

Conteúdo de LTR retrotransposons em linhagens sexuadas e assexuada de *Hamiltosporidium*

ALBUQUERQUE, NATHALIA RAMMÉ MEDEIROS¹; SILVEIRA, JULIANO DE OLIVEIRA¹; HAAG, KAREN LUISA¹.

¹ Laboratório de Genômica Evolutiva, Departamento de Genética, Universidade Federal do Rio Grande do Sul.

LABORATÓRIO DE GENÔMICA EVOLUTIVA



Introdução

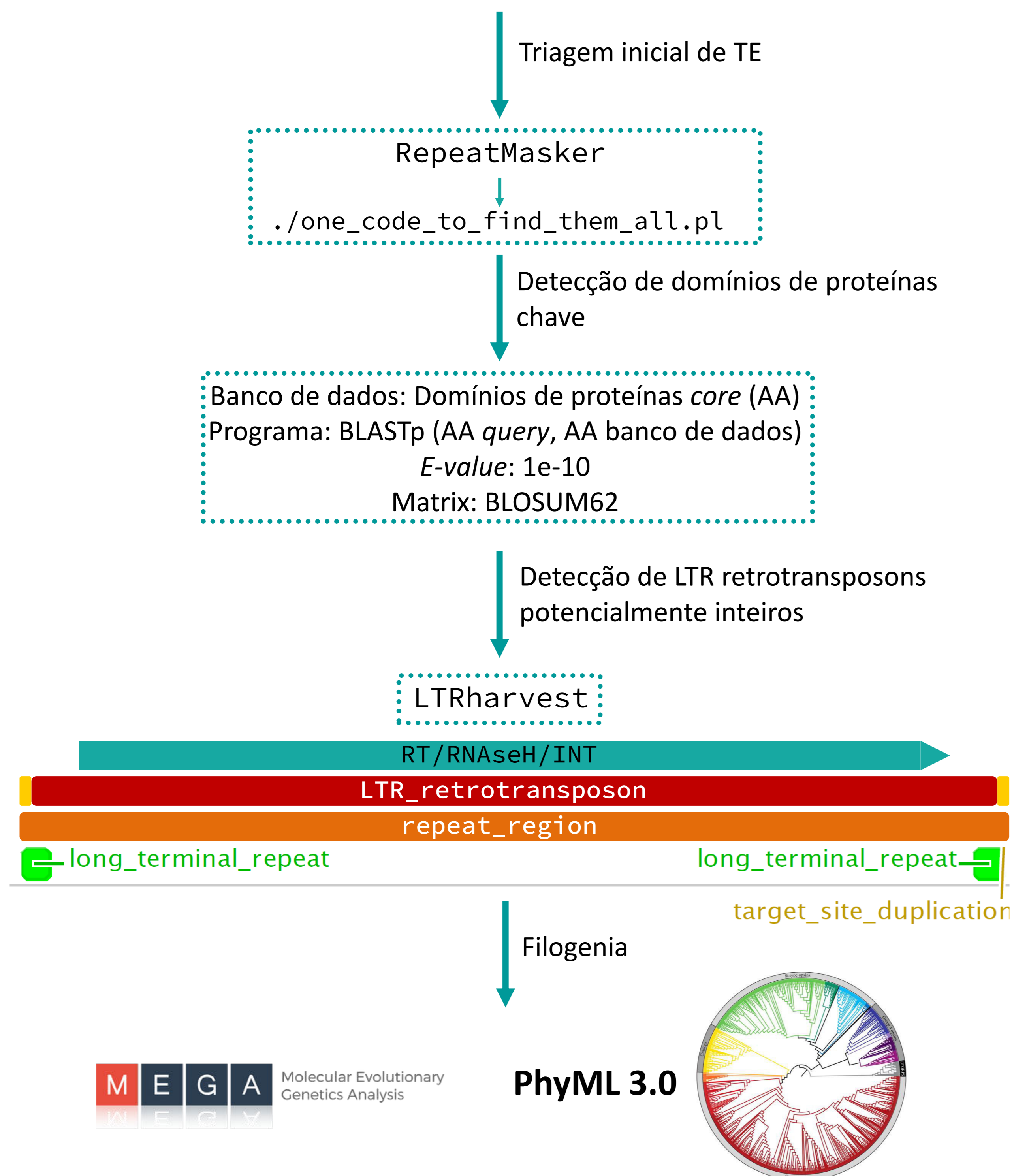
Os microsporídios possuem um dos menores genomas entre os eucariotos devido ao parasitismo intracelular obrigatório que resultou em uma extensiva redução no tamanho e complexidade do genoma. *Hamiltosporidium tvaerminnensis* e *H. magnivora* são duas espécies relacionadas de microsporídios que possuem diferentes modos de reprodução. *H. tvaerminnensis* é assexuado e é transmitido horizontal e verticalmente, *H. magnivora* é sexuado transmitido verticalmente ao seu hospedeiro. Elementos móveis (*Transposable elements - TEs*) compõem uma grande fração do genoma eucariótico, sendo a maioria retrotransposons devido ao seu mecanismo de transposição "copiar-e-colar". TEs são capazes de mutar, alterar a regulação e gerar novos genes. Eventos de transposição podem ser deletérios quando TEs se integram em regiões transcricionalmente ativas e interrompem genes importantes. Devido a ausência de recombinação, TEs podem se acumular nos genomas de organismos assexuados e contribuir para sua extinção. Porém, não há evidências de diferentes densidades de TEs entre linhagens assexuadas e sexuadas.

Objetivos

Analisar os genomas de *H. tvaerminnensis* (espécie assexuada) e *H. magnivora* (espécies sexuada) - duas espécies irmãs de microsporídios com evidência baseada em genética de populações de seu modo de reprodução - para o conteúdo de TE.

Materiais e métodos

Foram analisados genomas de duas linhagens de *H. magnivora* (BE-OM-2 e IL-BN-2) e uma linhagem de *H. tvaerminnensis* (FI-OER-3-3).



Resultados

Tabela 1
Resumo dos LTR retrotransposons e domínios de proteínas chave detectados em BE-OM-2, IL-BN-2 e FI-OER-3-3.

	No de LTR retrotransposons*	No de domínios de proteínas chave			
		AP	RH	RT	INT
BE-OM-2	2 (40)	0	3	9	8
IL-BN-2	2 (41)	0	30	47	54
FI-OER-3-3	2 (23)	0	1	3	4

AP – protease; RH – RNase H; RT – transcriptase reversa; INT – integrase.

NOTAS - LTR retrotransposons potencialmente ativos são elementos com pares de LTR 5' e 3', e ao menos três domínios de proteínas responsáveis por sua transposição.

*Número de LTR retrotransposons potencialmente ativos (número total de LTR retrotransposons detectados por LTRharvest estão listados dentro dos parênteses).

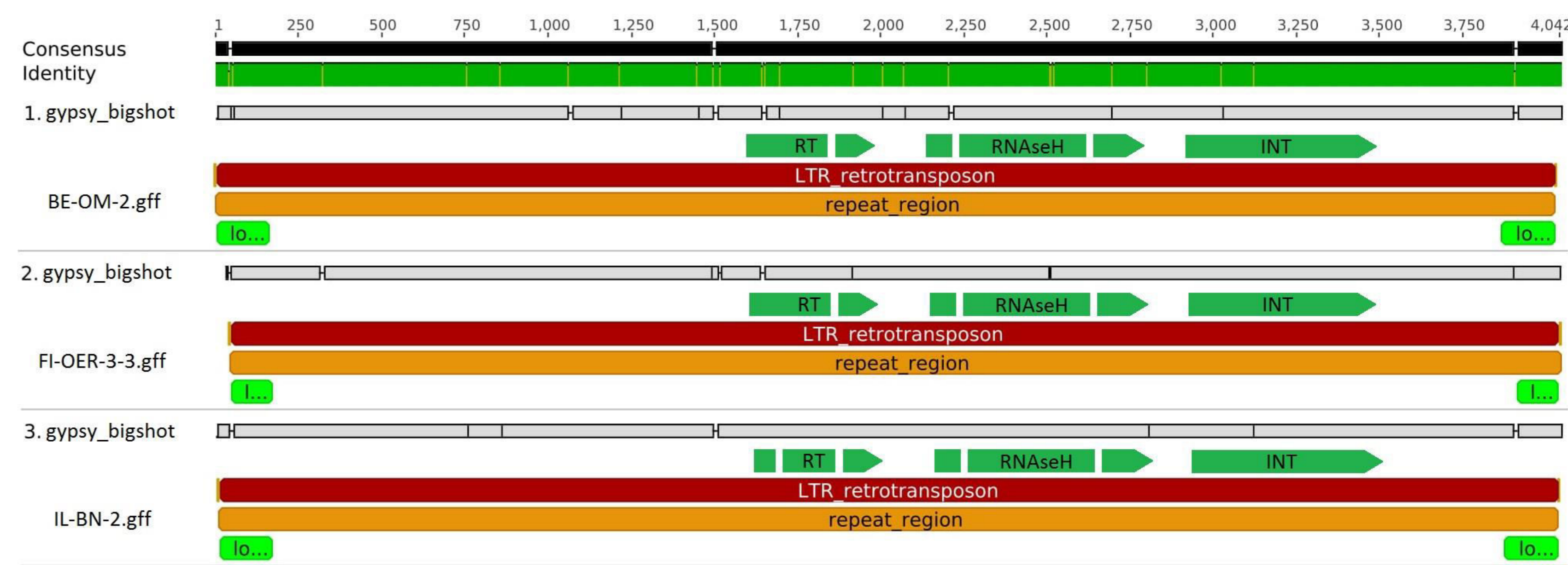


Fig. 1 – LTR-retrotransposon potencialmente ativo compartilhados pelas três linhagens. Elemento "bigshot" – com 4,042 pb.

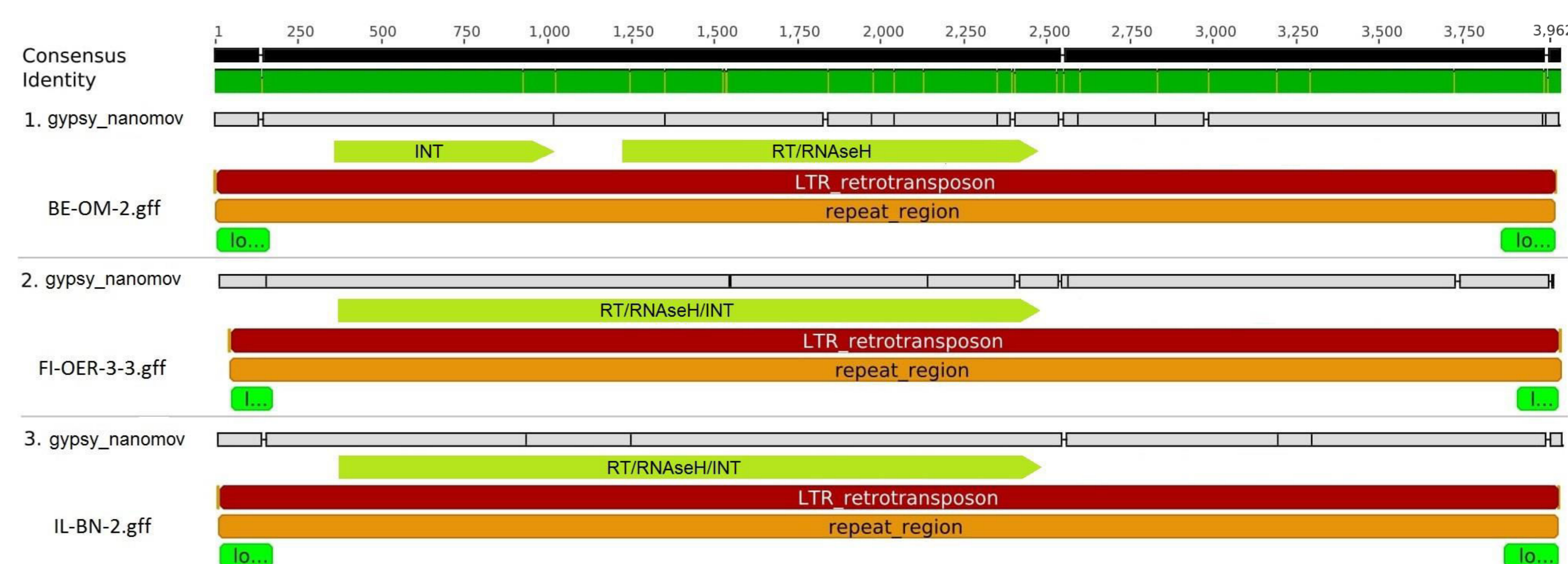


Fig. 2 – LTR-retrotransposon potencialmente ativo compartilhados pelas três linhagens. Elemento "nanomov" – com 3,962 pb.

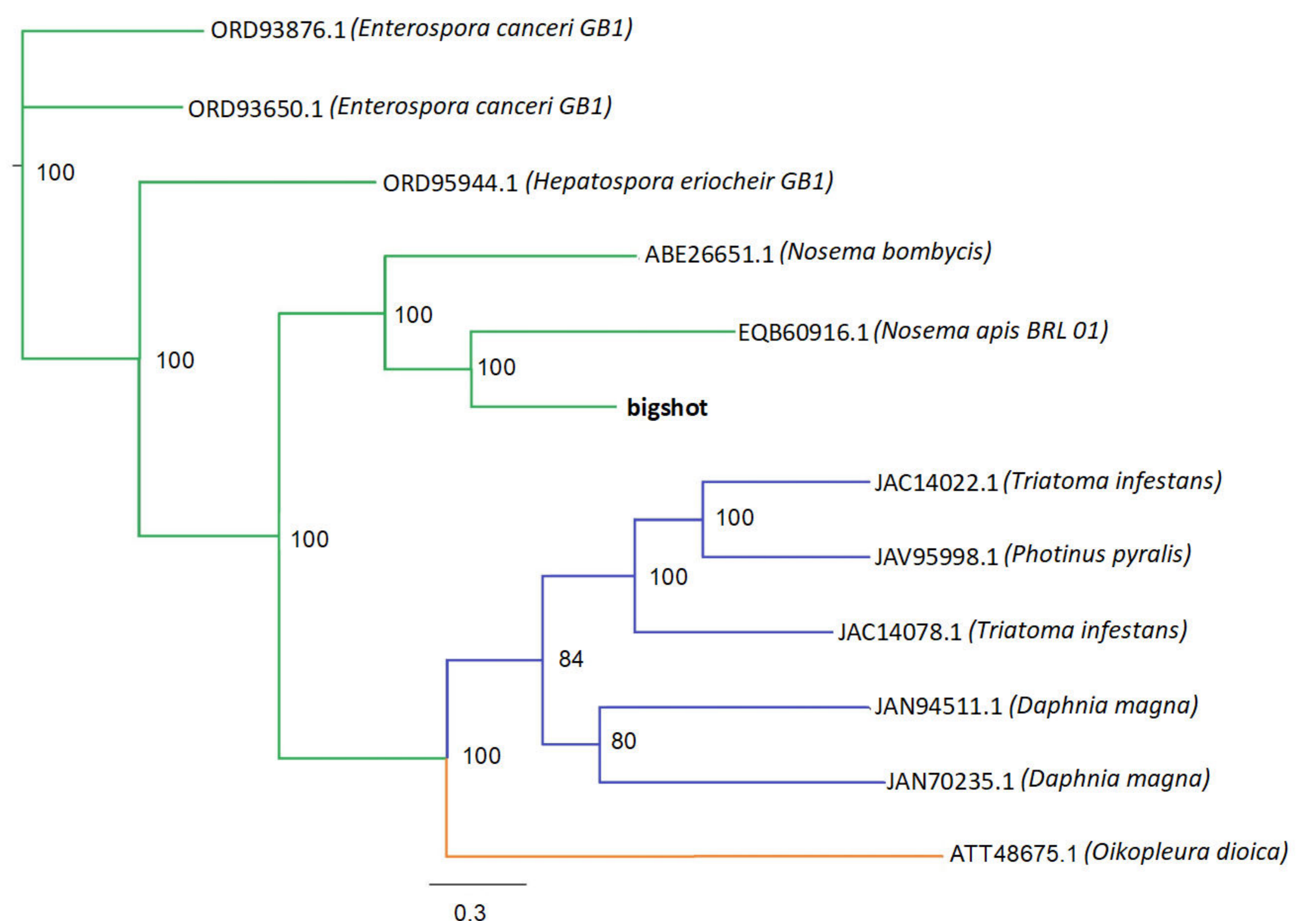


Fig. 3 – Árvore filogenética do LTR-retrotransposon "bigshot".

Discussão

Nossos resultados mostram uma diferença significativa no conteúdo de TE entre as linhagens sexuadas e assexuadas, com acúmulo de TE nas linhagens sexuadas, especialmente no genoma de IL-BN-2. Esses achados corroboram estudos anteriores que mostram que elementos transponíveis dependem da reprodução sexuada para se disseminarem nas populações. Os dois elementos potencialmente ativos (bigshot e nanomov) encontrados são compartilhados pelas três linhagens, indicando uma inserção que ocorreu antes da divergência das espécies. É proposto que a linhagem sexuada FI-OER-3-3 tenha eliminado elementos transponíveis deletérios antes ou logo após perder a capacidade de reprodução sexuada, assim se livrando do acúmulo de TE que poderia ocasionar sua extinção. A filogenia mostrou que o elemento bigshot é ancestral entre microsporídios e tem proximidade com artrópodes que são hospedeiros de diversas espécies de microsporídios. O elemento nanomov é ainda mais divergente. Possui similaridade com elementos de microsporídios, porém não é possível afirmar sobre sua origem.

Referências:

- Arkhipova, I., & Meselson, M. (2005). Deleterious transposable elements and the extinction of asexuals. *BioEssays*, 27(1), 76–85.
- Bast, J., Schaefer, I., Schwander, T., Maraun, M., Scheu, S., & Kraaijeveld, K. (2016). No accumulation of transposable elements in asexual arthropods. *Molecular Biology and Evolution*, 33(3), 697–706.
- Haag, K. L.; Trautnecker, E.; Ebert, D. Single-nucleotide polymorphisms of two closely related microsporidian parasites suggest a clonal population expansion after the last glaciation. *Molecular Ecology*, 2013. v. 22, n. 2, p. 314–326.
- Desjardins, C. A., Sanscrainte, N. D., Goldberg, J. M., Heiman, D., Young, S., Zeng, Q., ... Cuomo, C. A. (2015). Contrasting host-pathogen interactions and genome evolution in two generalist and specialist microsporidian pathogens of mosquitoes. *Nature Communications*, 6.