

PUTATIVE GROUP I INTRONS IN THE NUCLEAR INTERNAL TRANSCRIBED SPACER OF THE BASIDIOMYCETE FUNGUS GAUTIERIA VITTAD

E. SAHIN

Department of Biology, Faculty of Science, Ankara University,
Döğol Street Tandogan, 06100 Ankara, Turkey

E-mail: erginsahin@ankara.edu.tr

Group I introns are self-splicing ribozymes that insert into protein and RNA coding genes. In ribosomal RNA genes, group I introns can intervene the small subunit (SSU) and large subunit (LSU) of various prokaryotic and lower eukaryotic organisms including protists and fungi. However, it is unusual to encounter them in the nuclear internal transcribed spacer (ITS) region. In this study, exceptionally long ITS regions of the fungal species from the genus Gautieria were analyzed. The unusually long ITS region of a newly isolated Gautireia specimen (ANK Akata & Sahin 001) and ITS sequences of the G. monticola isolates present in GenBank were bioinformatically analyzed. In addition to the presence of tandem repeats, the increased size of the ITS sequences analyzed herein was found to be due to the presence of group I introns in the ITS1 regions of both newly isolated specimen and different isolates of G. monticola. The secondary structures of the identified introns could be formed in accordance with the group I intron models, and they clustered with group I introns in conserved core domain-based phylogeny. The molecular phylogenetic analysis performed based on the ITS sequences of the genus Gautieria revealed the occurrence of at least two independent intron invasion event in the evolutionary process of this genus. This is the first study reporting on the presence of group I introns in the ITS region of a higher fungus.

Key words: Group I Introns, Spacer introns, Internal transcribed spacer, rDNA.

ГІПОТЕТИЧНІ ІНТРОНИ І ГРУПИ В ЯДЕРНОМУ ВНУТРІШНЬОМУ ТРАНСКРИБОВАНОМУ СПЕЙСЕРІ ГРИБА GAUTIERIA VITTAD. З РОДИНИ БАЗИДІОМІКОТОВІ

Інтрони І групи – це рибозими з автосплайсингом, які вставляють у гени, що кодують білок і РНК. У рибосомних РНК інтрони І групи можуть бути у малій підгрупі (SSU) і великій підгрупі (LSU) різних

прокаріотів і нижчих еукаріотичних організмів, до яких належать найпростіші та гриби. Однак, досить незвично знаходити їх у ділянці ядерного внутрішнього транскрибованого спейсера (ITS). У цьому дослідженні було проаналізовано винятково довгі ділянки ITS видів грибів роду *Gautieria*. Незвично довга ділянка ITS нещодавно виділеного зразка *Gautireia* (ANK Akata & Sahin 001) та ITS послідовності ізолятів *G. monticola*, присутніх у Gen Bank, були проаналізовані біоінформатичним методом. Окрім присутності тандемних повторів, було виявлено, що збільшений розмір проаналізованих ITS послідовностей був спричинений присутністю інтронів І групи у ділянках ITS1 як нещодавно виділеного зразка, так і різних ізолятів *G. monticola*. Вторинні структури визначених інтронів могли сформуватися у відповідності до моделей інтронів І групи, і вони утворили кластер з інтронами І групи у філогенезі на основі збереженого корового домену. Молекулярний філогенетичний аналіз, проведений на основі ITS послідовностей роду *Gautieria*, продемонстрував виникнення принаймні двох незалежних подій втручання інтрону в еволюційний процес цього роду. Це перше дослідження, що повідомляє про присутність інтронів І групи в ITS ділянці вищого гриба.

Ключові слова: інтрони І групи, спейсерні інтрони, внутрішній транскрибований спейсер, рДНК.

REFERENCES

- Ankenbrand MJ, Keller A, Wolf M et al. (2015) ITS2 Database V: Twice as Much. *Mol Biol Evol* 32(11):3030–3032. <https://doi.org/10.1093/molbev/msv174>.
- Arenas M. (2015) Trends in substitution models of molecular evolution. *Front Genet* 6:319. <https://doi.org/10.3389/fgene.2015.00319>
- Benson G. (1999) Tandem repeats finder: a program to analyze DNA sequences. *Nucleic Acids Res* 27(2): 573–580. <https://doi.org/10.1093/nar/27.2.573>
- Bhattacharya D, Reeb V, Simon DM, Lutzoni F. (2005) Phylogenetic analyses suggest reverse splicing spread of group I introns in fungal ribosomal DNA. *BMC Evol Biol* 5:68. <https://doi.org/10.1186/1471-2148-5-68>
- Chen L, Cai Y, Zhou G et al. (2014) Rapid Sanger sequencing of the 16S rRNA gene for identification of some common pathogens. *PLoS One* 9(2):e88886. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0088886>
- Chevalier BS, Stoddard BL. (2001) Homing endonucleases: structural and functional insight into the catalysts of intron/intein mobility. *Nucleic Acids Res* 29(18):3757–3774. <https://doi.org/10.1093/nar/29.18.3757>

- Corsaro D, Venditti D. (2020) Putative group I introns in the eukaryote nuclear internal transcribed spacers. *Curr Genet* 66(2):373–384. <https://doi.org/10.1007/s00294-019-01027-0>
- Danchin EG. (2016) Lateral gene transfer in eukaryotes: tip of the iceberg or of the ice cube? *BMC Biol* 14(1):101. <https://doi.org/10.1186/s12915-016-0330-x>
- De Rijk P, Wuyts J, De Wachter R. (2003) RnaViz 2: an improved representation of RNA secondary structure. *Bioinformatics* 19(2):299–300. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/19.2.299>
- Gibb EA, Hausner G. (2003) A group I intron-like sequence in the nuclear small ribosomal subunit gene of the ophiostomatoid fungus *Gondwanamyces proteae*. *Mycol Res* 107(12):1442–1450. <https://doi.org/10.1017/s0953756203008773>
- Goddard, M.R., Leigh, J., Roger, A.J., and Pemberton, A.J., Invasion and persistence of a selfish gene in the Cnidaria, *PLoS One*, 2006, 1, pp. e3. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0000003>.
- Griesenbeck J, Tschochner H, Grohmann D. (2017) Structure and Function of RNA Polymerases and the Transcription Machineries. *Subcell Biochem* 83: 225–270. https://doi.org/10.1007/978-3-319-46503-6_9
- Haugen P, Simon DM, Bhattacharya D. (2005) The natural history of group I introns. *Trends Genet* 21(2):111–119. <https://doi.org/10.1016/j.tig.2004.12.007>
- Hedberg A, Johansen SD. (2013) Nuclear group I introns in self-splicing and beyond. *Mob DNA* 4(1):17. <https://doi.org/10.1186/1759-8753-4-17>
- Henras AK, Plisson-Chastang C, O'Donohue MF et al. (2015) An overview of pre-ribosomal RNA processing in eukaryotes. *Wiley Interdiscip Rev RNA* 6(2): 225–242. <https://doi.org/10.1002/wrna.1269>
- Hibbett DS. (1996) Phylogenetic evidence for horizontal transmission of group I introns in the nuclear ribosomal DNA of mushroom-forming fungi. *Mol Biol Evol* 13(7):903–917. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a025658>
- Kumar S, Stecher G, Li M et al. (2018) MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across Computing Platforms. *Mol Biol Evol* 35(6):1547–1549. <https://doi.org/10.1093/molbev/msy096>
- Michel F, Westhof E. (1990) Modelling of the three-dimensional architecture of group I catalytic introns based on comparative sequence analysis. *J Mol Biol* 216(3):585–610. [https://doi.org/10.1016/0022-2836\(90\)90386-Z](https://doi.org/10.1016/0022-2836(90)90386-Z)
- Paredes-Esquivel CC, Townson H. (2014) Functional constraints and evolutionary dynamics of the repeats in the rDNA internal transcribed spacer 2 of members of the *Anopheles barbirostris* group. *Parasit Vectors* 7:106. <https://doi.org/10.1186/1756-3305-7-106>
- Pattengale ND, Alipour M, Bininda-Emonds OR et al. (2010) How many bootstrap replicates are necessary? *J Comput Biol* 17(3):337–354. <https://doi.org/10.1089/cmb.2009.0179>
- Sahin E, Akata I. (2018) Viruses infecting macrofungi. *Virus-disease* 29(1):1–18. <https://doi.org/10.1007/s13337-018-0434-8>
- Santamaria M, Fosso B, Licciulli F et al. (2018) IT-SoneDB: a comprehensive collection of eukaryotic ribosomal RNA Internal Transcribed Spacer 1 (ITS1) sequences. *Nucleic Acids Res* 46,(D1):D127–D132. <https://doi.org/10.1093/nar/gkx855>
- Schuster A, Lopez JV, Becking LE et al. (2017) Evolution of group I introns in Porifera: new evidence for intron mobility and implications for DNA barcoding. *BMC Evol Biol* 17(1):82. <https://doi.org/10.1186/s12862-017-0928-9>
- Suh SO, Jones KG, Blackwell M. (1999) A Group I intron in the nuclear small subunit rRNA gene of *Cryptosporidium parvum*, an ascomycetous fungus: evidence for a new major class of Group I introns. *J Mol Evol* 48(5):493–500. <https://doi.org/10.1007/pl00006493>
- Thines M. (2007) Characterisation and phylogeny of repeated elements giving rise to exceptional length of ITS2 in several downy mildew genera (Peronosporaceae). *Fungal Genet Biol* 44(3):199–207. <https://doi.org/10.1016/j.fgb.2006.08.002>
- Zhou MY, Gomez-Sanchez CE. (2000) Universal TA cloning. *Curr Issues Mol Biol* 2(1):1–7.

Received March 20, 2020

Received June 04, 2020

Accepted September 18, 2021