

## Восстановление эволюционной истории хромосомных перестроек в геномах *Streptococcus* spp.

Научный руководитель – Бочкарева Ольга Олеговна

*Карань Анна Александровна*

*Студент (специалист)*

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Факультет  
биоинженерии и биоинформатики, Москва, Россия

*E-mail: akartar.n@gmail.com*

Изменения в структуре генома микроорганизма могут приводить к изменению его биологических свойств. Более полное понимание причин и механизмов геномных перестроек и воздействия на них естественного отбора позволило бы восстановить историю эволюции данных организмов. Геномные перестройки, такие как крупные инверсии, делеции и вставки уже описаны для *Streptococcus* [1].

Целью работы было реконструировать инверсии для 103 полногеномных последовательностей штаммов *Streptococcus pneumoniae*, *Streptococcus suis*, *Streptococcus pyogenes* и сопоставить результаты с данными филогении и пангеномного анализа.

Синтенные блоки были получены с помощью программы Sibelia. Реконструкция истории инверсий была выполнена с помощью алгоритма MGRA 2.0 (<http://mgra.cblab.org>) на основе филогенетических деревьев, построенных по конкатенату нуклеотидных выравниваний общих генов.

В результате, суммарное число инверсий на ветках мало - 63, однако для каждого вида было найдено хотя бы одно параллельное событие (Рис.1). Построение деревьев по последовательности этих инверсий показало, что они не являются результатом гомологичной рекомбинации.

На границах большинства инверсий находятся транспозоны или РНК, но параллельная инверсия у *S.pneumoniae* проходит по белкам гистидиновой триады, у них эти белки вовлечены в уклонение бактерий от опосредованных системой комплемента иммунных реакций хозяев [2], поэтому мы предположили, что антигенная вариабельность *S.pneumoniae* связана, в том числе с инверсиями.

Анализ расположения инверсий относительно ориджина и терминатора репликации выявил, что инверсии, расположенные внутри реплихоры, закрепляются значительно реже и имеют меньшую длину, чем инверсии с концами на разных реплихорах. Это наблюдение объясняется отрицательным отбором на первый тип инверсий, поскольку они меняют положение генов относительно лидирующей/запаздывающей цепи.

Ранее закрепление асимметричных относительно ориджина инверсий связывали с необходимостью сбалансировать размер реплихор из-за крупной фаговой вставки [1], однако если сравнить пары видов с асимметричными инверсиями и без них по наличию и длине крупных фаговых вставок, то никакой связи не выявлено.

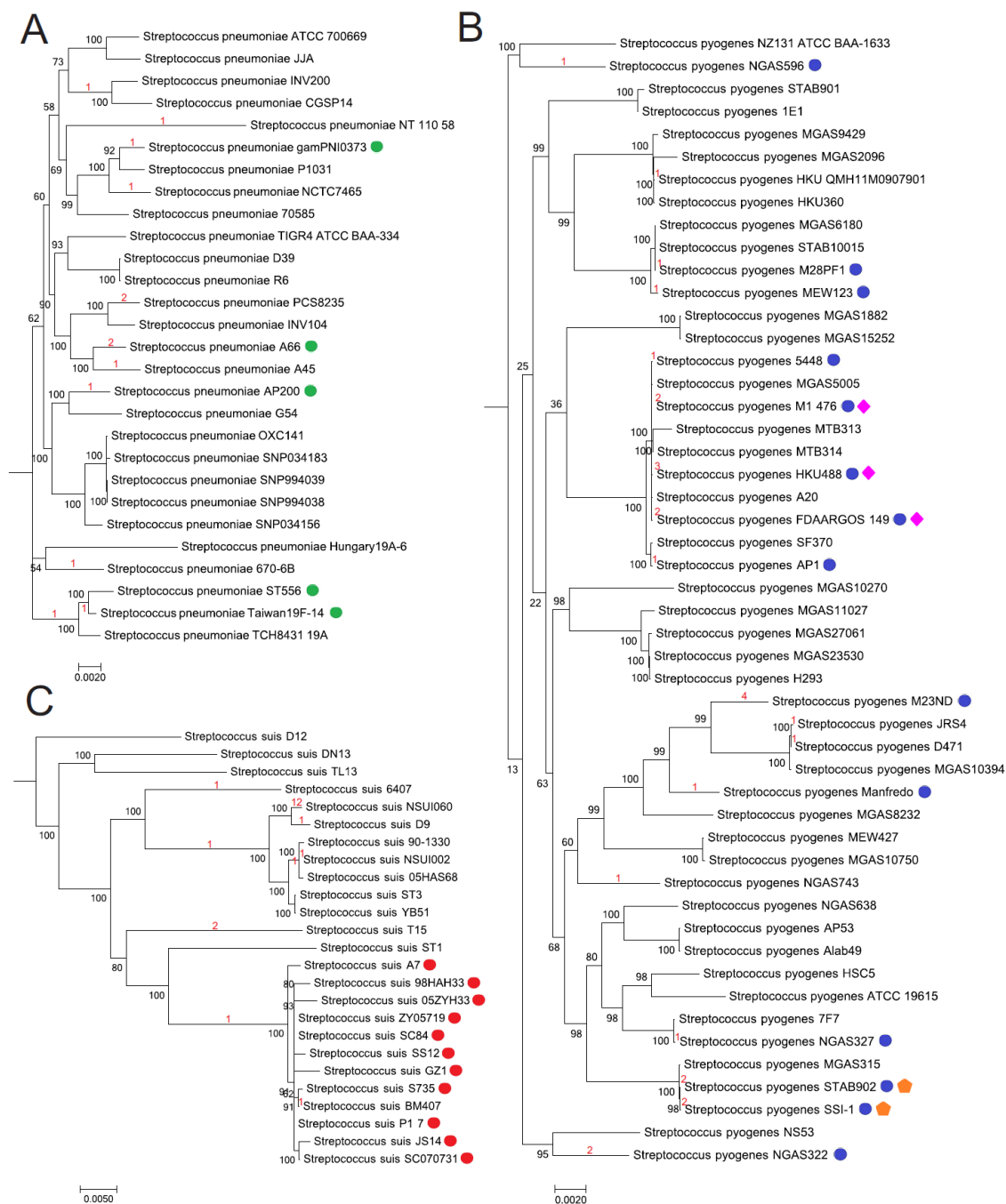
Среди 5016 генов, присутствующих только части штаммов, 386 расположены в геномах в различных синтениях, что позволяет предположить в их эволюционной истории горизонтальные переносы. Было показано, что более 50% таких генов являются редкими для всех трех видов *Streptococcus* (Рис.2).

Работа поддержана грантом РФФИ 16-54-21004

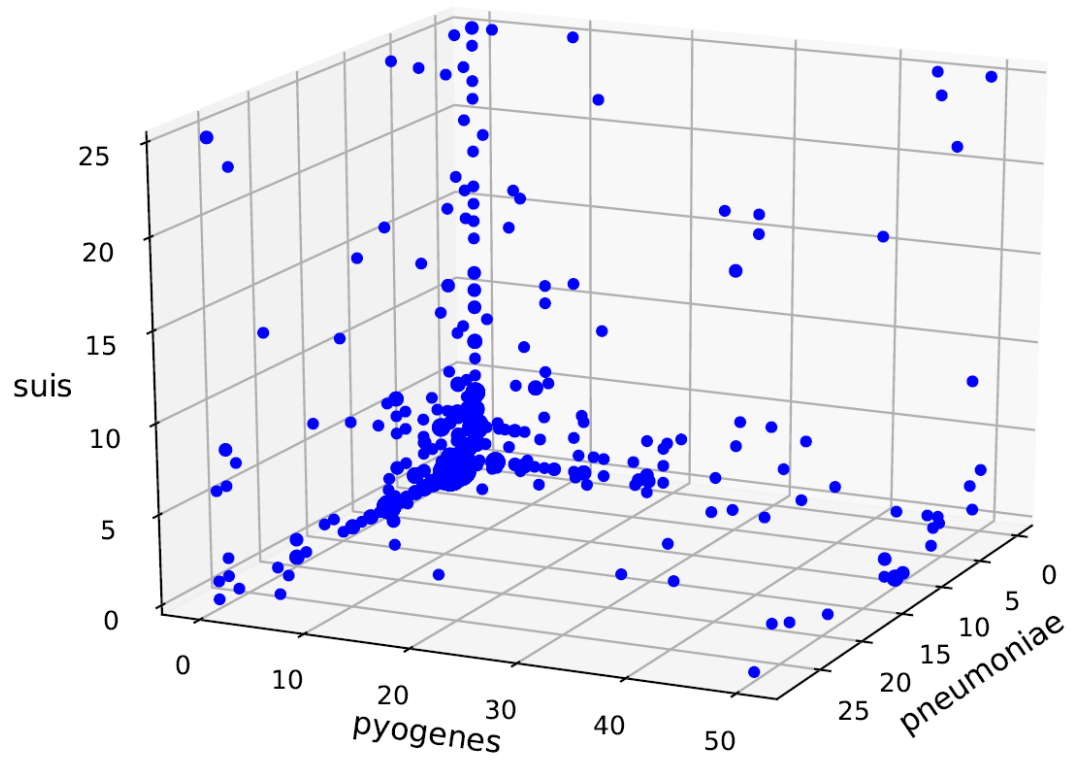
### Источники и литература

- 1) Camilli R, R JP Bonnal, M Del Grosso, M Iacono, G Corti, E Rizzi, M Marchetti, L Mulas, F Iannelli, F Superti, MR Oggioni, G De Bellis and A Pantosti. 2011. Complete genome sequence of a serotype 11A, ST62 *Streptococcus pneumoniae* invasive isolate. *BMC Microbiology*, 11(1):25.
- 2) Shao Z-Q, Zhang Y-M, Pan X-Z, Wang B, Chen J-Q (2013) Insight into the Evolution of the Histidine Triad Protein (HTP) Family in *Streptococcus*. *PLoS ONE* 8(3): e60116. doi:10.1371/journal.pone.0060116

### **Иллюстрации**



**Рис. 1.** Рис.1. Филогенетические деревья, где красными цифрами подписано число инверсий, цветными кружками - параллельные инверсии. А) *Streptococcus pneumoniae* В) *Streptococcus pyogenes* С) *Streptococcus suis*



**Рис. 2.** Рис.2 Распределение генов, подвергнувшихся горизонтальному переносу, по числу штаммов 3-х видов (по осям)