

>>EXTINCTION OF THE SECOND CHROMOSOME

Загадочное исчезновение второй хромосомы

INTRODUCTION

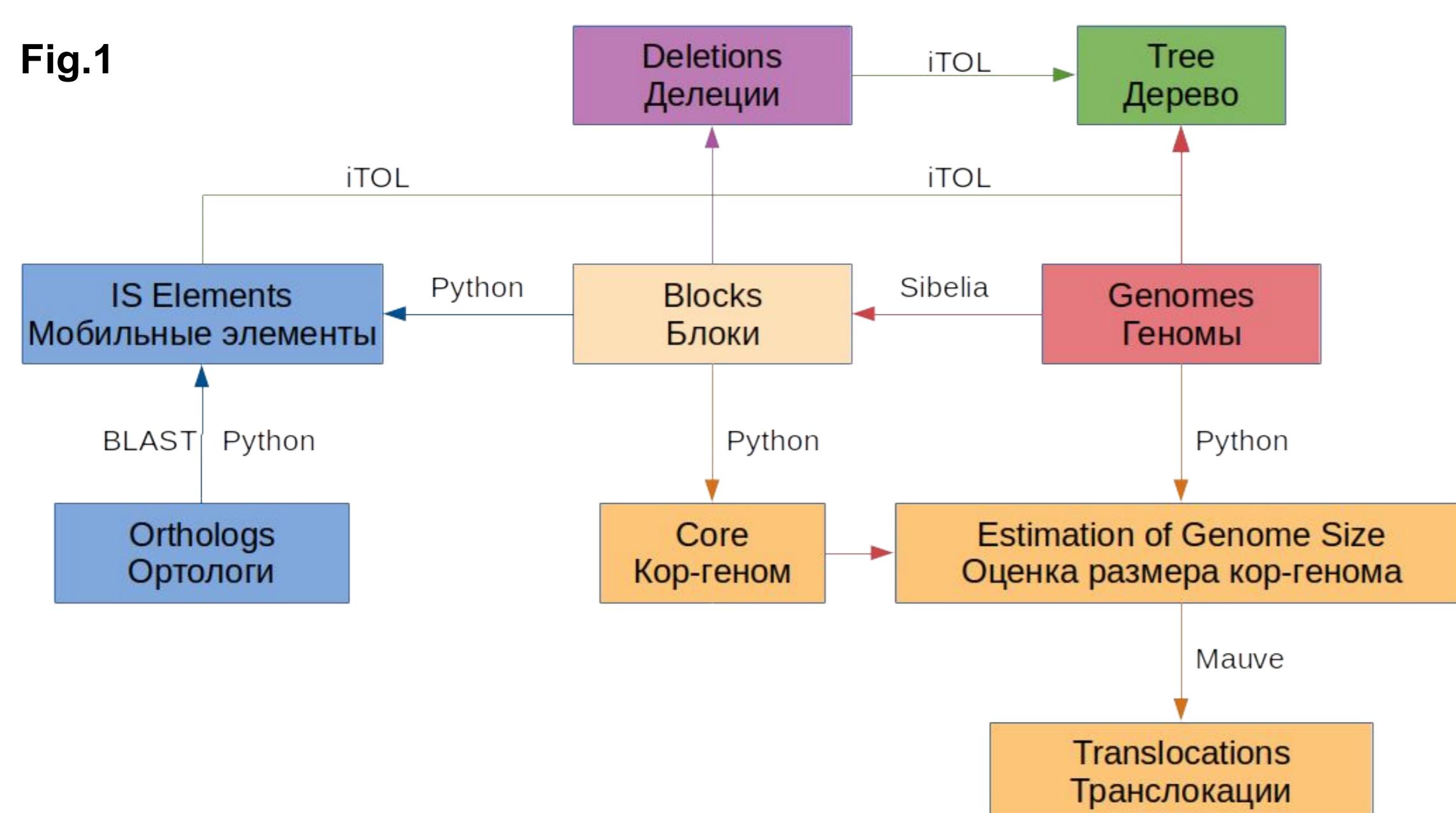
Strains of a young pathogen *Burkholderia mallei* have recently evolved from soil-dwelling pathogenic bacterium *B. pseudomallei*. *B. mallei*, whose genomes are comprised of two stable chromosomes, are being adapted to the intracellular lifestyle. This process is accompanied by genomic reduction as intracellular parasites obtain many necessary metabolites from the host cell. The genomic reduction is usually caused by active intra-chromosomal recombination due to accumulation of mobile elements. We have described the evolutionary history of deletions in *B. mallei* genomes and have estimated the size of the core genome.

Внутриклеточные патогены *B. mallei* образовались от обитающих в почве патогенов *B. pseudomallei*, геномы которых состоят из двух хромосом. Переход к внутриклеточному стилю жизни сопровождается значительной редукцией (уменьшением размера) генома, потеря фрагментов хромосомы происходит в результате рекомбинации по мобильным элементам. Мы проанализировали паттерны делеций в геномах *B. mallei* и оценили размер кор-генома при завершении адаптации.

უჯრედშიდა პათოგენის *Burkholderia mallei* განვითარდება ნიადაგში მცველებული ბაქტერიისგან *B. pseudomallei*. *B. mallei*, რომლის გენომი თრი სერიალური ქრომოსომისგან შედგება, ეგული უჯრედშიდა გარემოში არსებობას. ეს პროცესი დაკავშირებულია გენომის რეფიქსაციასთან, რადგანაც ბაქტერია არსებობისთვის საჭირო მეტაბოლიზმის მასპინძლისგან იღებს. გენომის რედუქცია გამოწვეულია შიდაქრომოსომული რეკომბინაციით ე.წ. მოხელიალი ლინგვისტის დაგროვების გამო. ჩვენ შევისწავლეთ დელეციების ევოლუციური განვითარება *B. mallei*-ის გენომში და დაახლოებით გამოვითვალეთ ძირითადი გენომის ზომა.

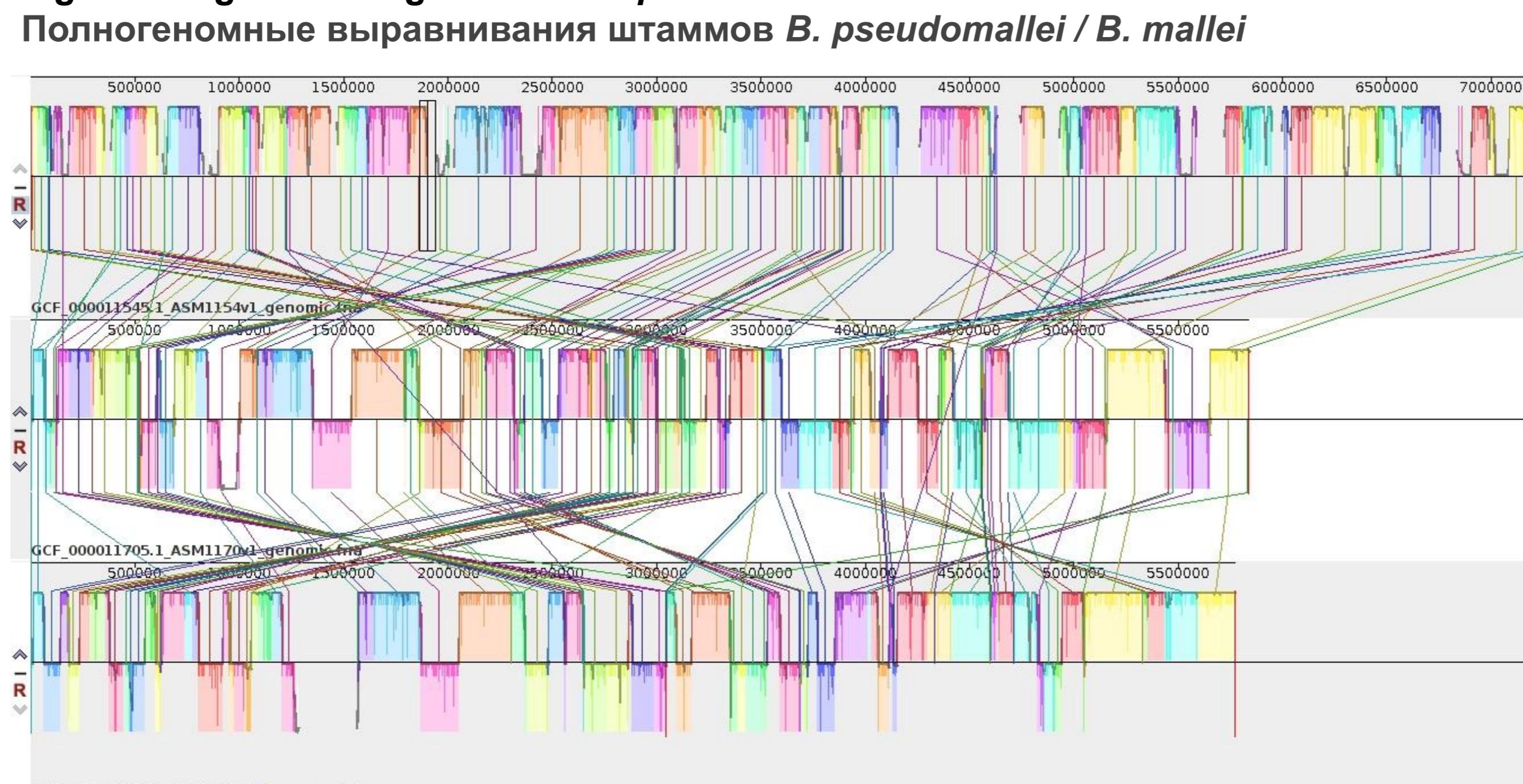
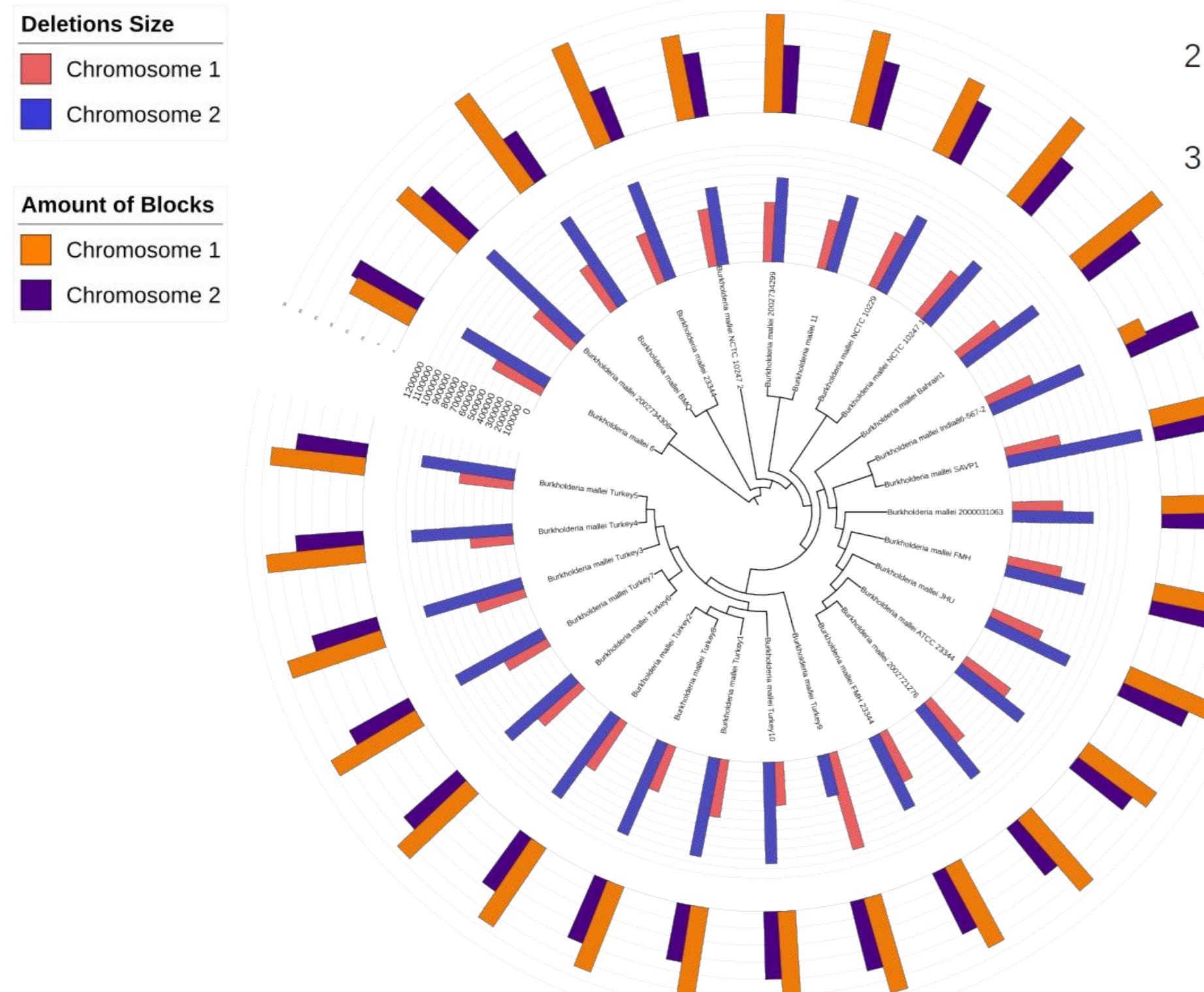
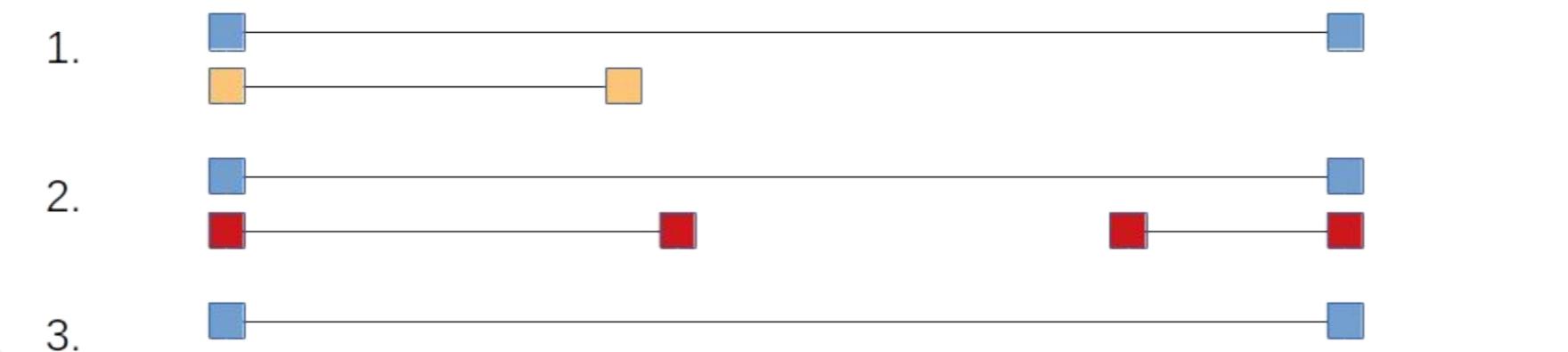
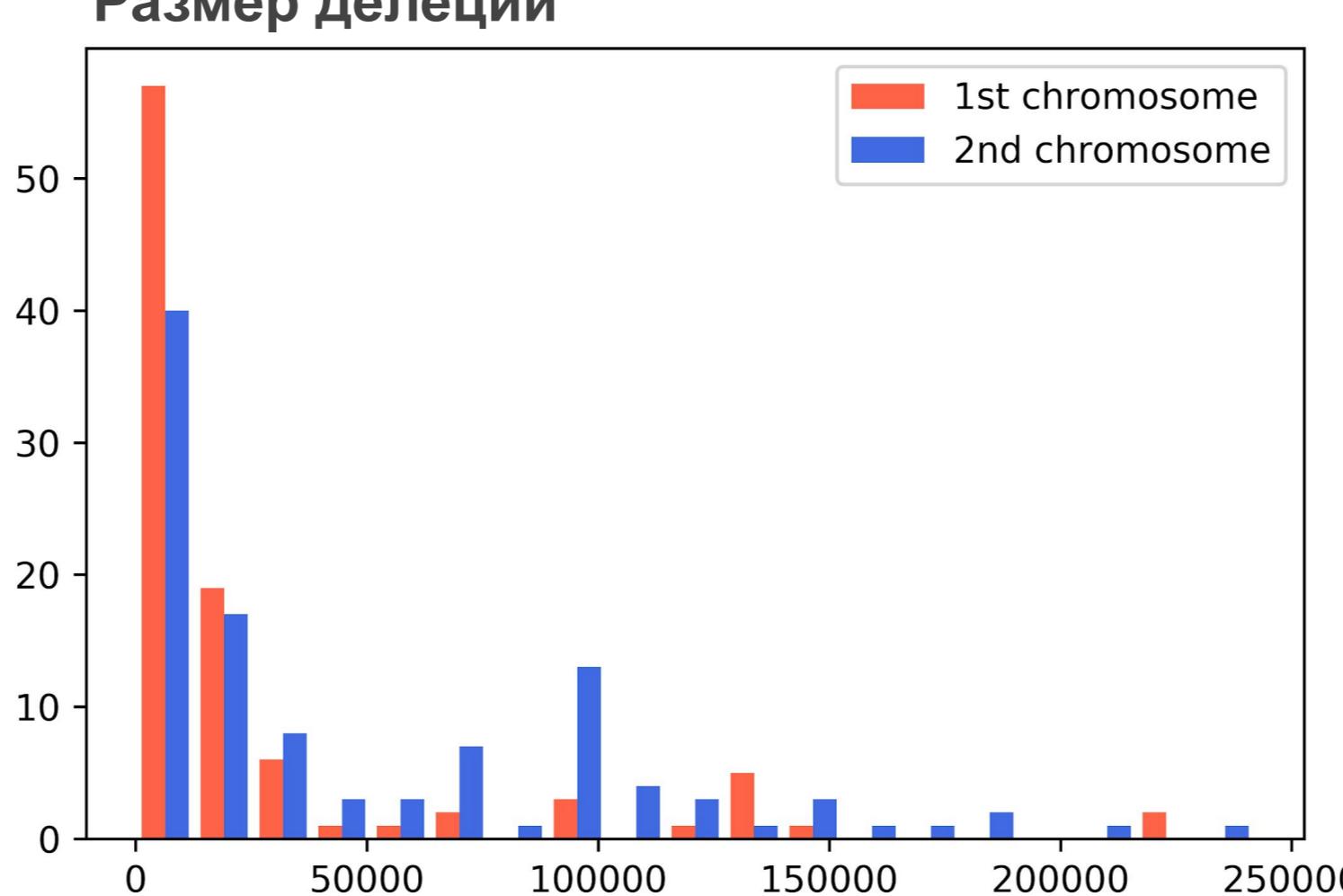
DATA and METHODS

Fig.1


CONCLUSIONS - 2
Genome reduction rate
Редукция геномов

The reduction rate of the second chromosomes is higher due to larger size of deleted fragments. Overlapping and embedded deletions have been observed. Such events may indicate parallel adaptation.

Суммарный размер потерь на вторых хромосомах больше, чем на первых. Это достигается за счет того, что длины вырезавшихся фрагментов в среднем на вторых хромосомах больше.

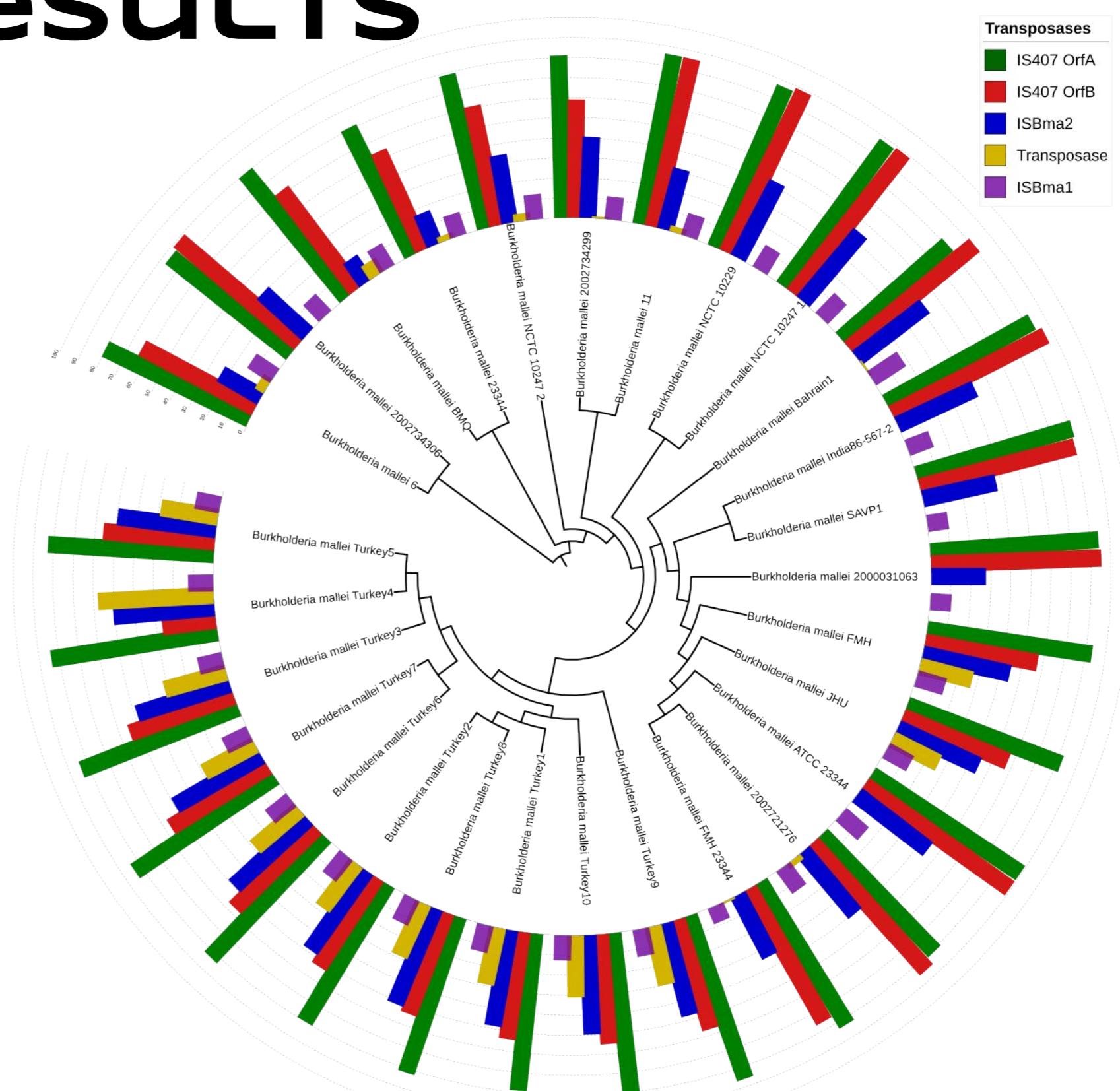
 Fig. 3. Full-genome alignment of *B. pseudomallei* / *B. mallei* strains

 Fig. 4. Rates of deletions in *B. mallei* genomes
Размеры делеций в геномах *B. mallei*

 Fig. 5. Examples of overlapped and embedded deletions
Примеры перекрывающихся и вложенных делеций

 Fig. 6. Length of deletions
Размер делеций


RESULTS

CONCLUSIONS - 1
Accumulation of mobile elements
Накопление мобильных элементов

Boundaries of deletions are formed by genes encoding transposases (families ISBma1 and ISBma2).

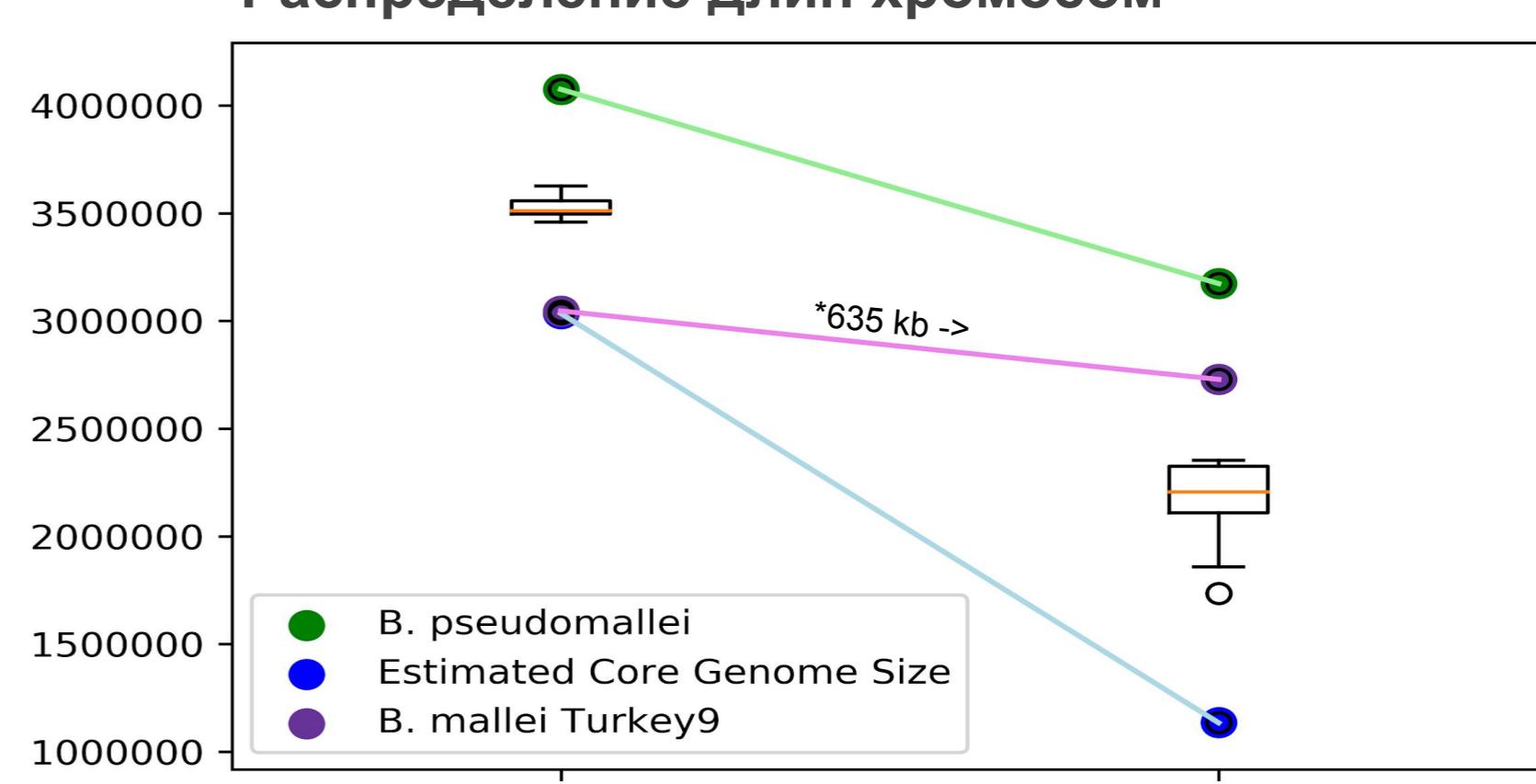
На границах делеций расположены гены, кодирующие транспозазы семейств ISBma1 и ISBma2


 Fig. 2. Number of mobile elements in *B. mallei* genomes
Количество мобильных элементов в геномах *B. mallei*
CONCLUSIONS - 3
Core genome size
Размер кор-генома

The estimated size of the core genome is 3034 kb for the first chromosome and 1135 kb for the second chromosome. *One large translocation (635 kbp) from the 1st chromosome to the 2nd was observed in *B. mallei* Turkey9.

Оценка размера кор-генома *B. mallei* - 3034 т.п.н. на первой хромосоме и 1135 т.п.н.на второй.

*В штамме *B. mallei* Turkey9 была найдена транслокация фрагмента длиной 635 т.п.н. с первой хромосомы на вторую.

 Fig. 7. Distribution of chromosomes size
Распределение длин хромосом

 Fig. 8. Estimation of core genome
Оценка размера кор-генома
