

SALÃO DE
INICIAÇÃO CIENTÍFICA
XXIX SIC




múltipla 
UNIVERSIDADE
inovadora  inspiradora

Evento	Salão UFRGS 2017: SIC - XXIX SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2017
Local	Campus do Vale
Título	Conteúdo de LTR retrotransposons em linhagens sexuadas e assexuada de Hamiltosporidium
Autor	NATHALIA RAMME MEDEIROS DE ALBUQUERQUE
Orientador	KAREN LUISA HAAG

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

Albuquerque, Nathalia Rammé Medeiros^{1,2}; Haag, Karen Luisa².

¹Biomedicina, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, ²Laboratório de Genômica Evolutiva, Departamento de Genética, Universidade Federal do Rio Grande do Sul.

Os genomas dos microsporídios estão entre os menores genomas eucarióticos devido ao seu hábito de parasitas intracelulares obrigatórios, que resultou em uma alta redução no tamanho e complexidade do genoma. Elementos transponíveis compõe uma grande fração dos genomas eucarióticos, sendo a maioria retrotransposons devido ao seu mecanismo de transposição "copiar-e-colar". Esses elementos são capazes de mutar, alterar a regulação de genes e gerar novos genes. Eventos de transposição podem ser deletérios quando elementos transponíveis se integram em regiões codificantes e interrompem genes importantes. Devido à ausência de recombinação, elementos transponíveis podem acumular no genoma de organismos assexuados e contribuir para a sua extinção. Entretanto, não há evidências de diferenças no conteúdo de elementos transponíveis entre organismos sexuados e assexuados. Foi analisado o conteúdo de elementos móveis nos genomas de três linhagens de *Hamiltosporidium*. Dois genomas de linhagens de *H. magnivora* (BEOM2 e ILBN2) que se reproduzem sexuadamente e são transmitidos verticalmente, e um genoma de uma linhagem de *H. tvaerminnensis* (FIOER33) que se reproduz assexuadamente e é transmitido horizontal e verticalmente. O programa RepeatMasker foi usado para a triagem inicial do conteúdo de elementos transponíveis. Um conjunto de domínios de proteínas codificadas por LTR retrotransposons foi utilizado para realizar um BLASTp nos proteomas de BEOM2, ILBN2 e FIOER33. Por fim, a ferramenta LTRharvest foi utilizada para detectar elementos inteiros nos genomas. Não foram encontradas cópias de transposons de DNA maiores que 80 pb e com identidade >80% em relação aos elementos de referência. Porém, cópias de LTR retrotransposons foram encontradas nos três genomas. O BLASTp identificou 31 domínios de proteínas em BEOM2, 199 em ILBN2 e 15 em FIOER33 nos proteomas preditos com e-value >1e-10. LTRharvest encontrou 40 elementos no genoma de BEOM2, 41 no ILBN2 e 23 no FIOER33. Contudo, apenas dois LTR retrotransposons potencialmente ativos, com par de LTRs 5' e 3' e presença de, pelo menos, três domínios de proteínas-chave (transcriptase reversa, RNaseH e integrase), foram encontrados nos genomas. Ambos elementos são compartilhados entre as três linhagens, indicando inserções fixas que ocorreram antes da divergência das espécies. Os genomas das linhagens sexuadas (BEOM2 e ILBN2) possuem maior quantidade de elementos transponíveis em relação a linhagem assexuada (FIOER33). Esses resultados indicam que a perda do sexo em *H. tvaerminnensis* (FIOER33) ocorreu simultaneamente com a inativação de elementos transponíveis, e há uma mecanismo molecular subjacente eliminando novas inserções.