

Соотношение вертикального наследования и горизонтального переноса в эволюции двух классов гомологичных систем рестрикции модификации

Научный руководитель – Алексеевский Андрей Владимирович

Гусева Екатерина Алексеевна

Студент (специалист)

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

E-mail: eguseva98@mail.ru

Системы рестрикции - модификации (системы РМ) - это системы бактерий и архей, защищающие геном клетки-хозяина от чужеродной ДНК. Большинство систем имеют в своем составе два основных белка: эндонуклеазу рестрикции и ДНК метилтрансферазу. Эндонуклеаза разрезает ДНК в специфических сайтах, если они не метилированы. Метилтрансфераза метилирует основания в тех же сайтах, что предотвращает разрезание собственного генома.

Системы РМ ведут себя как мобильные элементы, хотя не имеют собственных механизмов переноса [3]. А активная работа системы препятствует горизонтальному переносу между клетками, имеющими в своем составе разные системы РМ.

В работе изучены горизонтальные переносы и вертикальное наследование в эволюции двух классов гомологичных систем РМ (RE_TdeIII/N6_N4_Mtase и RE_TdeIII/DNA_Methyltransferase). Название класса образуется из названий каталитических доменов эндонуклеазы и метилтрансферазы согласно базе данных Pfam, разделенных «/». Оба класса включают эндонуклеазы из одного и того же семейства. Все системы являются системами РМ типа II.

В выборке из 6620 полных геномов прокариот мы обнаружили всего 45 эндонуклеаз семейства RE_TdeIII. Все они входят в состав двух классов систем РМ. Из них четыре системы принадлежат двум отделам архей, а 41 - к 13 отделам бактерий.

Мы построили три филогенетических дерева: для эндонуклеаз из обоих классов и два для метилтрансфераз (см. рис. 1).

В результате сравнения деревьев мы выявили: два случая обмена метилтрансферазами между системами, принадлежащими к разным классам, 11 случаев обмена отдельными ферментами между системами из одного класса и девять случаев горизонтального переноса целых систем. Для выявления эволюционных событий, кроме несоответствий в деревьях эндонуклеаз и метилтрансфераз, мы использовали также данные об избегании сайтов рестрикции, так как показано, что недопредставленность сайтов ($K_r < 1$ на рис. 1.) в геноме хозяина зависит от времени совместной эволюции системы типа II и хозяина [1, 2].

Вертикальное наследование прослеживается в четырех отделах: 9 случаев в Firmicutes, 2 - Cyanobacteria (на уровне отряда), 3 - Spirochaetes (на уровне класса) и 3 - Euryarchaeota (на уровне семейства) (см. рис. 1).

Из наших результатов следует, что системы РМ активно горизонтально переносятся и в изученных примерах горизонтальный перенос превалирует над вертикальным наследованием.

Работа выполнена при поддержке гранта РНФ 16-14-10319.

Источники и литература

- 1) Ivan Rusinov, Anna Ershova, Anna Karyagina, Sergey Spirin and Andrei Alexeevski. Lifespan of restriction-modification systems critically affects avoidance of their recognition sites in host genomes // BMC Genomics. 2015. No. 16. P. 1084
- 2) Karlin S, Cardon LR. Computational DNA sequence analysis // Annu Rev Microbiol. 1994. No. 48. С. 619–54
- 3) Naito, T., Kusano, K., and Kobayashi, I. Selfish behavior of restriction–modification systems // Science. 1995. No. 267. P. 897–899

Иллюстрации

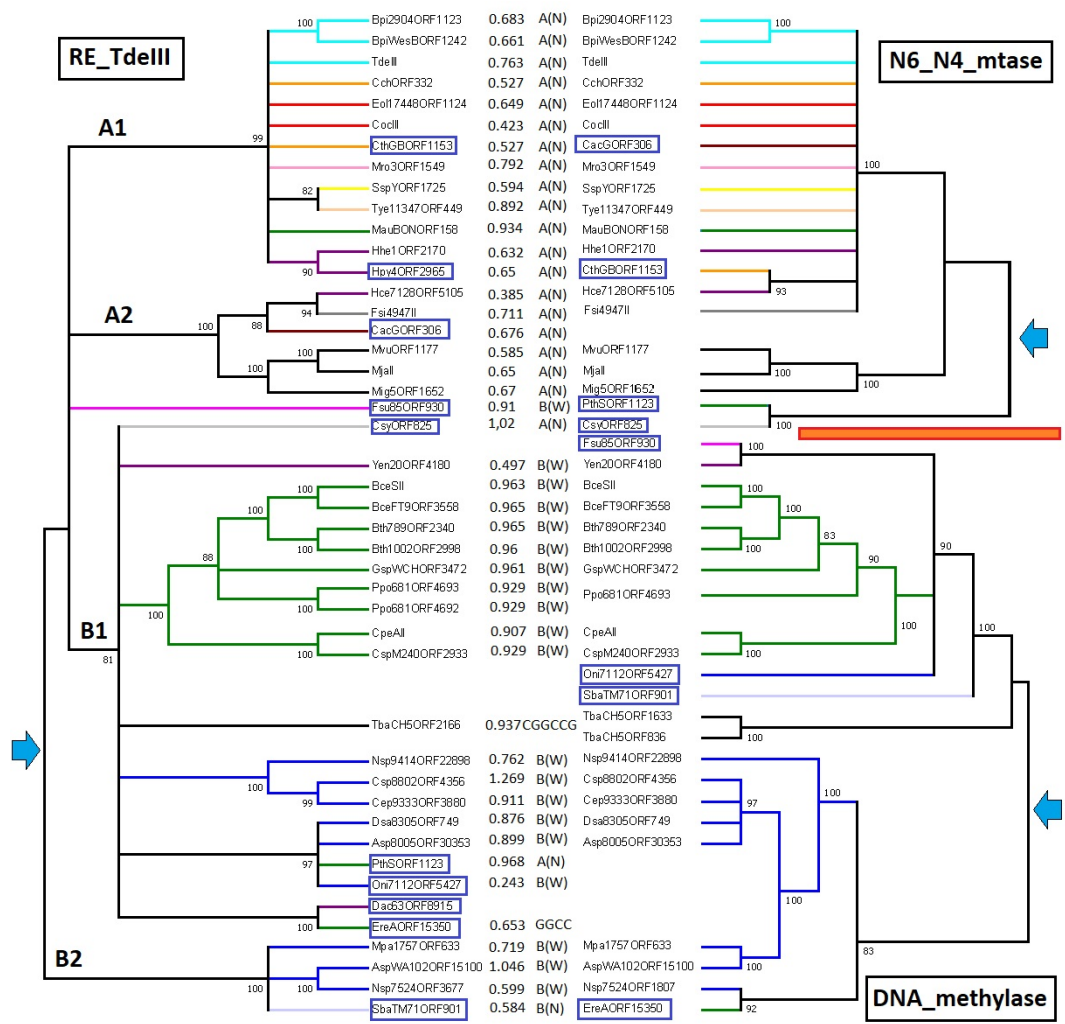


Рис. 1. Филогенетические деревья эндонуклеаз рестрикции (слева) и метилтрансфераз из двух семейств (справа). Цвет веток отражает принадлежность к типу (зеленый - Firmicutes, темно синий - Cyanobacteria, желтый - Aquificae, светло-сиреневый – неклассифицированная Bacteria candidate phyla, красный - Bacteroidetes, оранжевый - Chlorobi, коричневый - Cloacimonetes, светло розовый - Ignavibacteriae, черный – Euryarchaeota (археи), фиолетовый - Proteobacteria, темно-серый - Deferribacteres, бежевый - Nitrospirae, светло-серый – Thaumarchaeota, голубой - Spirochaetes, розовый – неклассифицированная Uncultured termite bacterium Rs-D17). Оставлены ветки с Bootstrap>80 (значения подписаны). Стрелками обозначены корни, найденный с помощью аутгрупп. На дереве эндонуклеаз выделены клады (A1, A2, B1, B2) с bootstrap = 100. Цветом выделены названия систем, в которых не удалось метилтрансферазу и эндонуклеазу поставить напротив друг друга. Напротив эндонуклеаз стоят значения K_g для геномов клеток-хозяев и сайт рестрикции, для систем имеющих сайт вида GG(N/W)CC указан только третий нуклеотид и принадлежность эндонуклеазы к классу N6_N4_mtease (A) или к классу DNA_methylase (B), для остальных сайт рестрикции указан полностью.