCCCTCTTGTTGATTAAGCACACTAAGAAGAATAGCCCTGCTTGTCCTTGACAGCTGACC 180
M. domestica  GTCCCTCTCTTGATTAACATACCAAGAAGAACAGTCCAGCCTTGTCCTTGACAGCTGAAC 180
* ** ** * ** * ** * * * * ** * ** * ** * ** * ** * ** * **

H. sapiens      AGATGGTCAGTGCCTTGTTGGATGCTGAGCCCCGATACTCTATTCCGAGTATGATCCTA 240
M. mulatta     AGATGGTCAGTGCCTTGCTGGATGCTGAGCCCCCTATACTCTATTCCGAGTATGATCCTA 240
C. familiaris  AGATGGTCAGTGCCTTGTTAGAGGCTGAGCCCCCATAATCTATTCCGACTATGACCCAT 240
O. princeps   AGATGGTCAGTGCCTTGATGGATGCTGAGCCCCCATACTCTACTCTGAGTACGACCCAGA 240
O. cuniculus  AGATGGTCAGTGCCTTGTTGGAAGCTGAGCCCCCCTCATCTATTCTGAGTACGACCCCTA 240
E. telfairi   AGATGGTCAGTGCCTTGTTGGAGGCTGAGCCCCCCTCCATAATCTATTCTGAGTACGATCCGA 240
M. musculus   AGATGGTCAGTGCCTTGTTGGATGCTGAACCGCCATGATCTATTCTGAATATGATCCTT 240
M. domestica  AAATGGTTAGCGCCTTGCTGGAAGCTGAGCCCAATACTCTATTCTGAATATGATCCAA 240
* ** ** * ** * ** * * * * ** * ** * ** * ** * ** * ** * **

H. sapiens      CCAGACCCTTCAGTGAAGCTTCGATGATGGGCTTACTGACCAACCTGGCAGACAGGGAGC 300
M. mulatta     CCAGACCCTTCAGTGAAGCTTCGATGATGGGCTTACTGACCAACCTGGCAGACAGGGAGC 300
C. familiaris  CCAGACCCTTCAGTGAAGCTTCGATGATGGGCTTGTGACCAACCTGGCAGACAGGGAGC 300
O. princeps   CCAGACCCTTCAGCGAGGCTTCAATCATGGGCTGTTAACCAACCTGGCTGACAGAGAGC 300
O. cuniculus  CCAGACCCTTCAGTGAAGCTTCGATGATGGGCTTACTGACCAACCTGGCAGACAGAGAGC 300
E. telfairi   CCCGACCCTTCAGCGAAGCTTCCATGATGGGCTTGTGACCAACCTGGCAGACAGGGAGC 300
M. musculus   CTAGACCCTTCAGTGAAGCTTCAATGATGGGCTTATTGACCAACCTAGCAGATAGGGAGC 300
M. domestica  ATAGACCCTTCAGTGAAGCTTCAATGATGACTTATTGACCAACCTGGCAGACAGGGAGC 300
* ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * **

H. sapiens      TGGTTCACATGATCAACTGGGCGAAGAGGGTGCCAG 336
M. mulatta     TGGTTCACATGATCAACTGGGCAAAGAGGGTGCCAG 336
C. familiaris  TGGTTCACATGATCAACTGGGCAAAGAGGGTACCAG 336
O. princeps   TGGTTCACATGATCAACTGGGCAAAAAGGGTCCAG 336
O. cuniculus  TAGTTCACATGATCAACTGGGCAAAGAGGGTCCAG 336
E. telfairi   TGGTTCACATGATCAACTGGGCCAAGAGGGTGCCAG 336
M. musculus   TGGTTCATATGATCAACTGGGCAAAGAGAGTGCCAG 336
M. domestica  TTGTTTCACATGATCAACTGGGCAAAGAGAGTGCCAG 336
* ** ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * **

```

Fig. 61: allineamento multiplo tra le sequenze degli esoni E336 delle specie di mammiferi, mediante il programma CLUSTAL W. I nucleotidi colorati in giallo e identificati dall'asterisco risultano conservati all'interno delle sequenze di tutti gli organismi.


```

H. sapiens      GCTTTGTGGATTTGACCCTCCATGATCAGGTCCACCTTCTAGAAATGTGCCTGGCTAGAGA 60
M. mulatta     GCTTTGTGGATTTGACCCTCCATGATCAGGTCCACCTTCTAGAAATGTGCCTGGCTAGAGA 60
M. musculus    GCTTTGGGGACTTGAATCTCCATGATCAGGTCCACCTTCTCGAGTGTGCCTGGCTGGAGA 60
O. princeps   GCTTTGTGGATTTGGGCCTCCACGACCAGGTCCATCTTCTGGAATGTGCCTGGCTGGAGA 60
O. cuniculus  GCTTTGTGGATTTGACCCTTCATGATCAGGTCCACCTTCTGGAATGTGCCTGGCTAGAGA 60
C. familiaris GCTTTGTTGATTTGAGCCTCCATGATCAGGTCCACCTTCTGGAATGTGCCTGGCTAGAGA 60
E. telfairi   GTTTTGTAGATTTGACCCTCCATGATCAAGTCCACCTTCTGGAATGTGCCTGGCTGGAGA 60
M. domestica  GTTTTGTGGATTTGACACTCCATGATCAGGTCCACCTTCTAGAAATGTGCCTGGTTAGAGA 60
*  ****  **  ***  **  **  **  **  *****  *****  **  *****  ***  *  ****

H. sapiens      TCCTGATGATTGGTCTCGTCTGGCGCTCCATGGAGCACCCAGGGAAGCTACTGTTTGCTC 120
M. mulatta     TCCTGATGATTGGTCTCGTCTGGCGCTCCATGGAGCACCCAGGGAAGCTCCTGTTTGCTC 120
M. musculus    TTCTGATGATTGGTCTCGTCTGGCGCTCCATGGAACACCCGGGGAAGCTCCTGTTTGCTC 120
O. princeps   TCCTGATGATTGGTCTAGTGTGGCGCTCCATGGAGCACCCAGGGAAGCTTCTGTTGCTC 120
O. cuniculus  TCCTGATGATCGGTCTTGTCTGGCGCTCCATGGAGCACCCAGGGAAGCTTCTATTTGCTC 120
C. familiaris TCCTGATGATTGGACTTGTCTGGCGCTCCATGGAGCATCCAGGGAAGCTCTTCTTTGCTC 120
E. telfairi   TTCTGATGATCGGCCTCGTCTGGCGCTCAATGGAACACCCAGGAAAGCTCCTGTTTGCTC 120
M. domestica  TCCTCATGATTGGCCTTGTCTGGCGCTCTATGGAACATCCAGGAAAACCTTTGTTTGCTC 120
*  *  *  *****  **  **  **  *****  *****  **  **  **  **  **  *  **  ****

H. sapiens      CTAACTTGCTCTTGGACAG 139
M. mulatta     CTAACTTGCTCTTGGACAG 139
M. musculus    CTAACTTGCTCCTGGACAG 139
O. princeps   CCAACTTGCCCCTGGATAG 139
O. cuniculus  CTAACTTACTCCTGGACAG 139
C. familiaris CTAACTTGCTCCTAGACAG 139
E. telfairi   CTAACTTACTGCTGGACAG 139
M. domestica  CTAACCTATTGCTGGACAG 139
*  ***  *  *  **  **  **

```

Fig. 62: allineamento multiplo tra le sequenze degli esoni E139 delle specie di mammiferi, mediante il programma CLUSTAL W. I nucleotidi colorati in giallo e identificati dall'asterisco risultano conservati all'interno delle sequenze di tutti gli organismi.

<i>O. princeps</i>	GAACCAGGGGAAATGTGTGGAGGGCTTGGTGGAGATCTTTGACATGTTGCTGGCGACATC	60
<i>O. cuniculus</i>	GAACCAGGGGAAATGTGTAGAGGGCATGGTGGAAATCTTTGACATGTTGCTGGCTACATC	60
<i>H. sapiens</i>	GAACCAGGGGAAATGTGTAGAGGGCATGGTGGAGATCTTCGACATGCTGCTGGCTACATC	60
<i>M. mulatta</i>	GAACCAGGGGAAATGTGTAGAGGGCATGGTGGAGATCTTCGACATGTTACTGGCCACATC	60
<i>C. familiaris</i>	GAACCAGGGGAAATGTGTAGAGGGCATCGTGGAGATCTTTGACATGTTGCTGGCTACGTC	60
<i>M. musculus</i>	GAATCAAGGTAAATGTGTGGAAGGCATGGTGGAGATCTTTGACATGTTGCTGGCTACGTC	60
<i>M. domestica</i>	GAACCAAGGGAAATGTGTGGAAGGTATGGTGGAGATCTTTGACATGTTGCTGGCTACATC	60
<i>E. telfairi</i>	AAACCAAGGGGAGATGTGTGGAGGGAAATGGTGGAGATCTTCGACATGCTGTTGGCGACGTC	60
	* * * * *	
<i>O. princeps</i>	GACTCGGTTCCGTATGATGAATGTACAGGGAGAGGAGTTTGTGTGCCTCAAATCAATCAT	120
<i>O. cuniculus</i>	GTCTCGGTTACGTATGATGAATTTGCAGGGAGAGGAATTTGTGTGCCTCAAATCTATCAT	120
<i>H. sapiens</i>	ATCTCGGTTCCGCATGATGAATCTGCAGGGAGAGGAGTTTGTGTGCCTCAAATCTATTAT	120
<i>M. mulatta</i>	ATCTCGGTTCCGCATGATGAATCTGCAGGGAGAGGAGTTTGTGTGCCTCAAATCTATTAT	120
<i>C. familiaris</i>	ATCTCGATTTCCGTATGATGAATCTCCAGGGCGAGGAGTTTGTGTGCCTCAAATCCATCAT	120
<i>M. musculus</i>	AAGTCGGTTCGCATGATGAACCTGCAGGGAGAAGAGTTTGTGTGCCTCAAATCCATCAT	120
<i>M. domestica</i>	CTCTCGCTTTCCGAATGATGAATCTCCAGGGGGAAGAGTTTGTGTGCCTCAAAGTCCATTAT	120
<i>E. telfairi</i>	CTCTCAGTTCGAATGATGAACCTCCAGGGGGAGGAGTTTGTGTGCCTCAAAGTCCATCAT	120
	* * * * *	
<i>O. princeps</i>	TTTACTGAATTCTG	134
<i>O. cuniculus</i>	TTTACTTAATTCTG	134
<i>H. sapiens</i>	TTTGCTTAATTCTG	134
<i>M. mulatta</i>	TTTGCTTAATTCTG	134
<i>C. familiaris</i>	TTTGCTTAATTCTG	134
<i>M. musculus</i>	TTTGCTTAATTCCG	134
<i>M. domestica</i>	CTTACTTAATTCTG	134
<i>E. telfairi</i>	TTTGCTGAATTCTG	134
	* * * * *	

Fig. 63: allineamento multiplo tra le sequenze degli esoni E134 delle specie di mammiferi, mediante il programma CLUSTAL W. I nucleotidi colorati in giallo e identificati dall'asterisco risultano conservati all'interno delle sequenze di tutti gli organismi.

<i>S. aurata</i>	GTCACAATGACTATATGTGCCAGCAACCAATCAGTGACTATTGACAGGAATCGGAGGA	60
<i>A. schlegelii</i>	GTCACAATGACTATATGTGCCAGCAACCAATCAGTGACTATTGACAGGAATCGGAGGA	60
<i>M. undulatus</i>	GTCACAATGACTATATGTGCCAGCAACCAATCAGTGACTATTGACAGGAATCGGAGGA	60
<i>M. salmoides</i>	GTCACAATGACTACATGTGCCAGCAACCAATCAGTGACTATTGACAGGAATCGGAGGA	60
<i>A. flavimanus</i>	GTCACAATGACTATATGTGCCAGCAACCAATCAGTGACCATCGACAGGAATCGGAGGA	60
<i>O. bonariensis</i>	GTCACAATGACTATATGTGCCAGCGACCAATCAGTGACTATTGACAGGAATCGGAGGA	60
<i>O. latipes</i>	GTCACAATGACTATATGTGCCAGCGACCAATCAGTGACTATTGACAGGAATCGGAGGA	60
<i>T. nilotica</i>	GTCACAATGACTATATGTGCCAGCGACAAATCAGTGACCATTGACAAGAATCGGAGGA	60
<i>F. heteroclitus</i>	GTCACAATGACTATATGTGCCAGCGACAAATCAGTGACTATTGACAGGAACAGGAGGA	60
<i>G. aculeatus</i>	GTCACAATGACTATATGTGCCAGCGACCAATCAGTGACTATTGACAGGAATCGGAGGA	60
<i>H. hippoglossus</i>	GTCACAATGACTACATGTGCCCGGCAACCAATCAGTGACTATAGACAGGAATCGGAGGA	60
<i>T. rubripes</i>	GTCACAATGACTACATGTGCCCGGCAACCAATCAGTGACTATAGACAGGAATCGGAGGA	60
<i>O. masou</i>	GTCACAATGACTACATGTGCCCTGCGACTAACCAGTGACTAATGGACAGGAATCGTAGGA	60
<i>R. rutilus</i>	GTCACAATGACTATGTTTGTCCAGCGACCAACCAGTGACTATTGACAGAAACCGCAGGA	60
<i>C. barbata</i>	GTCACAATGACTATGTTTGTCCAGCGACCAACCAGTGACTATTGACAGAAACCGCAGGA	60
<i>S. denticulatus</i>	GTCACAATGACTATGTTTGTCCAGCGACCAACCAGTGACTATTGACAGAAACCGCAGGA	60
<i>P. promelas</i>	GTCACAATGACTATGTTTGTCCAGCGACCAACCAGTGACTATTGACAGAAACCGCAGGA	60
<i>V. barbatulus</i>	GTCACAATGACTATGTTTGTCCAGCGACCAACCAGTGACTATTGACAGAAACCGCAGGA	60
<i>C. auratus</i>	GTCACAATGACTATGTTTGTCCAGCGACCAACCAGTGACTATTGACAGAAACCGCAGGA	60
<i>D. rerio</i>	GTCACAATGACTATGTTTGTCCAGCGACCAACCAGTGACTATTGACAGAAACCGTCGAA	60

***** * ** ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *

<i>S. aurata</i>	AGAGCTGCCAGGCTTGCCGCTTAGGAAGTGTTACGAAGTGGGCATGATGAAAGGAG	117
<i>A. schlegelii</i>	AGAGCTGCCAGGCTTGCCGCTTAGGAAGTGTTACGAAGTGGGCATGATGAAAGGAG	117
<i>M. undulatus</i>	AGAGCTGCCAGGCTTGCCGCTTAGGAAGTGTTACGAAGTGGGCATGATGAAAGGAG	117
<i>M. salmoides</i>	AGAGCTGCCAGGCTTGCCGCTTAGGAAGTGTTACGAAGTGGGCATGATGAAAGGAG	117
<i>A. flavimanus</i>	AGAGCTGCCAGGCATGTCGCTTAGGAAGTGTTACGAAGTGGGCATGATGAAAGGAG	117
<i>O. bonariensis</i>	AGAGCTGCCAGGCTTGTCGCTTAGGAAGTGTTACGAAGTGGGCATGATGAAAGGAG	117
<i>O. latipes</i>	AGAGCTGCCAGGCTTGTCGCTTAGGAAGTGTTACGAAGTGGGCATGATGAAAGGAG	117
<i>T. nilotica</i>	AGAGCTGCCAGGCTTGCCGCTTAGGAAGTGTTACGAAGTGGGCATGATGAAAGGAG	117
<i>F. heteroclitus</i>	AGAGCTGCCAGGCTTGCCGCTTAGGAAGTGTTACGAAGTGGGCATGATGAAAGGAG	117
<i>G. aculeatus</i>	AGAGCTGCCAGGCTTGCCGCTTAGGAAGTGTTACGAAGTGGGCATGATGAAAGGAG	117
<i>H. hippoglossus</i>	AGAGCTGCCAGGCTTGCCGCTTAGGAAGTGTTACGAAGTGGGCATGATGAAAGGAG	117
<i>T. rubripes</i>	AGAGCTGCCAGGCTTGCCGCTTAGGAAGTGTTACGAAGTGGGCATGATGAAAGGAG	117
<i>O. masou</i>	AGAGCTGCCAGGCTTGCCGCTTAGGAAGTGTTACGAAGTGGGCATGATGAAAGGAG	117
<i>R. rutilus</i>	AGAGCTGCCAAGCATGCAGACTACGCAAGTGTTACGAAGTGGGCATGATGAAAGGAG	117
<i>C. barbata</i>	AGAGCTGCCAAGCATGCAGACTACGCAAGTGTTACGAAGTGGGCATGATGAAAGGAG	117
<i>S. denticulatus</i>	AGAGCTGCCAAGCATGCAGACTACGCAAGTGTTACGAAGTGGGCATGATGAAAGGAG	117
<i>P. promelas</i>	AGAGCTGCCAAGCATGCAGACTACGCAAGTGTTACGAAGTGGGCATGATGAAAGGAG	117
<i>V. barbatulus</i>	AGAGCTGCCAAGCATGCAGACTACGCAAGTGTTACGAAGTGGGCATGATGAAAGGAG	117
<i>C. auratus</i>	AGAGCTGCCAAGCATGCAGACTACGCAAGTGTTACGAAGTGGGCATGATGAAAGGAG	117
<i>D. rerio</i>	AGAGCTGCCAAGCATGCAGACTACGCAAGTGTTACGAAGTGGGCATGATGAAAGGAG	117

**** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *

Fig. 64: allineamento multiplo tra le sequenze degli esoni E117 delle specie di teleostei, mediante il programma CLUSTAL W. I nucleotidi colorati in giallo e identificati dall'asterisco risultano conservati all'interno delle sequenze di tutti gli organismi.

sonda A
 TCCTCGTGCTTGACTGTATATATTATATTTACATAAATATGATTAGACATATACACAAAG 60
 TAACTTATAGAAGTGAGTACAGCCCTCACATTTTTGTAAAAATTATATATATTTTCATGT 120
 GACAGCATTGTAAAAATCCCACCTTACTACAATGTAAAGTAC

Fig. 66: Sonda A costruita sulla sequenza intronica di I117 di *D rerio*.

sonda B
 TCCCACCTTACTACAATGTAAAGTACTGAGTACTCAGCTTGTATAACTGAGTAAATCAGC . 60
 TGTCCCCTCAAAAATAGCTCAACACACAGCTATTCAAATTTGAGCTTACATTGTAGCTGTG 120
 TAAATCTTCTCAGTGCCTGTACATGAAAAAATATATTGAAATATTTGCAAAAACTATT 180
 TACAAAAATGTGAGAGAAGATACTGTTTTGC

Fig. 67: Sonda B costruita sulla sequenza intronica di I117 di *D rerio*.

Sonda I117
 CGCAAGTGTATGAAGTAGGCATGATGAAAGGAGGTACATTTTATATATATATATATTAC 60
 TATTTTTTTCTTTTCTCCATCTATATGTAAATATCATCTGTCATTTGATCATGATTT 120
 AAAGCAGCCTCTGTAGAGTTTCTCCCAGTGTCAAGAATTGAGCAAAATTCGAAATTA AAA 180
 GGGATCTTCTCCAAAATTTATTCATCCTCGTGTCTGACTGTATATATATATTTTACATAAA 240
 TATGATTAGACATATACACAAAGTAACTTATAGAAGTGAGTACAGCCCTCACATTTTTGT 300
 AAAAAATTATATATATTTTTCATGTGACAGCATTGTAAAATCCCACCTTACTACAATGTAAA 360
 GTACTGAGTACTCAGCTTGTATAACTGAGTAAATCAGCTGTCCCCTCAAAATAGCTCAAC 420
 ACACAGCTATTCAAATTTGAGCTTACATTGTAGCTGTGTAATTTCTTCTCAGTGTGTTAC 480
 ATGAAAAAATATATTGAAATATTTGCAAAAACTATTTACAAAAATGTGAGAGAAGATA 540
 CTGTTTTGCATGTGTTTGTGTGTATATAAATATGTATTTATGTATGTTATGCATCATTCT 600
 ATTTGCAGATTCATTAGTAGAAATTTAGCTGCTAATAGCCTACATTATATACATACATA 660
 TA 720
 TATATATATATATATATAAATTTACTGGCCATTTTATTAGGTACACCTTACTACCTTCTT 780
 TAAATTCAGACCTGCCTTAATCTTTCTGGCCATATATTCGACAAGGTACTGGAAACATTC 840
 CTCAGAGATTTTGGTCCATATTTGACATGATAGCATCATGCAGTTGCTGCACATCCATAAT 900
 CGGAATCCATTCACCACATCCCAAGGTGCTCATCAGAAGATGGGTCTTCAATAAGTA 960
 CAACAATACTCAGATTGTGGCGTTGAAACAATGCTCAGTTGGAACATAATGGGTCCAAAAGT 1020
 GAGCCAAGAAAATATCCCCCACACCATTACACCACCACCAGCCTAAACCATTGATTCAAG 1080
 GCAAGATGAATCCATGCTTTTCATGTTGTTGACGCCAAATTTCTGACCCTACAATCCGATTG 1140
 TCACAGCAGAAATCAAGACTCATCAGATCAGGCAACGTTTTTGAATCTTCTATTGTCTAA 1200
 TTTTGGTTAGTCTGTGCAAACCTTAGCCTCAGTTTCTGCTCTTAGCTGACAGATTGGAC 1260
 GTGTTGTGCGTTCAGAGATGCTCTTCTGTATACCTTAGTTTCAAGTGTGTAACGAGTGGTTAT 1320
 TTGAGTTACTGTTGTCTTACTATAAGCTGGAACCAGTCTGGCCATTTTCTCTGACCTCT 1380
 GGCATCAACAAGGCATTTGCACCCACAACTGCTGCTCACTGGAAATTTTCTCTTTTTTCT 1440
 GACCATTACCTTTAAACCCTTGAGATGGTTGTGCATGAAAGTCCCAGTAGATCAGCAGTT 1500
 TCTGAAATTCAGACCAACAACCATGCCACTTTTAAAGTTACTTAAATCATCATTCTTC 1560
 CCCATTCTGATGCTCAGTTTGAACGTGCAGCAGTTCTGCTTTGACCATGTCAACATACCTAA 1620
 ATGCATTGAGTTTCTGCAATGTGATTGGCTGATTAGAAATTTGTGTTAAAGAGCAGTTGG 1680
 ACAGGGGTACATAATAAATTTGGCCAGTGAGCATATATGCATGTATGTATGTATATATATA 1740
 TAAAGGTAAATAAAAATTTTTGATTGATTTTATTCCACTTTATTACATTTTACTGACTGACA 1800
 AGTTTTTCACACAGTCAGCACAAATATATTTGACCCCTTACAGTTTAAAAATTGAGTGTTA 1860
 TAGTGACAGTACTTGTGTTGAAGGTATTCGTAAGATCGCGGAGGGCGTTCTGTGACGGC 1920
 GTGAGAGA

Fig. 68: Sonda I117 costruita sulla sequenza intronica di I117 di *D rerio*.

Fig. 69a: specie di riferimento *Homo sapiens*; introne I191.

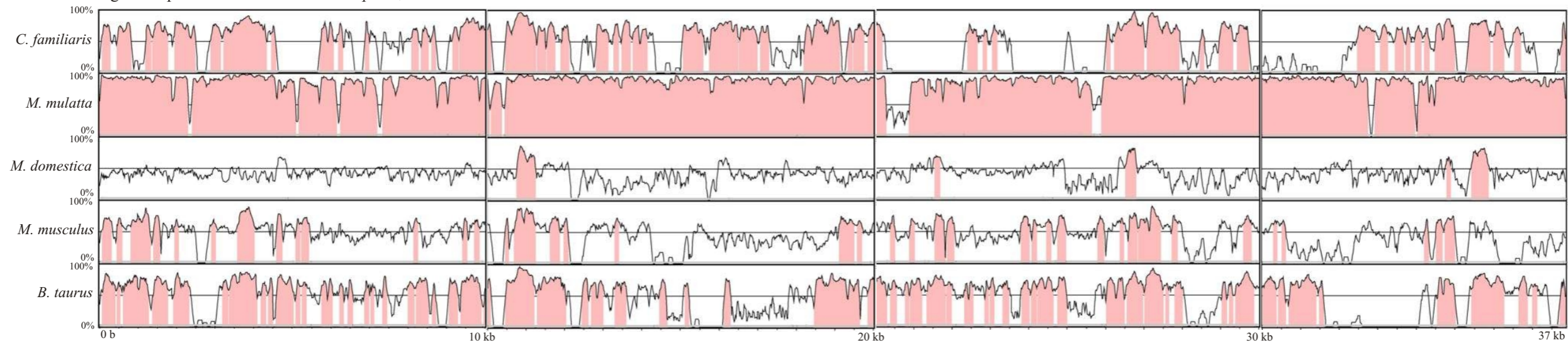


Fig. 69b: specie di riferimento *Macaca mulatta*; introne I191.

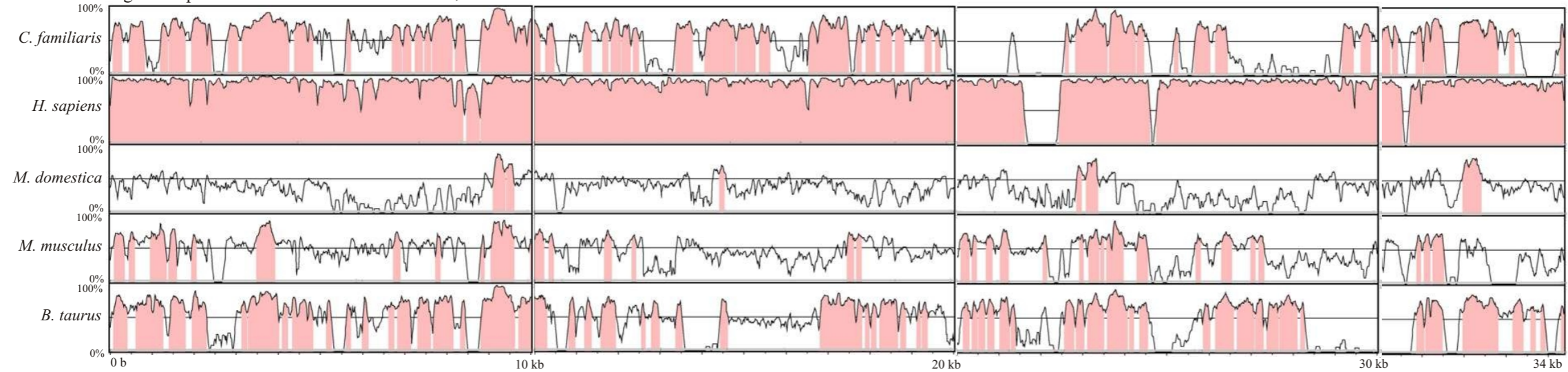


Fig. 69c: specie di riferimento *Monodelphis domestica*; introne I191.

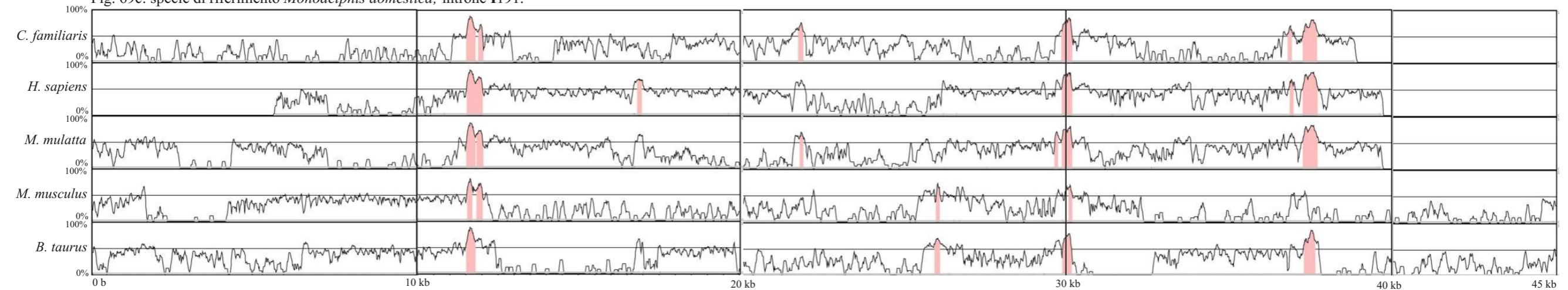


Fig. 69a-b-c: rappresentazione grafica tramite mVISTA degli allineamenti ottenuti con il programma MLAGAN. Asse x: lunghezza delle sequenze; asse y: percentuale d'identità di sequenza. I criteri utilizzati sono: finestra minima di 100 b e 70% di identità per definire le sequenze conservate non codificanti (CNS), rappresentate in grigio. Allineamento pair-wise dell'introne I191 tra le specie *B. taurus*, *H. sapiens* (specie di riferimento in Fig. 69a), *M. mulatta* (specie di riferimento in Fig. 69b), *M. domestica* (specie di riferimento in Fig. 69c), *C. familiaris*, *M. musculus*.

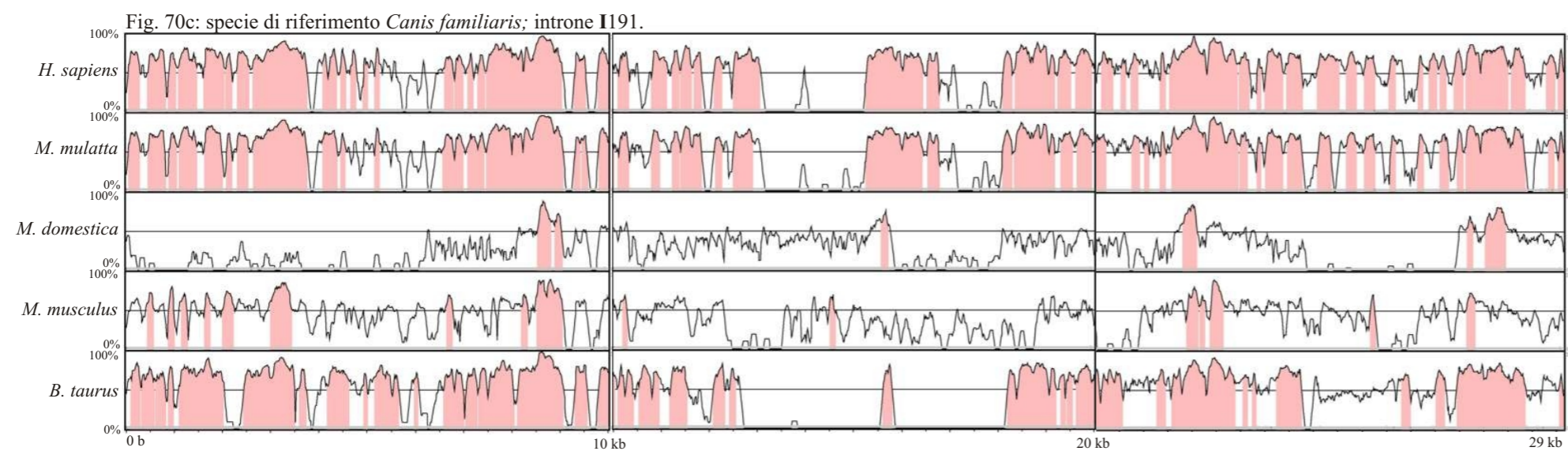
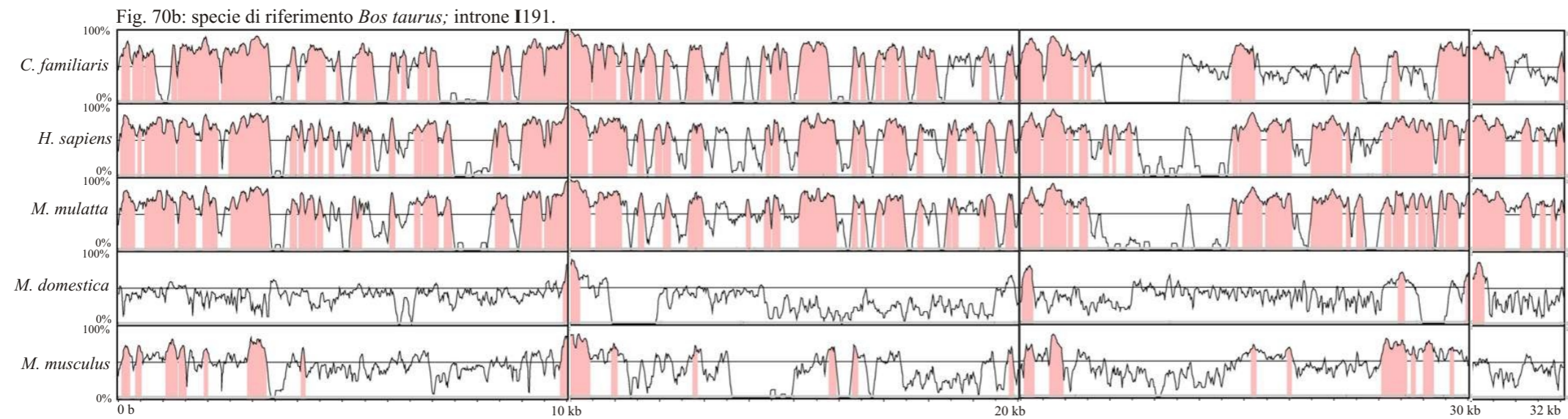
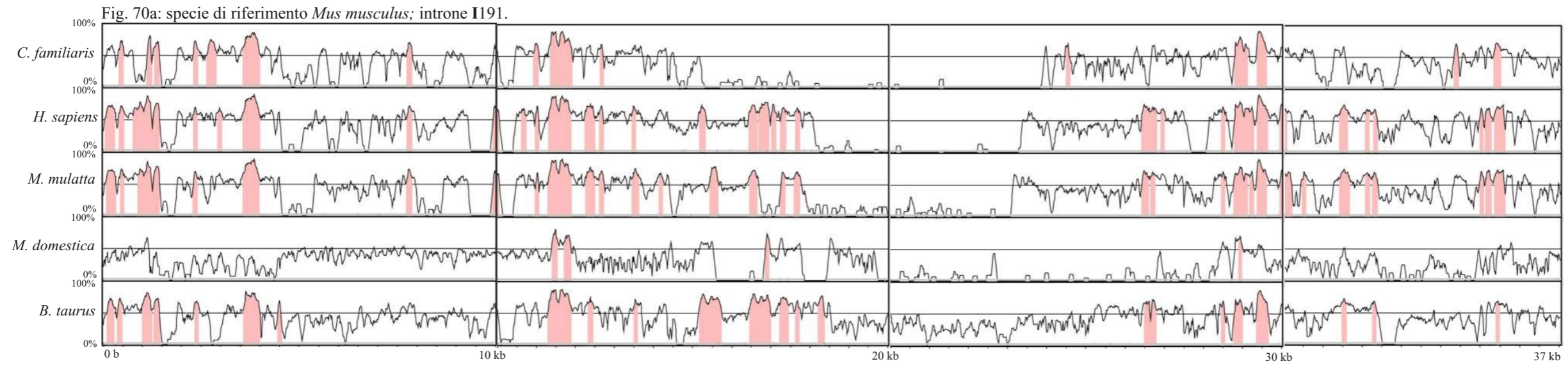


Fig. 70a-b-c: rappresentazione grafica tramite mVISTA degli allineamenti ottenuti con il programma MLAGAN. Asse x: lunghezza delle sequenze; asse y: percentuale d'identità di sequenza. I criteri utilizzati sono: finestra minima di 100 b e 70% di identità per definire le sequenze conservate non codificanti (CNS), rappresentate in grigio. Allineamento pair-wise dell'introne I191 tra le specie *M. musculus* (specie di riferimento in Fig. 70a), *B. taurus* (specie di riferimento in Fig. 70b), *H. sapiens*, *M. mulatta*, *M. domestica*, *C. familiaris* (specie di riferimento in Fig. 70c).

Fig. 71a: specie di riferimento *Bos taurus*; introne I117.

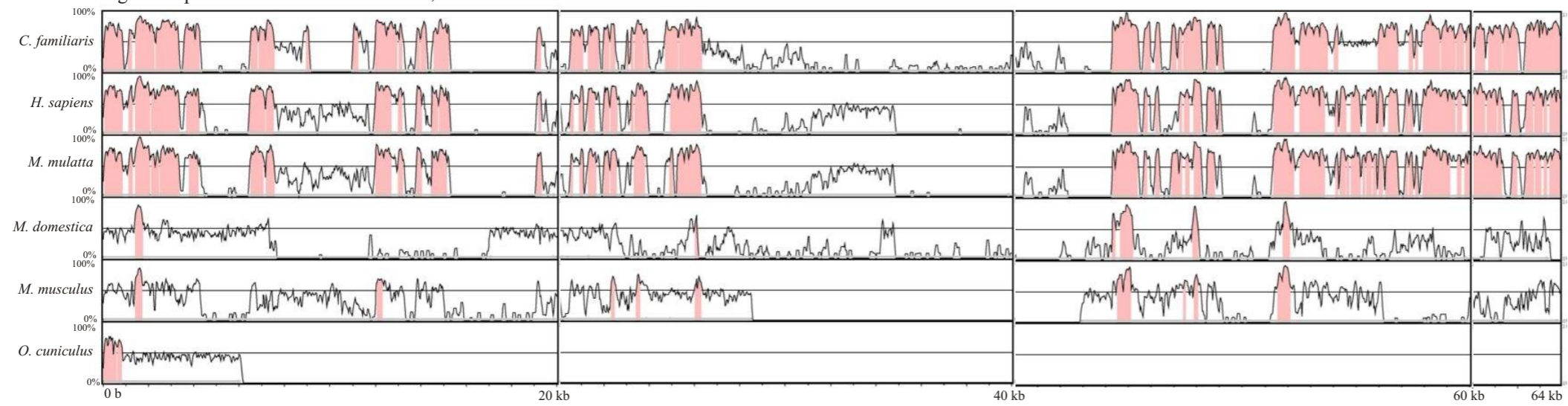


Fig. 71b: specie di riferimento *Homo sapiens*; introne I117.

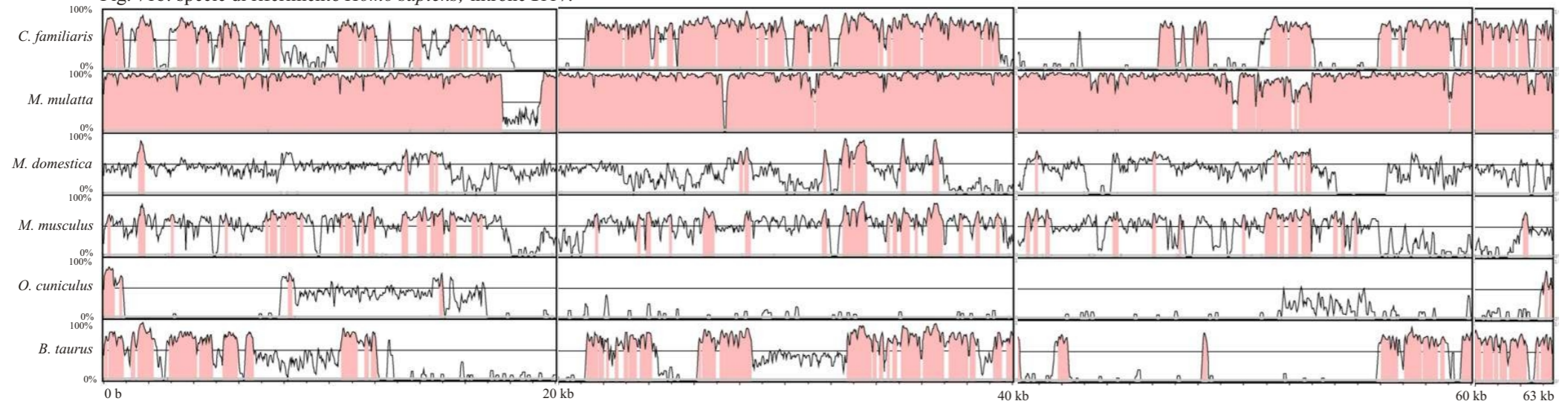


Fig. 71c: specie di riferimento *Canis familiaris*; introne I117.

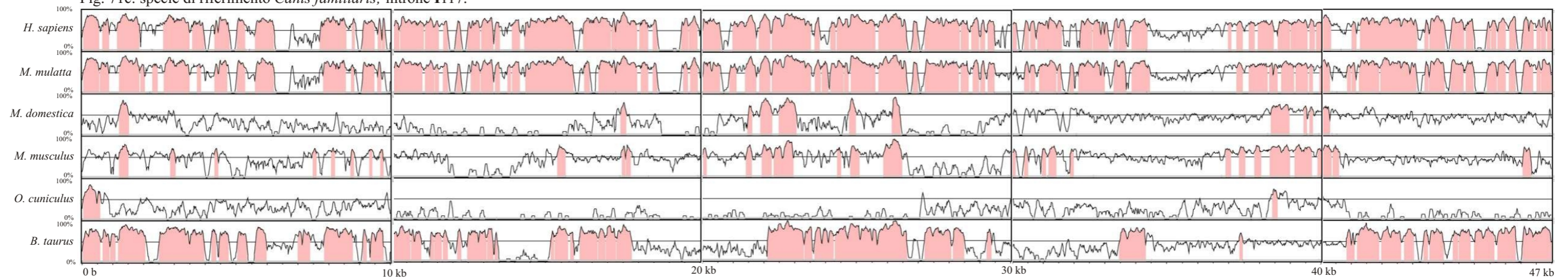


Fig. 71a-b-c: rappresentazione grafica tramite mVISTA degli allineamenti ottenuti con il programma MLAGAN. Asse x: lunghezza delle sequenze; asse y: percentuale d'identità di sequenza. I criteri utilizzati sono: finestra minima di 100 b e 70% di identità per definire le sequenze conservate non codificanti (CNS), rappresentate in grigio. Allineamento pair-wise dell'introne I117 tra le specie *B. taurus* (specie di riferimento in Fig. 71a), *H. sapiens* (specie di riferimento in Fig. 71b), *M. mulatta*, *M. domestica*, *C. familiaris* (specie di riferimento in Fig. 71c), *M. musculus*, *O. cuniculus*.

Fig. 72a: specie di riferimento *Macaca mulatta*; introne I117.

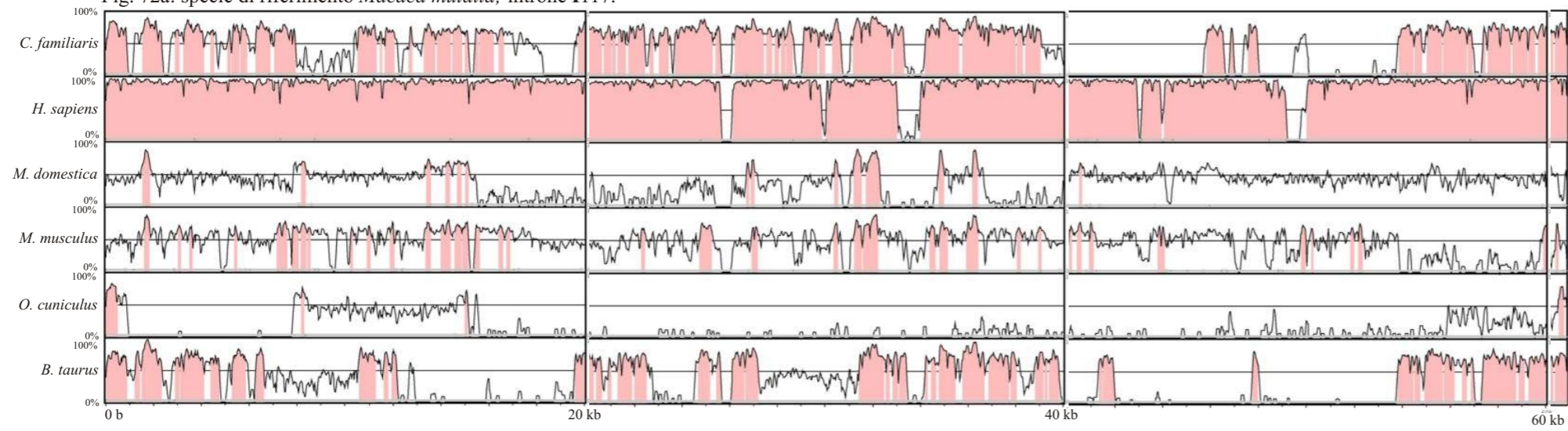


Fig. 72b: specie di riferimento *Monodelphis domestica*; introne I117.

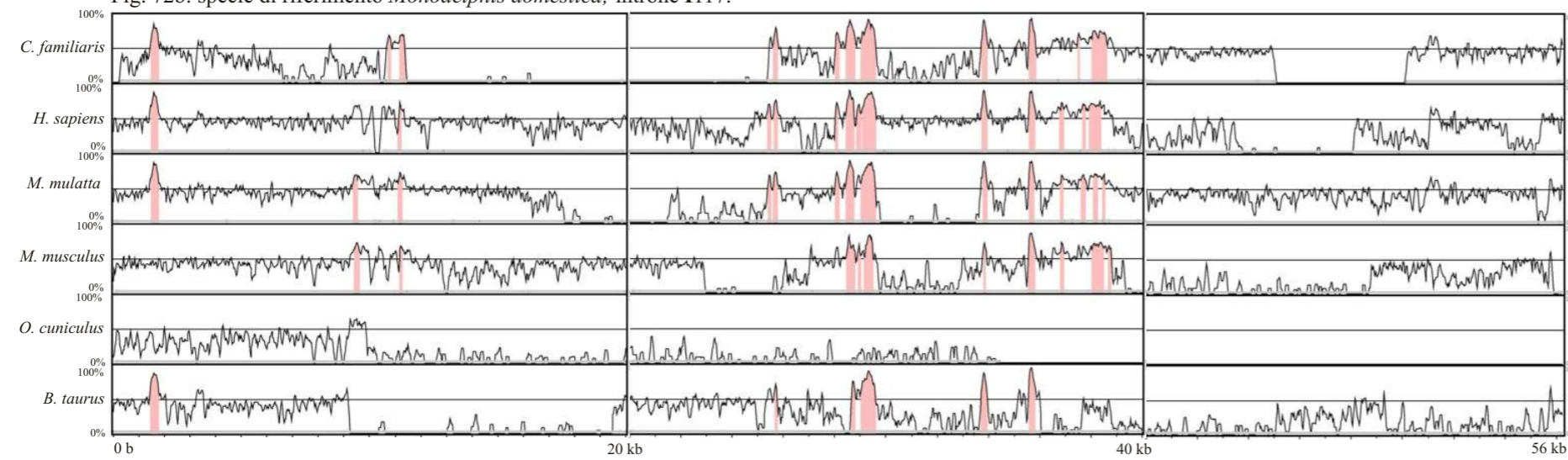


Fig. 72c: specie di riferimento *Mus musculus*; introne I117.

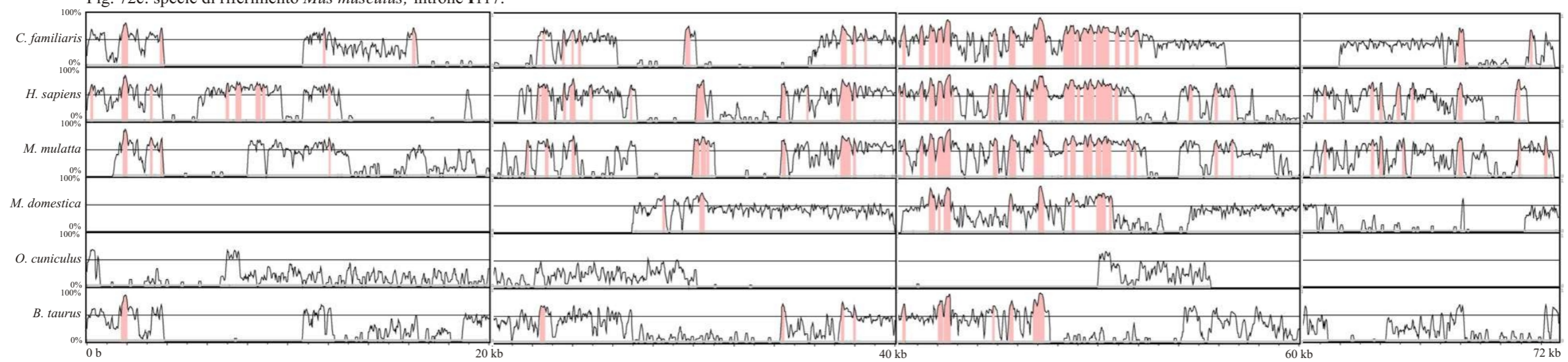


Fig. 72a-b-c: rappresentazione grafica tramite mVISTA degli allineamenti ottenuti con il programma MLAGAN. Asse x: lunghezza delle sequenze; asse y: percentuale d'identità di sequenza. I criteri utilizzati sono: finestra minima di 100 b e 70% di identità per definire le sequenze conservate non codificanti (CNS), rappresentate in grigio. Allineamento pair-wise dell'introne I117 tra le specie *B. taurus*, *H. sapiens*, *M. mulatta* (specie di riferimento in Fig. 72a), *M. domestica* (specie di riferimento in Fig. 72b), *C. familiaris*, *M. musculus* (specie di riferimento in Fig. 72c), *O. cuniculus*.

Fig. 73a: specie di riferimento *Oryctolagus cuniculus*; introne I117.

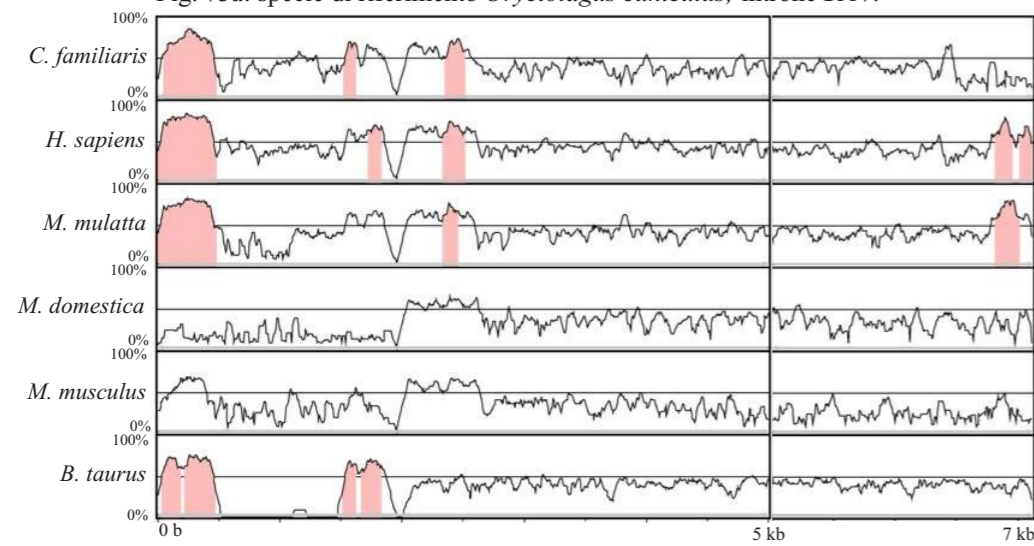


Fig. 73b: specie di riferimento *Canis familiaris*; introne I336.

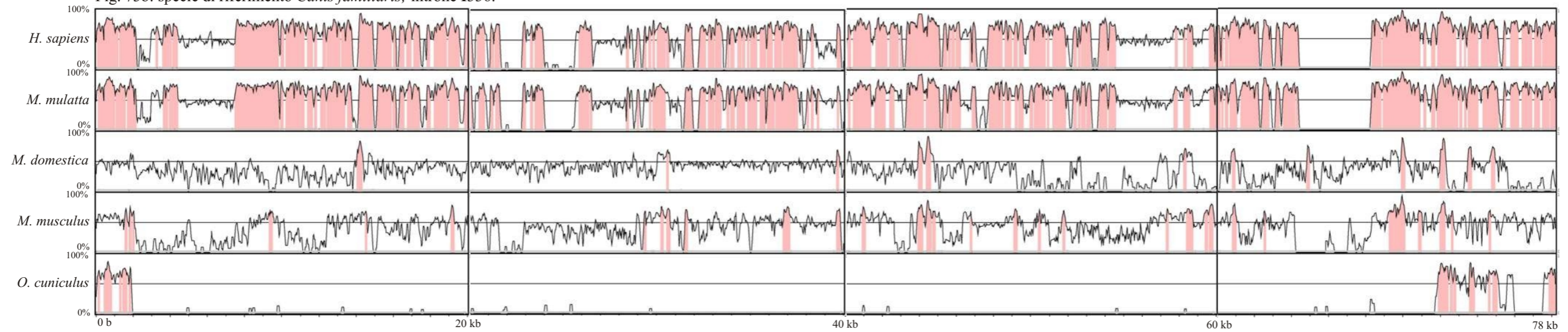


Fig. 73c: specie di riferimento *Homo sapiens*; introne I336.

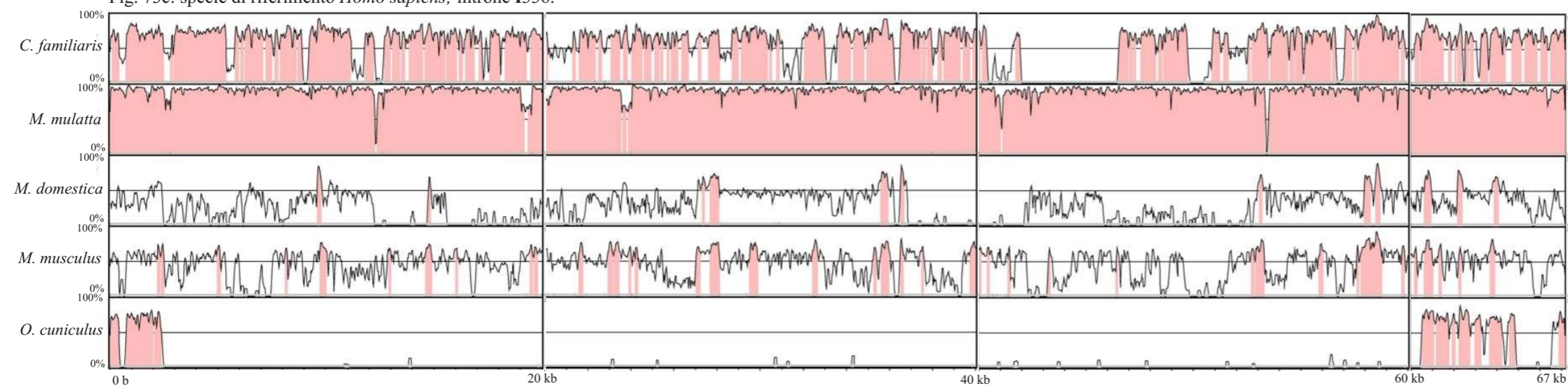


Fig. 73a-b-c: rappresentazione grafica tramite mVISTA degli allineamenti ottenuti con il programma MLAGAN. Asse x: lunghezza delle sequenze; asse y: percentuale d'identità di sequenza. I criteri utilizzati sono: finestra minima di 100 b e 70% di identità per definire le sequenze conservate non codificanti (CNS), rappresentate in grigio. Allineamento pair-wise dell'introne I117 tra le specie *O. cuniculus* (specie di riferimento in Fig. 73a), *B. taurus*, *H. sapiens*, *M. mulatta*, *M. domestica*, *C. familiaris*, *M. musculus*. Allineamento pair-wise dell'introne I336 tra le specie *O. cuniculus*, *M. mulatta*, *M. domestica*, *C. familiaris* (specie di riferimento in Fig. 73b), *M. musculus*, *H. sapiens* (specie di riferimento in Fig. 73c).

Fig. 74a: specie di riferimento *Macaca mulatta*; introne I336.

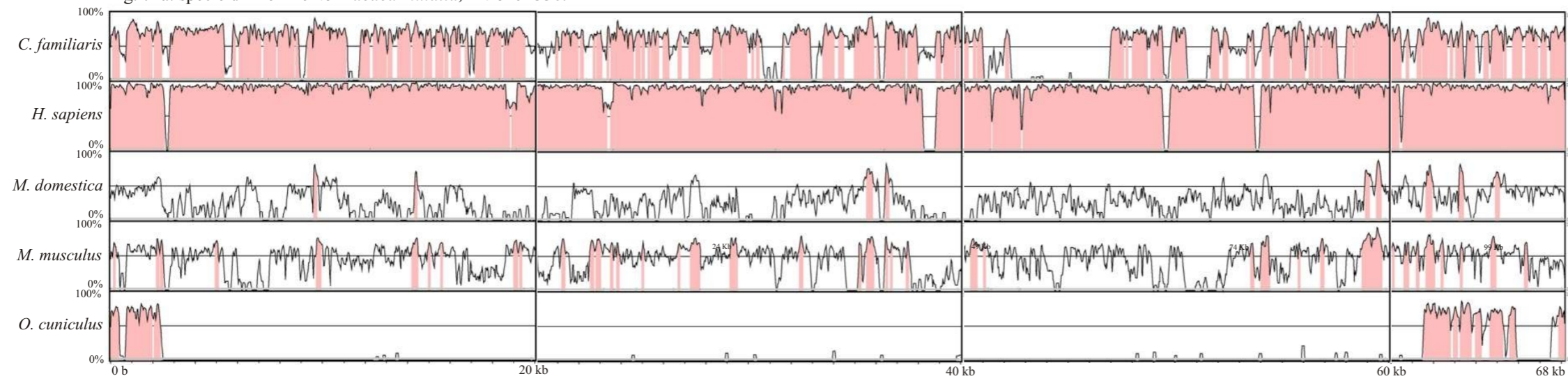


Fig. 74b: specie di riferimento *Mus musculus*; introne I336.

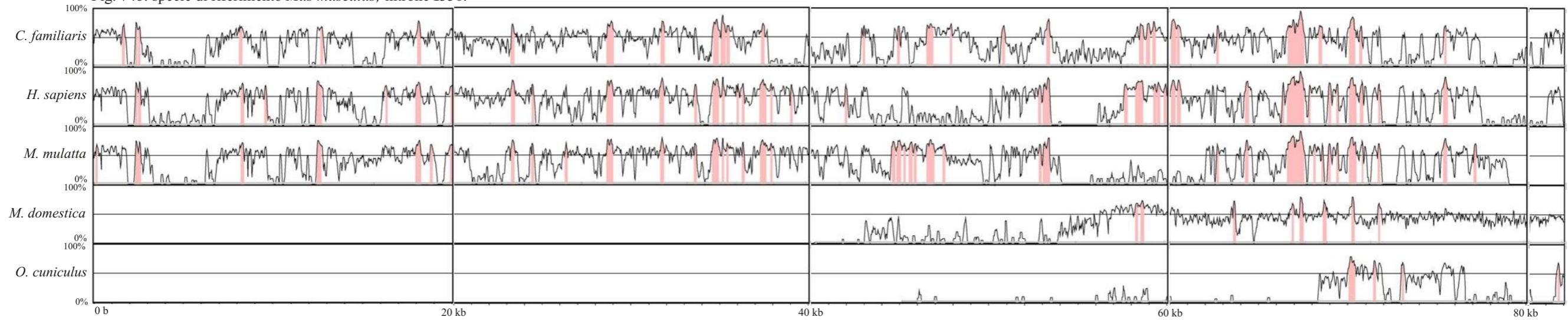


Fig. 74c: specie di riferimento *Oryctolagus cuniculus*; introne I336.

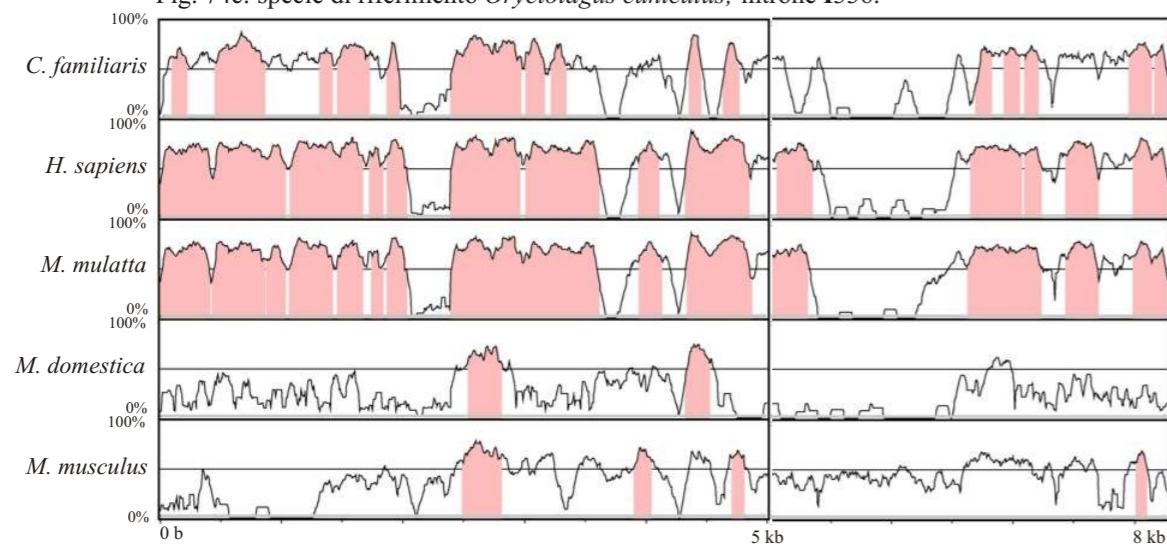


Fig. 74a-b-c: rappresentazione grafica tramite mVISTA degli allineamenti ottenuti con il programma MLAGAN. Asse x: lunghezza delle sequenze; asse y: percentuale d'identità di sequenza. I criteri utilizzati sono: finestra minima di 100 b e 70% di identità per definire le sequenze conservate non codificanti (CNS), rappresentate in grigio. Allineamento pair-wise dell'introne I336 tra le specie *H. sapiens*, *M. mulatta* (specie di riferimento in Fig. 74a), *M. domestica*, *C. familiaris*, *M. musculus* (specie di riferimento in Fig. 74b), *O. cuniculus* (specie di riferimento in Fig. 74c).

Fig. 75a: specie di riferimento *Monodelphis domestica*; introne I336.

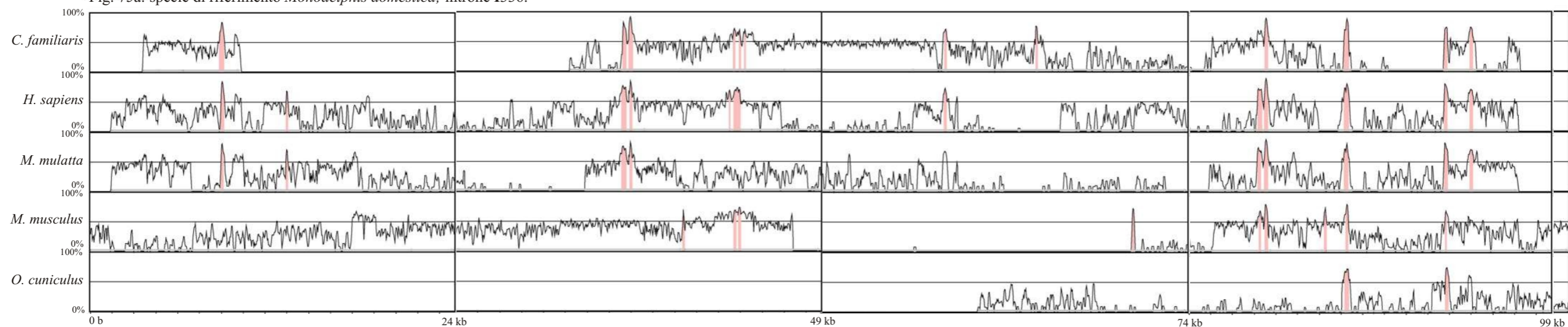


Fig. 75b: specie di riferimento *Canis familiaris*; introne I139.

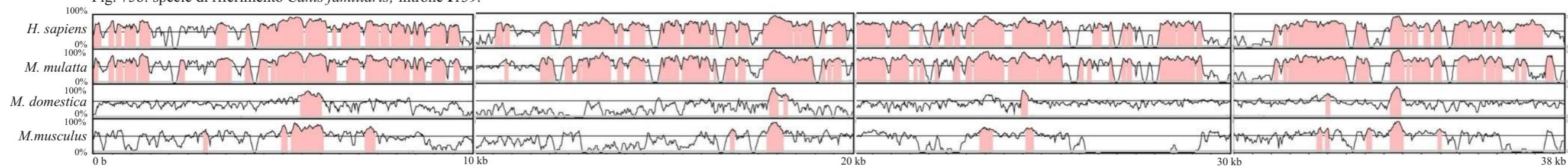


Fig. 75c: specie di riferimento *Monodelphis domestica*; introne I139.

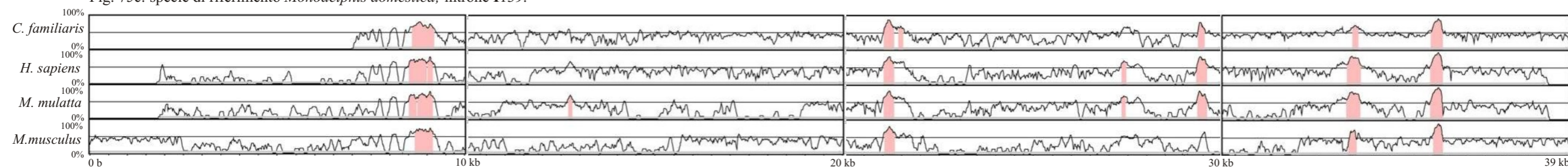


Fig. 75d: specie di riferimento *Mus musculus*; introne I139.

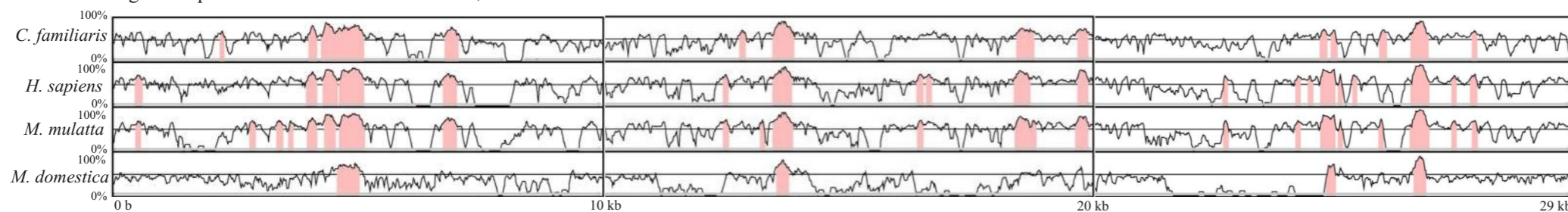


Fig. 75a-b-c-d: rappresentazione grafica tramite mVISTA degli allineamenti ottenuti con il programma MLAGAN. Asse x: lunghezza delle sequenze; asse y: percentuale d'identità di sequenza. I criteri utilizzati sono: finestra minima di 100 b e 70% di identità per definire le sequenze conservate non codificanti (CNS), rappresentate in grigio. Allineamento pair-wise dell'introne I336 tra le specie *H. sapiens*, *M. mulatta*, *M. domestica* (specie di riferimento in Fig. 75a), *C. familiaris*, *M. musculus*, *O. cuniculus*. Allineamento pair-wise dell'introne I139 tra le specie *H. sapiens*, *M. mulatta*, *C. familiaris* (specie di riferimento in Fig. 75b), *M. domestica* (specie di riferimento in Fig. 75c), *M. musculus* (specie di riferimento in Fig. 75d).

Fig. 76a: specie di riferimento *Homo sapiens*; introne I139.

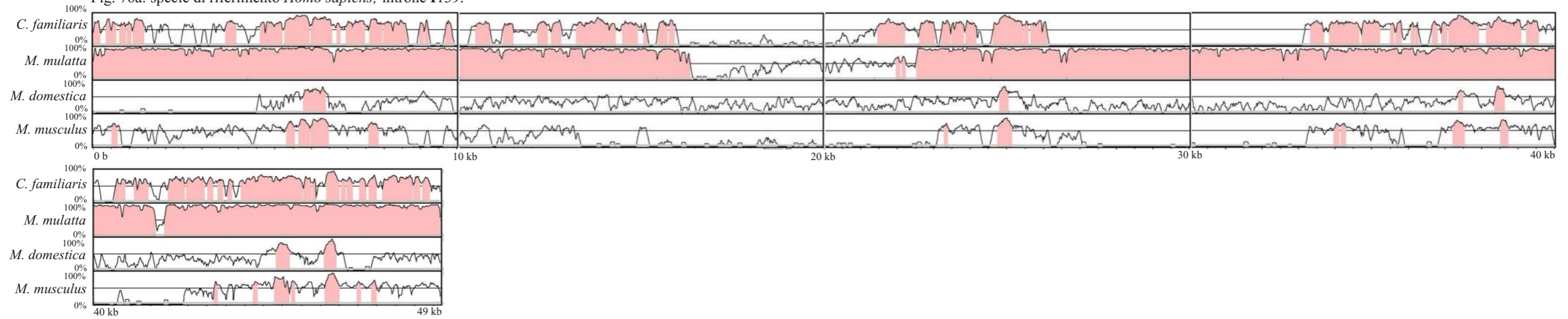


Fig. 76b: specie di riferimento *Macaca mulatta*; introne I139.

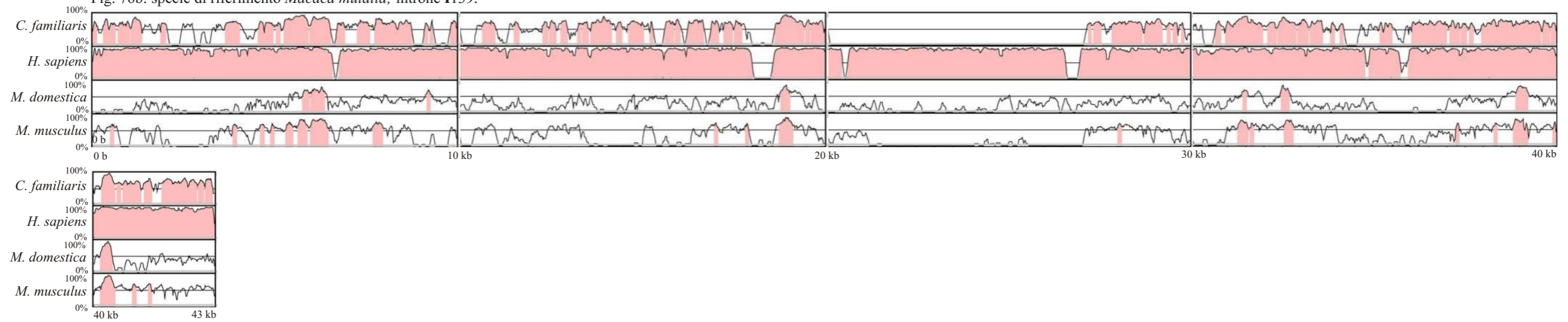


Fig. 76c: specie di riferimento *Echinops telfairi*; introne I134.

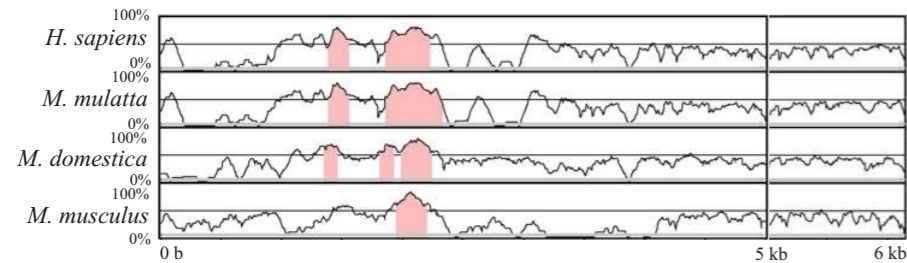


Fig. 76a-b-c: rappresentazione grafica tramite mVISTA degli allineamenti ottenuti con il programma MLAGAN. Asse x: lunghezza delle sequenze; asse y: percentuale d'identità di sequenza. I criteri utilizzati sono: finestra minima di 100 b e 70% di identità per definire le sequenze conservate non codificanti (CNS), rappresentate in grigio. Allineamento pair-wise dell'introne I139 tra le specie *H. sapiens* (specie di riferimento in Fig. 76a), *M. mulatta* (specie di riferimento in Fig. 76b), *M. domestica*, *C. familiaris*, *M. musculus*. Allineamento pair-wise dell'introne I134 tra le specie *H. sapiens*, *M. mulatta*, *M. domestica*, *M. musculus*, *E. telfairi* (specie di riferimento in Fig. 76c).

Fig. 77a: specie di riferimento *Monodelphis domestica*; introne I134.

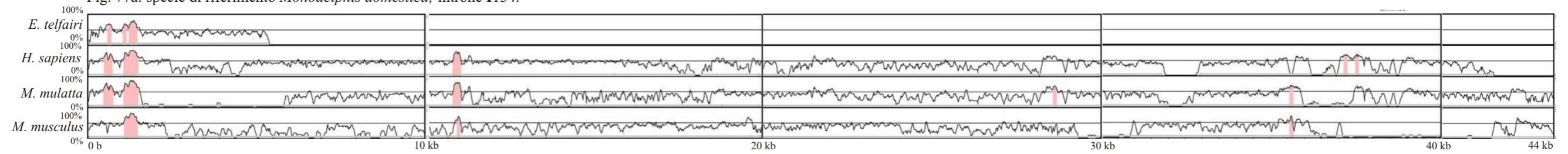


Fig. 77b: specie di riferimento *Homo sapiens*; introne I184.

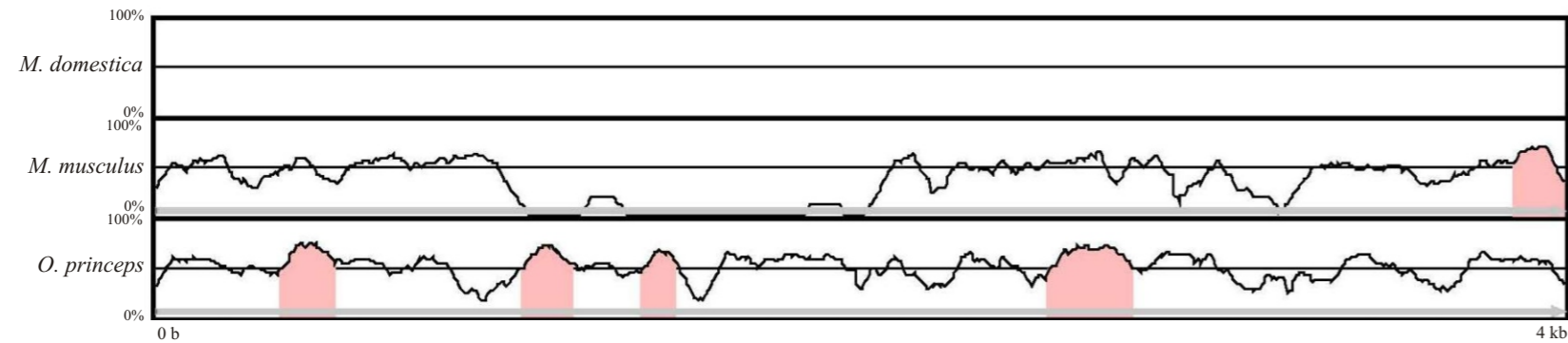


Fig. 77c: specie di riferimento *Mus musculus*; introne I184.

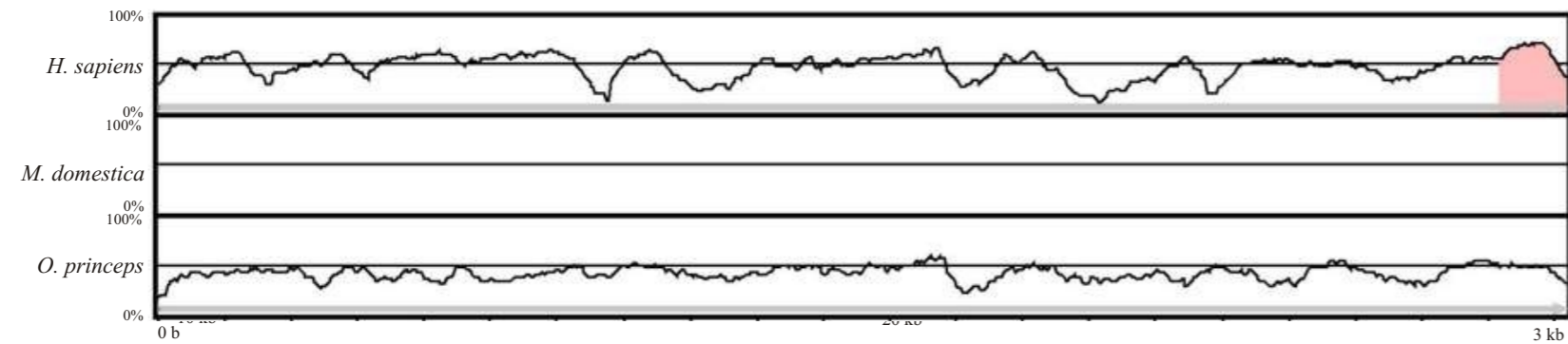
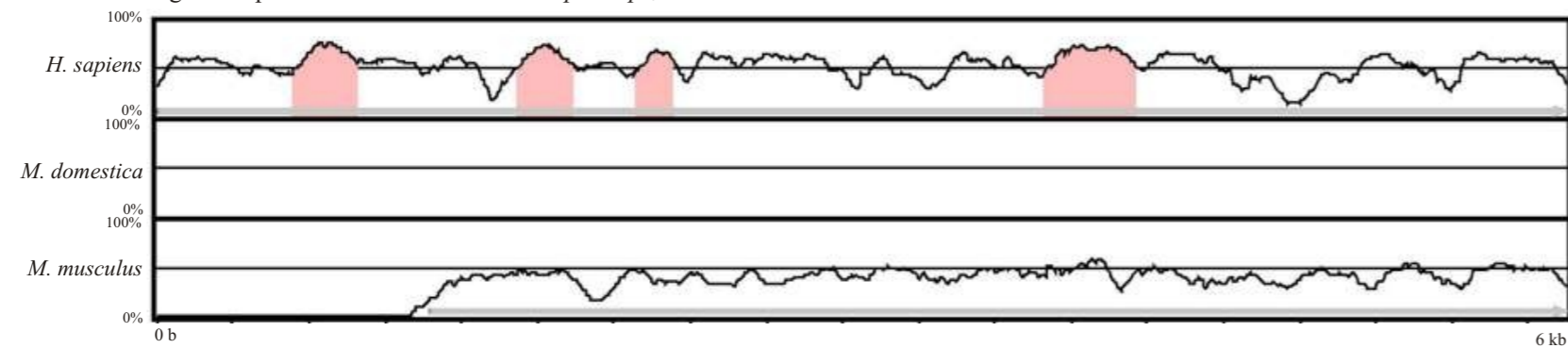


Fig. 77d: specie di riferimento *Ochotona princeps*; introne I184.



Figg. 77a-b-c-d: rappresentazione grafica tramite mVISTA degli allineamenti ottenuti con il programma MLAGAN. Asse x: lunghezza delle sequenze; asse y: percentuale d'identità di sequenza. I criteri utilizzati sono: finestra minima di 100 b e 70% di identità per definire le sequenze conservate non codificanti (CNS), rappresentate in grigio. Allineamento pair-wise dell'introne I134 tra le specie *H. sapiens*, *M. mulatta*, *M. domestica* (specie di riferimento in Fig. 77a), *M. musculus*, *E. telfairi*. Allineamento pair-wise dell'introne I184 tra le specie *H. sapiens* (specie di riferimento in Fig. 77b), *M. musculus* (specie di riferimento in Fig. 77c), *O. princeps* (specie di riferimento in Fig. 77d).

Fig. 78a: specie di riferimento *Homo sapiens*; introne I134.

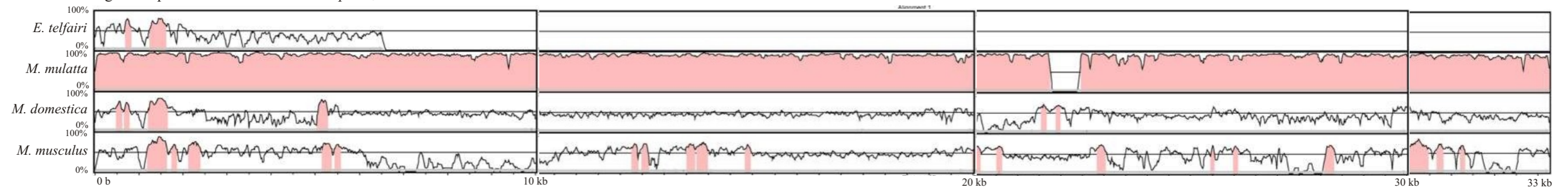


Fig. 78b: specie di riferimento *Macaca mulatta*; introne I134.

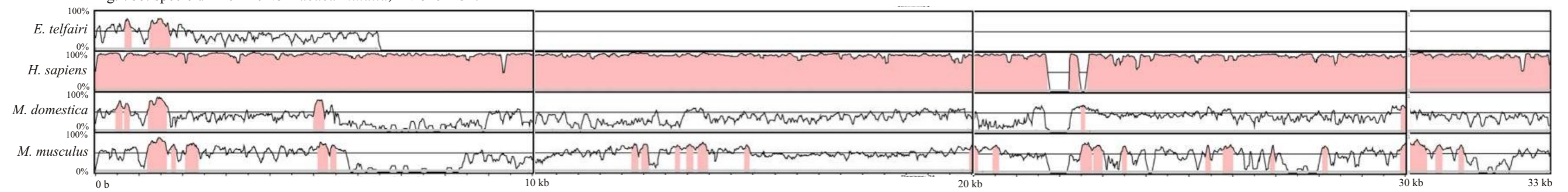


Fig. 78c: specie di riferimento *Mus musculus*; introne I134.

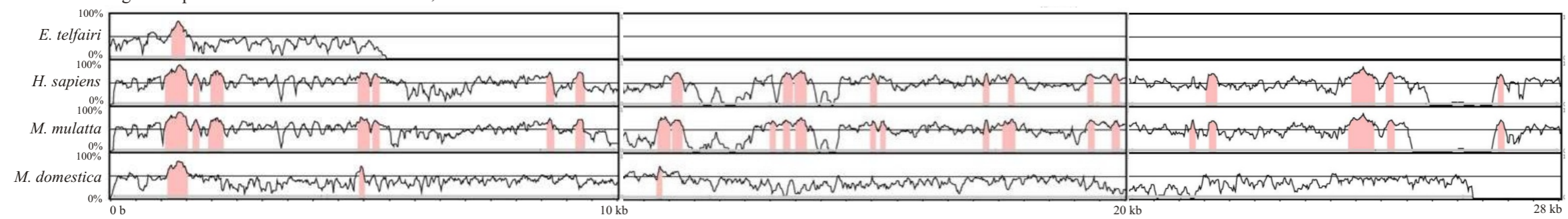


Fig. 78a-b-c: rappresentazione grafica tramite mVISTA degli allineamenti ottenuti con il programma MLAGAN. Asse x: lunghezza delle sequenze; asse y: percentuale d'identità di sequenza. I criteri utilizzati sono: finestra minima di 100 b e 70% di identità per definire le sequenze conservate non codificanti (CNS), rappresentate in grigio. Allineamento pair-wise dell'introne I134 tra le specie *H. sapiens* (specie di riferimento in Fig. 78a), *M. mulatta* (specie di riferimento in Fig. 78b), *M. domestica*, *M. musculus* (specie di riferimento in Fig. 78c), *E. telfairi*.

Fig. 79a: specie di riferimento *Atherina boyeri*; introne I117.

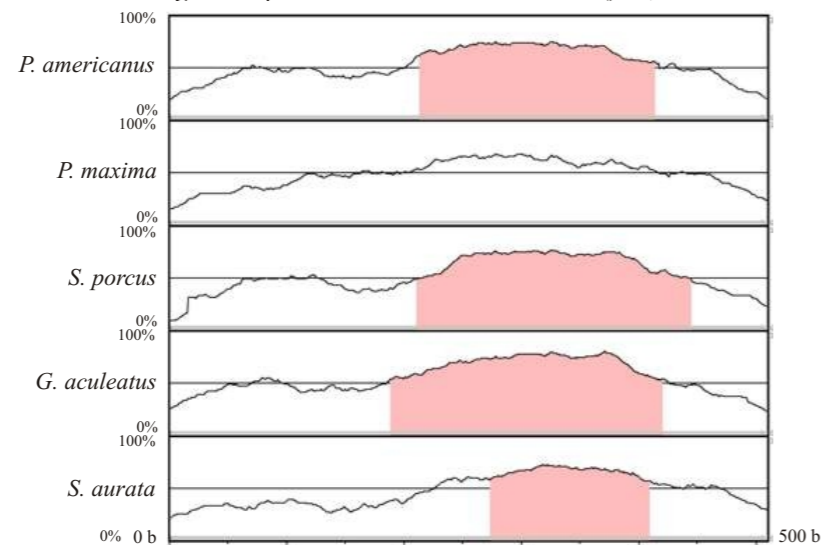


Fig. 79b: specie di riferimento *Gasterosteus aculeatus*; introne I117.

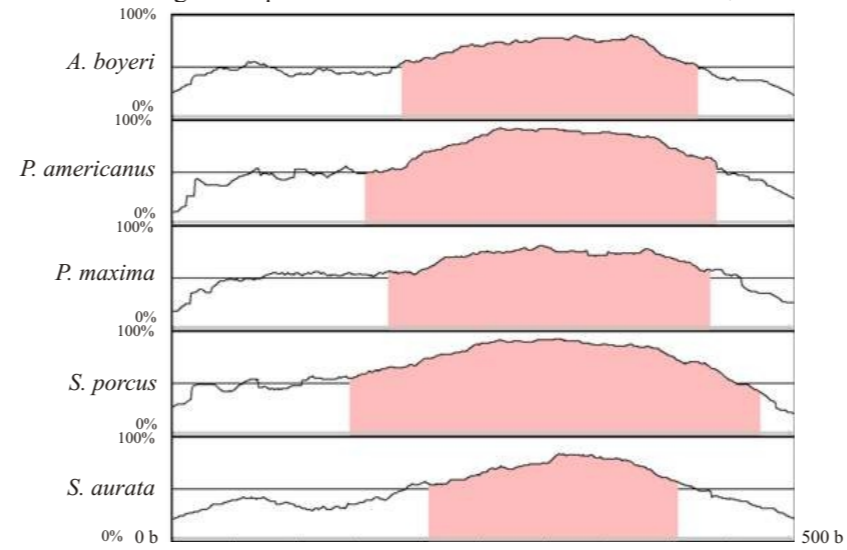


Fig. 79c: specie di riferimento *Sparus aurata*; introne I117.

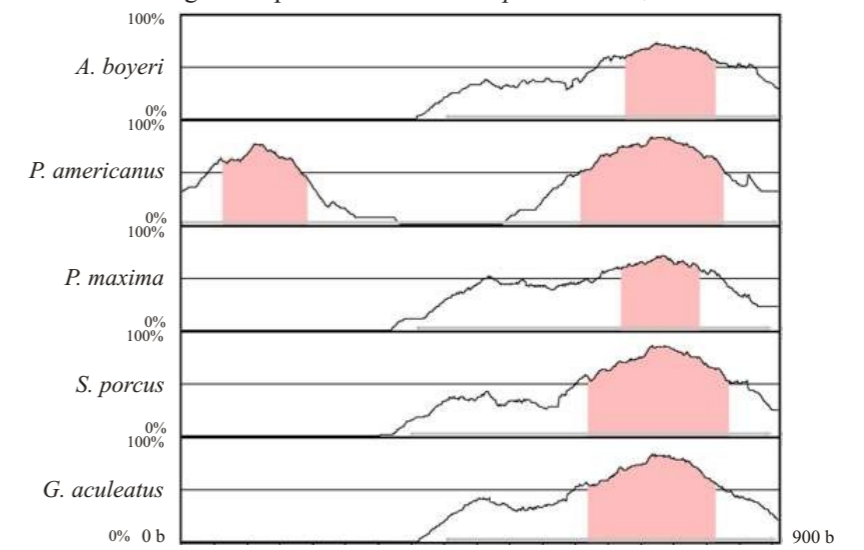


Fig. 79d: specie di riferimento *Polyprion americanus*; introne I117.

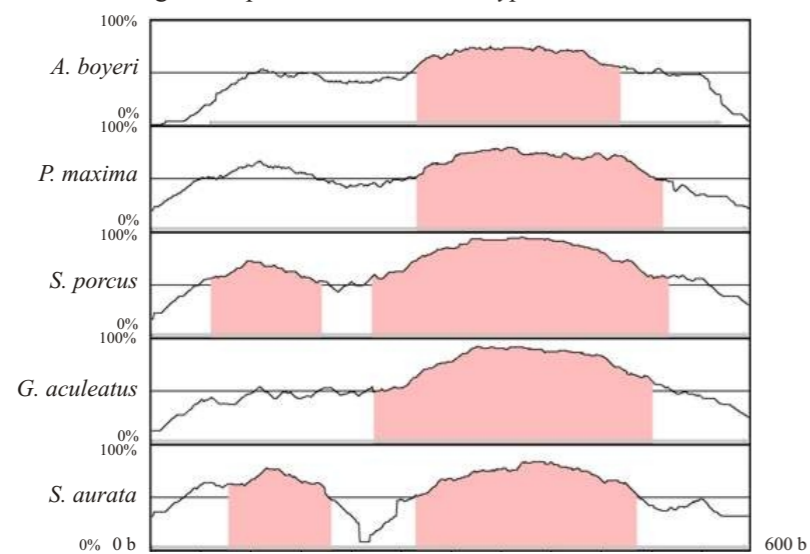


Fig. 79e: specie di riferimento *Psetta maxima*; introne I117.

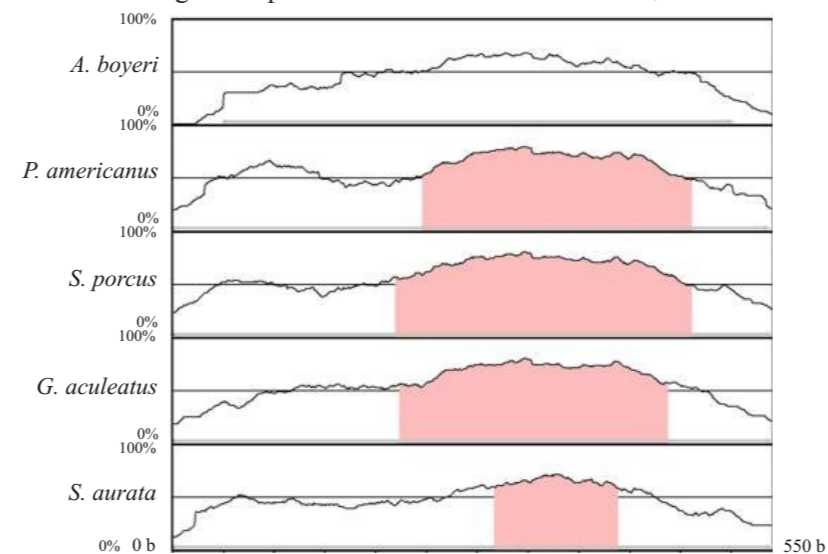


Fig. 79f: specie di riferimento *Scorpaena porcus*; introne I117.

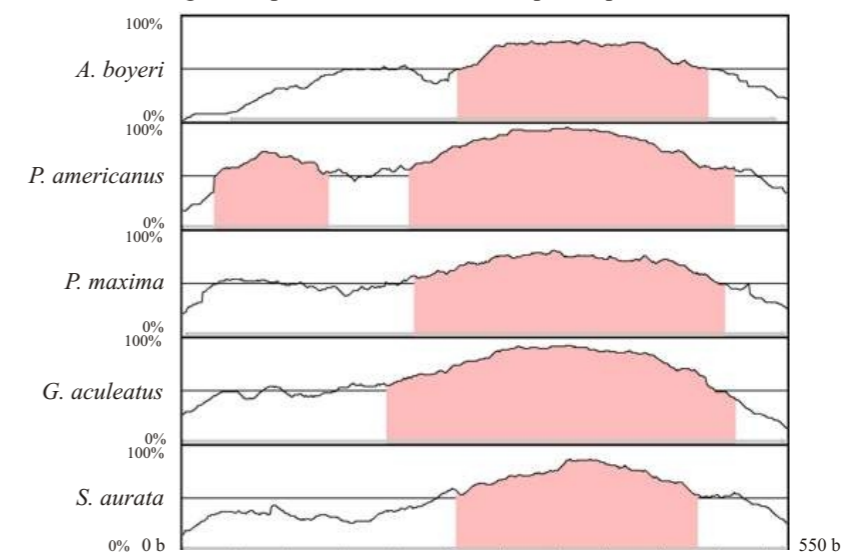


Fig. 79a-b-c-d-e-f: rappresentazione grafica tramite mVISTA degli allineamenti ottenuti con il programma MLAGAN. Asse x: lunghezza delle sequenze; asse y: percentuale d'identità di sequenza. I criteri utilizzati sono: finestra minima di 100 b e 70% di identità per definire le sequenze conservate non codificanti (CNS), rappresentate in grigio. Allineamento pair-wise dell'introne I117 tra le specie *A. boyeri* (specie di riferimento in Fig. 79a), *G. aculeatus* (specie di riferimento in Fig. 79b), *S. aurata* (specie di riferimento in Fig. 79c), *P. americanus* (specie di riferimento in Fig. 79d), *P. maxima* (specie di riferimento in Fig. 79e) e *S. porcus* (specie di riferimento in Fig. 79f).

Fig. 80a: specie di riferimento *Barbus plebejus*; introne I117.

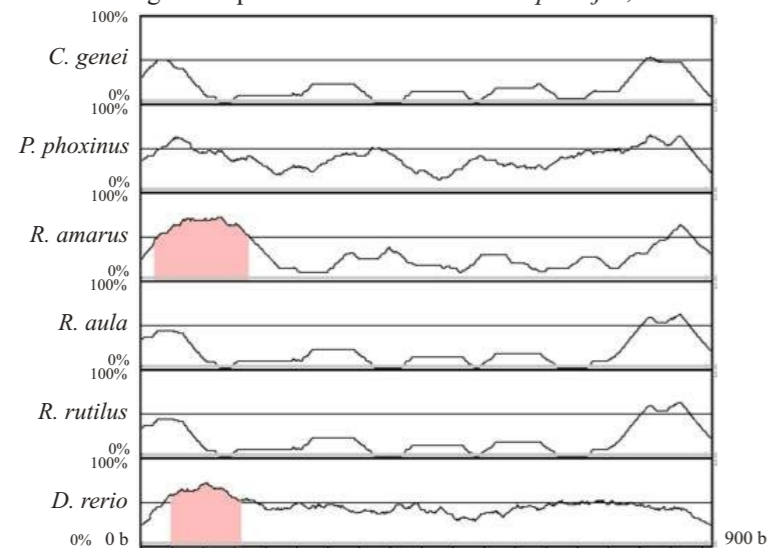


Fig. 80b: specie di riferimento *Chondrostoma genei*; introne I117.

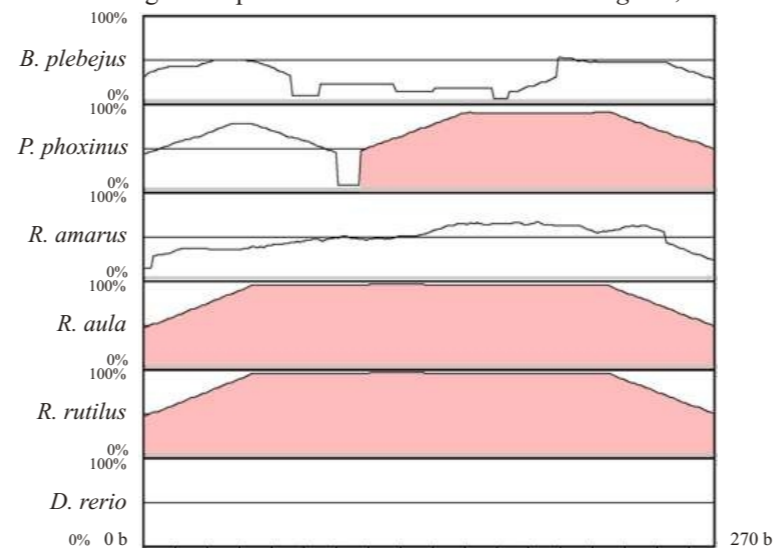


Fig. 80c: specie di riferimento *Phoxinus phoxinus*; introne I117.

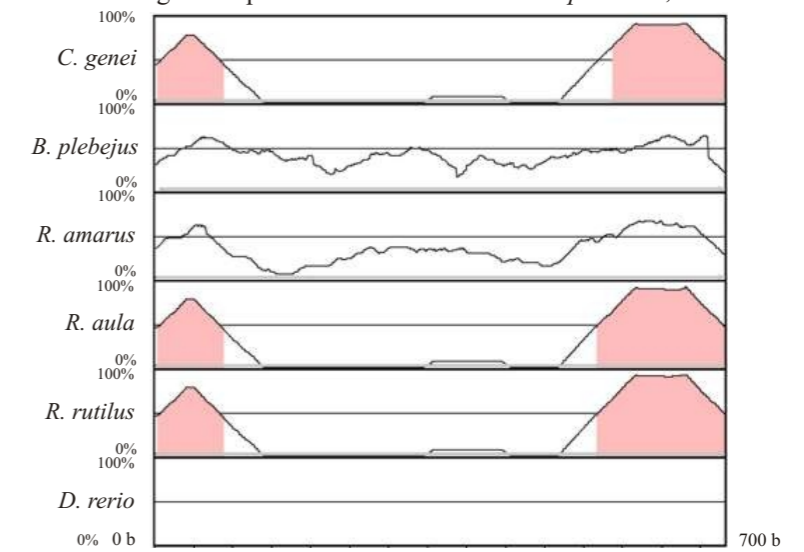


Fig. 80d: specie di riferimento *Rhodeus amarus*; introne I117.

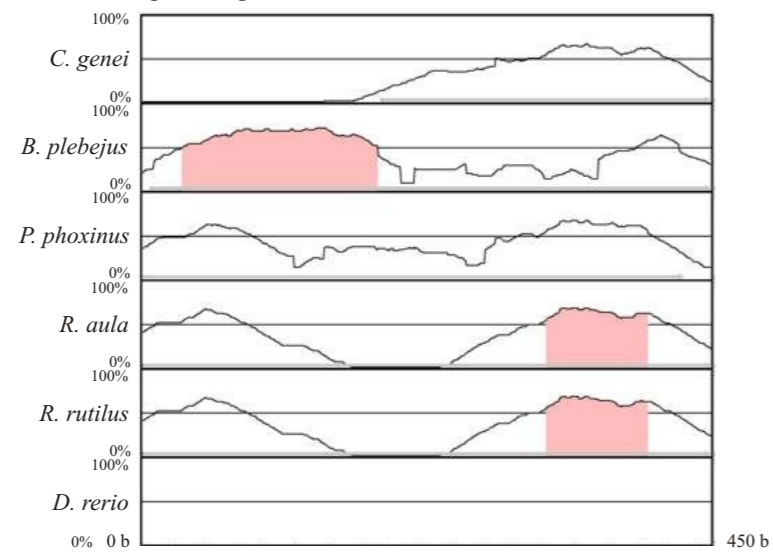


Fig. 80e: specie di riferimento *Rutilus aula*; introne I117.

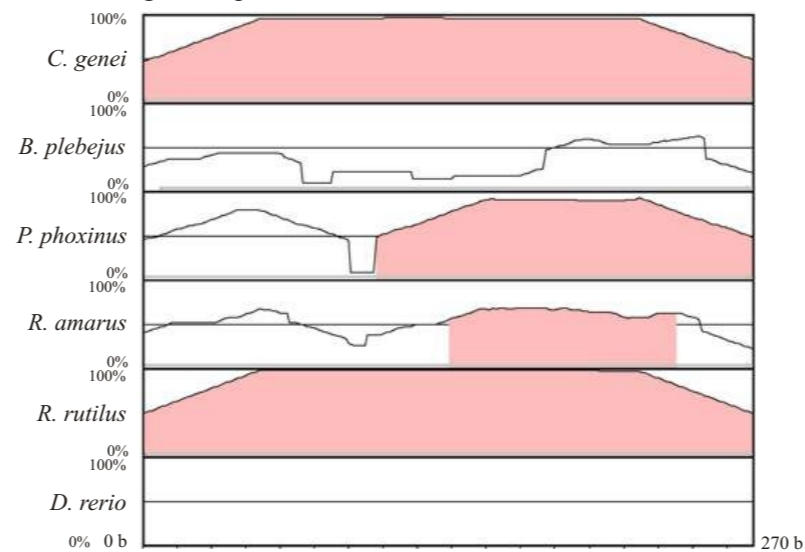


Fig. 80f: specie di riferimento *Rutilus rutilus*; introne I117.

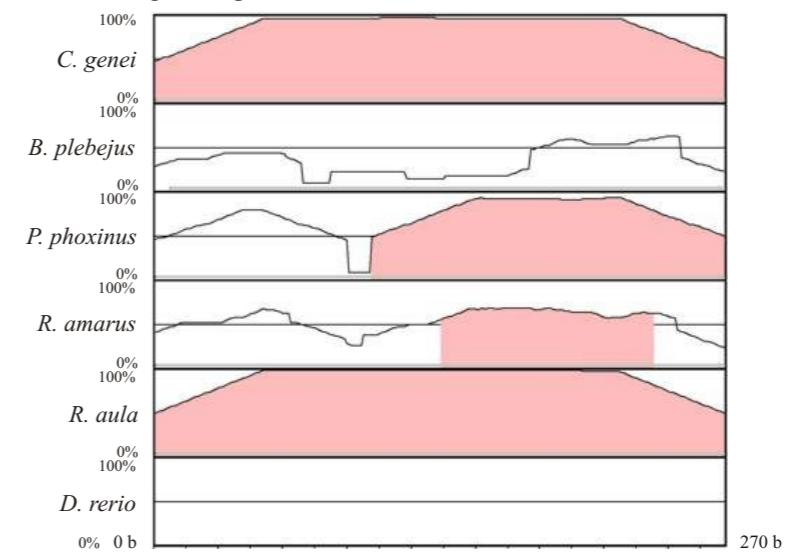


Fig. 80g: specie di riferimento *Danio rerio*; introne I117.

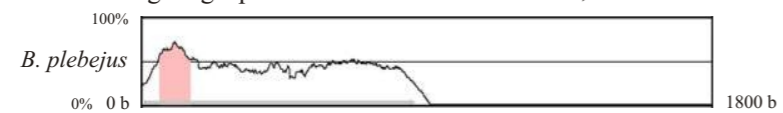


Fig. 80a-b-c-d-e-f-g: rappresentazione grafica tramite mVISTA degli allineamenti ottenuti con il programma MLAGAN. Asse x: lunghezza delle sequenze; asse y: percentuale d'identità di sequenza. I criteri utilizzati sono: finestra minima di 100 b e 70% di identità per definire le sequenze conservate non codificanti (CNS), rappresentate in grigio. Allineamento pair-wise dell'introne I117 tra le specie *B. plebejus* (specie di riferimento in Fig. 80a), *C. genei* (specie di riferimento in Fig. 80b), *P. phoxinus* (specie di riferimento in Fig. 80c), *R. amarus* (specie di riferimento in Fig. 80d), *R. aula* (specie di riferimento in Fig. 80e), *R. rutilus* (specie di riferimento in Fig. 80f), *D. rerio* (specie di riferimento in Fig. 80g).