

*EUPLOTES FOCARDII*, UN ORGANISMO MODELLO PER LA  
CARATTERIZZAZIONE DI PROTEINE DI POTENZIALE INTERESSE  
INDUSTRIALE

S. BARCHETTA, T. YU, S. PUCCIARELLI, P. BALLARINI, A. LA TERZA, C. MICELI

sabrina.barchetta@unicam.it

Dip. di Biologia Molecolare, Cellulare e Animale, Univ. di Camerino, 62032 Camerino (MC), Italia

Organismi che vivono in ambienti freddi hanno attratto l'attenzione degli scienziati per la loro capacità di riadattare processi biologici modificati dalle basse temperature, come il rallentamento dell'attività enzimatica e l'alterazione della fluidità di membrana. Evidenze da studi di genomica indicano che una pressione selettiva agisce a livello genico generando modificazioni nelle proteine a livello aminoacidico e strutturale, per permettere la funzionalità biologica a bassa temperatura. L'analisi di queste modificazioni ha anche il fine di suggerire specifiche modifiche da apportare a proteine ingegnerizzabili per usi a livello biotecnologico o terapeutico. Fino ad ora, intere sequenze genomiche di organismi psicrofili sono note soltanto nei procarioti, e solo parziali informazioni si hanno su organismi eucarioti. Attualmente, stiamo portando avanti una comparazione di sequenze proteiche predette, investigando a larga scala il genoma del protozoo antartico psicrofilo *Euplotes focardii*. La comparazione avviene con altre specie congeneriche mesofile, una delle quali può essere considerata una sibling species di *E. focardii* per alcuni caratteri tassonomici, isolata da ambienti equatoriali e mantenuta a temperatura ambiente. Il genere *Euplotes* offre alcuni vantaggi per la predizione genica a larga scala, data la sua organizzazione nel macronucleo in nanocromosomi, cioè molecole di DNA lineari con una singola regione codificante e regioni regolative alle estremità, terminanti con telomeri. Stiamo sequenziando una genoteca "pilota" di nanocromosomi da 2 a 5 kb, che codificano proteine da 30000 a 130000 Daltons. Per migliorare le predizioni geniche, data la presenza inattesa di numerosi brevi introni, stiamo portando avanti in parallelo un approccio di sequenza del trascrittoma mediante pirosequenziamento. Tra le proteine fino ad ora predette, abbiamo focalizzato la nostra attenzione su trasportatori di membrana, domini ATPasici, fosfatasi alcaline e chinasi che mostrano incremento di idrofobicità nel core della proteina e di flessibilità nei siti catalitici.