

Участие вирусов группы Caudovirales в горизонтальном переносе генов от прокариот к эукариотам.**Научный руководитель – Подгорная Ольга Игоревна***Даугавет М.А.¹, Грецова М.В.²*

1 - Институт цитологии РАН, Санкт-Петербург, Россия, *E-mail: kabtank@yandex.ru*; 2 - Санкт-Петербургский политехнический университет Петра Великого, Институт прикладной математики и механики, Санкт-Петербург, Россия, *E-mail: mary_grecova@mail.ru*

Горизонтальный перенос генов (ГПП) - это передача генетической информации между неродственными организмами. Этот процесс хорошо описан для бактерий. В то же время накоплено большое количество данных о случаях ГПП от бактерий к эукариотам. В нашей предыдущей работе показано, что в белках эукариот встречается специфическая последовательность - цистеин-богатые повторы. Белки, содержащие цистеин-богатые повторы, часто так же содержат консервативные домены, типичные для прокариот или вирусов. На основании этого выдвинуто предположение, что такие домены появились в результате горизонтального переноса.

Для проверки этой гипотезы для каждого предсказанного консервативного домена выполняли поиск родственных последовательностей отдельно среди эукариот, бактерий и вирусов. Для 13 доменов, обнаружено достоверное сходство ($E\text{-value} < 10^{-4}$) с вирусной и бактериальной или только с бактериальной последовательностью. При этом для 31 различных белков обнаружено сходство с последовательностью бактериофага *Streptomyces phage*. На основе более ранних данных бактерия *Streptomyces* sp. является донором каталитического домена целлюлозосинтазы [2]. Таким образом, возможно, при переносе эукариотам кодирующей последовательности домена целлюлозосинтазы бактерия *Streptomyces* sp. выступала донором, а вирус *Streptomyces phage* вектором переноса. В собственном анализе мы находим сходство с вирусом *Streptomyces phage* для трёх других консервативных доменов и можем предполагать, что этот вирус выполнял функцию вектора многократно. Несколько других вирусов, сходство с которыми обнаружено в нашем анализе, так же как и *Streptomyces phage* относятся к группе Caudovirales. Сходство с последовательностями вирусов Caudovirales обнаружено для белков нескольких групп грибов и многоклеточных животных. Ранее в литературе описано проникновение бактериофага (*Escherichia coli* phage PK1A2), относящегося к Caudovirales, в эукариотическую клетку в культуре [1]. Таким образом, бактериофаги этой группы могли выступать переносчиками генетической информации от бактерий, к эукариотам.

Работа выполнена в рамках гранта РНФ (19-74-20102), при поддержке совета по грантам при президенте РФ.

Источники и литература

- 1) Lehti T.A., Pajunen M.I., Skog M.S., Finne J. Internalization of a polysialic acid-binding *Escherichia coli* bacteriophage into eukaryotic neuroblastoma cells // Nat Commun. 2017. No. 8(1). P. 1–12.
- 2) Nakashima K., Yamada L., Satou Y., Azuma J., Satoh N. The evolutionary origin of animal cellulose synthase // Dev Genes Evol. 2004. No. 214(2). P. 81–88.