

Año: 2021

Título artículo: Bee Trypanosomatids: First Steps in the Analysis of the Genetic Variation and Population Structure of *Lotmaria passim*, *Crithidia bombi* and *Crithidia mellificae*

Revista, volumen, páginas: Microbial Ecology, <https://doi.org/10.1007/s00248-021-01882-w>

Autores: Carolina Bartolomé, María Buendía-Abad. Concepción Ornos, Pilar De la Rúa, Raquel Martín-Hernández, Mariano Higes, Xulio Maside

RESUMEN:

Los tripanosomátidos se encuentran entre los parásitos más prevalentes en las abejas pero a pesar de que su impacto en las colonias puede ser bastante importante y que su infectividad puede depender potencialmente de sus genotipos, se sabe poco sobre la diversidad genética de la población de estos patógenos. Aquí clonamos y secuenciamos tres loci de copia única no repetitivos (ADN topoisomerasa II, subunidad grande de gliceraldehído-3-fosfato deshidrogenasa y ARN polimerasa II, RPB1) para producir nuevos datos genéticos de *Crithidia bombi*, *C. mellificae* y *Lotmaria passim* aislados de abejas y abejorros. Estos fueron analizados aplicando herramientas de genética de poblaciones para cuantificar y comparar su variabilidad dentro y entre especies, y para obtener información sobre su demografía y estructura poblacional. El patrón general para las tres especies fue que (1) estaban sujetos a la acción de purificar la selección en variantes no sinónimas, (2) los niveles de diversidad dentro de las especies fueron similares independientemente del hospedador, (3) hubo evidencia de recombinación entre los haplotipos y (4) no mostraron estructuración del haplotipo según el anfitrión. *C. bombi* exhibió los niveles más bajos de variación sinónima ($\pi_S = 0.06 \pm 0.04$ %) - y una distribución de frecuencia de mutación compatible con una expansión de la población después de un cuello de botella - que contrasta con el polimorfismo extenso mostrado por *C. mellificae* ($\pi_S = 2.24 \pm 1.00$ %), que probablemente tiene un origen más antiguo. *L. passim* mostró valores intermedios ($\pi_S = 0.40 \pm 0.28$ %) y un exceso de variantes a bajas frecuencias probablemente ligadas a la propagación de esta especie a nuevas áreas geográficas.

Agradecimientos:

Financiación de acceso abierto proporcionada gracias al CRUE-CSIC acuerdo con Springer Nature. Este estudio fue apoyado por el Ministerio de Economía y Competitividad (MINECO) (número de subvención CGL2012-34897), el Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA) - Fondo Europeo de Desarrollo Regional (FEDER) (números de subvención E-RTA2014-00003-C03-01, 02 y 03), el Eva Crane Trust (subvención número ECTA_20210308) y la Fundación Séneca - Agencia de Ciencia y Tecnología de la Región de Murcia (beca de Excelencia Regional 19908 / GERM / 2015).