

## **Introni e regioni intergeniche in *Caenorhabditis elegans* presentano correlazioni a lungo range nell'uso di oligonucleotidi**

C. Frontali e E. Pizzi

Lab. Biologia Cellulare, Istituto Superiore di Sanità, Roma.

Viene presentato un metodo che consente di rivelare correlazioni nell'uso di insiemi di 'parole', di lunghezza data, lungo sequenze genomiche. La costruzione di 'diagrammi di ricorrenza' permette di suddividere porzioni genomiche in base al regime di ricorrenza, in accordo con l'ipotesi che pressioni selettive diverse, operando su elementi funzionalmente diversi di uno stesso genoma, possano favorire strategie alternative di codifica dell'informazione. In questo tipo di rappresentazione, introni e regioni intergeniche sono caratterizzati da regimi a ricorrenza elevata, ovvero da 'linguaggi' più ridondanti (e tolleranti rispetto ad errori) che non le regioni codificanti per proteine. La costruzione di 'profili di ricorrenza' permette di scorrere lunghe porzioni genomiche evidenziando picchi di ricorrenza per un dato insieme di oligonucleotidi. L'esplorazione di estese porzioni del cromosoma 3 di *C. elegans* rivela l'esistenza di una correlazione nell'uso di oligonucleotidi tra introni e regioni intergeniche, che si estende su distanze dell'ordine delle megabasi.