



Функциональная и структурная конвергенция ретротранспозонов с дополнительным доменом рибонуклеазы H в геномах растений и оомицетов

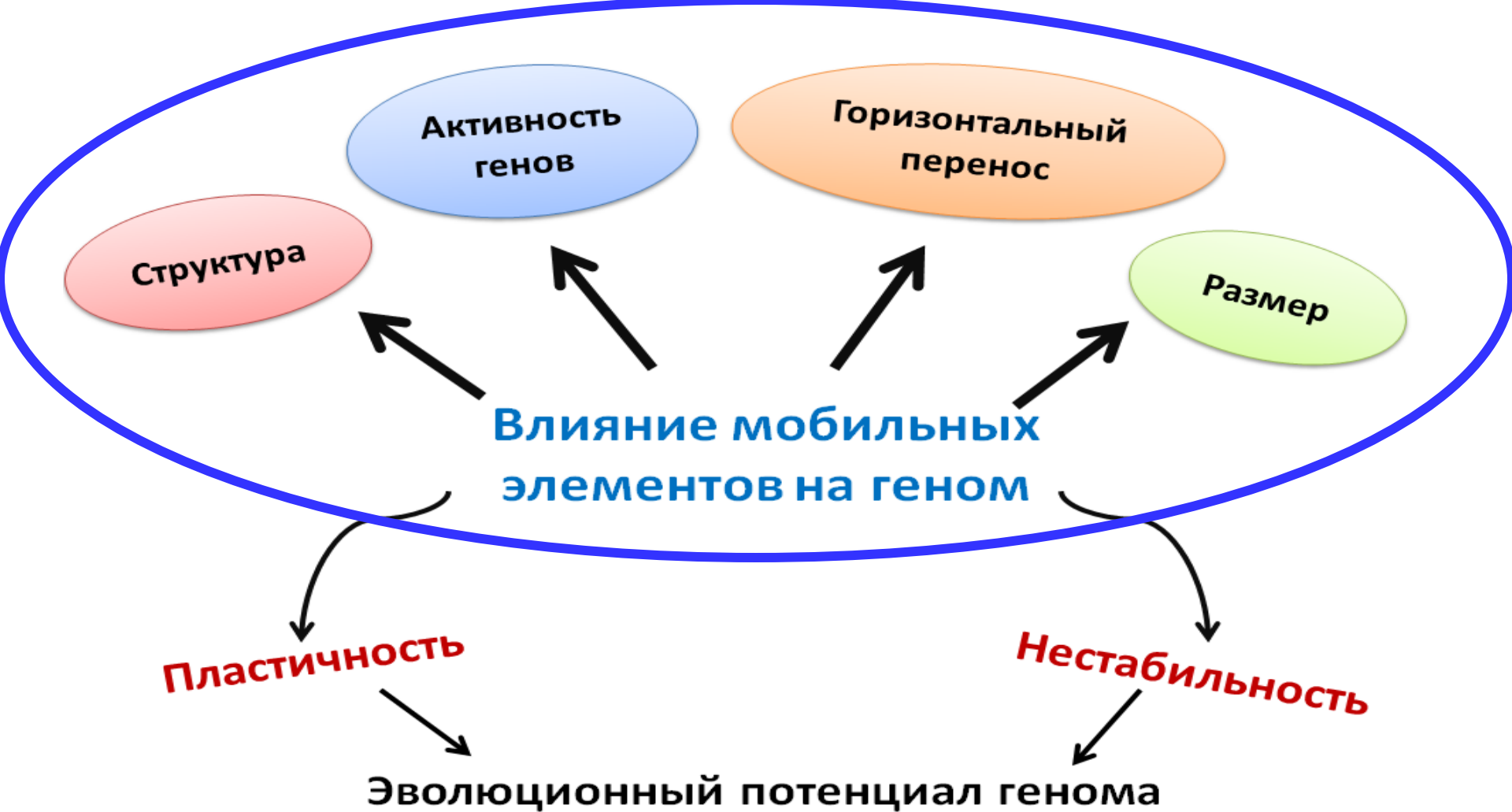
лаборатория молекулярно-генетических систем

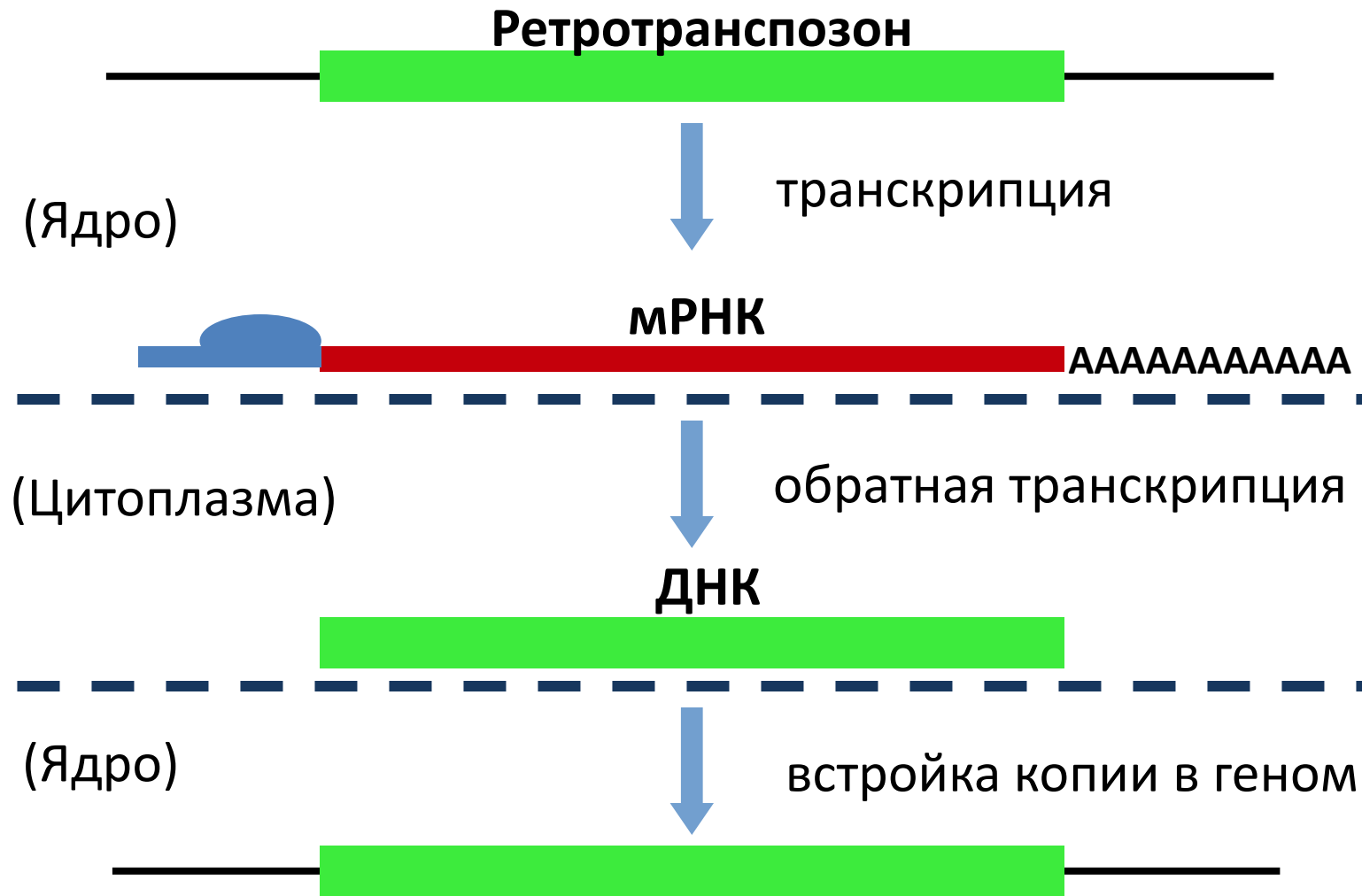
Устьянцев Кирилл Валерьевич., м. н. с.

Научный руководитель: к. б. н., в. н. с., Блинов Александр Геннадьевич

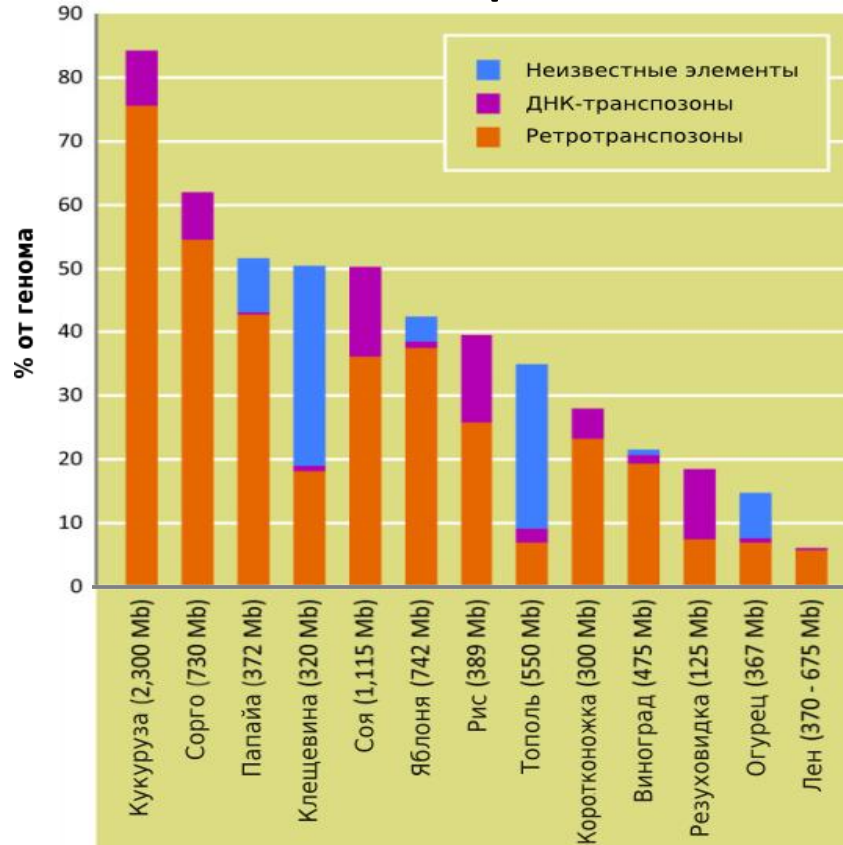
Новосибирск, 2017



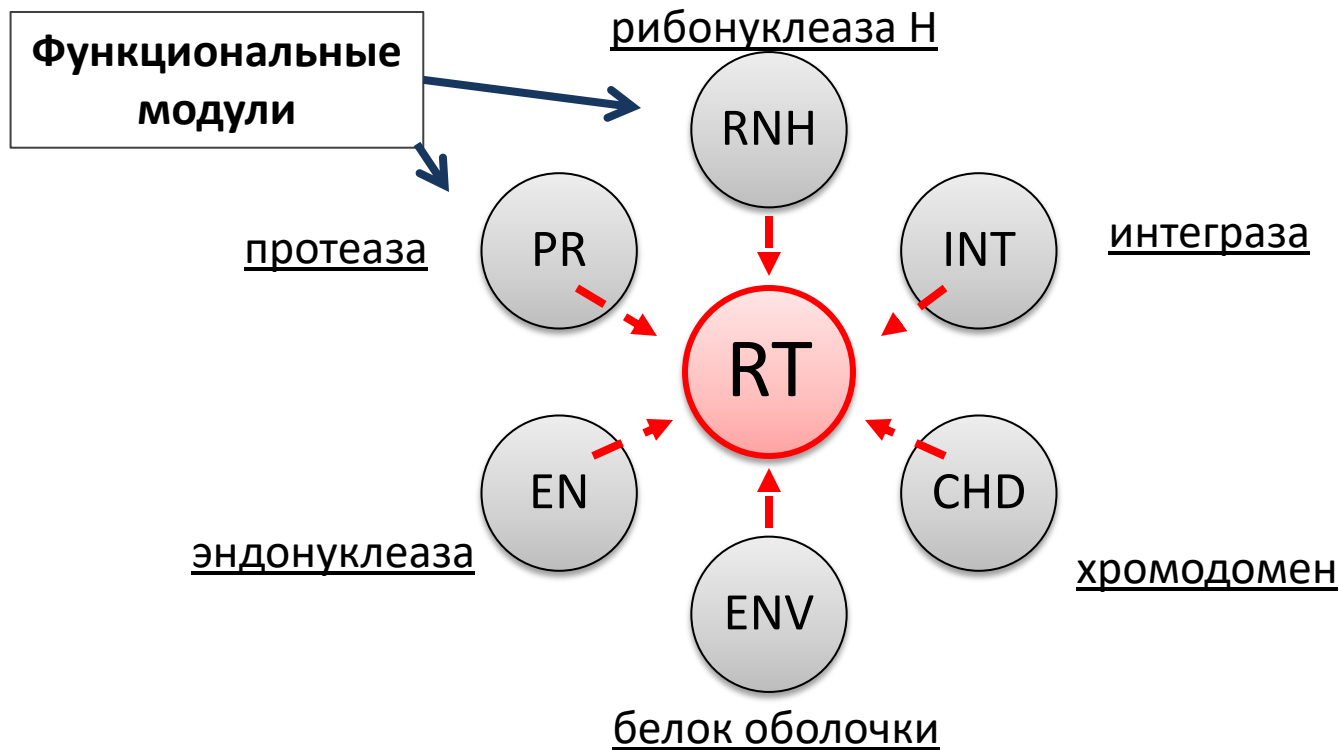




Содержание мобильных элементов в геномах растений



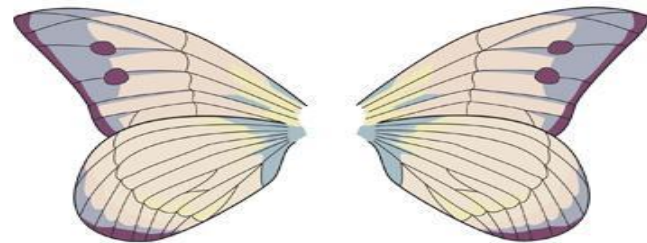
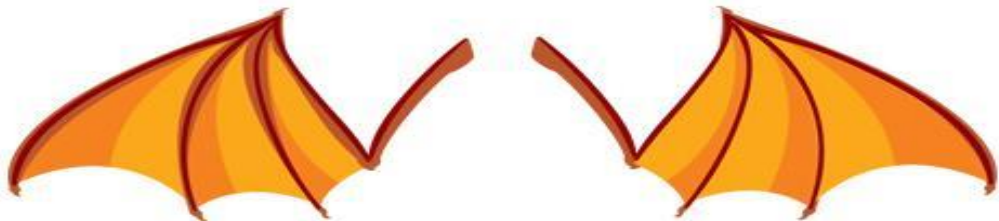
Модульная эволюция ретротранспозонов



RT – обратная транскриптаза – центральный модуль любого ретротранспозона
Модули – готовый молекулярный фенотип, новая функциональная активность

Модульная эволюция дает основу для структурной и функциональной конвергенции между ретротранспозонами

Конвергентная эволюция – независимое возникновение аналогичных структур со сходной формой или функцией в эволюционно удаленных генетических линиях под действием отбора на приспособление к определенной нише.



Конвергентная эволюция – независимое возникновение аналогичных структур со сходной формой или функцией в эволюционно удаленных генетических линиях под действием отбора на приспособление к определенной нише

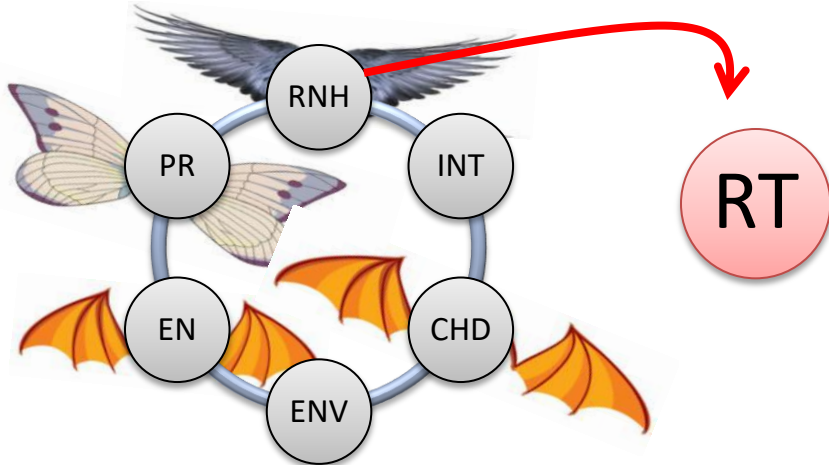
Ретротранспозоны, населяющие эволюционно удаленные таксоны



Конвергентная эволюция – независимое возникновение аналогичных структур со сходной формой или функцией в эволюционно удаленных генетических линиях...

Ретротранспозоны, населяющие эволюционно удаленные таксоны

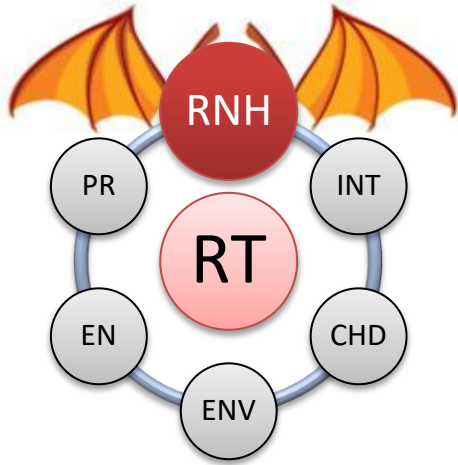
Дополнительные белковые домены (функциональные модули)



**Модули – готовый молекулярный фенотип,
новая функциональная активность**



Домен рибонуклеазы Н (RNH)



- Активность RNH необходима для начала синтеза «+»-цепи ДНК в процессе обратной транскрипции всех ретротранспозонов.
- Несмотря на это, домен RNH неоднократно терялся и приобретался в эволюции различных групп ретротранспозонов.
- Два кластера non-LTR-ретротранспозонов: *Utopia* из геномов паразитических простейших (оомицетов) и *Ta11* из геномов зеленых растений - независимо приобрели домен RNH из «архейной» филогенетической группы (aRH).

(Kojima & Jurka, 2015)

Utopia (группа R2)
оомицеты



(Smyshlyaev et al, 2013)

Ta11 (группа L1)
зеленые растения



Кто такие оомицеты?

Зеленые Растения

Archaeplastida

land plants
charophyte algae
chlorophyte algae
ulvophyte algae
glaucophyte algae

Amoebozoa

tubulinid amoebas
dictyostelid slime molds
plasmodial slime molds
archamoebae
flabellinid amoebas

Opisthokonts

mesomycetozoa
choanoflagellates
sponges
animals
microsporidia
nucleariids

Rhizaria

desmothoracids
cercomonads
foraminiferans
radiolarians
plasmidiophorids

Alveolates

colpodellids
apicomplexans
dinoflagellates
marine group I
marine group II (Syndineales)
Perkinsus

Stramenopiles

OOMYCETES

bicosoecids
diatoms
brown algae
more chl ac algae

Discicristates

Stachyamoeba
acrasid slime molds
vahlkampfiid amoebas
euglenids
Diplomena
trypanosomes
leishmanias

Excavates

core jakobids
Carpodomonas
diplomonads
parabasals
oxymonads
Trimastix

Зеленые растения (Viridiplantae)

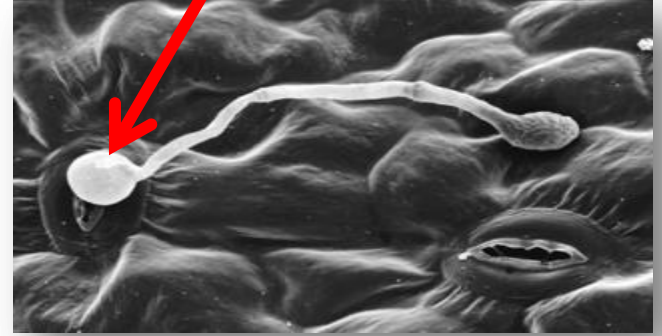


<http://www.depositphotos.com>



паразитизм*

Оомицеты (Stramenopiles)



<http://www.sciencemadecool.com>

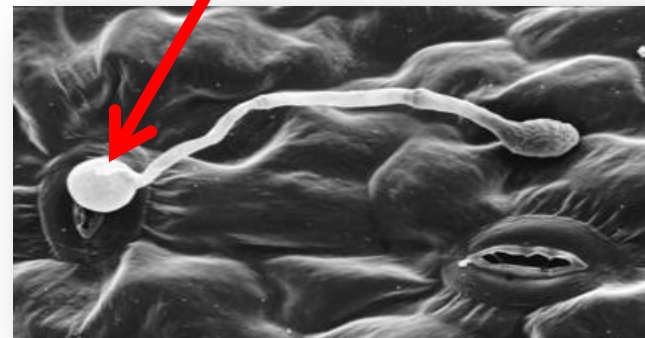
** не все таксоны оомицетов паразитируют на растениях!!!*

Зеленые растения
(Viridiplantae)



<http://www.depositphotos.com>

Оомицеты
(Stramenopiles)



<http://www.sciencemadecool.com>



паразитизм*

Независимое приобретение
aRNA ретротранспозонами
растений и оомицетов?
(конвергентная эволюция)

Горизонтальный перенос
предкового ретротранспозона с
aRNA?

* не все таксоны оомицетов паразитируют на растениях!!!

Цель работы

выявление пути эволюции ретротранспозонов с «архейным» доменом рибонуклеазы H из геномов растений и оомицетов с определением функциональной значимости приобретения данного домена для жизненного цикла этих ретротранспозонов.

Цель работы

выявление пути эволюции ретротранспозонов с «архейным» доменом рибонуклеазы H из геномов растений и оомицетов с определением функциональной значимости приобретения данного домена для жизненного цикла этих ретротранспозонов.

Задачи (биоинформационные методы)

- 1) Исследование разнообразия и распространения ретротранспозонов с «архейным» доменом рибонуклеазы H в геномах растений и оомицетов.

Цель работы

выявление пути эволюции ретротранспозонов с «архейным» доменом рибонуклеазы H из геномов растений и оомицетов с определением функциональной значимости приобретения данного домена для жизненного цикла этих ретротранспозонов.

Задачи (биоинформационные методы)

- 1) Исследование разнообразия и распространения ретротранспозонов с «архейным» доменом рибонуклеазы H в геномах растений и оомицетов.
- 2) Реконструкция филогении основных эволюционных групп ретротранспозонов с «архейным» доменом рибонуклеазы H и установление характера их дивергенции/конвергенции.

Цель работы

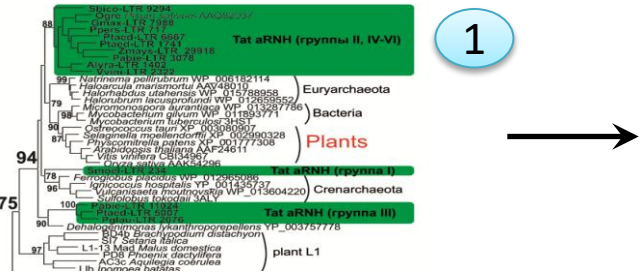
выявление пути эволюции ретротранспозонов с «архейным» доменом рибонуклеазы H из геномов растений и оомицетов с определением функциональной значимости приобретения данного домена для жизненного цикла этих ретротранспозонов.

Задачи (биоинформационные методы)

- 1) Исследование разнообразия и распространения ретротранспозонов с «архейным» доменом рибонуклеазы H в геномах растений и оомицетов.
- 2) Реконструкция филогении основных эволюционных групп ретротранспозонов с «архейным» доменом рибонуклеазы H и установление характера их дивергенции/конвергенции.
- 3) Сравнительный анализ структурных характеристик найденных элементов и поиск источников данного структурного разнообразия.

Алгоритм исследования

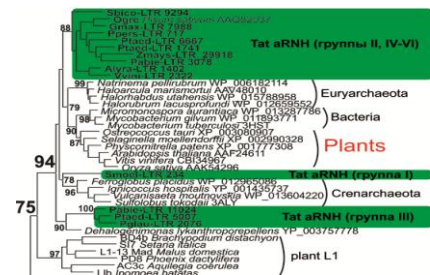
Последовательности
"архейной" RNH (aRNH)



Алгоритм исследования

Последовательности
"архейной" RNH (aRNH)

Множественное
аминокислотное
выравнивание aRNH



1



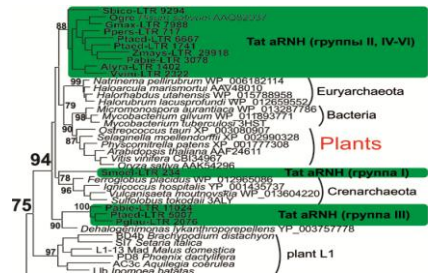
Multiple sequence alignment of aRNH sequences, showing amino acid residues (E, G, R, L, Y, Q, V, E, Y, A, M, E, A, I, G, N, A) across different taxa.

2



Алгоритм исследования

Последовательности
"архейной" RNH (aRNH)



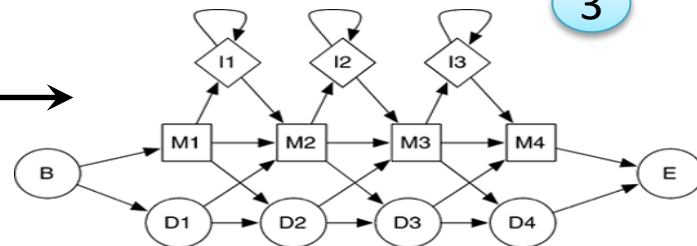
1

Множественное
аминокислотное
выравнивание aRNH



2

Построение
вероятностной модели
(HMM-профиль)



3



Алгоритм исследования

Последовательности
"архейной" RNH (aRNH)

Множественное
аминокислотное
выравнивание aRNH

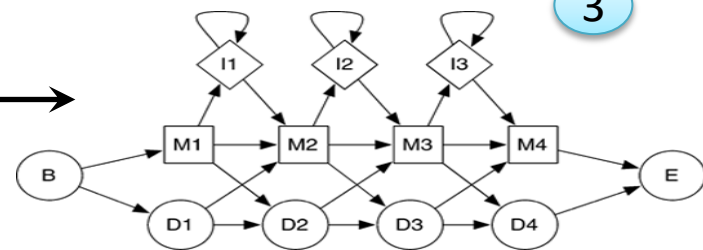
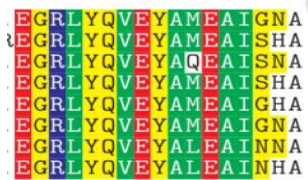
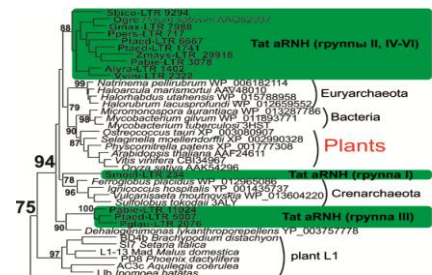
Построение
вероятностной модели
(HMM-профиль)

1

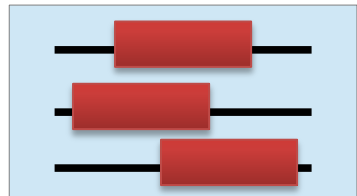
2

3

4



Поиск сигналов aRNH
в геномных
последовательностях

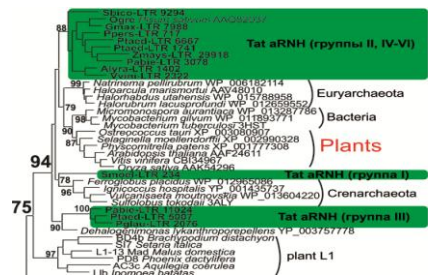


Алгоритм исследования

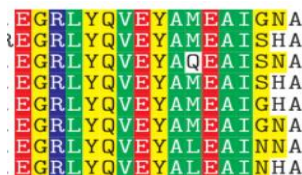
Последовательности
"архейной" RNH (aRNH)

Множественное
аминокислотное
выравнивание aRNH

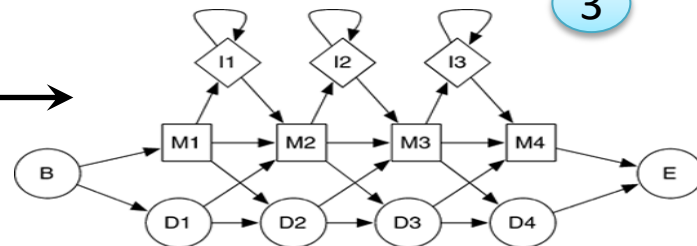
Построение
вероятностной модели
(HMM-профиль)



1



2

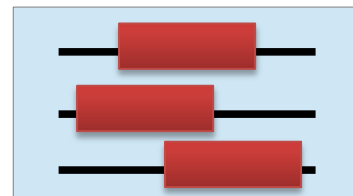


3



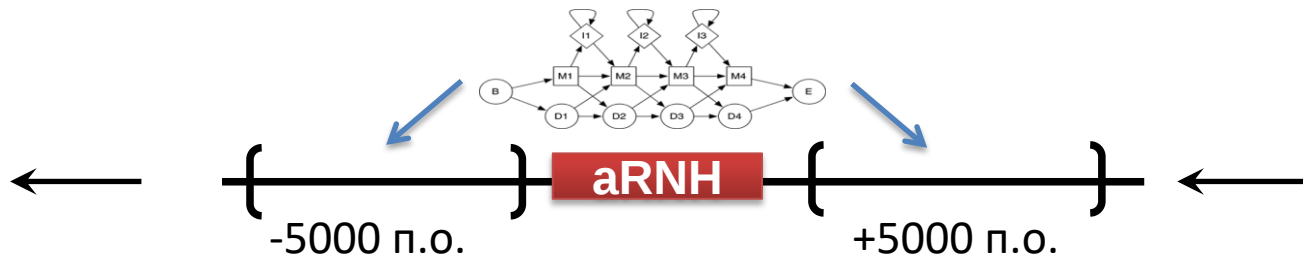
4

Поиск сигналов aRNH
в геномных
последовательностях

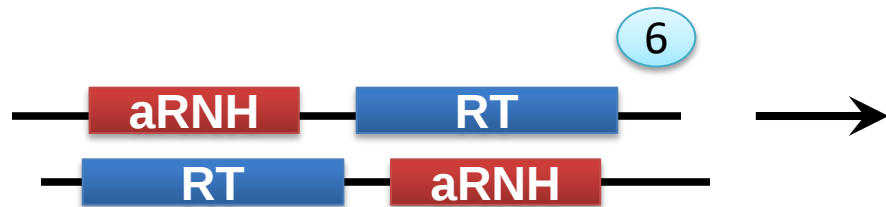


5

Сканирование фланкирующих областей
HMM-профилем обратной транскриптазы (Pfam)



Алгоритм исследования (продолжение)



Первичная классификация и фильтрация последовательностей с помощью **BLAST** на базу данных **RepBase**

7



8



Структурный анализ последовательностей

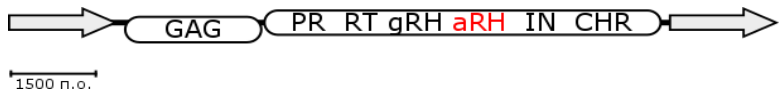
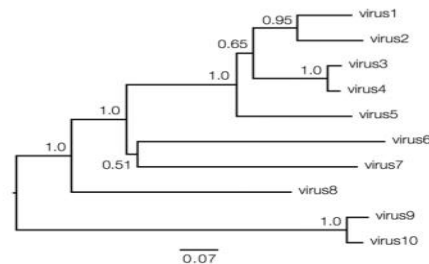


HHpred



MAX-PLANCK-GESELLSCHAFT

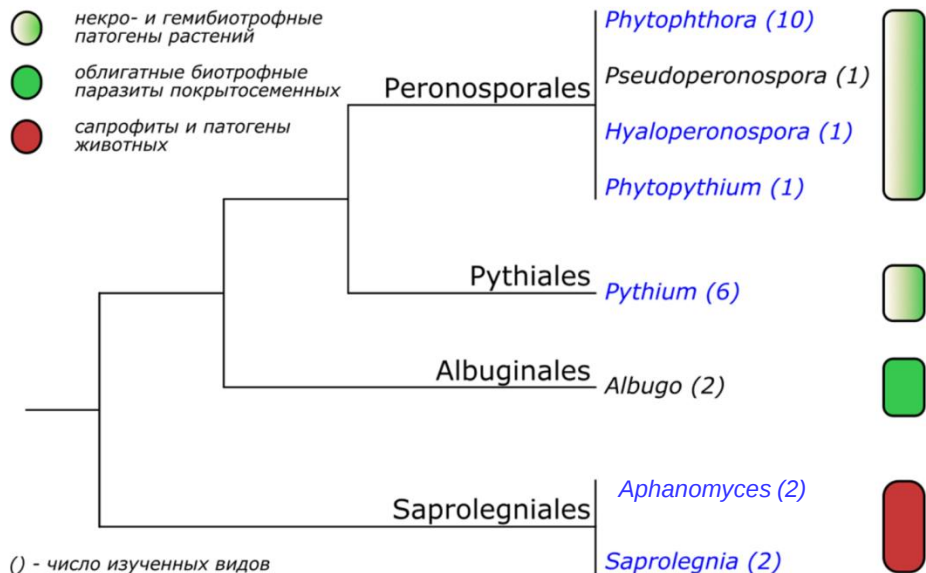
Филогенетический анализ доменов RT и aRNH



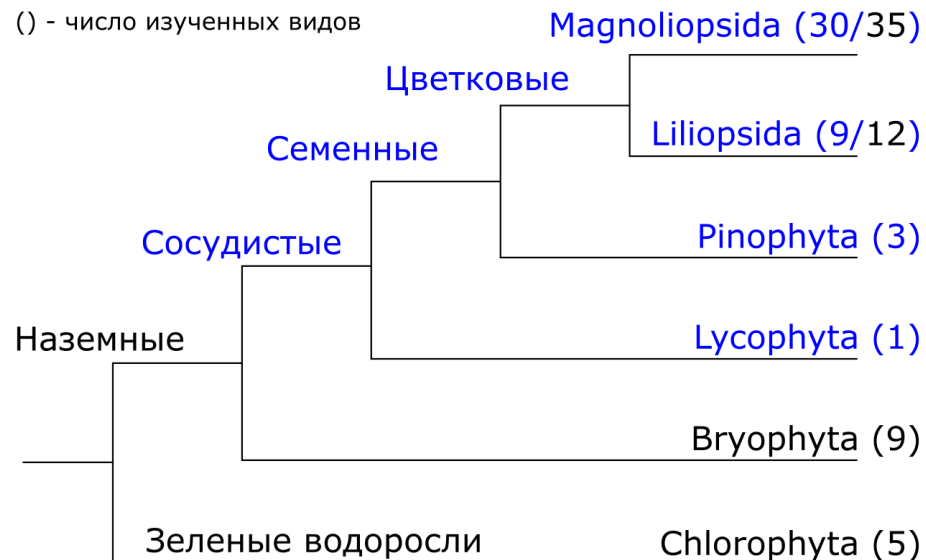
Разнообразие исследованных геномов

25
геномов оомицетов

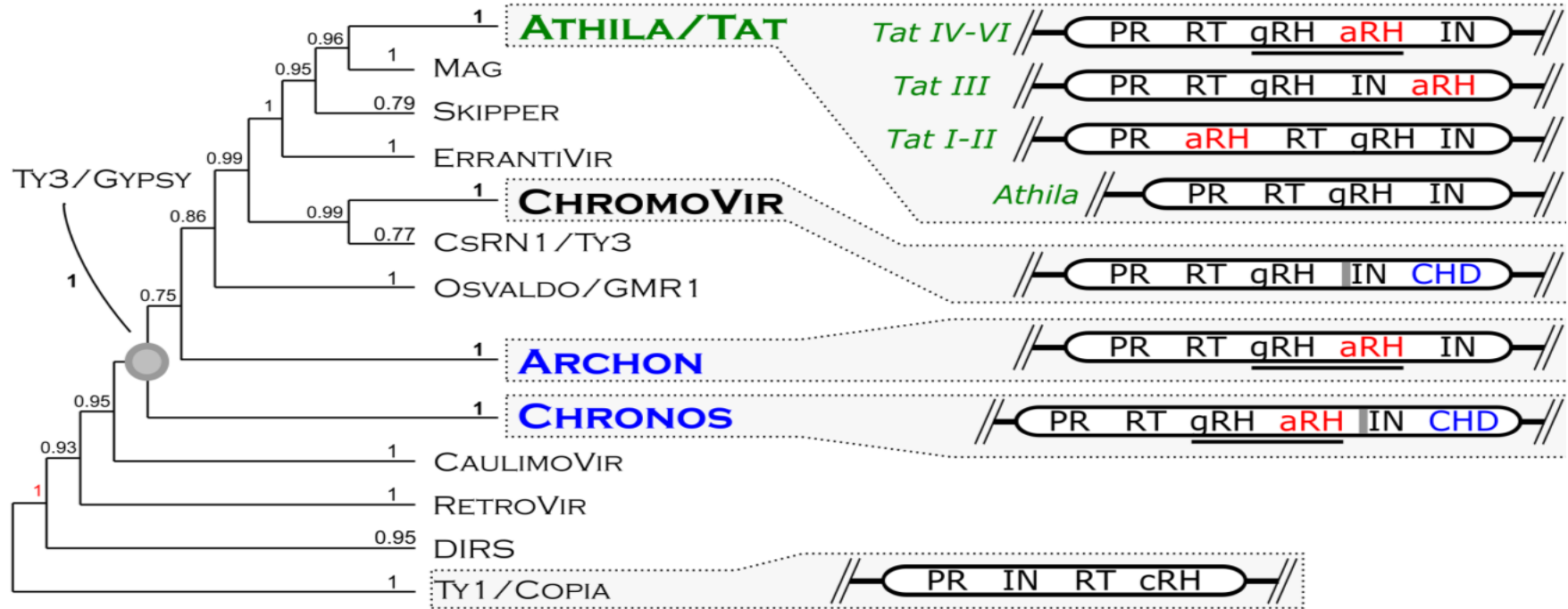
65
геномов зеленых растений



() - число изученных видов



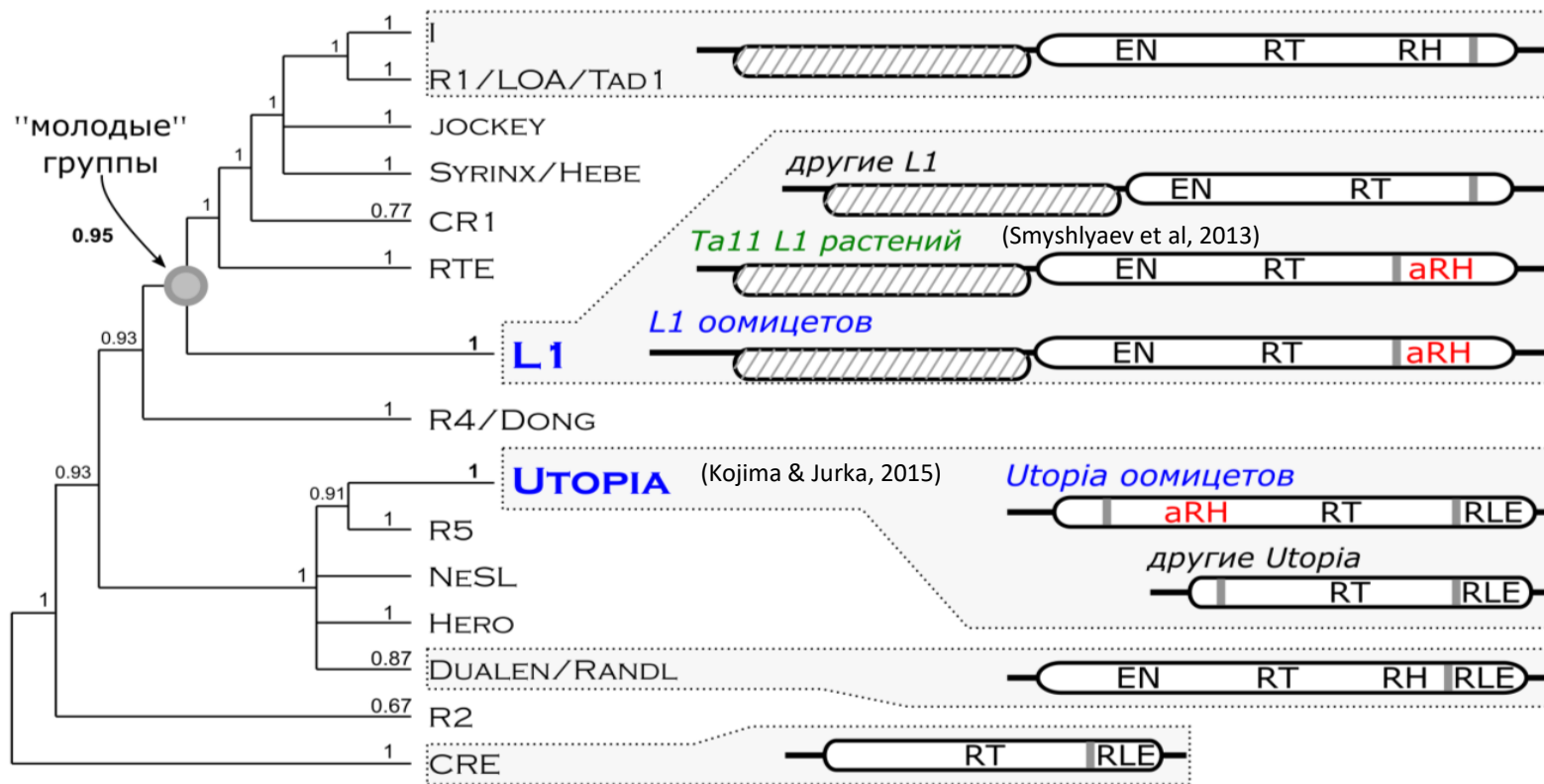
LTR-ретротранспозоны **растений** и **оомицетов** независимо приобрели «архейный» домен рибонуклеазы H (**aRH**)



Archon и **Chronos** – новые группы LTR-ретротранспозонов из геномов оомицетов

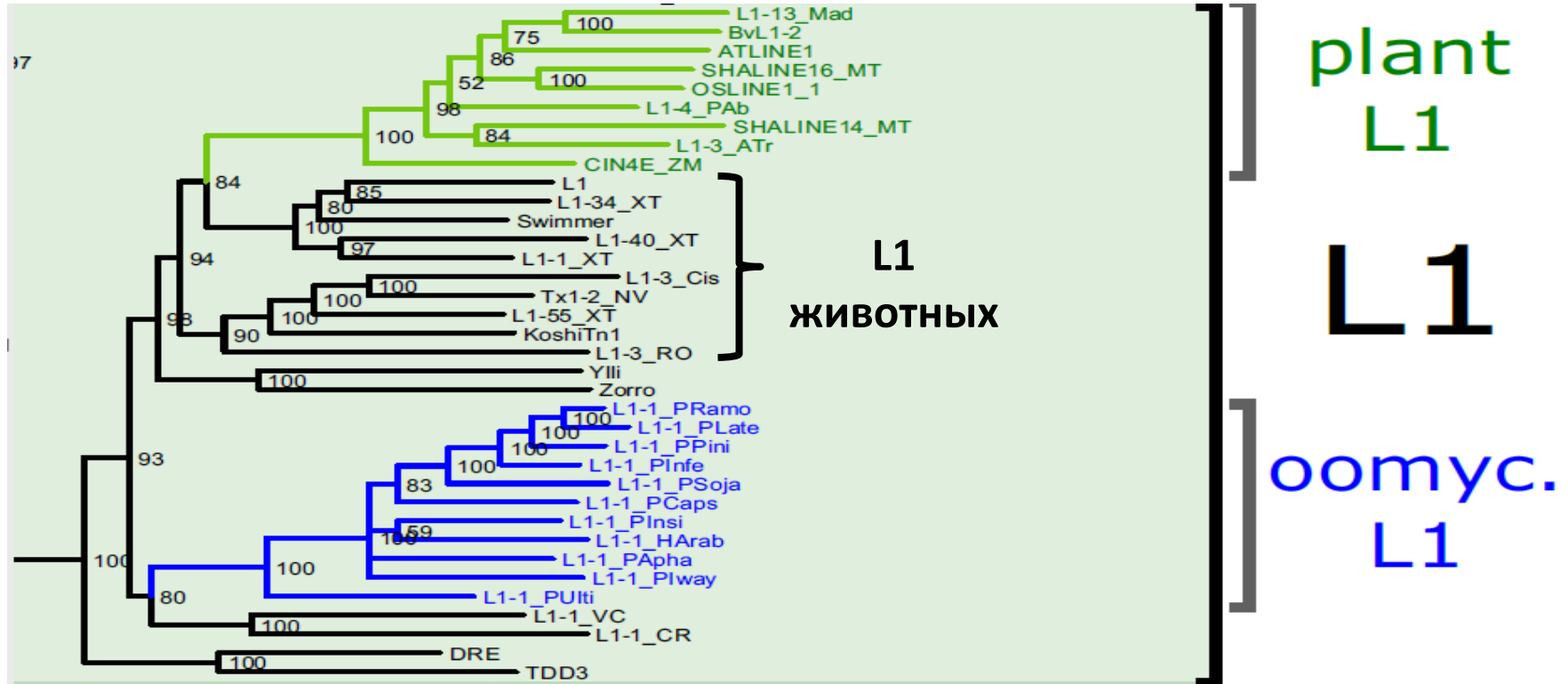
Филогенетическое древо LTR-ретротранспозонов, построенное по аминокислотным последовательностям их RT-доменов

L1 non-LTR-ретротранспозоны **растений** и **оомицетов** независимо приобрели «архейный» домен рибонуклеазы H (**aRH**)

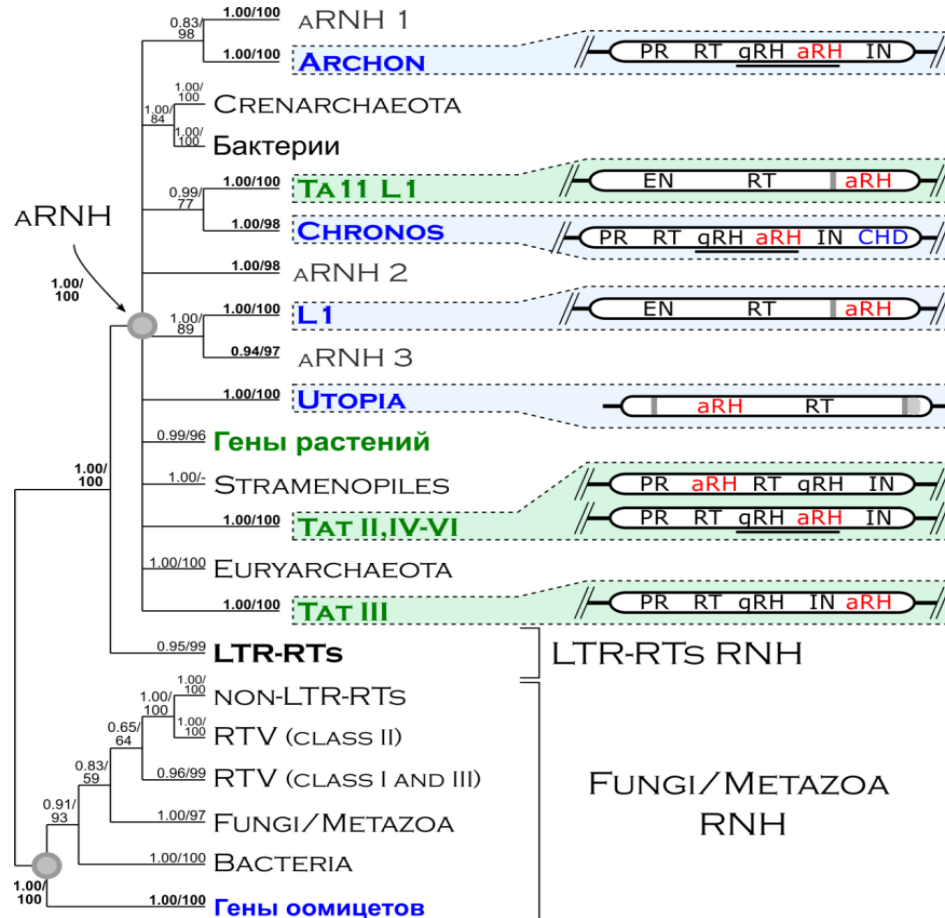


Филогенетическое древо non-LTR-ретротранспозонов, построенное по аминокислотным последовательностям их RT-доменов

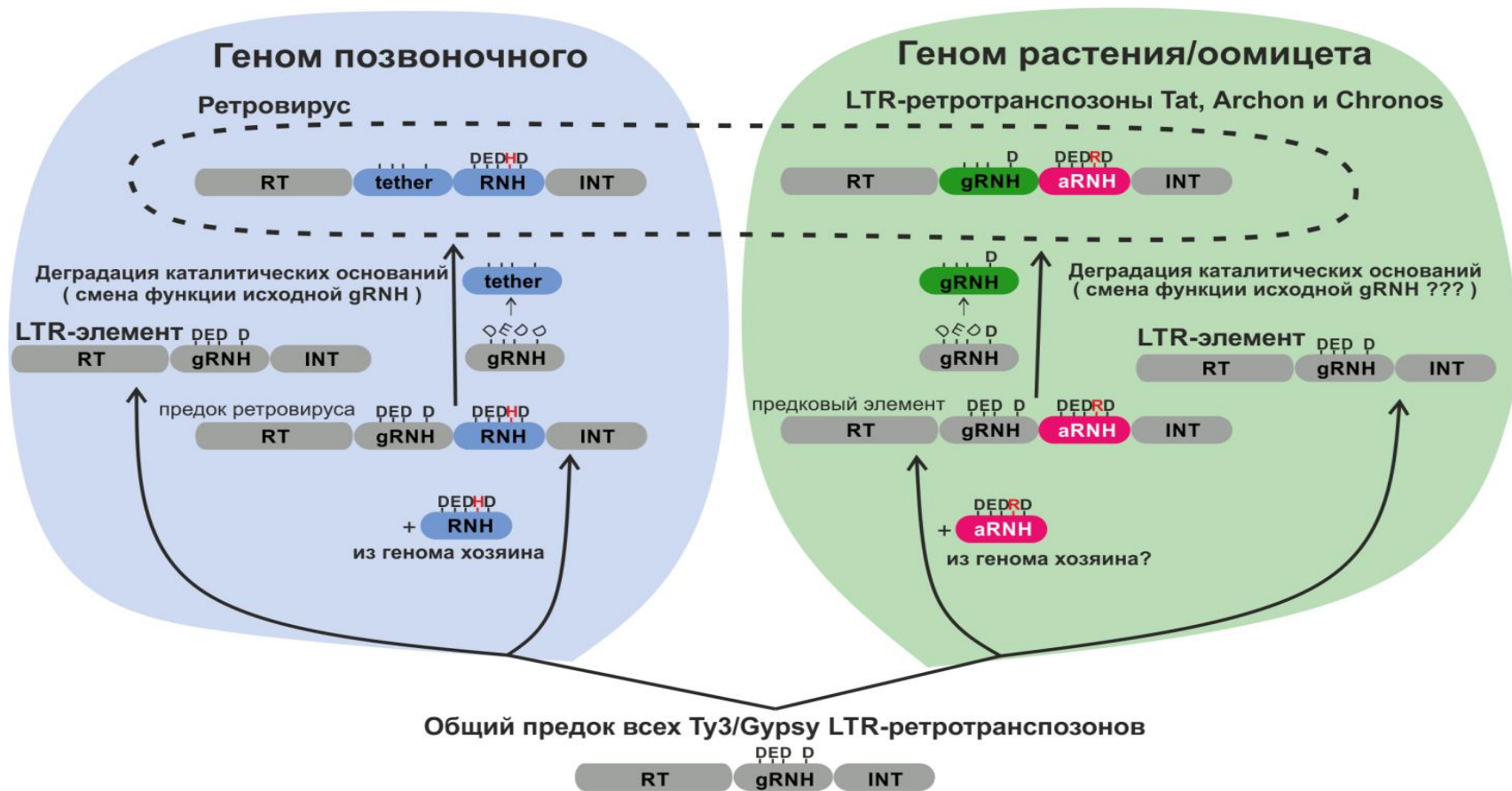
L1 non-LTR-ретротранспозоны **растений** и **оомицетов** независимо приобрели «архейный» домен рибонуклеазы H



Дополнительные домены рибонуклеаз Н ретротранспозонов **растений** и **оомицетов** принадлежат к «Архейной» группе



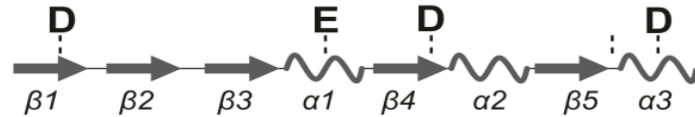
Конвергенция LTR-ретротранспозонов растений и оомицетов с ретровирусами позвоночных



Деградация каталитически активных оснований у исходного домена рибонуклеазы Н LTR-ретротранспозонов растений и оомицетов

Исходный домен RNH

LTR RNH (исходная)



LTR RNH Tat, Archon, Chronos

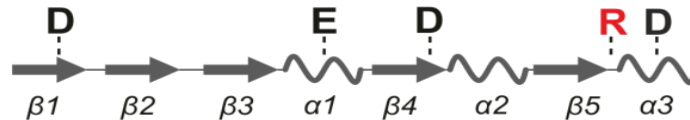


Tether-домен ретровирусов



приобретение нового домена

Архейная RNH (ARNH)



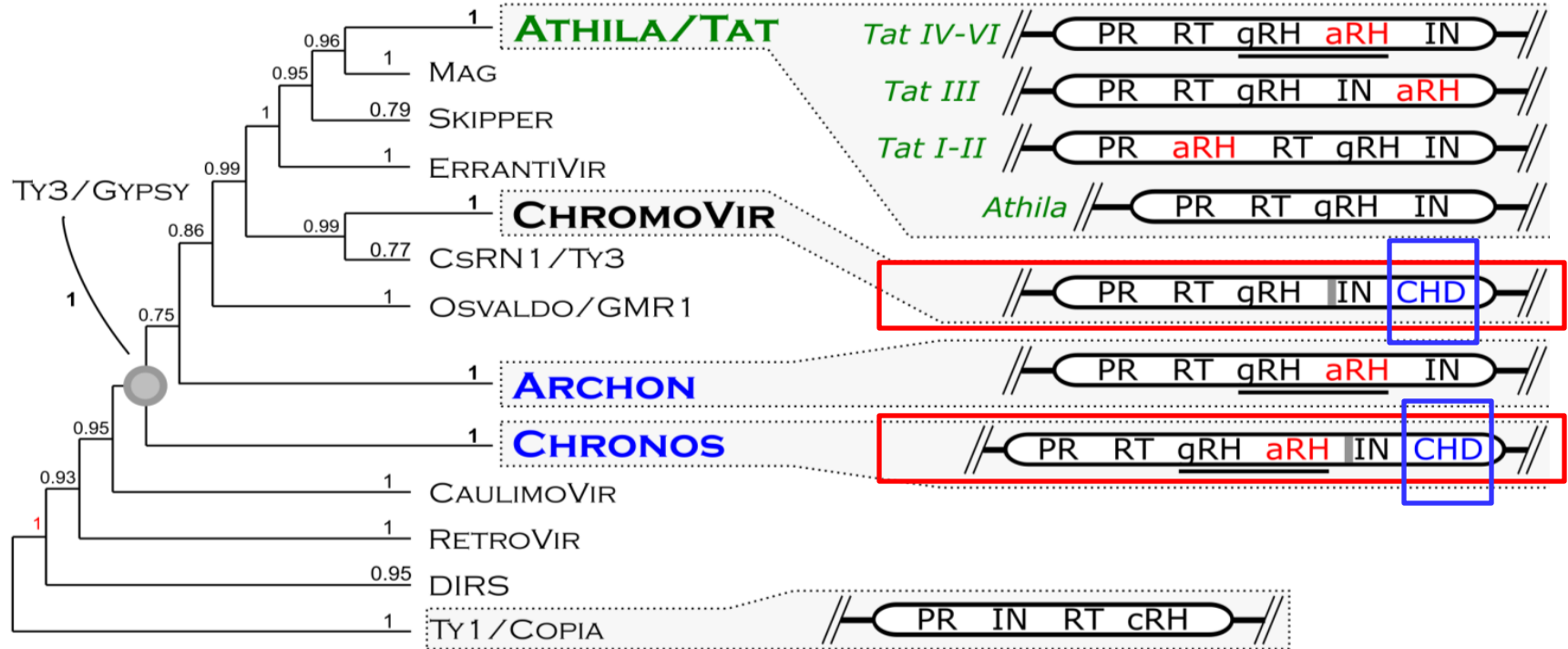
RNH ретровирусов



Потенциальная роль домена рибонуклеазы H для жизненного цикла non-LTR-ретротранспозонов

- Кодирование собственного домена RNH необязательно для non-LTR-ретротранспозонов. Возможно, это дает большую независимость от генома хозяина?
- Более эффективное и быстрое прохождение обратной транскрипции non-LTR-ретротранспозона?
- Возможность «паразитизма» на вирусных геномах, не содержащих собственной RNH, а, значит, и вероятность горизонтального переноса вместе с вирусом?

Конвергенция *Chronos* LTR-ретротранспозонов оомицетов с хромовирусами растений, грибов и позвоночных



CHD – хромодомен.

Выводы

1. В геномах растений и оомицетов выявлено пять эволюционных кластеров ретротранспозонов, содержащих домен «архейной» рибонуклеазы H. Три кластера, *Archon* и *Chronos* из геномов оомицетов и *Tat* из геномов растений, принадлежат к LTR-ретротранспозонам группы *Ty3/Gypsy*. Два других кластера, *L1* и *Utopia*, относятся к non-LTR-ретротранспозонам из групп *L1* и *R2*.
2. Впервые показано наличие домена «архейной» рибонуклеазы H у *Tat* LTR-ретротранспозонов растений и *L1* non-LTR-ретротранспозонов оомицетов. Элементы кластеров *Chronos* и *Archon* из геномов оомицетов обнаружены и охарактеризованы в данной работе. Для элементов кластера *Tat* впервые описано разнообразие положения домена «архейной» рибонуклеазы H.
3. Учитывая сходство структурной организации и филогенетическую удаленность исследованных ретротранспозонов растений и оомицетов с «архейным» доменом рибонуклеазы H, можно предполагать их конвергентную эволюцию к единому структурно-функциональному фенотипу.
4. Сходство структурной организации исследованных LTR-ретротранспозонов оомицетов и растений с ретровирусами позвоночных и их очевидная филогенетическая удаленность друг от друга также позволяют предположить их конвергентную эволюцию.
5. Установлено, что LTR-ретротранспозоны группы *Ty3/Gypsy* из кластера *Chronos* оомицетов, помимо домена «архейной» рибонуклеазы H, приобрели хромодомен, аналогично другому широкому кластеру *Ty3/Gypsy* LTR-ретротранспозонов из геномов грибов, позвоночных и растений – хромовирусов, указывая на их конвергентную эволюцию

Выводы

6. Полученные результаты по структурно-филогенетическому анализу ретротранспозонов растений и оомицетов являются дополнительным свидетельством модульной эволюции ретротранспозонов и её роли в возникновении структурной и функциональной конвергенции между эволюционно удаленными группами различных ретроэлементов.

Специальность: 03.02.07 – «Генетика» (Области: (12) Структурная, функциональная и эволюционная геномика. Генетическая биоинформатика. Геносистематика. (15) Естественный и искусственный отбор, видообразование, генетические механизмы эволюции.)

Сданные кандидатские экзамены:

1. Иностранный язык – «Отлично»
2. Философия – «Отлично»
3. Специальность – «Хорошо»

Публикации по теме исследования:

Ustyantsev, K., Novikova, O., Blinov, A., & Smyshlyaev, G. *Convergent evolution of ribonuclease H in LTR retrotransposons and retroviruses* // Mol. Biol. Evol. 2015. T. 32. № 5. С. 1197–1207. [IF: 6.202]

Ustyantsev K., Blinov A., Smyshlyaev G. *Convergence of retrotransposons in oomycetes and plants* // Mobile DNA 2017. T. 8. №. 1. С. 4. [IF: 4.234]

Конференции:

- 1) Smyshlyaev G., **Ustyantsev K.**, Novikova O., Blinov A. Convergent evolution of Ribonuclease H in LTR Retrotransposons and Retroviruses. EMBO | EMBL Symposium: The Mobile Genome: Genetic and Physiological Impacts of Transposable Elements. 2015. EMBL Heidelberg. Germany.
- 2) Смышляев Г. А., **Устьянцев К. В.** Уникальный домен РНКазы H и дополнительные рамки считывания Tat-LTR-ретротранспозонов растений. МНСК 2013, г. Новосибирск.

Другие публикации

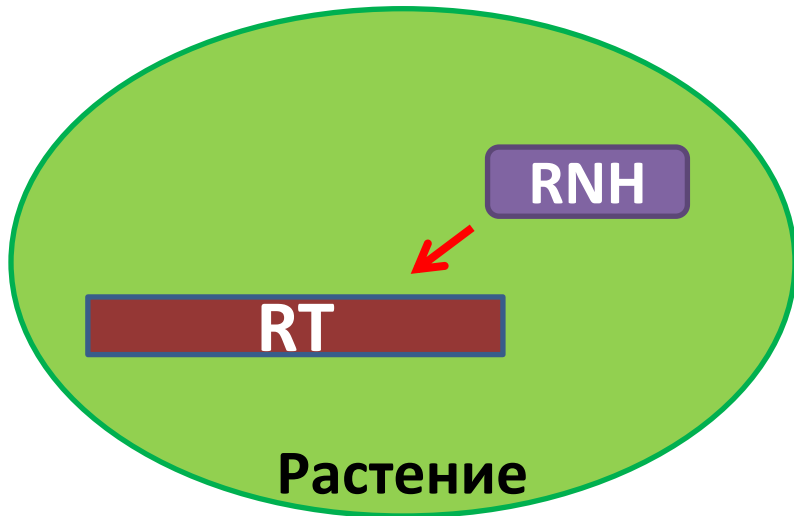
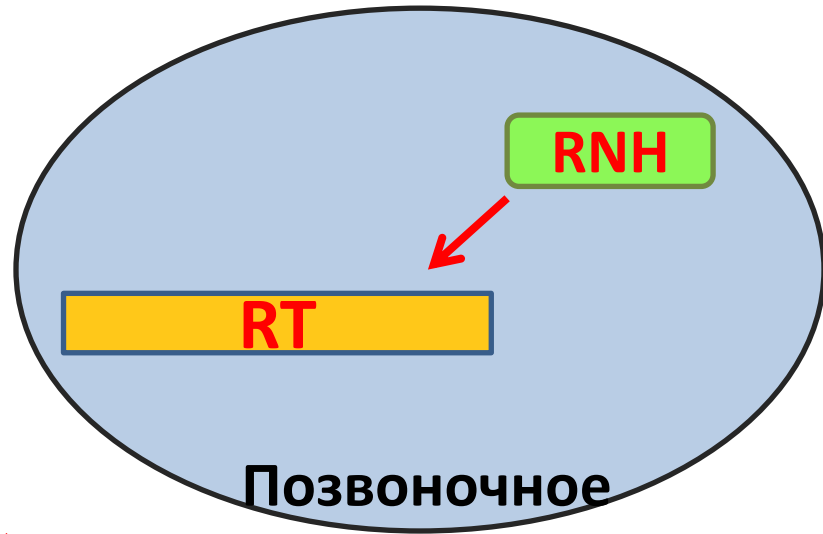
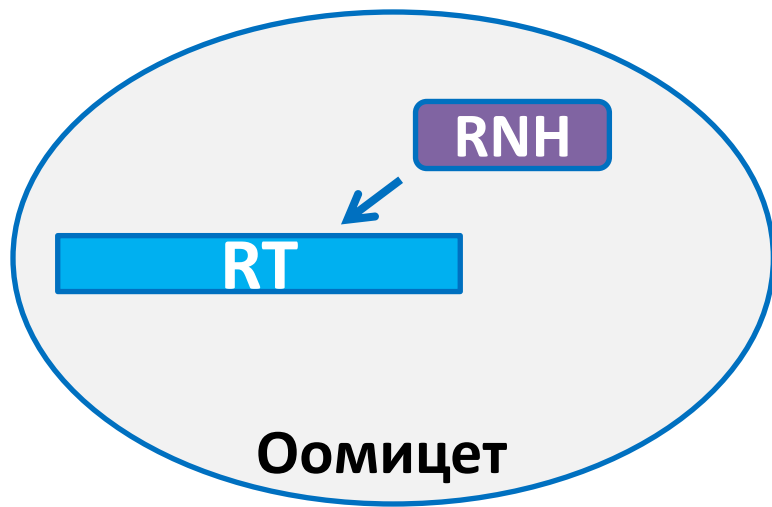
2017 год:

Wudarski, J., Simanov, D., **Ustyantsev, K.** *et al* Efficient transgenesis and annotated genome sequence of the regenerative flatworm model *Macrostomum lignano*. *Nature Communications* [Accepted, IN PRESS] [IF: 12.124]

2016 год:

Kononov, A., **Ustyantsev, K.**, Blinov, A., Fet, V., & Baranchikov, Y. N. (2016). Genetic diversity of aboriginal and invasive populations of four-eyed fir bark beetle *Polygraphus proximus* Blandford (Coleoptera, Curculionidae, Scolytinae). *Agricultural and Forest Entomology*, 18(3), 294-301. [IF: 1.726]

Kononov, A., **Ustyantsev, K.**, Wang, B., Mastro, V. C., Fet, V., Blinov, A., & Baranchikov, Y. (2016). Genetic diversity among eight *Dendrolimus* species in Eurasia (Lepidoptera: Lasiocampidae) inferred from mitochondrial COI and COII, and nuclear ITS2 markers. *BMC genetics*, 17(3), 157. [IF: 2.266]



Отбор на одинаковые ниши, идущий независимо в разных геномах



Единый план строения ретротранспозона
Единый молекулярный фенотип