

# История геномных перестроек в роде *Yersinia*

## Введение

В современной науке восстановление родства между близкими таксонами микроорганизмов сопряжено с некоторыми трудностями. В частности, на полученные результаты может влиять горизонтальный перенос генов. Помимо существующих подходов к построению филогенетических деревьев микроорганизмов существует методы, в основу которых положено исследование крупных геномных перестроек. С использованием одного из таких методов мы попытаемся выяснить родство между отдельными штаммами видов рода *Yersinia*: *Y. enterocolitica*, *Y. pseudotuberculosis*, *Y. pestis*.

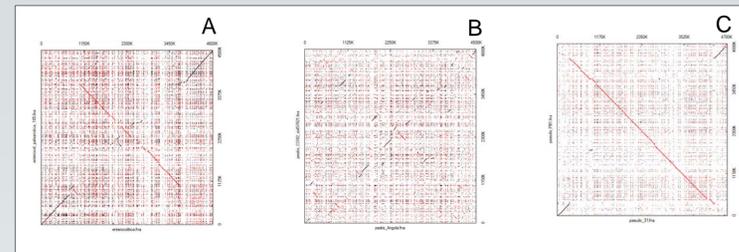
## Данные и методы

Для анализа были взяты геномы 19 штаммов бактерий рода *Yersinia*: 4 штамма *Y. pseudotuberculosis*, 3 штамма *Y. enterocolitica*, 12 штаммов *Y. pestis* (база данных NCBI). Предварительно были произведены попарные сравнения штаммов с помощью dot-матриц (*IBdot*). Для построения филогенетического древа по геномным перестройкам на начальном этапе были найдены ортологические ряды внутри каждого вида. Далее были выделены кластеры генов, сохраняющие порядок расположения во всех сравниваемых между собой геномах (алгоритм DRIMM-Synteny) и подобраны оптимальные длины таких блоков. Реконструкция перестроек производилась с помощью алгоритма MGRA. Построение древа по конкатенату выравниваний универсальных генов производилось Fasttree.

\* **Рис.5. А.** Зависимость числа блоков от числа генов в блоке для *Y.pestis*, **В.** Древо построенное по матрице расстояний по перестройкам. **С.** Таблица попарных расстояний для *Y.pestis*.

## Результаты

На первом этапе нашего исследования мы оценили попарное количество перестроек между отдельными штаммами видов *Yersinia* с помощью dot-матриц. Они иллюстрируют наличие инверсий и транслокаций похожих участков генома.



**Рис.1. Dot-матрица сравнение штаммов:** **А.** *Y. enterocolitica* palearktica 105 и *Y. enterocolitica* palearktica Y1, **В.** *Y. pestis* Angola и *Y. pestis* CO92, **С.** *Y. pseudotuberculosis* PB1 и *Y. pseudotuberculosis* IP 31758.

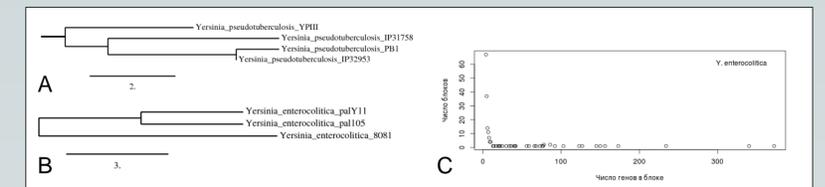
Для восстановления истории перестроек были построены синтенные блоки универсальных генов. Полученное количество синтенных блоков для каждого вида (табл. 1.) согласуется с количеством перестроек на dot-матрицах (рис. 1).

Вид	Количество ортологических рядов	Максимальное количество синтенных блоков
4 штамма <i>Y. pseudotuberculosis</i>	3262	25
3 штамма <i>Y. enterocolitica</i>	3332	178
12 штаммов <i>Y. pestis</i>	2525	400

**Таблица 1.** Количество ортологических рядов и максимального количества генов в синтенных блоках.

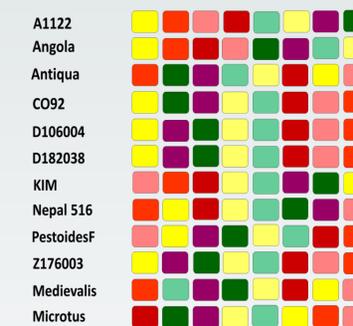
Были построены деревья штаммов *Y. pseudotuberculosis* и *Y. enterocolitica* по геномным перестройкам. Для того, чтобы мы могли учесть у *Y. enterocolitica* лишь крупные эволюционные перестройки, был выбран порог на число генов в синтенных блоках, равный 8.

У штаммов *Y. enterocolitica* были обнаружены области в геноме, содержащие синтенные блоки с небольшим числом генов (1-7). Данные области организованы таким образом, что на хромосомах всех штаммов данного вида активно происходило смешение блоков между собой.

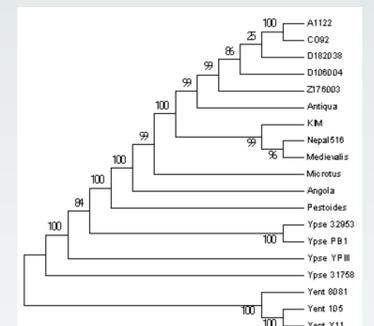


**Рис. 2. А.** Филогенетическое древо для *Y. pseudotuberculosis*, **В.** Филогенетическое древо для *Y. enterocolitica*, **С.** Зависимость числа блоков от числа генов в блоке для *Y. enterocolitica*.

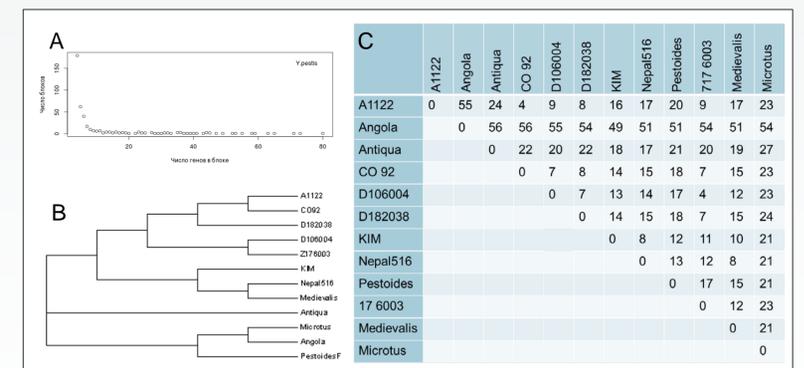
Для штаммов *Y. pestis* при пороге в 50 генов было найдено 8 синтенных блоков. Но даже при таком количестве блоков нельзя восстановить историю геномных перестроек. При дальнейшем уменьшении порога на число генов не удалось добиться лучшего разрешения топологии древа с помощью используемого алгоритма. Не смотря на это было построено древо по матрице расстояний по перестройкам между штаммами *Y. pestis* (рис.5).



**Рис.3.** Таблица синтенных блоков для *Y. pestis* (при пороге в 50 генов).



**Рис.4.** Древо, построенное по конкатенату универсальных генов.



**Рис. 5.\***

## Выводы

1. В отношении штаммов *Y. Pestis* используемый алгоритм оказался неэффективным, но древо, построенное по матрице расстояний согласуется с деревом по конкатенату.
2. Полученные результаты согласуются с деревом, построенному по конкатенату.