

Новосибирский государственный университет
Факультет естественных наук
Кафедра информационной биологии



Разнообразиие, распространение и эволюционные взаимоотношения ДНК- транспозонов суперсемейства *Tc1/mariner* у насекомых отряда прямокрылых (Orthoptera)

Лаборатория молекулярно-генетических систем
Института цитологии и генетики СО РАН

Выполнил

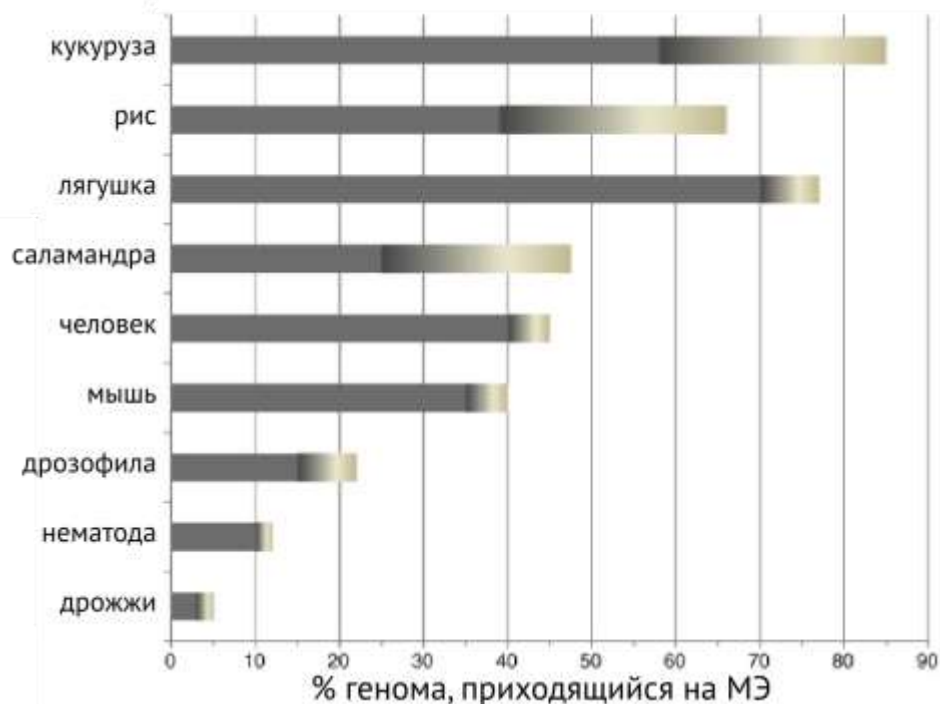
Бирюков Михаил Юрьевич

Научный руководитель:

в.н.с, к.б.н., **Блинов Александр Геннадьевич**

Мобильные элементы

Мобильные генетические элементы генома – последовательности ДНК, способные изменять свое расположение, перемещаться, независимо от других последовательностей в геноме



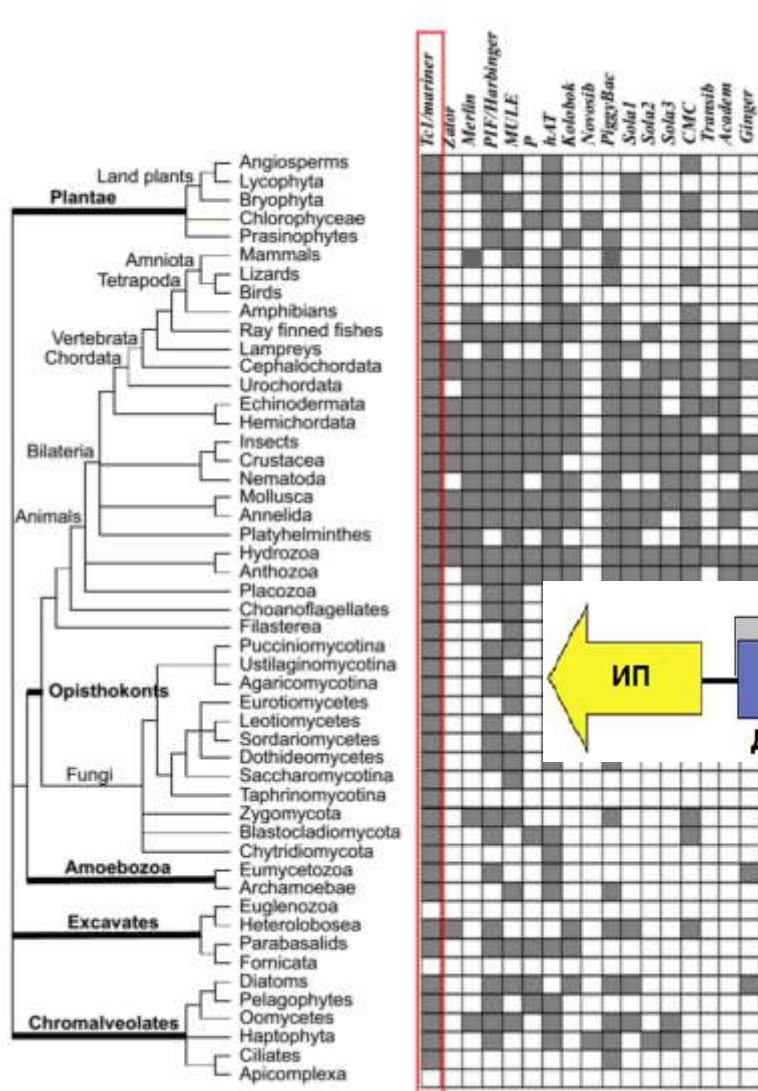
Градиентом отмечена доля, варьирующая по разным источникам

(Chénais et al., 2012).

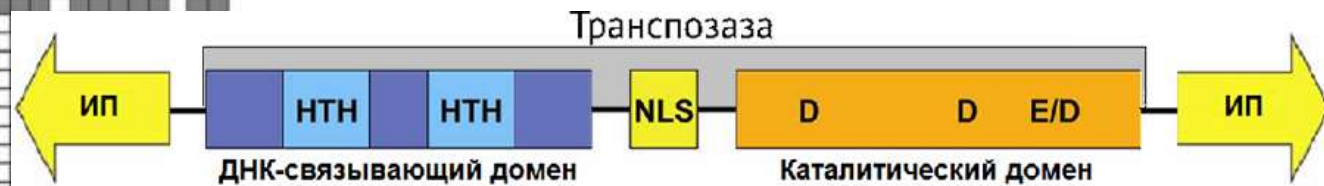
- Генетические полиморфизмы
- Изменение паттернов экспрессии
- Хромосомные перестройки
- Разрушение структур генов

- Создание генетического разнообразия

Распространение и структура *Tc1/mariner*



Широко распространённое и одновременно просто устроенное суперсемейство ДНК-транспозонов



Структура: ген транспозазы, состоящий из двух доменов, и инвертированные повторы

Жизненный цикл транспозонов



Tc1/mariner в геномах насекомых

- Большинство исследований проводились на насекомых с полным превращением
- Почти все современные семейства *Tc1/mariner* открыты на насекомых
- Названия многих элементов, подсемейств и семейств получены от данных объектов – *secropia*, *rosa*, *maT/mori*



Прямкрылые и ДНК-транспозоны



- За последние два года секвенировано 2 генома прямкрылых – перелётной саранчи (*Locusta migratoria*) и гавайского сверчка (*Laupala kohalensis*)
- *L. migratoria* – самый большой из прочитанных геномов животных (6.5 Гб)
- На четверть состоит из ДНК-транспозонов

Wang et al., 2014

Blankers et al., 2017

Peccoud et al., 2017

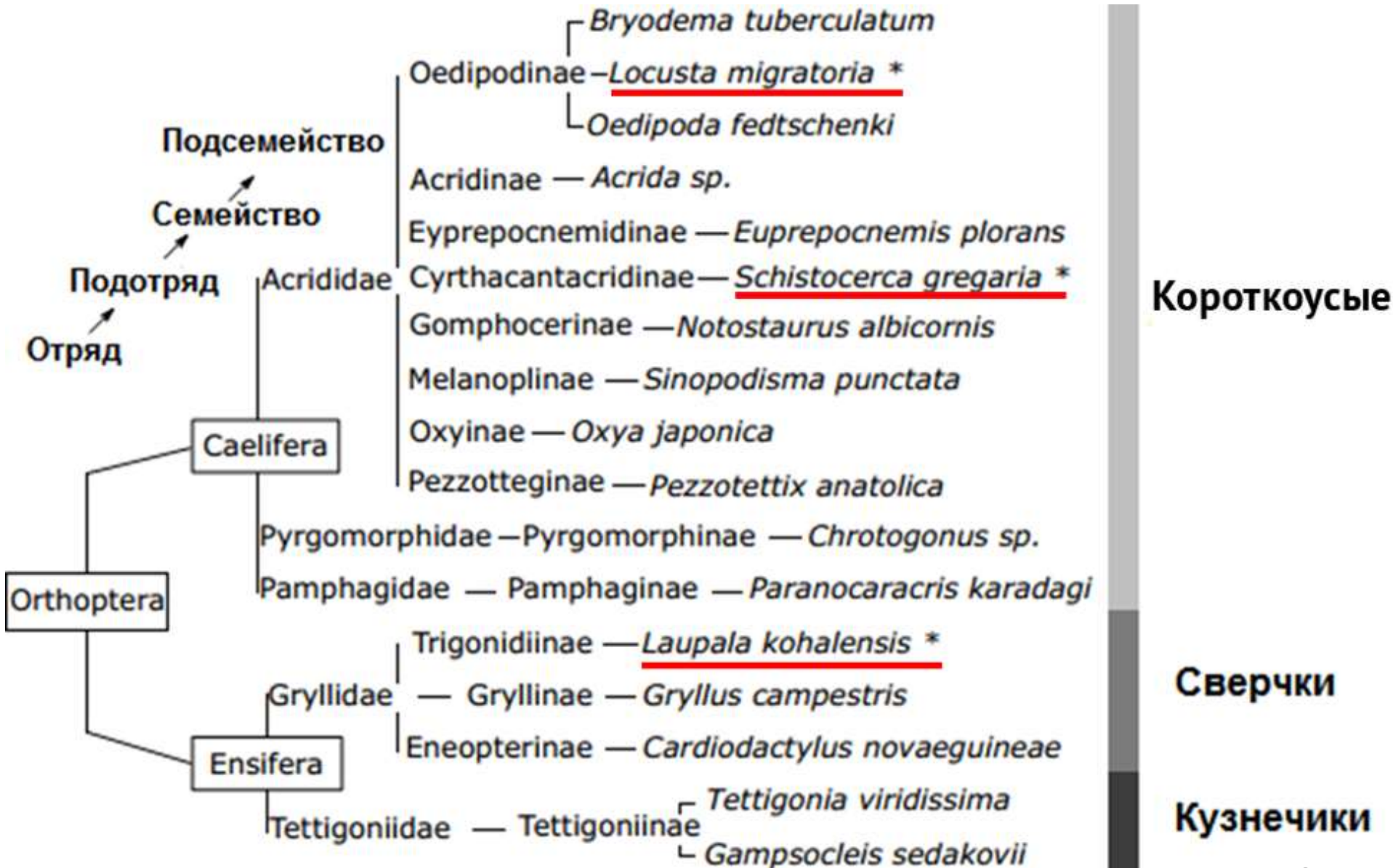
Цель и задачи

Цель: исследование разнообразия, распространения и филогенетических взаимоотношений ДНК-транспозонов суперсемейства *Tc1/mariner* в геномах прямокрылых насекомых (Orthoptera).

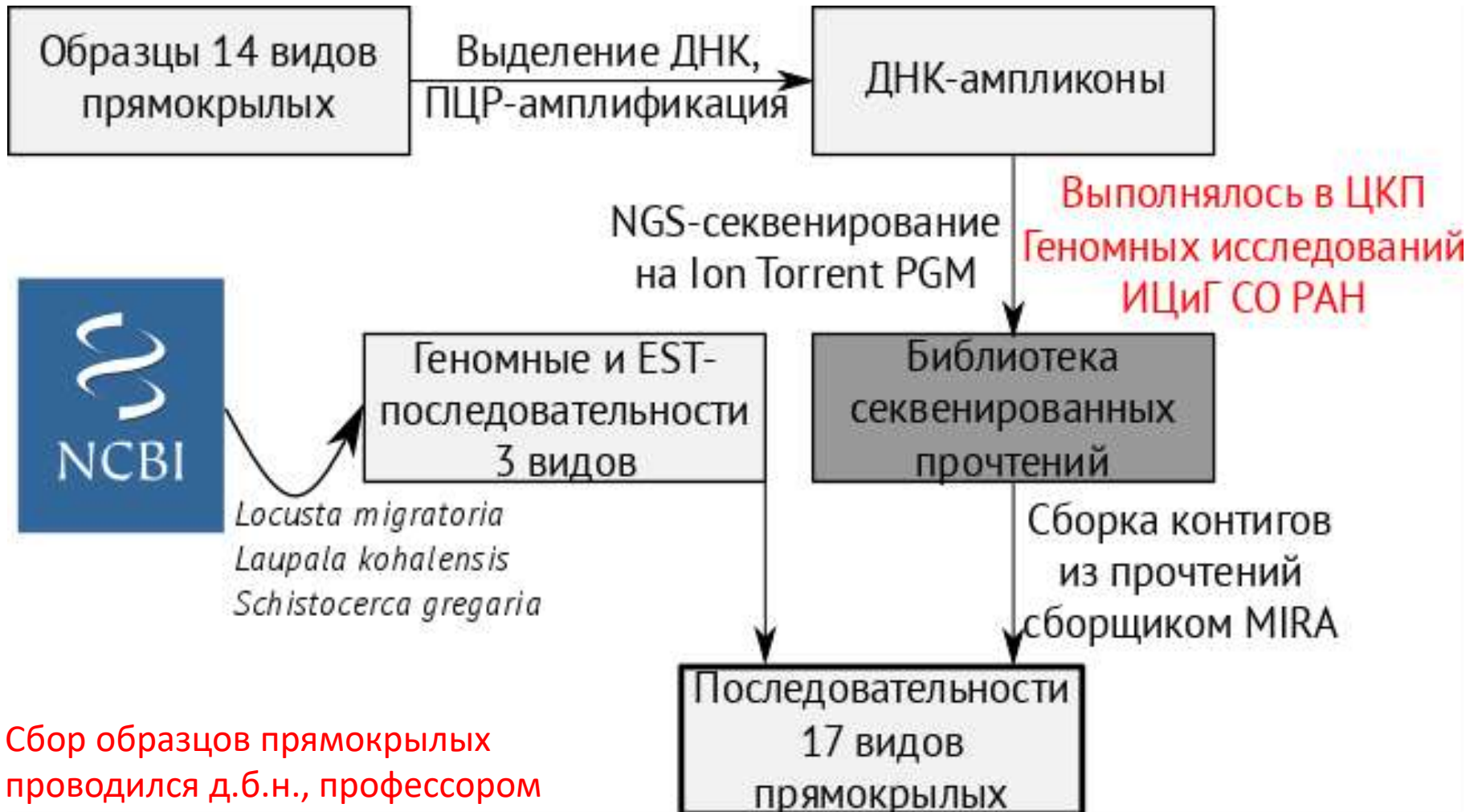
Для выполнения данной цели были поставлены следующие **задачи:**

1. Идентификация последовательностей *Tc1/mariner* у представителей Orthoptera в базах данных.
2. Биоинформационный поиск представителей *Tc1/mariner* в прочитанных геномных последовательностях *Locusta migratoria* и *Laupala kohalensis*.
3. Экспериментальный поиск последовательностей *Tc1/mariner* у отдельных представителей отряда Orthoptera.
4. Филогенетический анализ и классификация найденных последовательностей *Tc1/mariner*.

Исследованные виды прямокрылых



Алгоритм работы. Получение последовательностей



Сбор образцов прямокрылых проводился д.б.н., профессором Бугровым А.Г.

Алгоритм работы. Идентификация последовательностей транспозаз *Tc1/mariner*

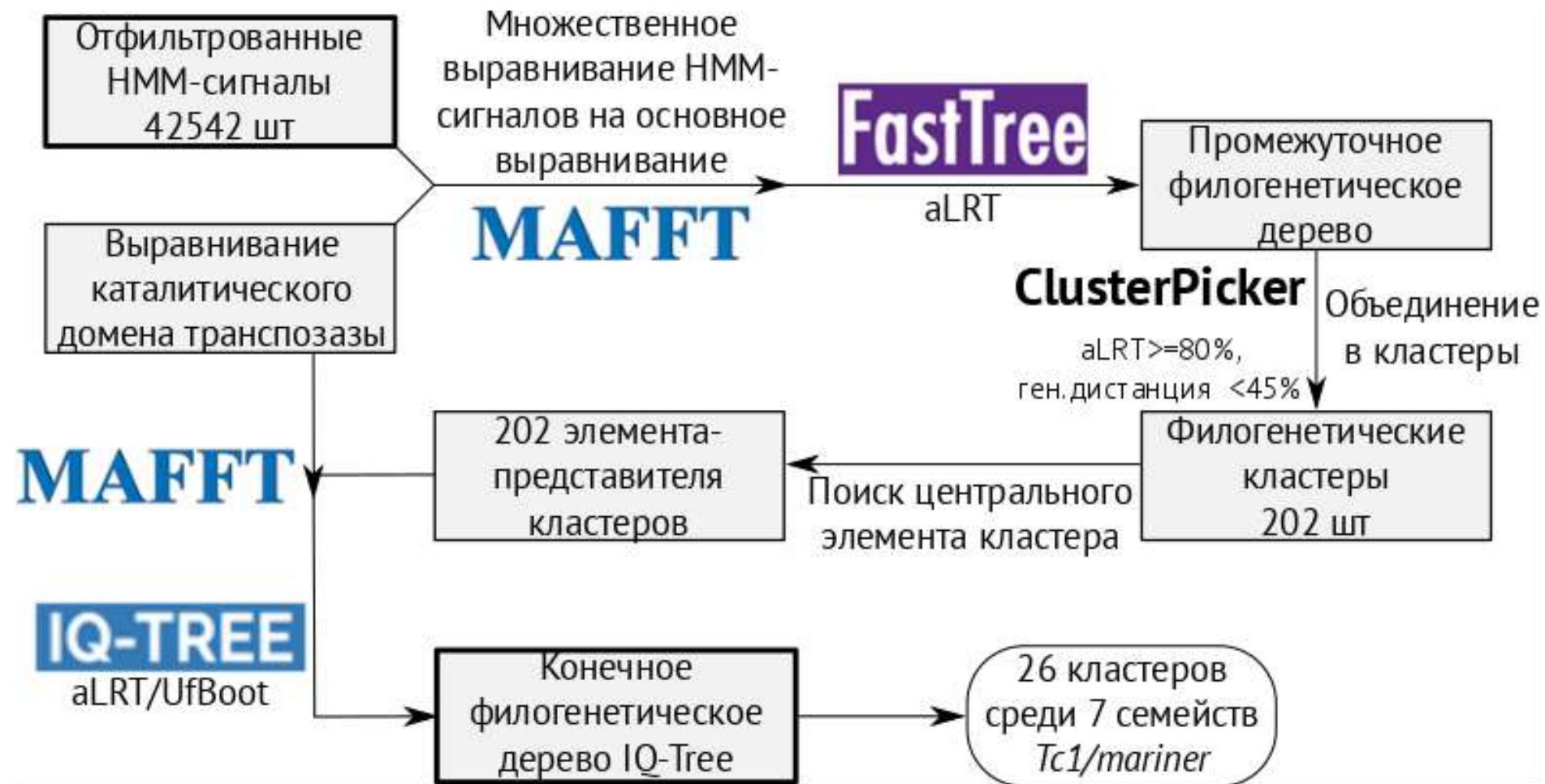


НММЕР-сигналы транспозазы

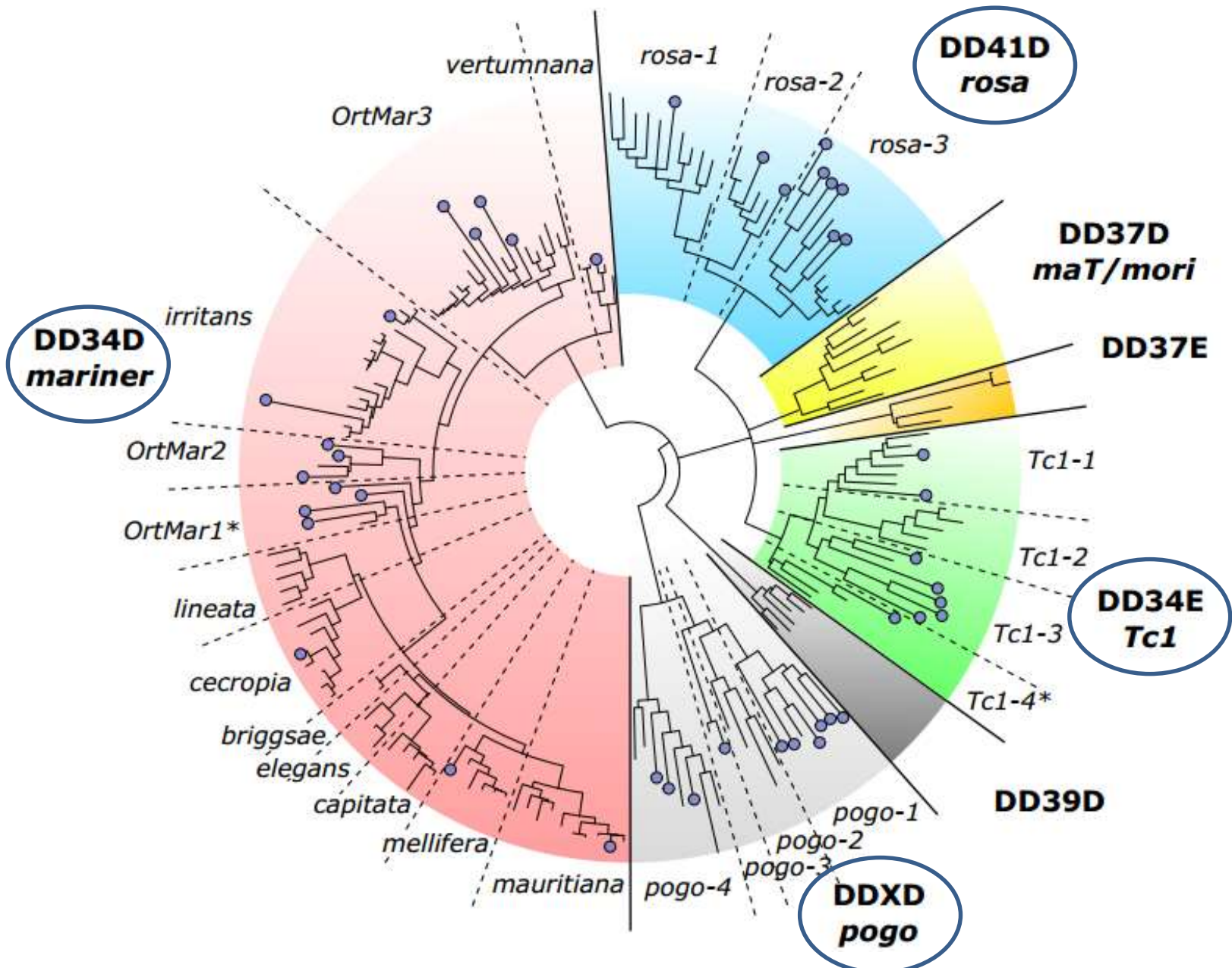
Материал	Количество НММЕР-сигналов
Образцы ПЦР-ампликонов	6 749
<i>L. migratoria</i>	34 189
<i>L. kohalensis</i>	1 571
<i>S. gregaria</i>	33
Всего	42542

Алгоритм работы.

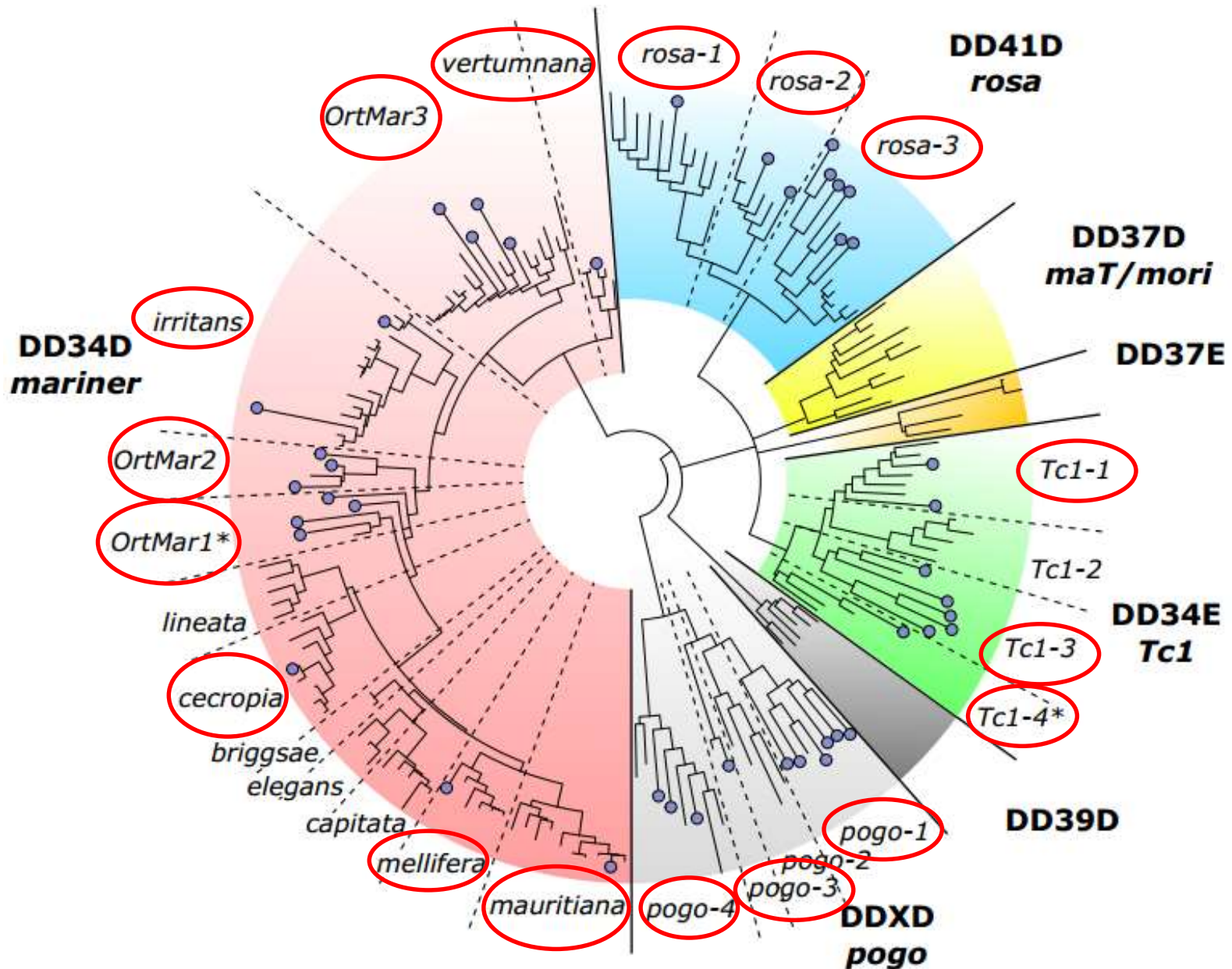
Построение филогенетического дерева



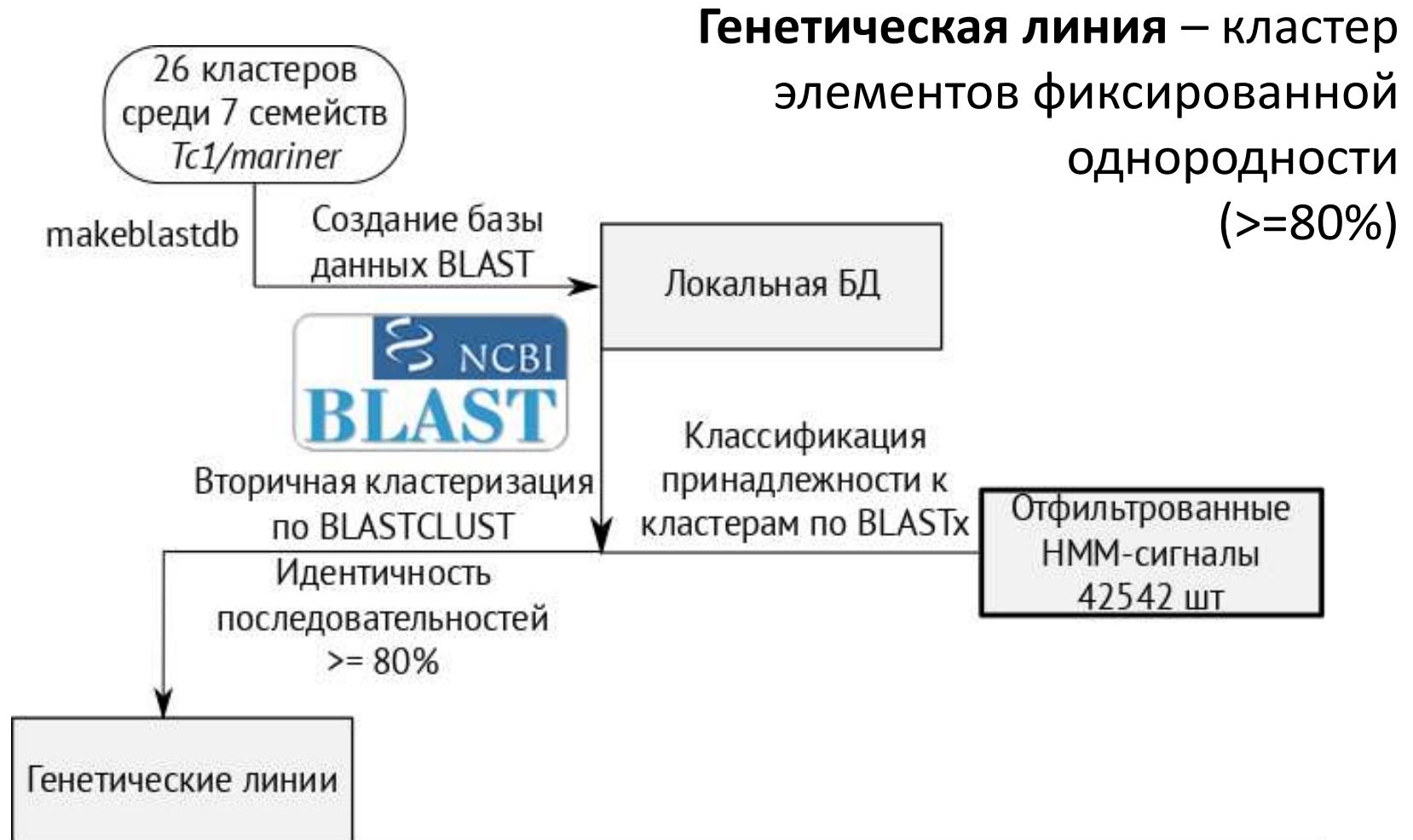
Разнообразие элементов *Tc1/mariner* в геномах прямокрылых



Разнообразие элементов *Tc1/mariner* в геномах прямокрылых



Алгоритм работы. Изучение разнообразия генетических линий



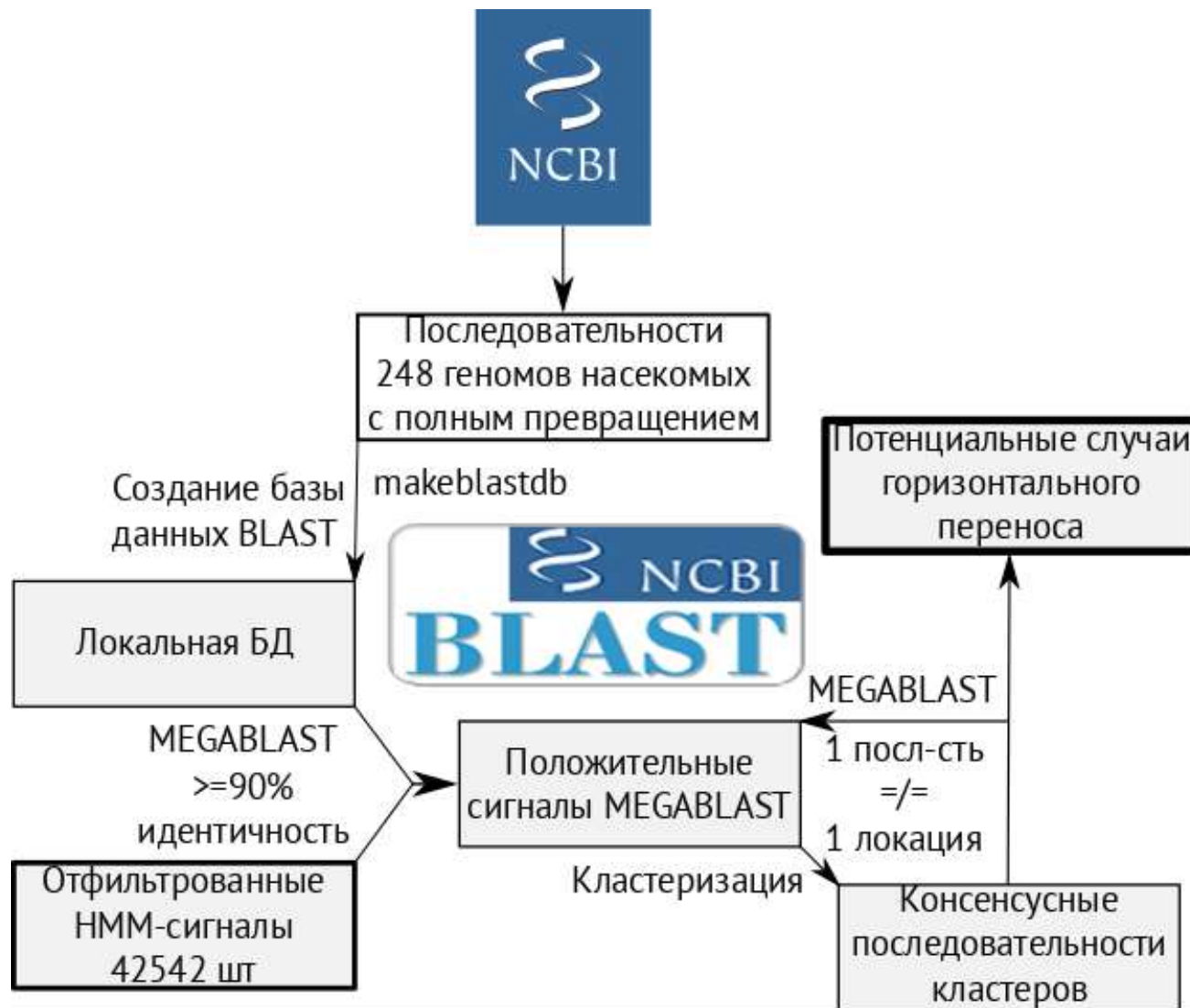
Распространение линий элементов Tc1/mariner в геномах прямокрылых

Семейства →

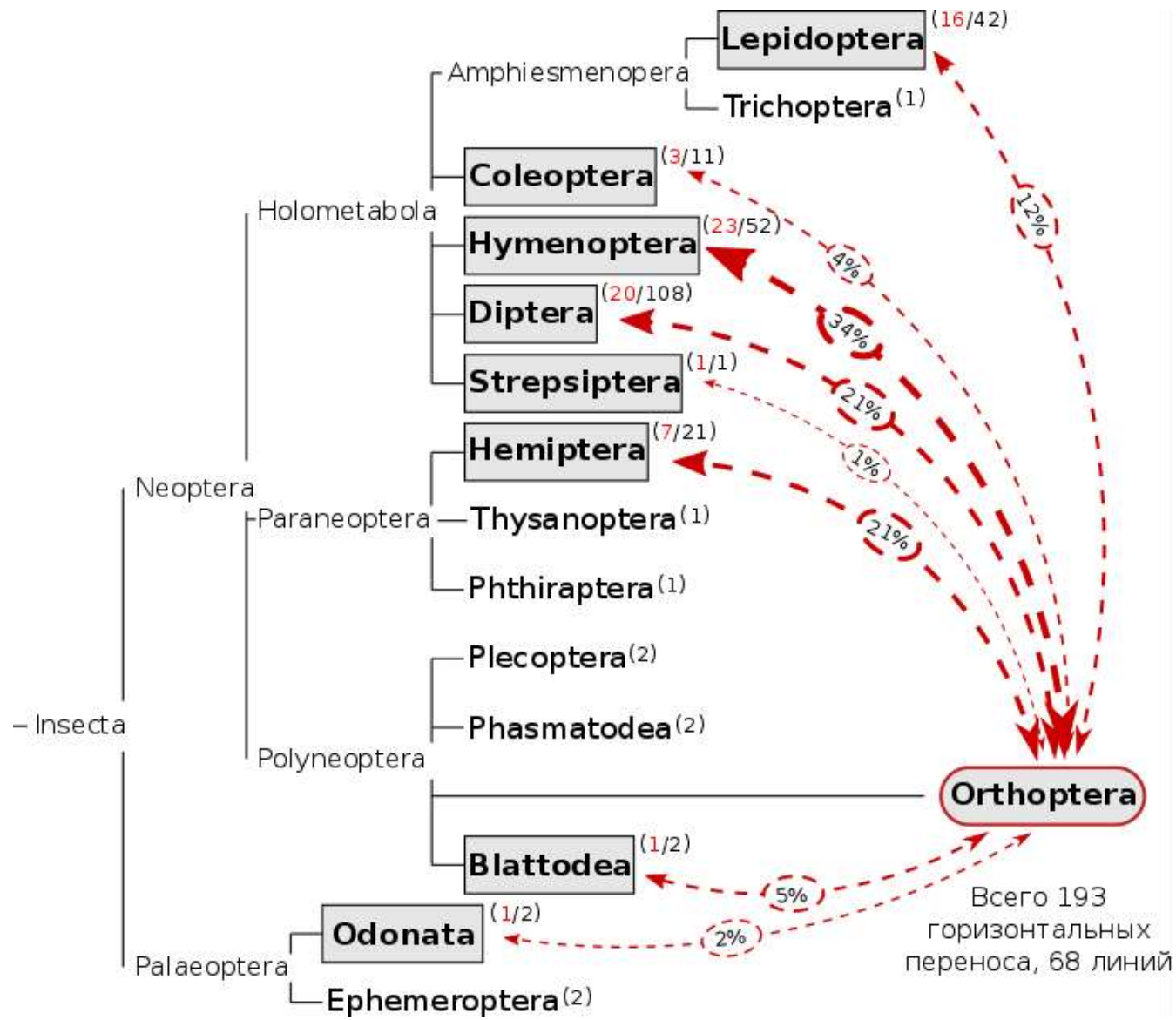
Подсемейства →

	DD34D mariner								DD41D rosa			DD34E Tc1				DDXD pogo			
	<i>mauritiana</i>	<i>mellifera</i>	<i>cecropia</i>	OrtMar1*	OrtMar2	<i>irritans</i>	OrtMar3	<i>vertumnana</i>	<i>rosa-1</i>	<i>rosa-2</i>	<i>rosa-3</i>	Tc1-1	Tc1-2	Tc1-3	Tc1-4*	<i>pogo-1</i>	<i>pogo-3</i>	<i>pogo-4</i>	
<i>Acrida sp.</i>	2		1	50	3	17	13					3			1				Последовательности ампликонов
<i>Eyprepocnemis plorans</i>	2	4		29	3	11	11	1	1	3		6		2	1				
<i>Schistocerca gregaria</i>				5		1	2	1	2	2	5	9		6	1				EST-последовательности
<i>Notostaurus albicornis</i>	2			16	3	5	10			3		18	2	2	3				Последовательности ампликонов
<i>Sinopodisma punctata</i>	14			35	5	5	14	1		1	19	14	2	3	4				
<i>Bryodemta tuberculatum</i>	1			24	4	10	15	1	3	2	20	12		4	2				Геномная сборка
<i>Locusta migratoria</i>	14	29	2	296	91	193	226	3	155	84	338	296	69	152	118	61	13	38	
<i>Oedipoda fedtschenki</i>		1		40	6	18	16	1	1	4	6	5	1	1	1				Последовательности ампликонов
<i>Oxya japonica</i>	4			24	4	11	4		2	1		4	1	1	1				
<i>Pezotettix anatolica</i>	3	2	1	33	3	22	12		2	1	7	16	1	6	5				Последовательности ампликонов
<i>Chrotogonus sp.</i>					2	6	10		1	1		5							
<i>Paranocaracris karadagi</i>	3	2	2	67	5	24	27		1	2		7		3					
<i>Cardiodactylus novaeguineae</i>	16	2		28		14	11	3			3								Геномная сборка
<i>Gryllus campestris</i>	5	1		12	4	7	3	2	7		4	4		1	1				
<i>Laupala kohalensis</i>	4			32		9	25	4	18	2	9	7		1	5	2	1	2	
<i>Tettigonia viridissima</i>				30	4	4	4		1		9	4		2					Последовательности ампликонов
<i>Gampsocleis sedakovii</i>	4	5		23	12	7	4	1		10	8	8		1	1				

Алгоритм работы. Поиск потенциальных случаев горизонтального переноса



Потенциальные случаи горизонтального переноса между исследованными видами прямокрылых и геномами насекомых с полным превращением



2186 НММ-сигналов кластеризованы в 68 линий, составляющих минимум 193 вероятных случаев переноса с 72 видами других отрядов насекомых

Потенциальные случаи горизонтального переноса

отряд	DD34D (mariner)								DD41D (rosa)		DDXD (pogo)
	mauritiana	mellifera	cecropia	OrtMar1	OrtMar2	irritans	OrtMar3	vertumnana	rosa-1	rosa-2	pogo-1
Blattodea	-	-	-	4 (1)	-	1 (1)	-	-	-	5 (1)	-
Coleoptera	-	-	-	1 (1)	-	2 (2)	1 (1)	-	3 (2)	-	-
Diptera	3 (3)	9 (9)	-	5 (5)	-	-	8 (7)	15	1 (1)	-	-
Hemiptera	2 (1)	-	-	11 (5)	-	11 (4)	8 (4)	-	7 (2)	1 (1)	-
Hymenoptera	39 (22)	2 (2)	-	1 (1)	-	9 (6)	8 (6)	-	7 (4)	-	-
Lepidoptera	2 (1)	3 (3)	3 (3)	-	-	4 (4)	3 (3)	1 (1)	3 (3)	-	5 (5)
Odonata	-	-	-	2 (1)	1 (1)	-	-	-	-	-	-
Strepsiptera	1 (1)	-	-	1 (1)	-	-	-	-	-	-	-
Всего	47	14	3	25	1	27	28	16	21	6	5

*Количество линий (количество видов)

Потенциальные случаи горизонтального переноса: сравнительно низкая распространённость элементов у прямокрылых

		DD34D mariner							
		mauritiana	mellifera	cecropia	OrtMar1*	OrtMar2	irritans	OrtMar3	vertumnana
<i>Acrida sp.</i>	Сараңка	2		1	50	3	17	13	
<i>Eyreprecnemis plorans</i>		2	4		29	3	11	11	1
<i>Schistocerca gregaria</i>					5		1	2	1
<i>Notostaurus albicornis</i>		2			16	3	5	10	
<i>Sinopodisma punctata</i>		14			35	5	5	14	1
<i>Bryodema tuberculatum</i>		1			24	4	10	15	1
<i>Locusta migratoria</i>		14	29	2	296	91	193	226	3
<i>Oedipoda fedtschenki</i>			1		40	6	18	16	1
<i>Oxya japonica</i>		4			24	4	11	4	
<i>Pezotettix anatolica</i>		3	2	1	33	3	22	12	
<i>Chrotogonus sp.</i>						2	6	10	
<i>Paranocaracris karadagi</i>		3	2	2	67	5	24	27	
<i>Cardiodactylus novaeguineae</i>		Сверчки	16	2		28		14	11
<i>Gryllus campestris</i>	5		1		12	4	7	3	2
<i>Laupala kohalensis</i>	4				32		9	25	4
<i>Tettigonia viridissima</i>	Кузнечики				30	4	4	4	
<i>Gampsocleis sedakovii</i>		4	5		23	12	7	4	1

	DD34D (mariner)			
отряд	mauritiana	mellifera	cecropia	vertumnana
Blattodea	-	-	-	-
Coleoptera	-	-	-	-
Diptera	3 (3)	9 (9)	-	15
Hemiptera	2 (1)	-	-	-
Hymenoptera	39 (22)	2 (2)	-	-
Lepidoptera	2 (1)	3 (3)	3 (3)	1 (1)
Odonata	-	-	-	-
Strepsiptera	1 (1)	-	-	-
Всего	47	14	3	16

Потенциальные случаи горизонтального переноса: равномерное распределение элементов

		DD34D mariner			DD41D rosa																		
		OrtMar1*	Irritans	OrtMar3	rosa-1	rosa-2	DD34D (mariner)			DD41D (rosa)													
<i>Acrida sp.</i>	Неотропусы (саранчовые)	58	17	13			отряд	OrtMar1	irritans	OrtMar3	rosa-1	rosa-2											
<i>Eyprepocnemis plorans</i>		29	11	11	1	3		Blattodea	4 (1)	1 (1)	-	-	5 (1)										
<i>Schistocerca gregaria</i>		5	1	2	2	2			Coleoptera	1 (1)	2 (2)	1 (1)	3 (2)	-									
<i>Notostaurus albicornis</i>		16	5	10		3				Diptera	5 (5)	-	8 (7)	1 (1)	-								
<i>Sinopodisma punctata</i>		35	5	14		1					Hemiptera	11 (5)	11 (4)	8 (4)	7 (2)	1 (1)							
<i>Bryodema tuberculatum</i>		24	10	15	3	2						Hymenoptera	1 (1)	9 (6)	8 (6)	7 (4)	-						
<i>Locusta migratoria</i>		296	193	226	155	84							Lepidoptera	-	4 (4)	3 (3)	3 (3)	-					
<i>Oedipoda fedtschenkii</i>		40	18	16	1	4								Odonata	2 (1)	-	-	-	-				
<i>Oxya japonica</i>		24	11	4	2	1									Strepsiptera	1 (1)	-	-	-	-			
<i>Pezotettix anatolica</i>		33	22	12	2	1										Всего	25	27	28	21	6		
<i>Chrotogonus sp.</i>			6	10	1	1																	
<i>Paranocaracris karadagi</i>		67	24	27	1	2																	
<i>Cardiodactylus novaeguineae</i>		Сверчки	28	14	11																		
<i>Gryllus campestris</i>			12	7	3	7																	
<i>Laupala kohalensis</i>	32		9	25	18	2																	
<i>Tettigonia viridissima</i>	Муравьи	30	4	4	1																		
<i>Gampsocleis sedakovii</i>		23	7	4																			

Выводы

1. Установлено, что элементы 17 исследованных видов прямокрылых, относящихся к двум подотрядам и 5 семействам, принадлежат 4 из 7 семействам *Tc1/mariner*: *mariner*, *Tc1*, *rosa* и *pogo*. Внутри семейства *mariner* найденные элементы распределены по 8 кластерам, три из которых (*OrtMar1-3*) впервые выявлены в данной работе. В семействах *Tc1*, *rosa* и *pogo* элементы прямокрылых распределены по трём кластерам для каждого семейства, соответственно.
2. Выявлено 193 потенциальных случая горизонтального переноса 68 линий *Tc1/mariner* прямокрылых с 72 видами насекомых, относящимися к отрядам с полным превращением. Наибольшее число потенциальных случаев горизонтального переноса (34%, 21% и 21%) было найдено с отрядами перепончатокрылых, двукрылых и полужёсткокрылых, соответственно.
3. Присутствие у отдельных исследованных видов прямокрылых элементов подсемейств *mauritiana*, *mellifera*, *secropia* и *vertumnana* семейства *mariner*, широко распространенных у насекомых с полным превращением, по всей видимости, является результатом горизонтального переноса этих элементов из геномов видов насекомых с полным превращением.
4. Разработанный новый алгоритм поиска элементов *Tc1/mariner* может быть использован для идентификации и анализа разнообразия и распространения ДНК-транспозонов других суперсемейств и на других геномных данных.

Литературные ссылки

- Blankers T. et al. The genomic architecture of a rapid island radiation: mapping chromosomal rearrangements and recombination rate variation in *Laupala* // bioRxiv. 2017. C. 160952.
- Florencia T. et al. Mobile elements and inverted rearrangements in *Trimerotropis pallidipennis* (Orthoptera: Acrididae) // *Caryologia*. 2007. T. 60. № 3. C. 212–221.
- McClintock B. The origin and behavior of mutable loci in maize. // *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* 1950. T. 36. № 6. C. 344–55.
- Paixão-Côrtes V.R., Salzano F.M., Bortolini M.C. Origins and evolvability of the PAX family. // *Semin. Cell Dev. Biol.* 2015. T. 44. C. 64–74.
- Peccoud J. et al. Massive horizontal transfer of transposable elements in insects // *Proc. Natl. Acad. Sci.* 2017. T. 114. № 18. C. 4721–4726.
- Plasterk R.H., Izsvák Z., Ivics Z. Resident aliens: the Tc1/mariner superfamily of transposable elements. // *Trends Genet.* 1999. T. 15. № 8. C. 326–32.
- Wang X. et al. The locust genome provides insight into swarm formation and long-distance flight // *Nat. Commun.* 2014. T. 5.