

CARATTERIZZAZIONE DI UN FEROMONE SOLUBILE DI
EUPLOTES CRASSUS

C. ALIMENTI¹, S. FEDERICI², A. VALLESI¹, G. DI GIUSEPPE², F. DINI², P. LUPORINI¹

claudio.alimenti@unicam.it

¹Dip. di Biologia Molecolare Cellulare Animale, Univ. di Camerino (MC); ²Dip. di Biologia, Univ. di Pisa.

Euplotes crassus è la specie di *Euplotes* che più di ogni altra ha colonizzato, oltre ad ogni ambiente bentonico marino, anche un buon numero di laboratori scientifici, contribuendo in tal modo al progresso delle nostre conoscenze su molteplici aspetti della biologia, ecologia e genetica dei protozoi ciliati. Pur tuttavia nessun successo è mai arriso agli insistenti tentativi di identificare, nel soprannatante di colture di questo ciliato, le molecole (note come feromoni) che ne regolano l'alternarsi tra gli stadi riproduttivo (vegetativo) e sessuale del ciclo biologico. In seguito a questa mancata identificazione, che si basa sulla conduzione di esperimenti di induzione di coppie self (o omotipiche) di coniuganti, è comunemente ritenuto che *E. crassus* sia una specie non secernente feromoni. Queste molecole dovrebbero essere rappresentate da proteine ancorate alla superficie cellulare, quindi capaci di funzionare solo mediante interazioni fisiche tra cellula e cellula.

Questo concetto è sconosciuto da risultati che abbiamo ottenuto dopo aver preliminarmente identificato un ceppo di *E. crassus* (il ceppo L2D) da cui è possibile ricavare preparazioni di soprannatante capaci di indurre coppie self tra cellule non di *E. crassus* stesso (specie restia a formare questo tipo di coppie), ma di *E. raikovi* (specie notoriamente ben più propensa). Da preparazioni di soprannatante di questo ceppo di *E. crassus* abbiamo purificato una proteina con attività feromonale di 6183 Dalton, ne abbiamo determinato per via chimica la sequenza parziale di 30 aminoacidi alla regione N-terminale e, sulla base di questa sequenza, abbiamo sintetizzato oligonucleotidi specifici per amplificarne il gene macronucleare codificante. Dall'analisi della struttura di questo gene è stata dedotta la seguente sequenza aminoacidica completa di 56 residui del feromone del ceppo L2D: D₁DHCPTDVL₁₀TCGYLQGRY₂₀QGN₃₀YEEVGG₃₀LNMSAEFCHC₄₀CSACDEPEVS₅₀PYSNCE₅₆.