

IL SISTEMA DELLA PROFENOLOSSIDASI IN *Ciona intestinalis*. CARATTERIZZAZIONE E INTERAZIONE TRA FENOLOSSIDASI, PEROSSINECTINA E SUPEROSSIDO DISMUTASI Cu-Zn DIPENDENTE NELLA RISPOSTA INFIAMMATORIA INDOTTA DA LPS

MATTEO CAMMARATA, AITI VIZZINI, DANIELA PARRINELLO, MARIA ANTONIETTA SANFRATELLO,
MARIAROSA TRAPANI, VALENTINA MANGANO, NICOLÒ PARRINELLO

Dipartimento di Scienze e Tecnologie Biologiche Chimiche e Farmaceutiche, Università degli Studi di Palermo

La posizione filogenetica chiave dei tunicati per lo studio sull'evoluzione dei cordati e le attuali conoscenze sul genoma di *Ciona intestinalis*, pongono questa specie come modello per lo studio dell'evoluzione delle risposte immunitarie. La nostra ricerca, incentrata sul ruolo immunitario del faringe, ha finora messo in luce componenti e meccanismi dell'infiammazione tra cui la migrazione cellulare, fagocitosi, incapsulazione, complemento, sistema proPO, citotossicità, produzione di collagene, e attività degli emociti e dell'epitelio dei vasi. Negli invertebrati, le fenolossidasi attivate partecipano ai processi di melanizzazione e sono coinvolti in diverse attività biologiche incluse le risposte immunitarie. Il contatto con agenti estranei attiva, attraverso un percorso mediato da serinproteasi, il sistema della profenolossidasi (proPO) con la conseguente produzione della forma attiva dell'enzima (PO). Nelle ascidie la PO è una odifenolossidasi contenuta negli emociti. Abbiamo dimostrato che queste cellule si infiltrano nella tunica di *C. intestinalis* dopo l'inoculo di LPS, e che il sistema proPO e le molecole correlate nella tunica sono componenti della risposta infiammatoria. Le perossinectine, fanno parte della superfamiglia genica delle perossidasi/cicloossigenasi, funzionano come emoperossidasi e fattori di adesione cellulare, potrebbero essere coinvolte nelle reazioni immunitarie degli invertebrati e del sistema di attivazione PO. Sono stati inoltre esaminati gli aspetti biochimici, cellulari e molecolari delle PO. Sono stati identificati e caratterizzati i geni per la PO, per la perossinectina e per la SOD Cu-Zn dipendente. Abbiamo infine seguito l'espressione genica di queste molecole tramite Real-time PCR e ibridazione *in situ* nel corso del processo infiammatorio. L'espressione genica e l'interazione funzionale ipotetica di questi enzimi contribuiscono a una rete complessa responsabile della risposta infiammatoria nelle ascidie.

Questa ricerca è sostenuta dal finanziamento MIUR (PRIN 2010-2011).