

VARIABILITÀ GENICA DEI PEPTIDI ANTIMICROBICI:
POLIMORFISMO DELL'MRNA DELLA MITILINA B DI
M. GALLOPROVINCIALIS

M.G. PARISI^{1,2}, H. LI², M. TOUBIANA², N. PARRINELLO¹, M. CAMMARATA¹,
P. ROCH²

g.parisi@unipa.it

¹Dip. di Biologia Animale, Univ. degli studi di Palermo, Via Archirafi 18, 90123 Palermo;

²Ecosystèmes Lagunaires UMR 5119, CNRS-IFREMER, Université Montpellier 2, F-34095
Montpellier, France

Negli invertebrati gli emociti sono responsabili della sintesi di molecole effettrici dell'immunità come i peptidi antimicrobici (AMP). In questo lavoro è stata valutata la diversità dell'mRNA del peptide mitilina B, una delle isoforme della mitilina di *M. galloprovincialis*. Differenti mRNA isolati da individui provenienti da Messina (Italia) e amplificati mediante PCR, sono stati esaminati in elettroforesi su PAGE in gradiente denaturante di urea-formammide. L'analisi su gel conferma che la mitilina è costitutivamente espressa negli emociti e rivela da 2 a 10 diverse molecole di mRNA per individuo. Tre differenti patterns sono presenti nel 79% degli individui, mentre i restanti patterns si trovano solo nel 2-7% dei 57 mitili esaminati. Sono state trovate 36 varianti nucleotidiche e 21 diverse sequenze codificanti in siti specifici, per lo più all'interno della porzione carbossi terminale o nella regione 3' UTR. La sequenza del peptide maturo è sempre unica, mentre, del pro-peptide si identificano quattro varianti. Il sequenziamento parziale del gene ha mostrato che le mutazioni, casualmente distribuite e per la maggior parte silenti, sono presenti anche nel terzo introne. Dall'amplificazione del DNA genomico sono state ottenute 91 sequenze differenti; la diversità delle sequenze genomiche dell'esone 4 non trova puntuale riscontro con la diversità del corrispondente mRNA dovuta probabilmente a modificazioni post-trasduzionali. I test per la neutralità applicati alle sequenze supportano l'ipotesi della neutralità o di una possibile selezione positiva solo all'estremità C-terminale. La variabilità del peptide a cui non corrisponde la medesima variabilità tradotta a livello della molecola matura, indica che, diversamente da altri AMPs come la miticina C, la mitilina B potrebbe non risentire della co-evoluzione con agenti patogeni. Tuttavia, le popolazioni analizzate per la miticina C e la mitilina B provengono da aree geografiche differenti. Pertanto, sono in corso analisi reciproche per definire l'effetto di ambienti differenti sul polimorfismo dei fattori antimicrobici.