



Evento	Salão UFRGS 2014: SIC - XXVI SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2014
Local	Porto Alegre
Título	Buscando os rastros de evolução adaptativa no genoma de <i>Ordospora colligata</i>
Autor	JENNIFER STEIN DE LIMA
Orientador	KAREN LUISA HAAG

Microsporídios são eucariotos, unicelulares, parasitas intracelulares obrigatórios. Entretanto, os organismos pertencentes a este filo são claramente distintos de outros eucariotos, e sua posição taxonômica foi, por muito tempo, debatida. Uma das características marcantes do filo Microsporida é a redução do genoma – o menor genoma eucariótico sequenciado, com 2,3 MB, pertence a uma espécie do grupo– o que os tornou dependentes do hospedeiro na obtenção de energia, por exemplo. Além disso, houve uma diminuição no tamanho médio dos ribossomos, perda de introns (regiões não codificantes) e das regiões intergênicas. Estas mudanças possibilitaram aos microsporídios incorporar metabólitos do seu hospedeiro ao invés de metabolizar seus compostos independentemente. O grupo mais derivado deste filo é o gênero *Encephalitozoon*, que infecta hospedeiros mamíferos. *Ordospora colligata* é a espécie mais relacionada ao gênero *Encephalitozoon*, mas infecta microcrustáceos do gênero *Daphnia*. O objetivo deste trabalho é investigar os genes que sofreram evolução adaptativa na passagem do hospedeiro invertebrado para o vertebrado. Sequenciamos o genoma de *O. colligata* e os genomas de *E. cuniculi*, *E. hellem*, *E. intestinalis* e *E. romaleae* estão disponíveis em bancos de dados. Para tanto, os cromossomos das cinco espécies foram alinhados com o programa LASTZ, encontrado no pacote Geneius. Deslizando uma janela de 500 nucleotídeos sobre estes alinhamentos, os SNPs (do inglês *Single Nucleotide Polymorphism*) foram identificados e utilizados para calcular, através do programa DNAsp, a taxa de polimorfismo entre os quatro genomas dos parasitas de vertebrados *versus* a taxa de divergência em relação ao genoma de *O. colligata*. As regiões mostrando um excesso de divergência são potenciais rastros de seleção positiva. Como resultados parciais, obtidos a partir de análises dos cromossomos I e II, foram constatados altos níveis de divergência em genes de proteínas quinases –responsáveis por transferências de fósforos– dos grupos serina e treonina, aminoácidos presentes na constituição de glicolipídios. Além disso, foi observado excesso de divergência em genes codificadores de subunidades de fatores de transcrição basais e da proteína quinase C (responsável pela transferência de fosfatos de ATP para outras proteínas do substrato). Temos por perspectivas concluir as análises dos alinhamentos, bem como verificar a seleção positiva no restante do genoma, visto que as espécies do gênero *Encephalitozoon* possuem 12 cromossomos.