

Jennifer Stein de Lima¹; Karen Luisa Haag²

1. Estágio voluntário; Graduanda em Ciências Biológicas, Universidade Federal do Rio Grande do Sul. E-mail: jennifer-stein@hotmail.com
 2. Orientador; Departamento de Genética UFRGS. E-mail: karen.haag@ufrgs.br

Introdução

Os Microsporídeos são os organismos mais derivados do Reino Fungi, sendo unicelulares, endobióticos, parasitas intracelulares obrigatórios e produtores de esporos (Fig. 1) além disso, diferentemente de outros eucariotos possuem características remanescentes dos procariotos – como, por exemplo, a redução do genoma. Causam infecções crônicas em seus hospedeiros levando a uma diminuição no seu “fitness”.

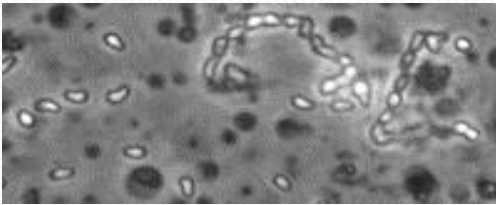


Fig. 1 : Esporos de Microsporídeos vistos em células do epitélio intestinal dissecado. Foto: Dieter Ebert.

O grupo mais derivado deste filo é o gênero *Encephalitozoon* - que infecta hospedeiros mamíferos. *O. colligata* é a espécie mais ancestral descrita neste grupo, e a única que infecta invertebrados microcrustáceos do gênero *Daphnia* (Fig. 2 e Fig. 3).



Fig. 2: *Daphnia magna*. Indivíduo saudável. Foto: Dieter Ebert.



Fig. 3: Epitélio intestinal de *D. magna* invadido por *O. colligata*. Foto: Dieter Ebert.

O objetivo deste trabalho é investigar os genes que sofreram evolução adaptativa na passagem do hospedeiro invertebrado para o vertebrado.

Metodologia

O estudo foi realizado a partir do genoma já sequenciado de quatro espécies de *Encephalitozoon*- *E. cuniculi*, *E. romaleae*, *E. hellem* e *E. intestinalis*- além de *O. colligata*, todos disponíveis no banco de dados GenBank. Após os genomas foram alinhados com auxílio do programa Geneious, com *E. cuniculi* usado como referência. Os alinhamentos foram analisados pelo programa DNAsp, a fim de encontrar SNPs (polimorfismos de um único nucleotídeo). Demais cálculos foram realizados com auxílio de Excel. Para a análise dos genes foi utilizada a plataforma online KEGG.

Resultados e Discussão

Os resultados foram obtidos a partir da análise de quatro cromossomos dos *Encephalitozoon* e de *O. colligata*. Os dados foram organizados em uma tabela resumida, onde os polimorfismos estão em ordem crescente (Fig. 4). Além disso, os genes foram categorizados conforme sua função, na qual vemos que os genes que codificam enzimas tiveram maior taxa de polimorfismo (Fig. 5).

Cromossomo	Ponto Médio	Razão	Gene	Função	Código Kegg	Categoria	Sub-categoria I	Sub-categoria II
I	8150	2,8137	ECU01_0630	Proteína Quinase Serina/Treonina	K06631	Enzima	Proteína quinase	Cromossomo
II	6950	2,7964	ECU02_0430	Proteína de ligação tipo SEC1	K15292	Exossomo	-	-
I	12750	2,7339	ECU01_1060	Reparo de DNA Helicase	K10843	Enzima	Maquinária de transcrição	Reparo de DNA e recombinação de proteínas
II	10950	2,7065	ECU02_0550	Proteína quinase tipo SPK1 Ser/Thr	K08863	Enzima	Proteína quinase	Cromossomo
III	15250	2,6284	ECU03_0590	Proteína integral de membrana hipotética tipo Ytpa_Yeast	K00102	Enzima	-	-
II	23050	2,6275	ECU02_1130	Proteína quinase da família PI3/P14	K06640	Enzima	Proteína quinase	Reparo de DNA e recombinação de proteínas
I	10150	2,6245	ECU01_0700	Fator II de iniciação de tradução eucariótica	K03242	Fatores de tradução	-	-
I	26550	2,6223	ECU01_1320	Proteína quinase C	K04514	Enzima	Proteína quinase	-
IV	350	2,5694	ECU04_0260	Proteína hipotética tipo YB3F	K03263	Fatores de tradução	-	-
III	31850	2,51516	ECU03_1560	Proteína de divisão celular tipo RAS	K04393	Exossomo	Cromossomo	Peptidase

Fig. 4: Tabela com os 10 maiores polimorfismos encontrados nas cinco espécies.

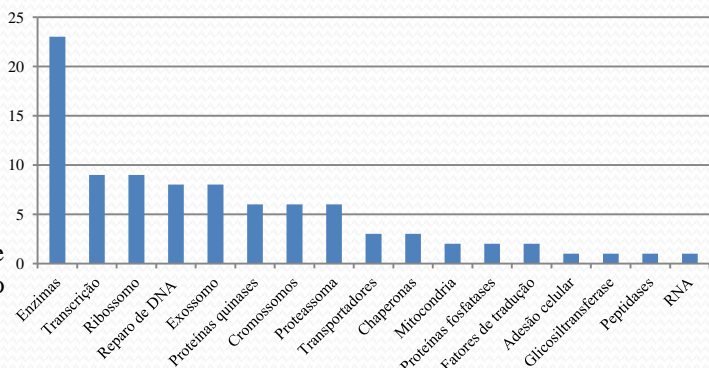


Fig. 5: Gráfico das categorias dos genes.

Conclusão

Analisando quatro, dos doze cromossomos de *Ordospora colligata* verificamos 54 genes com excesso de divergência. Destes, 23 codificam enzimas e seis são sub-categorizados como proteínas quinases. Isso não é surpreendente pois, ao trocar de hospedeiros, uma adaptação foi necessária no metabolismo dos *Encephalitozoon*. Como a função das proteínas quinases é ativar ou desativar outras proteínas, estas auxiliam na adaptação aos hábitos do novo hospedeiro.