doi 10.18699/bgrs2026-105

Наиболее крупные геномы микроспоридий: активные транспозоны и ранняя стадия компактизации

Райко М.П.[1]* , Ефейкин Б.Д.[2], Фролова Е.В.[1], Камышацкая О.Г.[1], Скобкина О.А.[1, 3], Миролюбов А.А.[4], Токарев Ю.С.[5], Миролюбова Т.С.[2], Шкляр А.А.[3], Алешин В.В.[6, 7], Насонова Е.С.[1, 3]

[1] *Институт цитологии Российской академии наук, Лаборатория цитологии одноклеточных организмов,Санкт-Петербург, Россия*
[2] *Институт проблем экологии и эволюции им. А.Н. Северцова, Лаборатория систематики и эволюции паразитов, Москва, Россия*
[3] *Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, Россия*
[4] *Зоологический институт Российской академии наук (ЗИН РАН), Лаборатория по изучению паразитических червей и протистов, Санкт-Петербург, Россия*
[5] *Всероссийский институт защиты растений, Лаборатория патологии насекомых и биотехнологии, Санкт-Петербург, Россия*
[6] *Институт проблем передачи информации имени А. А. Харкевича РАН, Москва, Россия*
[7] *МГУ имени М.В. Ломоносова, НИИ физико-химической биологии имени А.Н. Белозерского, Москва,Россия*
* *mike.rayko@gmail.com*

Ключевые слова: микроспоридии; Areosporida; аннотация генома; транспозоны

Мотивация и цель: Микроспоридии известны чрезвычайной компактностью генома: у большинства видов размер генома составляет 3–20 млн.п.н. Недавно предложенный новый таксон Areosporida занимает филогенетически изолированное положение – он тяготеет к Glugeida, но при этом образует глубоко дивергировавшую линию. Его геномные свойства пока остаются неизвестными; существует лишь один представитель этого порядка, *Areospora rohanae*, обладающий фрагментированным геномом.

В данной работе описаны два новых представителя этой группы, обладающих крупнейшими на сегодняшний день геномами среди микроспоридий. Образцы были выделены из раков-отшельников рода *Pagurus* на острове Сахалин и в Белом море. Оба изолята демонстрируют 82–84 % идентичность 18S рРНК с *Areospora rohanae* и образуют независимую филогенетическую линию.

Методы и алгоритмы: Геномы были секвенированы на платформе Illumina и собраны с помощью SPAdes. Повторяющиеся последовательности были замаскированы с помощью RepeatMasker. Для аннотации мы обучили модель для Augustus, используя данные *Hamiltosporidium tvaerminnensis*, *Vairimorpha ceranae*, *Encephalitozoon cuniculi*. Ортологи были получены с помощью Orthofinder, функциональная аннотация была выполнена с помощью eggNOG-mapper v2, оценка полноты генома и филогеномный анализ – с помощью BUSCO (microsporidia_odb10).

Результаты: Геном сахалинского изолята (~100 Мб, 40 % повторов) входит в число крупнейших известных геномов микроспоридий. GC-состав генома очень низкий, ~20 %. Высокое содержание повторов обусловлено активными мобильными элементами: среди наиболее представленных аннотированных белков – ISXO2-подобные транспозазы, обратные транскриптазы и RNase H. Это свидетельствует о том, что данная линия представляет раннюю стадию редукции генома, предшествующую деактивации транспозонов, наблюдаемой в других ветвях микроспоридий. Финальные аннотации включают 3410 и 2304 белка для беломорского и сахалинского изолятов, соответственно, а также 82 и 24 тРНК. Полнота по BUSCO составила 48,0 % и 34,0 %. Среди предсказанных генов 1524 пары выравнивались друг на друга с медианной идентичностью 95,5 %. Реконструкция метаболизма показала наличие функциональной митосомы (сборка Fe-S кластеров по путям ISC/CIA) при полной утрате цикла Кребса и цепи переноса электронов; гликолиз сохранён лишь частично. Пути утилизации готовых нуклеотидов присутствуют (RNR, TYMS, TK), тогда как де-ново синтез аминокислот и нуклеотидов полностью отсутствует. В беломорском изоляте обнаружены остаточные компоненты сплайсосомы (3 субъединицы), что согласуется с долей ~90 % одноэкзонных генов – промежуточное состояние редукции аппарата сплайсинга.

Выводы: Изученные микроспоридии представляют уникальный эволюционный срез: крупный, богатый транспозонами геном в сочетании с глубокой метаболической редукцией и сохранением основных клеточных систем. Полученные результаты освещают ранние стадии компактизации генома микроспоридий и укрепляют обоснование нового таксона Areosporida.

Финансирование: Исследование поддержано грантом Российского научного фонда (проект № 23-74-00071).

The largest microsporidian genomes and active transposons mark an early stage of genome reduction

Rayko M.[1]*, Efeykin B.[2], Frolova E.[1], Kamyshatskaya O.[1], Skobkina O.[1, 3], Miroliubov A.[4], Tokarev Y.[5], Miroliubova T.[2], Shklyar A.[3], Aleoshin V.[6, 7], Nassonova E.[1, 3]

[1] *Laboratory of Cytology of Unicellular Organisms, Institute of Cytology RAS, 4 Tikhoretsky ave., 194064, St. Petersburg, Russia*
[2] *Severtsov Institute of Ecology and Evolution, Russian Academy of Sciences, Laboratory of Systematics and Evolution of Parasites, Moscow, Russia*
[3] *St. Petersburg University, St. Petersburg, Russia*
[4] *Zoological Institute, Russian Academy of Sciences, Laboratory for the Study of Parasitic Worms and Protists, St. Petersburg, Russia*

[5] *All-Russian Institute of Plant Protection, Laboratory of Insect Pathology and Biotechnology, St. Petersburg, Russia*
[6] *Kharkevich Institute for Information Transmission Problems, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia*
[7] *Lomonosov Moscow State University, Belozersky Institute of Physico-Chemical Biology, Moscow, Russia*
** mike.rayko@gmail.com*

Key words: microsporidia; Areosporida; genome annotation; transposons

Motivation and Aim: Microsporidia are renowned for extreme genome compaction, with most species carrying genomes of 3–20 Mb. The recently suggested taxon Areosporida occupies a phylogenetically isolated position – gravitating toward Glugeida yet forming a deeply divergent lineage. Its diversity and genomic properties still remain unknown; there is only one representative, *Areospora rohanae*, with a fragmented genome.
Here we describe two new members of this group with the largest microsporidian genomes so far. Samples were isolated from the hermit crabs *Pagurus* spp. at Sakhalin Island and at the White Sea. Both isolates show 82–84 % SSU rRNA identity to *Areospora rohanae* and form an independent phylogenetic lineage.
Methods and Algorithms: Genomes were sequenced on Illumina instrument, and assembled with SPAdes. Repeats were masked with RepeatMasker. For annotation, we trained a model for Augustus, using hints from donors: *Hamiltosporidium tvaerminnensis*, *Vairimorpha ceranae*, *Encephalitozoon cuniculi*, and the transcriptome sequencing of the White Sea isolate. Orthologs were obtained using Orthofinder, functional annotation was performed with eggNOG-mapper v2, genome completeness assessment and phylogenomic analysis using BUSCO (microsporidia_odb10).
Results: The Sakhalin isolate genome (~100 Mb, 40 % repeats) is among the largest known in Microsporidia, contrasting sharply with the typical 3–20 Mb range. The high repeat content is driven by active transposable elements: top annotated proteins include ISXO2-like transposase, reverse transcriptase, and RNase H. This indicates that the lineage represents an early stage of genome reduction, prior to the transposon silencing seen in more derived microsporidia. Final annotations comprise 3,410 proteins and 2,304 proteins for White Sea and Sakhalin isolates, with 82 and 24 tRNAs, respectively. BUSCO completeness: 48.0 % and 34.0 % correspondingly. Cross-genome comparison identified 1,524 BBH pairs (median identity 95.5 %). Metabolic reconstruction revealed a functional mitosome (ISC/CIA Fe-S cluster assembly) with complete loss of the TCA cycle and electron transport chain; glycolysis is only partially retained (lower half). Nucleotide salvage is present (RNR, TYMS, TK) while *de novo* synthesis of amino acids and nucleotides is absent. Vestigial spliceosome components were detected in White Sea isolate (3 subunits), consistent with ~90 % single-exon genes – an intermediate state of splicing machinery reduction.
Conclusion: The studied microsporidia represent a unique evolutionary snapshot: a large, transposon-rich genome alongside deep metabolic reduction and intact core cellular machinery. These findings illuminate early stages of microsporidian genome compaction and strengthen the position of novel taxon Areosporida.
Funding: The study is supported by the Russian Science Foundation (project No. 23-74-00071).