

Сибирское отделение Российской академии наук
Институт химической биологии и фундаментальной медицины

II Всероссийская конференция
с международным участием
**«Высокопроизводительное секвенирование
в геномике»**

18-23 июня 2017 г.

Новосибирск

АНАЛИЗ ГЕНОМНОГО ОСТРОВА *SME19T SINORHIZOBIUM MELILOTI RM1021*: GC-СОСТАВ И СТАБИЛЬНОСТЬ ВНУТРЕННЕЙ СТРУКТУРЫ

Черкасова М. Е.^{*}, Мунтян В. С., Румянцева М. Л., Андронов Е. Е.

ФГБНУ Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии, г. Санкт-Петербург, гор. Пушкин 8

*e-mail: mariacherkasova@mail.ru

Проведен *in silico* анализ нуклеотидной последовательности геномного острова *Sme19T*, имеющего протяженность 18,6 т.п.н. и среднее содержание ГЦ-пар – 59.1% [1]. Показано, что в острове встречаются участки с содержанием ГЦ-пар от 45% до 67.5%, а также выявлена последовательность в 6 т.п.н. с повышенным содержанием ГЦ, относительно фланкирующих участков. Установлено, что в этой области локализованы *hsdRSM*-гены, относящиеся к системе рестрикции-модификации I типа [2]. Область *hsd*-генов окружена генами транспозаз и интегразой, что позволяет отнести её к потенциальным подвижным генетическим элементам. Анализ нуклеотидных последовательностей *hsd*-генов и их межгенных последовательностей показал, что ГЦ-состав гена *hsdS* (56.8%) был существенно ниже такого у *hsdR* и *hsdM*, и сопоставим с таковым в межгенных последовательностях.

Проведён анализ распространения геномного острова *Sme19T* и *hsd*-генов, у 184 природных штаммов *S. meliloti* из Приаральского и Северо-Кавказского центров разнообразия люцерны с использованием метода ПЦР с парами оригинальных праймеров [3]. Показано, что встречаемость острова *Sme19T* не зависела от географического происхождения

штаммов, однако его структура была вариабельна. Выявлены штаммы, содержащие единичные *hsd*-гены или лишённые их, а также штаммы без острова, но с искомыми генами. В обоих генцентрах преобладали штаммы, содержавшие ген *hsdR* (эндонуклеаза), но утратившие гены *hsdS* и *hsdM*, отвечающие за защиту бактериальных сайтов рестрикции.

Полученные результаты показали, что в структуре острова *Sme19T* активно идут процессы рекомбинации, затрагивающие группы генов или отдельные гены. Выявлены «горячие точки» рекомбинации (*hsdS-hsdM* и *hsdR-hsdM*), специфичные для Приаралья и Северного-Кавказа, соответственно.

Работа поддержана грантом РФФИ 15-04-09295а. Анализ межгенных нуклеотидных последовательностей («горячих точек» рекомбинации) выполнен при поддержке РФФИ 17-16-01095.

1. С.М. Hudson et al. (2015) Islander: a database of precisely mapped genomic islands in tRNA and tmRNA genes. *Nucleic Acids Res.* 43: D48-53.
2. L. Ferri et al. (2010) Plasmid electroporation of *Sinorhizobium* strains: The role of the restriction gene *hsdR* in type strain *Rm1021*. *Plasmid.* 63(3): 128-35.
3. В.С. Мунтян и др. (2016) Встречаемость островов в геномах природных штаммов *Sinorhizobium meliloti*. *Генетика.* 52(8): 1-8.

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ ВИРУСА ГРИППА Н11-СУБТИПА В АЗИАТСКО-ТИХООКЕАНСКОМ РЕГИОНЕ

Шаршов К.А.¹, Соболев И.А.¹, Кабилов М.Р.², Аликина Т.Ю.², Мурашкина Т.А.¹, Курская О.Г.¹, Алексеев А.Ю.¹, Saito Takehiko³, Щелканов М.Ю.⁴, Шестопапов А.М.¹

1 НИИ экспериментальной и клинической медицины, Новосибирск

2 Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН, Новосибирск

3 National Institute of Animal Health, National Agriculture and Food Research Organization, Tsukuba, Japan

4 Дальневосточный Федеральный университет, Владивосток

*e-mail: sharshov@yandex.ru

В настоящее время продолжается оценка опасности новых вариантов вируса гриппа А (ВГА), в том числе редкого Н11-субтипа. Обнаружено, что вирусы Н11 субтипа распространены очень широко и встречаются даже у пингвинов Адели (*Pygoscelis adeliae*) в Антарктиде [1]. В настоящее время успешно применяется метод секвенирования нового поколения для получения полногеномных последовательностей вируса гриппа и детального молекулярно-биологического и филогенетического анализа. Целью исследования явилось исследование генетического разнообразия и поиск реассортантных вирусов Н11-субтипа в Азиатско-Тихоокеанском регионе. Секвенирование полных геномов собственных штаммов вируса гриппа Н11Nx проводили с использованием MiSeq (Illumina) в ЦКП «Геномика» (ИХБФМ СО РАН). Для анализа использовали последовательности, доступные в базах GeneBank и GISAID.

В результате исследования обнаружено большое разнообразие вирусов гриппа Н11N9 и Н11N8 субтипов у диких птиц на территории Азиатско-Тихоокеанского региона в течение последних 10 лет [2]. Выделены оригинальные Североамериканские и Евразийские клады и субклады для сегментов генома ВГА Н11-субтипа, циркулирующих среди диких птиц Азиатско-Тихоокеанского региона. Показана циркуляция вариантов ВГА с множественной реассортацией геномов.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ №16-34-00306\16_мол.

1. A.C. Hurt et al. (2016). Evidence for the Introduction, Reassortment, and Persistence of Diverse Influenza A Viruses in Antarctica, *J Virol.* 90(21): 9674-9682.
2. С.Г. Сайфутдинова с соавт. (2012). Экология вируса гриппа у чаек Дальнего Востока России, Бюллетень Восточно-Сибирского Научного Центра СО РАН, 5(87), часть 1: 316-318.