

Maior genoma mitocondrial

Biologia & Ciências

Enviado por: simonesinara@seed.pr.gov.br

Postado em: 13/05/2019

Anêmonas-de-tubo tem maior genoma mitocondrial entre os animais Por André Julião - Agência FAPESP Com apenas 15 centímetros de comprimento, a anêmona-de-tubo *Isarachnanthus nocturnus* é a espécie animal com o maior genoma mitocondrial já observado. Foram sequenciados, ao todo, 80.923 pares de base – os blocos que compõem o DNA. Nos humanos, o genoma encontrado na mitocôndria, organela responsável por gerar energia para a célula, é composto por 17 mil pares de base. Os dados são de um artigo publicado recentemente na revista *Scientific Reports*. A pesquisa foi coordenada por Sérgio Nascimento Stampar, professor da Faculdade de Ciências e Letras da Universidade Estadual Paulista (Unesp), em Assis. Contou com apoio da FAPESP por meio do projeto “Evolução e diversidade de Ceriantharia (Cnidaria)”, na modalidade Auxílio Regular, e do programa SPRINT, em convênio com a Universidade da Carolina do Norte, em Charlotte, nos Estados Unidos. Como explicou o pesquisador, o genoma mitocondrial é mais simples do que o nuclear, cujo sequenciamento nessa anêmona-de-tubo ainda não foi feito. O DNA nuclear humano, por exemplo, é composto por 3 bilhões de pares de base. Outra descoberta divulgada no artigo é que a *I. nocturnus* e a *Pachycerianthus magnus* (77.828 pares de base), outra espécie estudada pelo grupo de Assis, têm genomas lineares como o das águas-vivas (Medusozoa), e não circulares como o de outras espécies do seu grupo (Anthozoa) e o da maioria dos animais. A *Isarachnanthus nocturnus* é encontrada da costa da Patagônia, na Argentina, até os Estados Unidos, enquanto a *Pachycerianthus magnus* vive nos mares que circundam a ilha de Taiwan, na Ásia. Ambas habitam águas com no máximo 15 metros de profundidade. “O tamanho do genoma mitocondrial da *I. nocturnus* chega a ser quase cinco vezes maior do que o humano. Temos a tendência de achar que somos mais complexos molecularmente, mas na verdade o nosso genoma foi mais ‘filtrado’ ao longo da evolução. Provavelmente, manter esse genoma gigante é muito mais custoso em termos de gasto energético”, explicou Stampar. Mais surpreendente do que o tamanho do genoma das duas espécies de anêmona, no entanto, foram o formato e as sequências de genes encontrados. Por serem espécies próximas, esperava-se uma sequência parecida de genes. A americana, no entanto, tem cinco cromossomos, enquanto a taiwanesa tem oito, com genes totalmente diferentes entre si. Uma variação antes vista apenas em águas-vivas, esponjas e alguns crustáceos. “O DNA mitocondrial humano é mais parecido com o de um peixe ósseo na organização do que o dessas duas anêmonas-de-tubo entre si”, disse Stampar. Litoral paulista e mar da China Meridional Para chegar aos resultados, os pesquisadores capturaram animais em São Sebastião, no litoral de São Paulo, e no mar da China Meridional, onde fica a ilha de Taiwan. O genoma mitocondrial foi sequenciado a partir de pequenos pedaços dos tentáculos dos animais. Os genomas das duas espécies disponíveis em bancos de dados até então eram incompletos, pela grande dificuldade de sequenciá-los. Após a conclusão do trabalho, os pesquisadores disponibilizaram os genomas no GenBank, banco de dados genéticos mantido pelo National Institutes of Health (NIH), dos Estados Unidos. Outra dificuldade para fazer o sequenciamento foi o fato de esses animais serem extremamente difíceis de coletar, por conta de

seu comportamento fugidivo. Basta qualquer possível ameaça para que se escondam dentro do tubo que os diferencia das anêmonas regulares, tornando impossível a captura. “É preciso cavar em volta, às vezes até um metro de profundidade, e tampar a parte do tubo que fica por baixo da areia. Isso tudo debaixo d’água, carregando equipamento de mergulho. Se não fizermos desse jeito, ele se esconde na parte soterrada do tubo, o que impossibilita a coleta”, disse o pesquisador. Graças ao apoio do programa SPRINT da FAPESP, Stampar e Marymegan Daly, sua colega de pesquisa na Ohio State University, estabeleceram parceria com Adam Reitzel e seu pós-doutorando na época, Jason Macrander, da Universidade da Carolina do Norte, em Charlotte, Estados Unidos. Atualmente, Macrander é professor no Florida Southern College. Reitzel e Macrander são especializados em técnicas de bioinformática para filtragem de dados genômicos, ou seja, transformar milhões de pequenas sequências obtidas no sequenciamento em uma só. Dessa forma, eles conseguiram montar o genoma mitocondrial completo das duas espécies. “É uma técnica em que são sequenciados pedaços do genoma, que vão se ligando até formarem um círculo. O problema é que isso só funciona com genomas circulares. Como nunca surgia a peça para fechar esse círculo, nos demos conta de que só podia ser um genoma linear como o das águas-vivas”, disse Stampar. A descoberta abre espaço para uma eventual reclassificação das espécies dentro dos Cnidários (águas-vivas, anêmonas, medusas e corais). Aparentemente, as anêmonas-de-tubo estudadas formam um grupo à parte, independente dos corais e outras anêmonas, e contam com alguma similaridade com as águas-vivas. Porém, ainda são necessários mais dados para uma conclusão definitiva, que pode vir com o sequenciamento do genoma nuclear das espécies, algo que o grupo de Stampar pretende realizar até o fim deste ano. O artigo Linear Mitochondrial Genome in Anthozoa (Cnidaria): A Case Study in Ceriantharia (doi: 10.1038/s41598-019-42621-z), de Sérgio N. Stampar, Michael B. Broe, Jason Macrander, Adam M. Reitzel, Mercer R. Brugler e Marymegan Daly, pode ser lido em: www.nature.com/articles/s41598-019-42621-z. Esta notícia foi publicada em 13/05/19 no site agencia.fapesp.br. Todas as informações são de responsabilidade do autor.