

STRUTTURA ED ESPRESSIONE DEI GENI CODIFICANTI I
FEROMONI E I LORO RECETTORI NEL CILIATO *EUPLOTES*A. VALLESI¹, F. RICCI¹, C. ALIMENTI¹, G. DI GIUSEPPE², F. DINI², P. LUPORINI¹

adriana.vallesi@unicam.it

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

Analisi di genetica Mendeliana applicate alla trasmissione ereditaria dei sistemi multipli di mating type tipici dei ciliati ipotrichi, *Euplotes* in particolare, implicano inequivocabilmente che i segnali (feromoni) che distinguono chimicamente le cellule di diverso mating type sono determinati dallo stesso locus genico che controlla anche i recettori di questi feromoni. La verifica sperimentale di questa implicazione trova, tuttavia, forti ostacoli nella dualità nucleare, strutturale e funzionale, distintiva dei ciliati. Essa infatti impone che i caratteri siano trasmessi attraverso il genoma cromosomico diploide del micronucleo germinale, e poi espressi attraverso il genoma sub-cromosomico poliploide (composto esclusivamente da singoli geni amplificati in migliaia di copie) del macronucleo somatico. La determinazione per via chimica delle sequenze aminoacidiche di un certo numero di feromoni purificati dal soprannatante di colture di *E. raikovi*, *E. octocarinatus* e *E. nobilii* ha presto portato a clonarne i relativi geni codificanti macronucleari. E l'identificazione di sequenze introniche nella struttura di questi geni ha inizialmente suggerito che queste sequenze potessero essere alternativamente rimosse mediante un meccanismo di splicing in modo tale da generare due distinti RNA messaggeri dalla stessa sequenza di DNA, uno specifico per il feromone secreto e l'altro specifico per il recettore di membrana del feromone secreto.

Lo studio più approfondito della struttura e espressione di questi, e di nuovi altri alleli clonati da *E. raikovi* e *E. nobilii*, indica ora che questo meccanismo di splicing in ciascuna cellula coinvolge non un'unica forma di gene macronucleare come finora supposto, bensì due isoforme. Queste sono tra loro distinte per grado di amplificazione, dimensioni e struttura sia delle sequenze introniche, sia di quelle non-codificanti (promotrici) della regione in 5'. Alla luce di queste nuove osservazioni è lecito ipotizzare che esse diversificano anche nella produzione degli RNA messaggeri specifici per il feromone secreto e il relativo recettore, e condividono un'origine comune da riorganizzazione dello stesso locus genico micronucleare.