

# 人气管普孢子虫基因组中 MITEs 转座子的鉴定及进化分析\*

刘璐<sup>1</sup>, 何强<sup>2</sup>, 陈世良<sup>3</sup>, 张小燕<sup>1</sup>, 周泽扬<sup>1</sup>, 许金山<sup>1</sup>

(1. 重庆师范大学 生命科学学院, 重庆 401331; 2. 西南大学家蚕基因组生物学国家重点实验室, 重庆 400716;  
3. 云南农业科学研究院蚕蜂研究所, 云南 蒙自 661101)

**摘要:**利用生物信息学方法,首次在人气管普孢子虫(*Trachipleistophora hominis*)基因组内鉴定到9个MITEs家族ThME1~ThME9,共123个拷贝,MITEs转座子的长度均小于600 bp。根据靶位点重复序列(Target site duplication, TSD)的不同,将ThME1归属于Tc1/Mariner超家族,ThME2和ThME3归属于PIF/Harbinger超家族,ThME5和ThME6归属于CACTA超家族(超家族的名字用正体较好,下同),其余家族归为新家族。分析发现,人气管普孢子虫中的所有MITEs家族的吉布斯自由能均小于0,表明MITEs家族具有形成二级结构的潜能,有利于该家族在基因组上转座。人气管普孢子虫MITEs家族在基因组的插入时间估计在0~800万年内,而且这种插入在基因组中是随机的,没有位置偏向性,并发现2个MITEs转座子拷贝插入到基因编码区内部。上述结果为进一步研究微孢子虫MITEs转座子的起源以及功能奠定了基础。

**关键词:**微孢子虫;人气管普孢子虫;MITEs;基因组;转座子

**中图分类号:**Q933

**文献标志码:**A

**文章编号:**1672-6693(2016)05-0012-06

微型反向重复转座元件(Miniature inverted-repeat transposable elements, MITEs)是一类截短的非自主DNA转座子,最早是在对玉米Waxy基因突变体的研究中发现的,之后的研究表明MITEs转座子广泛的分布于真核生物的基因组中,包括水稻(*Oryza sativa*)、拟南芥(*Arabidopsis thaliana*)、蚊子(*Culicidae*)、家蚕(*Bombyx mori*)、人类(*Homo sapiens*)等真核生物<sup>[1-6]</sup>。MITEs转座子具有DNA转座子典型的末端反向重复序列(Terminal inverted repeats, TIR)和靶位点重复序列(Target site duplication, TSD)结构;富含AT,并具有潜在形成二级结构的能力;序列长度较短(小于600 bp);具有高拷贝性;不具有编码转座酶的能力<sup>[7-11]</sup>。大量研究表明MITEs偏向于插入到基因内或基因附近<sup>[4-5]</sup>,同时还有证据发现MITEs序列内部含有终止密码子或poly(A)<sup>[12]</sup>;MITEs自身可能包含一些特殊调控序列,从而提高基因的表达<sup>[13-15]</sup>;MITEs所在区域可能转录形成小RNA下调基因表达<sup>[12,16]</sup>。同时,MITEs转座子的转座和扩增会影响基因组的大小和不同基因型物种在基因组位点的多态性<sup>[17]</sup>。最新研究发现,MITEs转座子可以作为遗传工具携带cargo基因在酵母(*Saccharomyces*)中进行表达<sup>[18]</sup>。

微孢子虫(Microsporidia)是一类专性寄生于细胞内的单细胞真核生物,被认为是各种经济昆虫、鱼类及人类的致病病原之一。1996年Yachnis等人<sup>[19]</sup>从免疫缺陷型病人的骨骼肌和心肌中分离到一株新的微孢子虫,并命名为人气管普孢子虫(*Trachipleistophora hominis*)。与其他微孢子虫相比,人气管普孢子虫能在实验室稳定的培养,更适合实验操作。因此,它有可能被开发为一种重要的模型系统来研究细胞内寄生虫<sup>[20]</sup>。2012年Heinz等人<sup>[21]</sup>从免疫缺陷型病人中分离并测序得到了人气管普孢子虫全基因组序列,发现该微孢子虫基因组中存在大量转座子,如LTR、Non-LTR、Helitron、PiggyBac等,而MITEs转座子则未见报道。在微孢子虫中,目前仅在昆虫*Nosema*属微孢子虫中鉴定到MITEs转座子<sup>[22-24]</sup>。因此,本研究基于MITEs转座子的结构特征使用MITEs-Hunter<sup>[2]</sup>程序,对人气管普孢子虫基因组中的MITEs进行鉴定和特征分析,估计了每个MITEs家族的拷贝数和插入时间,并考察了它们对基因结构的影响,以便为今后有效开展人气管普孢子虫MITEs转座子的进化起源和功能奠定基础。

\* 收稿日期:2016-03-04 修回日期:2016-04-04 网络出版时间:2016-07-13 14:00

资助项目:国家高技术研究发展计划(863计划)子课题(No. 2013AA102507);重庆市自然科学基金(No. cstc2015jcyjA80020);重庆市教委科学技术研究项目(No. KJ1500325)

作者简介:刘璐,女,研究方向为微生物学,E-mail:liululu807@163.com;通信作者:许金山,教授,E-mail:xujinshan2008@cqu.edu.cn

网络出版地址:http://www.cnki.net/kcms/detail/50.1165.N.20160713.1400.010.html

## 1 材料与方 法

### 1.1 数据来源

人气管普孢子虫全基因组序列下载自 NCBI 的 Genbank 数据库(JH993832.1)。

### 1.2 MITEs 转座子的鉴定

采用基于结构搜索的 MITEs-Hunter 软件<sup>[2]</sup>对人气管普孢子虫中的 MITEs 转座子进行全基因组鉴定。软件参数设置为:TIR 长度范围为 5~50 bp,错配碱基数不高于 1;TSD 长度范围为 2~12 bp;MITEs 全长小于 600 bp;并对鉴定获得的候选 MITEs 进行人工式地逐个检验其中 TIR 和 TSD 序列。

将每个 MITEs 家族的一致性序列(Consensus sequence)作为问询序列,应用 Blast 程序对人气管普孢子虫基因组进行搜索,接着用自编 Perl 脚本程序对比对结果筛选,获得核苷酸覆盖度在 80%以上、相似性在 90%的全部序列。并将具有完整 TIR 和 TSD 的 MITEs 序列定义为完整拷贝,否则即为片段拷贝。

### 1.3 MITEs 转座子在基因组上的定位

利用自编 Perl 脚本程序将所有的 MITEs 转座子拷贝定位到基因组上,将整个基因组分为基因关联区和基因间隔区两部分,基因关联区包括:起始密码子上游 300 bp(5'侧翼区),终止密码子下游 300 bp(3'侧翼区)和蛋白编码区,其他则为基因间隔区,并分别统计 MITEs 转座子落在不同区域内的频率。

对照组采用在基因组中随机截取 2 000 个 600 bp 的序列,将每个 600 bp 序列的中点假设为 MITEs 插入位点,与人气管普孢子虫基因组上的位置进行比较,得到随机抽取的插入位点在基因组不同区域的分布情况。

### 1.4 序列分析

通过 mfold(<http://mfold.rna.albany.edu/?q=mfold>)在线软件计算和预测每个 MITEs 家族一致序列的自由能和二级结构。使用 MUSCLE 软件<sup>[25]</sup>分别多重序列比对每个 MITEs 转座子家族所有成员,之后应用 DAMBE<sup>[26]</sup>软件生成一致序列,同时计算出 MITEs 家族的每个成员和与之对应的一致序列的分化度  $K$ ,最后用公式“ $T=K/2r$ ”(假设每年每个核苷酸位点的替换速率是  $r=1.56 \times 10^{-8}$ )预测插入时间<sup>[27-28]</sup>。通过 WEGO 在线软件(<http://wego.genomics.org.cn/cgi-bin/wego/index.pl>)<sup>[29]</sup>对 MITEs 转座子关联基因进行 GO 注释。

## 2 结果与分析

### 2.1 人气管普孢子虫 MITEs 家族的鉴定和特征分析

基于 MITEs 转座子的结构特征,利用 MITEs-Hunter 软件,在人气管普孢子虫全基因组中鉴定到 9 个 MITEs 家族(ThME1~ThME9),共 123 个拷贝,每个家族的结构特征和分类如表 1 所示。人气管普孢子虫 MITEs 家族的 AT 含量都大于 50%,表明人气管普孢子虫的 MITEs 转座子也是富含 AT 的。MITEs 转座子的长度均小于 600 bp,与前人研究报道一致<sup>[24]</sup>,而该现象在进化上的意义则是序列越短,越有利于转座子自身的生存和转座。同时,本研究发 现人气管普孢子虫中的所有 MITEs 家族的吉布斯自由能( $\Delta G$ )均小于 0(表 1),表明 MITEs 家族具有形成二级结构的潜能,可能有利于该家族转座。

表 1 人气管普孢子虫全基因组 MITEs 家族的特征

Tab.1 The feature of MITEs families in the *T. hominis* genome

家族	TSD	TIR	长度/bp	AT 含量/%	拷贝个数	$-\Delta G/(\text{kcal} \cdot \text{mol}^{-1})$	分类
ThME1	TA	TTGTCGTA	261~319	59.9	7(5)	73.7	Tc1/Mariner
ThME2	TAA	CCAAG	100~101	59.2	4(4)	21.5	PIF/Harbinger
ThME3	TAA	TTGTTG	60~72	72.9	41(34)	7.9	PIF/Harbinger
ThME4	3 bp	TCATGAAA	161~167	67.1	4(4)	27.7	Unknown
ThME5	4 bp	TCCAA	102~103	54.4	9(9)	18.6	CACTA
ThME6	4 bp	ATTGTTGA	101~127	71.4	21(10)	17.6	CACTA
ThME7	5 bp	TGTCAT	94~110	67	12(4)	20.7	Unknown
ThME8	5 bp	TGTTGG	89~90	70.8	7(7)	12.1	Unknown
ThME9	5 bp	TGTTGGCC	89	61.8	18(18)	15.9	Unknown

注:拷贝数一列的括号内为完整拷贝的个数。

根据 TSD 特征,将人气管普孢子虫中已鉴定到的 MITEs 家族分别归到已知的转座子超家族 PIF/Harbinger<sup>[30]</sup>、Tc1/Mariner<sup>[31]</sup> 和 CACTA<sup>[32]</sup> 中,没有超家族归属的则被定义为 Unknown(未知)。其中 PIF/Harbinger 超家族包括 ThME2 和 ThME3 两个家族,而且拷贝数最多,达到了 45 个。ThME2 和 ThME3 的 TSD 均为 TAA,但它们的 TIR 和内部序列都没有相似性,暗示它们可能都起源于不同的祖先却由同一类转座酶负责转座。不同 MITEs 超家族在 TSD、TIR 和内部序列都没有相似性,表明它们应有不同的进化起源方式。

## 2.2 人气管普孢子虫 MITEs 家族插入时间的估计

通过计算每个 MITEs 家族内部序列的分化度来估计每个 MITEs 家族的插入时间(图 1)。结果表明人气管普孢子虫所有 MITEs 家族的插入时间分布在 0~800 万年内。ThME3 大约在 300 万年内发生过爆发式扩增,所以导致了短时间内该家族拷贝数的增加,明显比其他家族有更高的拷贝数。同时,通过同源比对发现,人气管普孢子虫中的 MITEs 序列在其他微孢子虫中都无同源序列,表明这一 MITEs 转座子的插入可能在人气管普孢子虫和其他微孢子虫分化之后。

## 2.3 人气管普孢子虫中 MITEs 转座子在基因组中的插入偏好性

通过对 123 个 MITEs 拷贝在基因组中的定位,发现 31 个(25%)拷贝位于基因区(表 2),其中 28 个(22.8%)拷贝位于基因侧翼 300 bp 以内的区域,2 个(1.6%)拷贝位于基因内。通过与随机抽取的对照组比较发现,实际位于基因区的 MITEs 转座子与对照组并无显著性差异( $\chi^2$  检验,  $p > 0.05$ ),暗示在人气管普孢子虫基因组中 MITEs 转座子并没有偏向于插入到基因区,可能为随机插入到基因组中。

为了探究和基因相关的 MITEs 转座子是否偏向于插入某一类特殊的基因家族,本研究对和 MITEs 关联的基因进行 GO 注释分类(图 2)。结果显示与人气管普孢子虫所有基因相比,MITEs 转座子并没有对特殊基因家族的插入具偏好性。

## 3 讨论

近年来 MITEs 转座子在越来越多物种中被发现,同时已经开发了多种软件和方法来从基因组中鉴定 MITEs,例如最新的 MITEs-Hunter、RSPB<sup>[33]</sup>、MITEs-Digger<sup>[34]</sup> 等。比较研究表明,MITEs-Hunter 是目前相对较为成功的一个鉴定 MITEs 转座子的软件<sup>[2,24]</sup>。因此,本研究基于结构特征,使用 MITEs-Hunter 软件,首次从人气管普孢子虫基因组中发现并鉴定了 9 个 MITEs 转座子家族。由于这些元件和前人报道的 MITEs 转座子具有共同的结构特征,本研究依据 TSD 特征将这些 MITEs 转座子归属于 PIF/Harbinger、Tc1/Mariner 和 CACTA 等超家族中。对本研究鉴定的 MITEs 家族的插入时间进行估计,推测人气管普微孢子虫所有 MITEs 家族的插入时间分布在 0~800 万年内。

分析 MITEs 转座子在基因组中的分布情况时发现,人气管普微孢子虫中 MITEs 转座子并没有表现出插入偏向性,而是随机插入到基因组内或某些基因附近。同时发现 MITEs 转座子在基因内、3'侧翼区和 5'侧翼区都有分布,这一点在其他物种中也有发现。只有 2 个 MITEs 转座子位于基因编码区域内(表 2),那么导致 MITEs 转座子在外显子区域分布较少的原因可能是由于 MITEs 插入到相应区域时,通常会带来移码突变,进而导致基

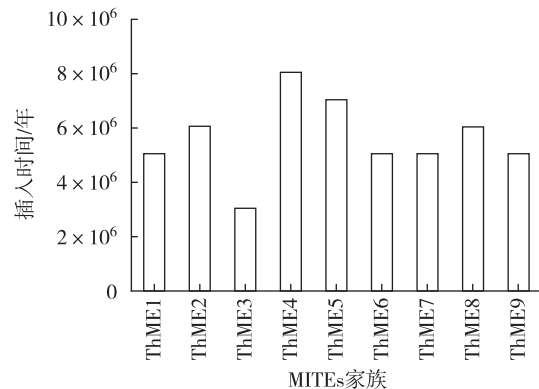


图 1 人气管普孢子虫基因组中不同 MITEs 家族的插入时间估计

Fig. 1 Estimation of evolutionary time of the MITEs families in the *T. hominis* genome

表 2 MITEs 转座子在人气管普孢子虫基因组中拷贝数分布

Tab. 2 The distribution of MITEs copies in the *T. hominis* genome

家族	拷贝数	5'侧翼区	蛋白编码区	3'侧翼区
ThME1	7	1	1	—
ThME2	4	—	—	1
ThME3	41	4	1	5
ThME4	4	—	—	—
ThME5	9	—	—	4
ThME6	21	—	—	3
ThME7	12	2	—	2
ThME8	7	—	—	—
ThME9	18	—	—	6
总计	123	7(5.7%)	2(1.6%)	21(17.1%)
对照	2000	222(11.1%)	680(34%)	179(8.95%)

注:最后两行括号内数值表示在总体中所占的比例。

因失活;因此,为了尽量保持寄生宿主基因的完整性,这些 MITEs 转座子在进化历程中会被纯化选择给清除掉。先前的研究表明大多数 MITEs 内部序列包含 poly(A)信号,所以插入到基因的 3'端可能会对基因调控和转录终止起到重要的作用<sup>[34]</sup>。本研究发现在人气管普孢子虫中有 21 个 MITEs 转座子位于 3'侧翼区(表 2),这些 MITEs 对邻近基因的表达是否具有调控的作用,仍需要更多的实验数据支持。

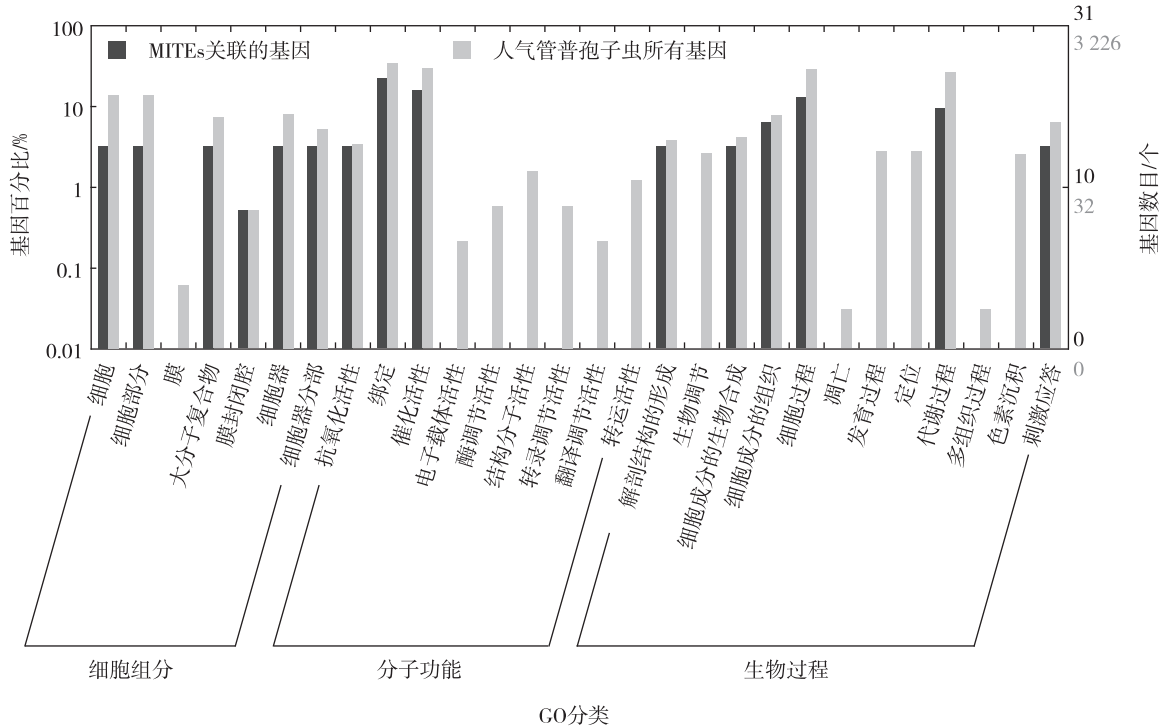


图 2 人气管普孢子虫 MITEs 邻近基因与所有基因的 GO 注释比较

Fig. 2 The GO annotation of the genes harboring MITE elements in the *T. hominis*

本研究在人气管普孢子虫鉴定到了 9 个 MITEs 家族,而报道在家蚕微孢子虫(*Nosema bombycis*)、柞蚕微孢子虫(*Nosema antheraeae*)和东方蜜蜂微孢子虫(*Nosema ceranae*)分别存在 89,17,5 个 MITE 家族<sup>[24]</sup>。考察上述 4 个物种的基因组大小分别为 15.7,6.6,7.9,8.9 Mb<sup>[21,35]</sup>。综合上述两个方面,表明微孢子虫 MITEs 家族数量和基因组大小并没有直接相关性。此外,比较了人气管普微孢子虫和其他微孢子虫的 MITEs 家族序列,并没有发现有序列同源性,这也暗示 MITEs 转座子在微孢子虫物种中可能非单一祖先起源。总之,由于 MITEs 转座子具有高拷贝性,故它在物种基因组演化、基因的表达调控等方面都扮演着重要的角色。本研究结果为深入研究人气管普孢子虫基因组中 MITEs 转座子的起源进化及作用奠定了基础。

参考文献:

[1] Bureau T E, Wessler S R. Tourist: a large family of small inverted repeat elements frequently associated with maize genes[J]. The Plant Cell Online, 1992, 4(10):1283-1294.

[2] Han Y, Wessler S R. MITEs-Hunter: a program for discovering miniature inverted-repeat transposable elements from genomic sequences[J]. Nucleic Acids Research, 2010, 38(22):e199.

[3] Han M J, Shen Y H, Gao Y H, et al. Burst expansion, distribution and diversification of MITEs in the silkworm genome[J]. BMC Genomics, 2010, 11(39):6588-6593.

[4] Oki N, Yano K, Okumoto Y, et al. A genome-wide view of miniature inverted-repeat transposable elements (MITEs) in rice, *Oryza sativa* ssp. *japonica* [J]. Genes and Genetic Systems, 2008, 83(4):321-329.

[5] Santiago N, Herráiz C, Goni J R, et al. Genome-wide analysis of the emigrant family of MITEs of arabidopsis thaliana [J]. Molecular Biology and Evolution, 2002, 19(12): 2285-2293.

[6] Tu Z. Eight novel families of miniature inverted repeat transposable elements in the African malaria mosquito, *Anopheles gambiae* [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2001, 98(4): 1699-1704.

[7] Yaakov B, Ceylan E, Domb K, et al. Marker utility of mini-

- ature inverted-repeat transposable elements for wheat biodiversity and evolution[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2012, 124(7): 1365-1373.
- [8] Yang G, Nagel D H, Feschotte C, et al. Tuned for transposition: molecular determinants underlying the hyperactivity of a Stowaway MITEs[J]. *Science*, 2009, 325(5946): 1391-1394.
- [9] Jiang N, Bao Z, Zhang X, et al. An active DNA transposon family in rice[J]. *Nature*, 2003, 421(6919): 163-167.
- [10] Feschotte C, Jiang N, Wessler S R. Plant transposable elements: where genetics meets genomics [J]. *Nature Reviews Genetics*, 2002, 3(5): 329-341.
- [11] Bureau T E, Wessler S R. Stowaway: a new family of inverted repeat elements associated with the genes of both monocotyledonous and dicotyledonous plants[J]. *The Plant Cell Online*, 1994, 6(6): 907-916.
- [12] Kuang H, Padmanabhan C, Li F, et al. Identification of miniature inverted-repeat transposable elements (MITEs) and biogenesis of their siRNAs in the Solanaceae: new functional implications for MITEs[J]. *Genome Research*, 2009, 19(1): 42-56.
- [13] Sampath P, Lee S C, Lee J, et al. Characterization of a new high copy stowaway family MITEs, BRAMI-1 in Brassica genome[J]. *BMC Plant Biology*, 2013, 13: 56.
- [14] Naito K, Zhang F, Tsukiyama T, et al. Unexpected consequences of a sudden and massive transposon amplification on rice gene expression[J]. *Nature*, 2009, 461(7267): 1130-1134.
- [15] El Amrani A, Marie L, Ainouche A, et al. Genome-wide distribution and potential regulatory functions of AtATE, a novel family of miniature inverted-repeat transposable elements in *Arabidopsis thaliana* [J]. *Molecular Genetics and Genomics*, 2002, 267(4): 459-471.
- [16] Cai Y, Zhou Q, Yu C, et al. Transposable-element associated small RNAs in *Bombyx mori* genome[J]. *PloS One*, 2012, 7(5): e36599.
- [17] Sampath P, Murukarthick J, Izzah N K, et al. Genome-wide comparative analysis of 20 miniature inverted-repeat transposable element families in *Brassica rapa* and *B. oleracea* [J]. *PloS One*, 2014, 9(4): e94499.
- [18] Fattash I, Bhardwaj P, Hui C, et al. A rice stowaway MITEs for gene transfer in yeast[J]. *PloS One*, 2013, 8(5): e64135.
- [19] Yachnis A T, Berg J, Martinez-Salazar A, et al. Disseminated microsporidiosis especially infecting the brain, heart, and kidneys. report of a newly recognized pansporoblastic species in two symptomatic AIDS patients[J]. *American Journal of Clinical Pathology*, 1996, 106(4): 535-543.
- [20] Curry A, Beeching N J, Gilbert J D, et al. *Trachipleistophora hominis* infection in the myocardium and skeletal muscle of a patient with AIDS[J]. *The Journal of Infection*, 2005, 51(3): e139-e144.
- [21] Heinz E, Williams T A, Nakjang S, et al. The genome of the obligate intracellular parasite *Trachipleistophora hominis*: new insights into microsporidian genome dynamics and reductive evolution [J]. *PLoS Pathogens*, 2012, 8(10): e1002979.
- [22] Xu J, Wang M, Zhang X, et al. Identification of NbME MITEs families: potential molecular markers in the microsporidia *Nosema bombycis* [J]. *Journal of Invertebrate Pathology*, 2010, 103(1): 48-52.
- [23] 刘铁, 许金山, 李田, 等. 从金凤蝶分离的一株微孢子虫的全基 MITEs 转座子鉴定与系统进化分析[J]. *蚕业科学*, 2014, 10(1): 52-58.
- Liu T, Xu J S, Li T, et al. Identification and phylogenetic analysis of MITE transposons in a microsporidia isolate from *Papilio machaon* Linnaeus [J]. *Science of Sericulture*, 2014, 40(1): 52-58.
- [24] He Q, Ma Z, Dang X, et al. Identification, diversity and evolution of MITEs in the genomes of microsporidian *Nosema* parasites [J]. *PloS One*, 2015, 10(4): e0123170.
- [25] Edgar R C. MUSCLE: a multiple sequence alignment method with reduced time and space complexity [J]. *BMC Bioinformatics*, 2004, 5(1): 113.
- [26] Xia X, Xie Z. DAMBE: software package for data analysis in molecular biology and evolution [J]. *Journal of Heredity*, 2001, 92(4): 371-373.
- [27] Wen H L. *Molecular Evolution* [M]. [S. l.]: Sinauer Associates Incorporated, 1997.
- [28] Kimura M. A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences [J]. *Journal of Molecular Evolution*, 1980, 16(2): 111-120.
- [29] Ye J, Fang L, Zheng H, et al. WEGO: a web tool for plotting GO annotations [J]. *Nucleic Acids Research*, 2006, 34(suppl): W293-W297.
- [29] Jurka J, Kapitonov V V. PIFs meet tourists and harbingers: a superfamily reunion [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2001, 98(22): 12315-12316.
- [30] Shao H, Tu Z. Expanding the diversity of the IS630-Tc1-mariner superfamily: discovery of a unique DD37E transposon and reclassification of the DD37D and DD39D transposons [J]. *Genetics*, 2001, 159(3): 1103-1115.
- [31] Wicker T, Guyot R, Yahiaoui N, et al. CACTA transposons in Triticeae. a diverse family of high-copy repetitive elements [J]. *Plant Physiology*, 2003, 132(1): 52-63.
- [32] Lu C, Chen J, Zhang Y, et al. Miniature inverted-repeat

- transposable elements (MITEs) have been accumulated through amplification bursts and play important roles in gene expression and species diversity in *Oryza sativa* [J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2012, 29(3):1005-1017.
- [33] Yang G. MITEs digger, an efficient and accurate algorithm for genome wide discovery of miniature inverted repeat transposable elements [J]. *BMC Bioinformatics*, 2013, 14(1):1-8.
- [34] Marino-Ramirez L, Lewis K C, Landsman D, et al. Transposable elements donate lineage-specific regulatory sequences to host genomes [J]. *Cytogenetic and Genome Research*, 2005, 110(1/2/3/4):333-341.
- [35] Pan G, Xu J, Li T, et al. Comparative genomics of parasitic silkworm microsporidia reveal an association between genome expansion and host adaptation [J]. *BMC Genomics*, 2013, 14(1):186.

## Animal Sciences

### Characterization and Genomic Evolution of MITEs in Microsporidian *Trachipleistophora hominis*

LIU Lu<sup>1</sup>, HE Qiang<sup>2</sup>, CHEN Shiliang<sup>3</sup>, ZHANG Xiaoyan<sup>1</sup>, ZHOU Zeyang<sup>1</sup>, XU Jinshan<sup>1</sup>

(1. School of life sciences, Chongqing Normal University, Chongqing 401331;

2. State Key Laboratory of Silkworm Genome Biology, Southwest University, Chongqing 400716;

3. Sericultural and Apicultural Institute, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, Mengzi Yunnan 661101, China)

**Abstract:** Up to now, there was still no report of MITEs in the microsporidia species except for the *Nosema* species. Nine MITEs family, designated as ThME1~ThME9 in this study, were firstly identified in *Trachipleistophora hominis* genome by means of computer methods. As a consequence, a total of 123 MITEs copies derived from these families were targeted and the length of them was less than 600 bp. According to the feature of TSD, ThME1 was attributed to Tc1/Mariner superfamily, ThME2 and ThME3 were attributed to PIF/Harbinger superfamily, ThME5 and ThME6 were attributed to CACTA superfamily, and the rest were defined as unknown. The analysis of sequence structure showed that the free energy of all MITEs families in *T. hominis* genome was less than 0, indicating that MITEs family should have the potential to form secondary structures and benefit to its transposition. The evolution time of MITEs insertion in the genome was estimated to be no more than 8 million years. No bias distributions were found for the MITEs in the genome of *T. hominis*, two of which were inserted into the protein-coding region, which may have affect on the gene structure. Our results laid the foundation to further study the origin and the function of MITEs transposons in microsporidia species.

**Key words:** microsporidia; *Trachipleistophora hominis*; MITEs; genome; transposon

(责任编辑 方 兴)