

MOTILIDADE EM MYXOZOA: TRANSCRIPTOMAS E ANÁLISE ULTRAESTRUTURAL DE CERATOMYXA SPP. E HENNEGUYA CAQUETAIA

XVII Encontro Brasileiro de Patologistas de Organismos Aquáticos, 1ª edição, de 04/10/2023 a 06/10/2023
ISBN dos Anais: 978-65-5465-040-3

MULLER; MARIA ISABEL¹, AMERICUS; Benjamin², ADRIANO; Edson Aparecido³, BARTHOLOMEW; Jerri⁴, ATKINSON; Stephen D.⁵

RESUMO

Os mixozoários apresentam motilidade celular, que é importante na invasão, migração e evasão do sistema imunológico. Algumas espécies, apresentam motilidade do plasmódio, que é a forma de desenvolvimento do parasito encontrada nos hospedeiros vertebrados. A partir de estudos de peixes amazônicos foram analisadas espécies do gênero *Ceratomyxa* encontradas infectando vesícula biliar de *Schyzodon fasciatus* e *Schyzodon vittatus* (Anostomidae) e *Henneguya caquetaia*, parasita de tecido conjuntivo de *Caquetaia spectabilis* (Cichlidae). As espécies de *Ceratomyxa* apresentam motilidade plasmodial do tipo ameboide, enquanto *H. caquetaia* não tem motilidade aparente. O objetivo do estudo foi, através da análise dos transcriptomas, encontrar e comparar genes relacionados às proteínas do citoesqueleto que promovem a motilidade plasmodial. Os peixes foram capturados nos rios Amazonas e Tapajós, Santarém, PA, em 2021 e 2022. Os plasmódios obtidos foram fixados em *RNA later* e *DNA/RNA Shield* para os estudos do transcriptoma, e em glutaraldeído 2%, para análises de ultraestrutura. O RNA foi extraído e a concentração aproximada do RNA foi avaliada no *Qubit* e a qualidade foi determinada no bioanalisador *Agilent*. Para a montagem e anotação do transcriptoma *de novo*, a partir de leituras curtas de Illumina, usamos o pipeline Trinity. As bibliotecas foram preparadas com o *kit TruSeq Stranded mRNA* para leituras de extremidade emparelhada de 150 bp, na CQLS. As leituras foram filtradas e usamos o BLASTX para anotar os transcriptomas e atribuir termos de Ontologia Genética por similaridade de sequência com o banco de dados usando um ponto de corte de valor E de <1E-20. As análises de ultraestrutura foram feitas a partir de amostras fixadas em glutaraldeído de acordo com protocolo padrão para Myxozoa, e cortes ultrafinos foram visualizados em microscópio eletrônico de transmissão. Como resultados foram anotados quatro transcriptomas, sendo dois de *H. caquetaia* e dois de *Ceratomyxa* spp. Os genes de motilidade encontrados em *Ceratomyxa* spp. foram β -actina, coactosina, coronina, myosinas-9,10 e 11, integrina- β , talin, Rac1 e RhoA. Em *H. caquetaia* os genes encontrados foram β -actina, coronina, myosina-9,10 e 11 e talin. Em relação à *Ceratomyxa* spp. os genes de motilidade encontrados são os mesmos relatados em *Ceratonova shasta*, uma espécie de Myxozoa parasita de salmão na América do Norte. Tais genes são responsáveis pela maquinaria da actina-miosina, de adesão celular e movimentação ameboide. Na comparação com *H. caquetaia*, os genes encontrados são aqueles relacionados à maquinaria da actina-miosina, estando ausentes aqueles relacionados a adesão e regulação da atividade ameboide. Na análise ultra estrutural foi possível observar microfilamentos de actina no citoplasma de plasmódios de *Ceratomyxa* spp. e de *H. caquetaia*, sendo que em *H. caquetaia* observou-se numerosas invaginações da membrana plasmodial em direção ao ectoplasma. Tais resultados mostram que *C. shasta* e *Ceratomyxa* spp., que possuem movimentos plasmodiais ameboide, compartilham os mesmos genes referente à motilidade. Por outro lado, *H. caquetaia* possui maquinaria genética mais restrita, o que resulta na ausência de motilidade visível, porém capaz de possibilitar a formação das invaginações da membrana plasmodial. **Agradecimentos a Fapesp**

¹ Instituto de Ciências Ambientais, Químicas e Farmacêuticas, Departamento de Ecologia e Biologia Evolutiva, Universidade Federal de São Paulo, Diadema 09972-270, SP, Brasil, , mariaisabel.muller@gmail.com

² Microbiology Department, Oregon State University, Corvallis, Oregon, USA , benjamin.americus@gmail.com

³ Instituto de Ciências Ambientais, Químicas e Farmacêuticas, Departamento de Ecologia e Biologia Evolutiva, Universidade Federal de São Paulo, Diadema 09972-270, SP, Brasil, , adriano@unifesp.br

⁴ Microbiology Department, Oregon State University, Corvallis, Oregon, USA , Jerri.Bartholomew@oregonstate.edu

⁵ Microbiology Department, Oregon State University, Corvallis, Oregon, USA , Stephen.Atkinson@oregonstate.edu

¹ Instituto de Ciências Ambientais, Químicas e Farmacêuticas, Departamento de Ecologia e Biologia Evolutiva, Universidade Federal de São Paulo, Diadema 09972-270, SP, Brasil, , ²mãiaisabel.muller@gmail.com
² Microbiology Department, Oregon State University, Corvallis, Oregon, USA , benjamin.americus@gmail.com
³ Instituto de Ciências Ambientais, Químicas e Farmacêuticas, Departamento de Ecologia e Biologia Evolutiva, Universidade Federal de São Paulo, Diadema 09972-270, SP, Brasil, , adriano@unifesp.br
⁴ Microbiology Department, Oregon State University, Corvallis, Oregon, USA , Jerri.Bartholomew@oregonstate.edu
⁵ Microbiology Department, Oregon State University, Corvallis, Oregon, USA , Stephen.Atkinson@oregonstate.edu