

Evolve bakterialních genomů

Charakteristické rysy:

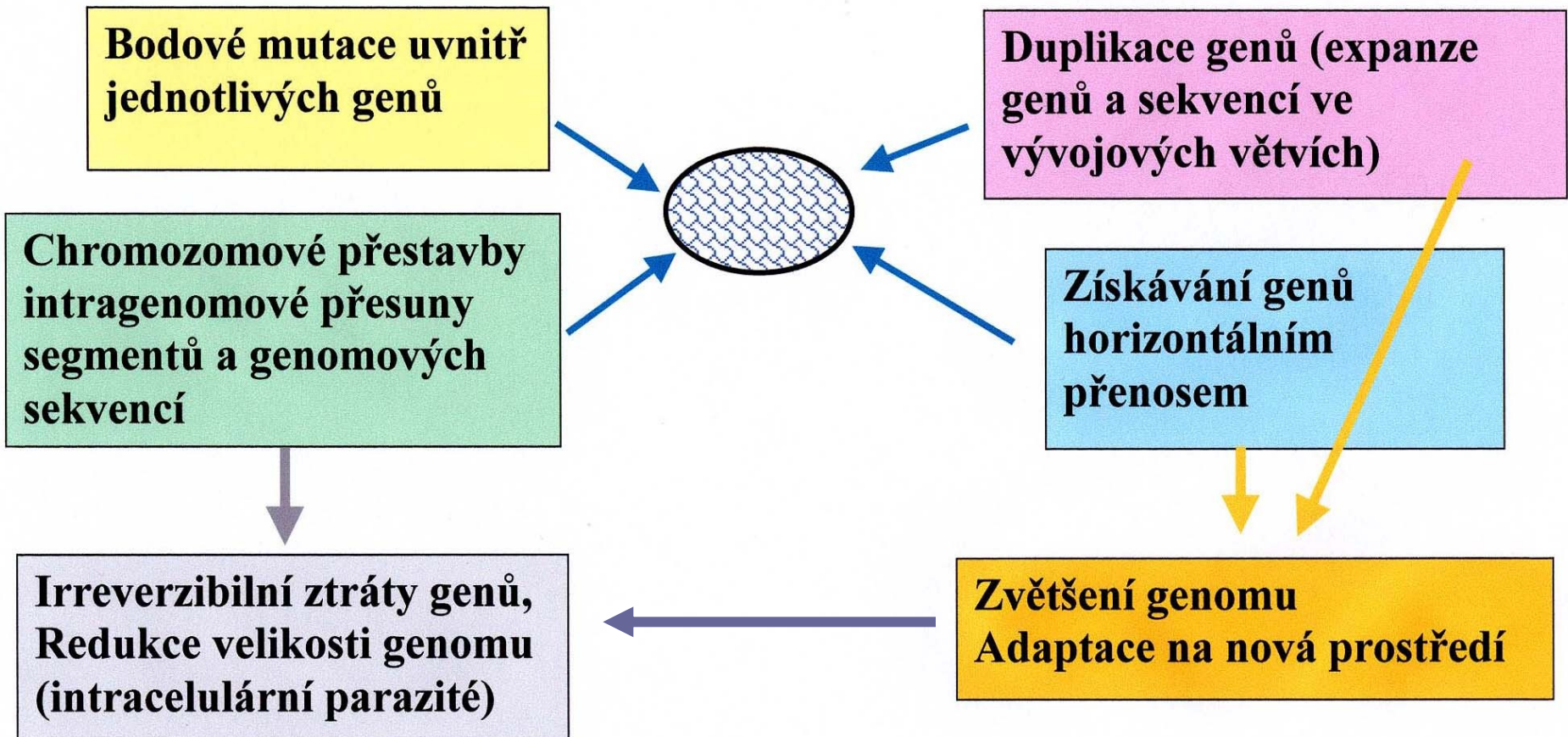
Rychlé a rozsáhlé změny ve struktuře a informačním obsahu genomu (plasticita, dynamické změny)

- Vnitřní přestavby
- Získávání a ztráty genů a genetických elementů

Vývoj kmenů v rámci druhu

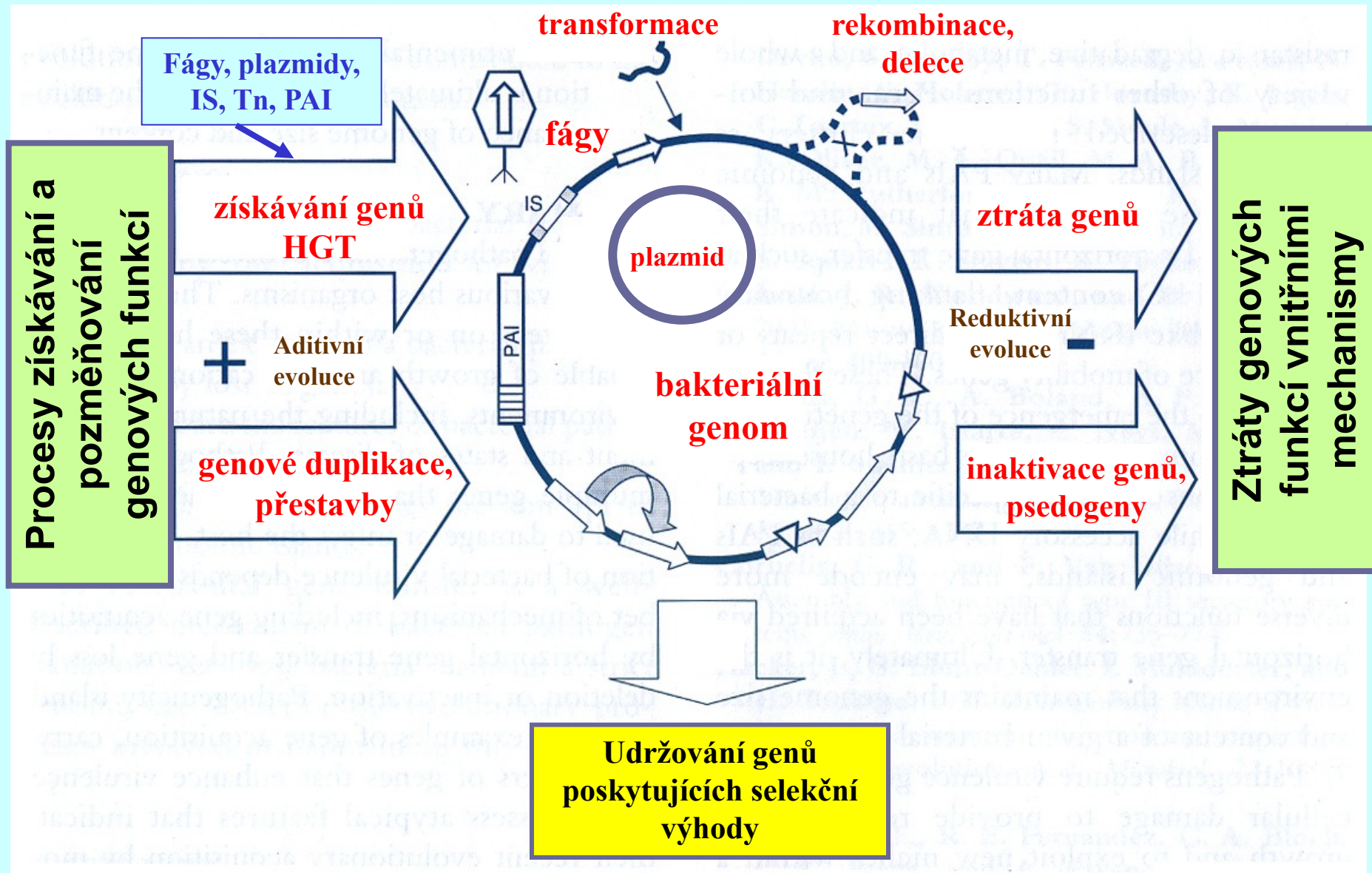
Adaptace na nové podmínky

Podstata změn v obsahu genomu prokaryot v průběhu evoluce



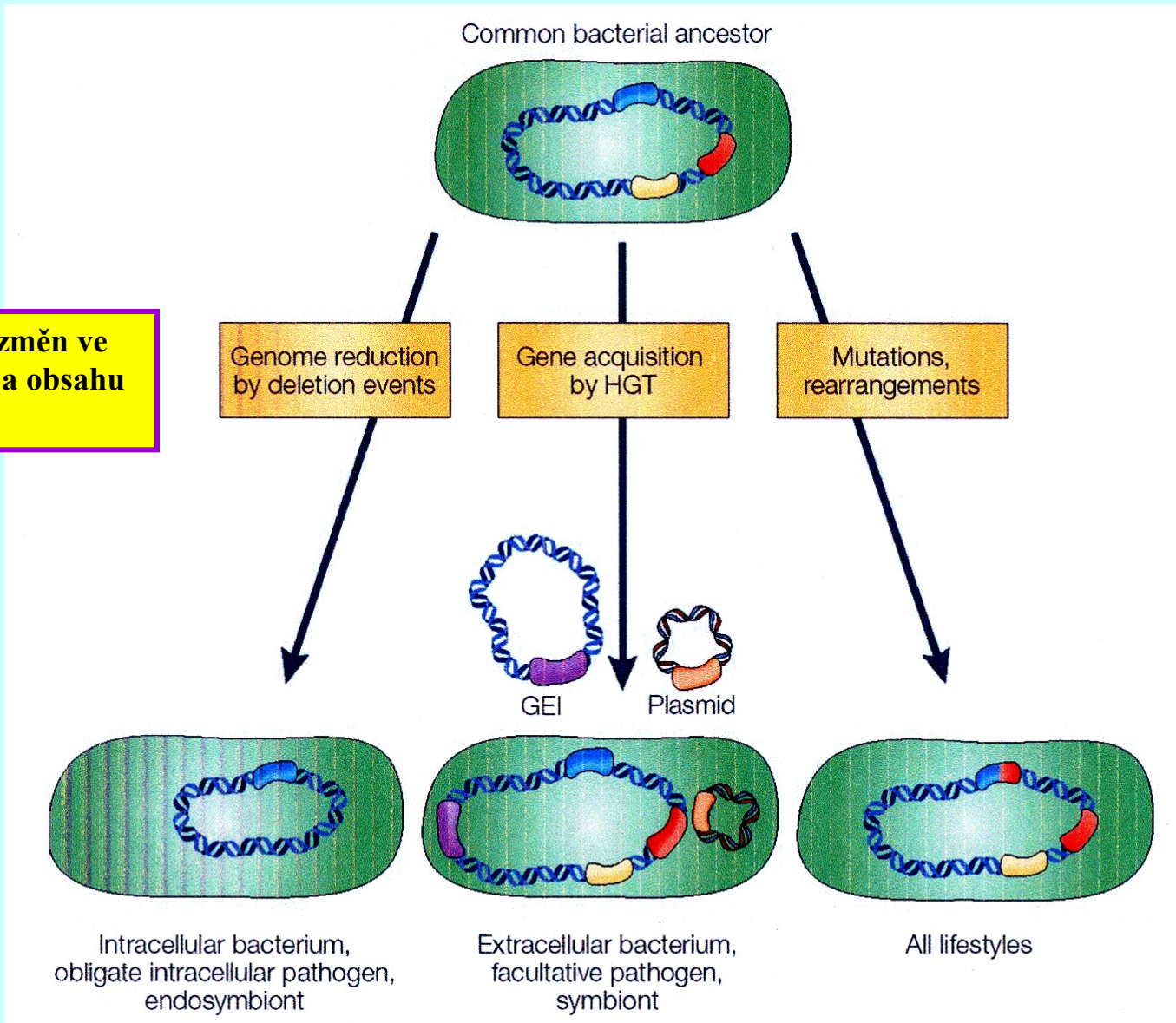
Důsledek: Pořadí genů je zachováno jen u velmi blízce příbuzných druhů

Mechanismy evoluce bakteriálních genomů



Struktura genomu odráží životní styl bakterie

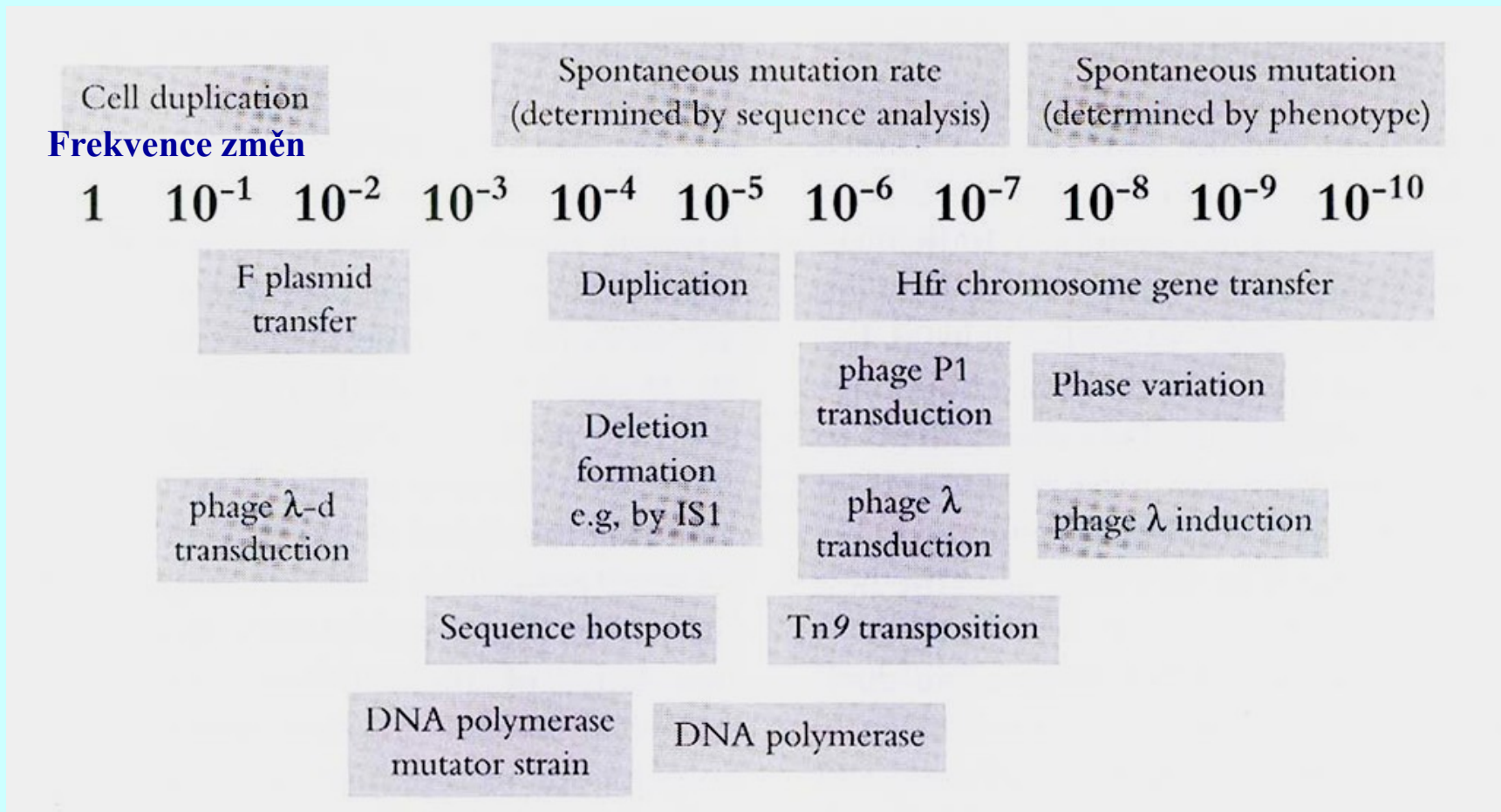
Příčiny změn ve velikosti a obsahu genomu



Mechanismy odpovědné za plasticitu genomu

Genetický element nebo mechanismus	Důsledky
A. Zisk vlastností	
Bodové mutace	Změna genové exprese
Homologií rekombinace	Přeskupení DNA, inverze, duplikace, dalece DNA Integrace DNA přenesené HGT
Transformace	Získání přídavné genetické informace
IS elementy, transpozony	Inzerce, delece, inverze DNA, změny genové exprese
Integrony	Přenos genů, přeskupení DNA
Konjugativní transpozony, plazmidy	Konjugace, HGT, mobilizace jiných elementů (plazmidů, chromozomu)
Bakteriofágy	HGT, transdukce, fágová konverze
GTA, VTA	HGT
Genomové ostrovy a ostrůvky	HGT, integrace a delece velkých úseků DNA
B. Ztráta vlastností	
Bodové mutace	Změny v genové expresi, ztráta funkce genů
Homologií rekombinace	Přeskupení DNA, delece DNA, integrace genů získaných HGT
Transpozice	Změny genové exprese, ztráta funkce genů

Spektrum faktorů podílejících se na změnách genomů



Vnitřní přestavby replikonů navozené přítomností repeticí

Typy repeticí

- geny rRNA a tRNA
- Inzerční sekvence
- transpozony
- krátké repetice
- rhs a Chi-sekvence

Typ přestavby

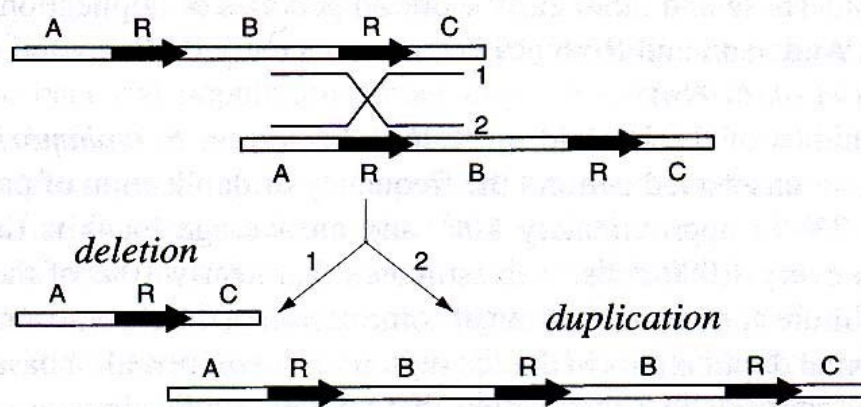
- Duplikace (amplifikace)
- Delece
- Inverze



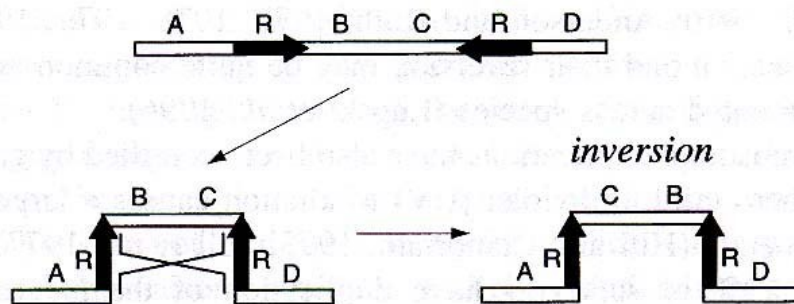
Mechanismus

Homologní rekombinace
Transpozice
Místně-specifická rekombinace
Nerovnoměrný crossing-over

přímá opakování (repetice)

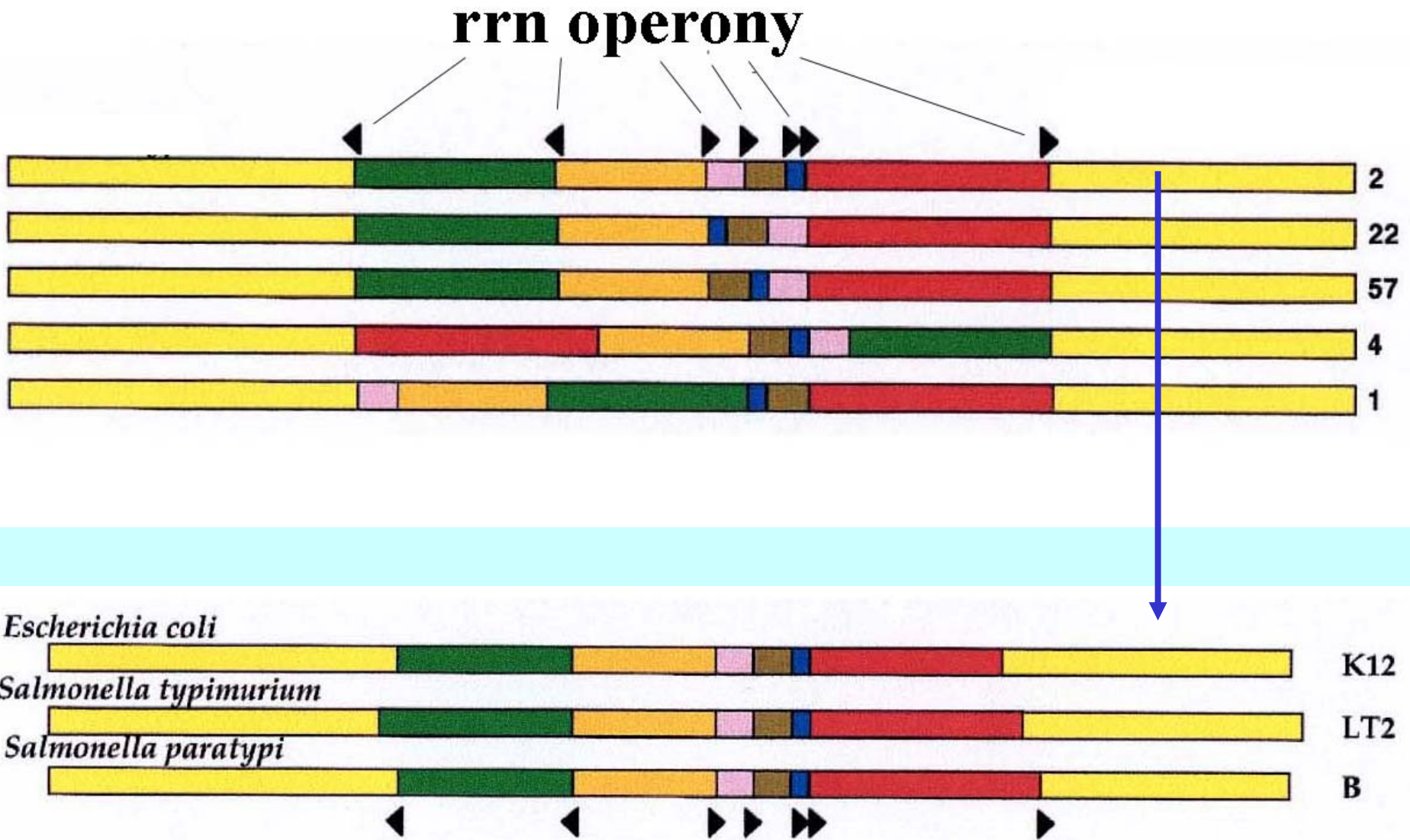


obrácená opakování (repetice)

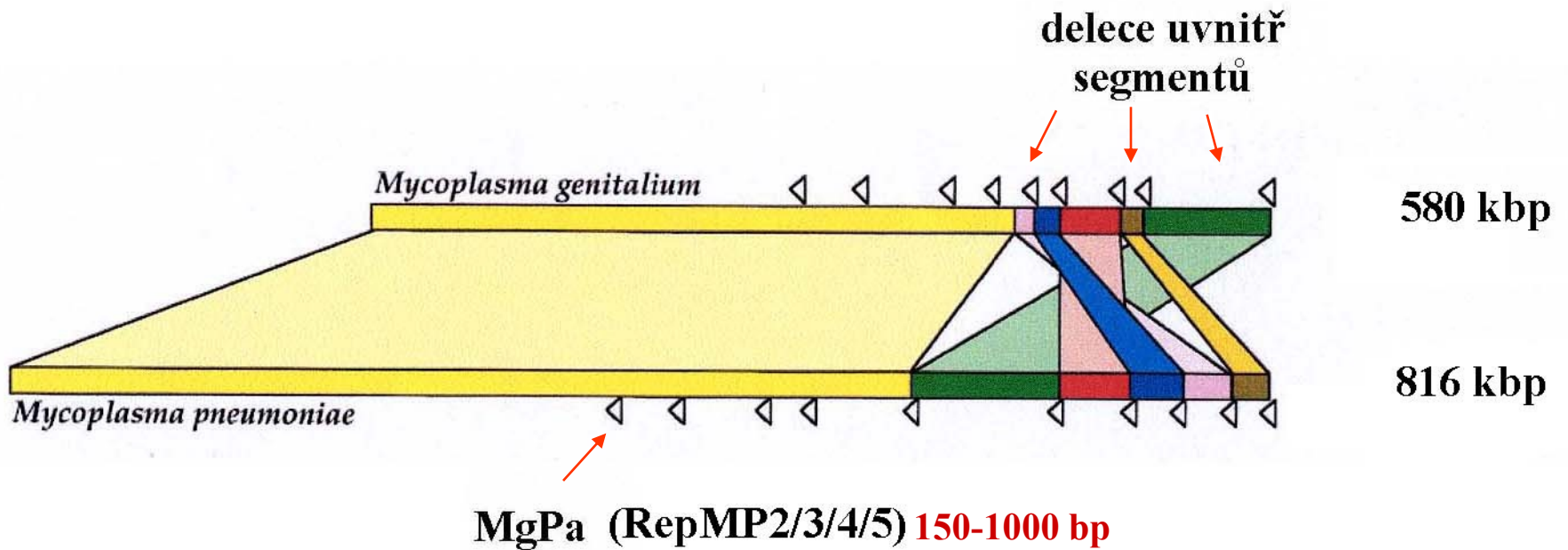


**Přestavby navozené interakcí repetice
(homologní rekombinace)**

Genomová přeskupení navozená rrn operony u kmenů *Salmonella typhi*



Rozdíly ve struktuře genomů příbuzných druhů

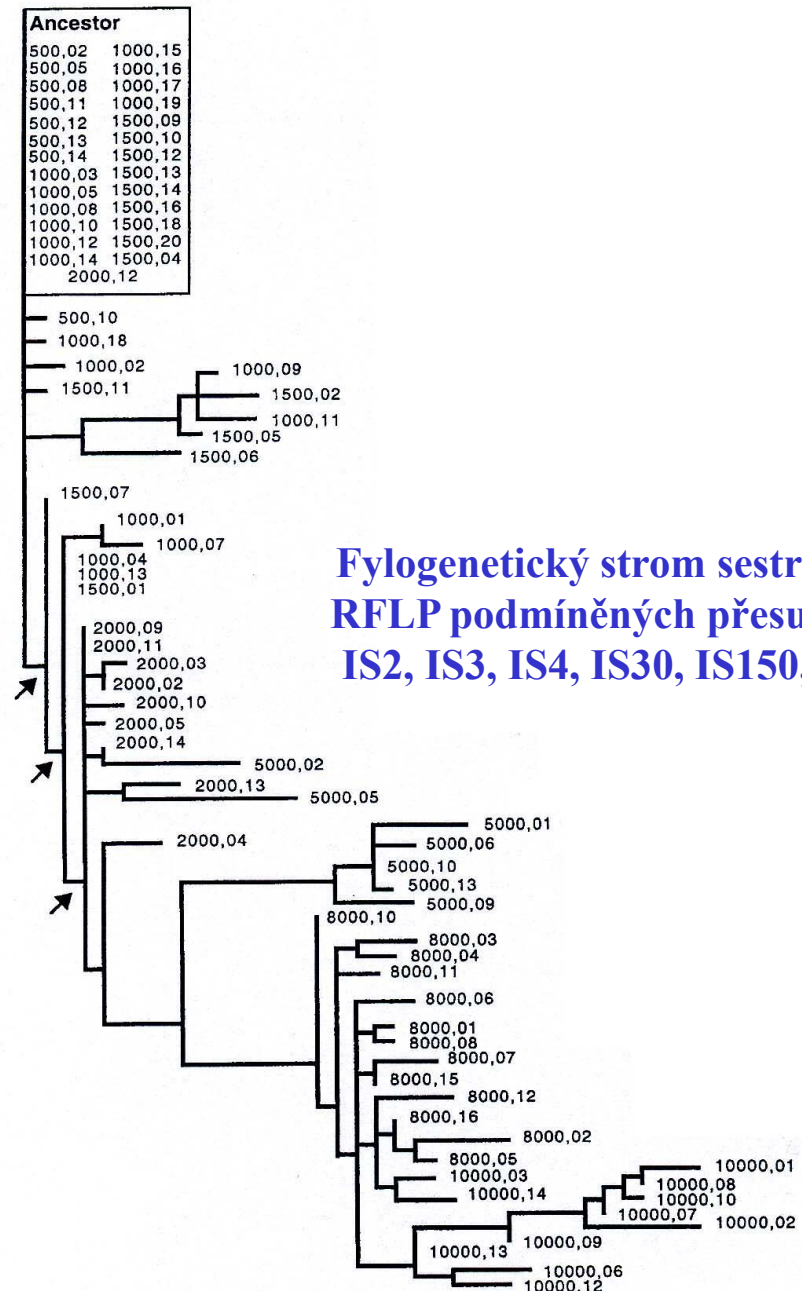


Změny v genomu po dlouhodobém uchovávání kultur *E. coli* a *S. typhimurium*



- změny lokalizace IS
- změny velikosti genomu
- změny fenotypu

Pohyby inzerčních sekvencí v populacích buněk *E. coli*
sledované v průběhu 10 000 generací.



Evoluční historie chromozomu *E. coli*

(srovnání *E. coli* K12-MG1655 a kmenů se známou genealogií)

67 událostí: 37 inzercí a 30 delecí

☛ 90% ORF je pro všechny geny společné

☛ kb až Mb jedinečné DNA:

* geny přenesené horizontálně

➤ plazmidy

➤ bakteriofágy

➤ transpozony

➤ genové kazety

Rozdíly v genomech *E coli* a *S typhimurium* (divergence obou druhů před 120-150 miliony let)

- rozdíly způsobené rozsáhlými genomovými přestavbami:

- velké inverze zahrnující až 10% genu
- četné oblasti jedinečné každému druhu
tzv. „smyčky“ – inverze nebo delece až 15% délky chromozomu
s náhodnou distribucí

- druhově specifické geny získané horizontálním přenosem
● geny lac u *E coli*, geny pro invazivitu u *S typhimurium*

Závěry z analýz přestaveb genomu *E. coli* a *S. typhimurium* (u ne selektovaných kultur)

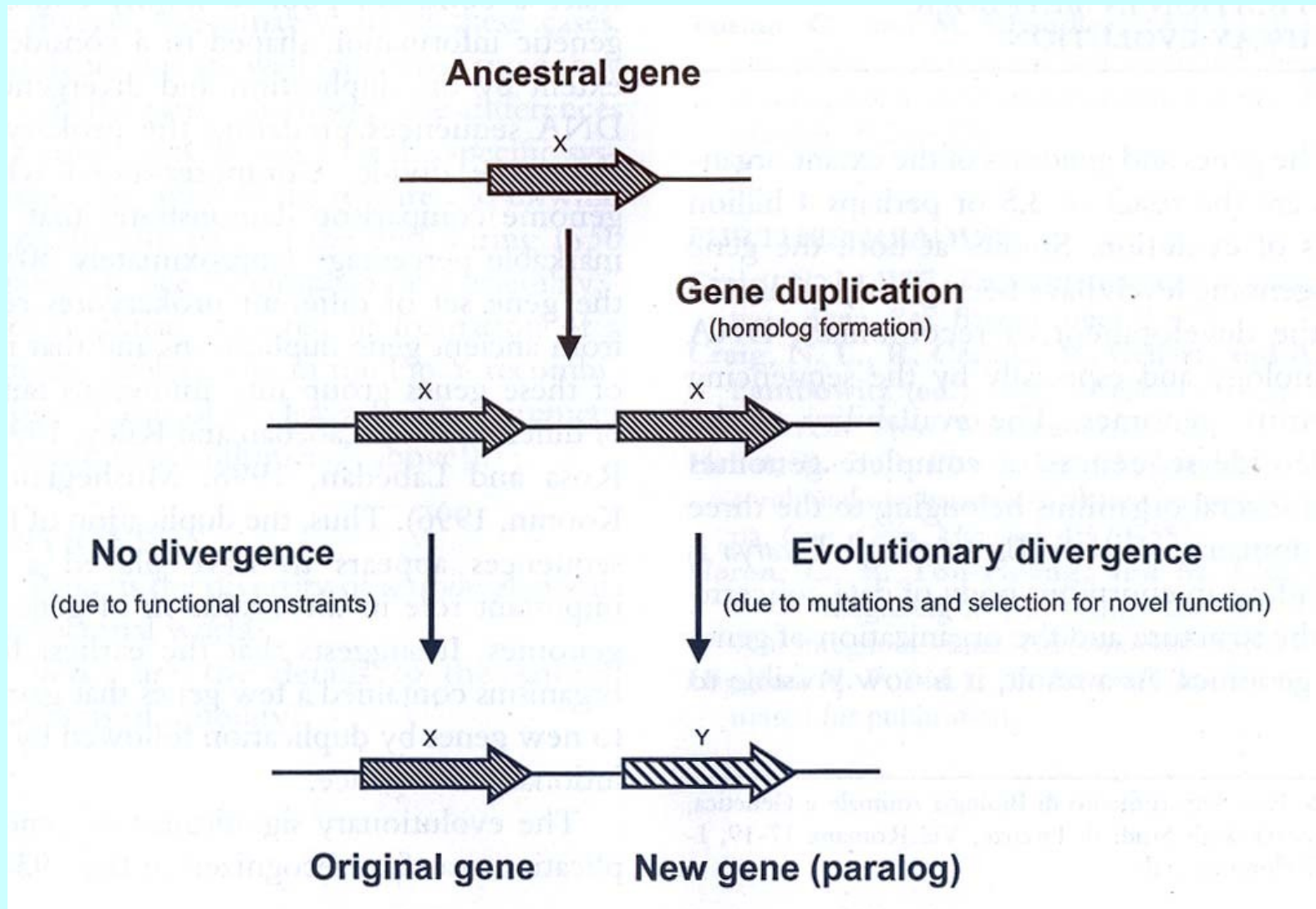
- Průměrný lokus je duplikován v každé z 1000 buněk
- 10% buněk v kultuře nese duplikaci některé oblasti chromozomu
- Velikost duplikací: 140 kb – 2100 kb
- Distribuce duplikací není náhodná
- Duplikace jsou ohraničeny dlouhými přímými repeticemi různého typu

Duplikace funkcí → adaptace na změny prostředí

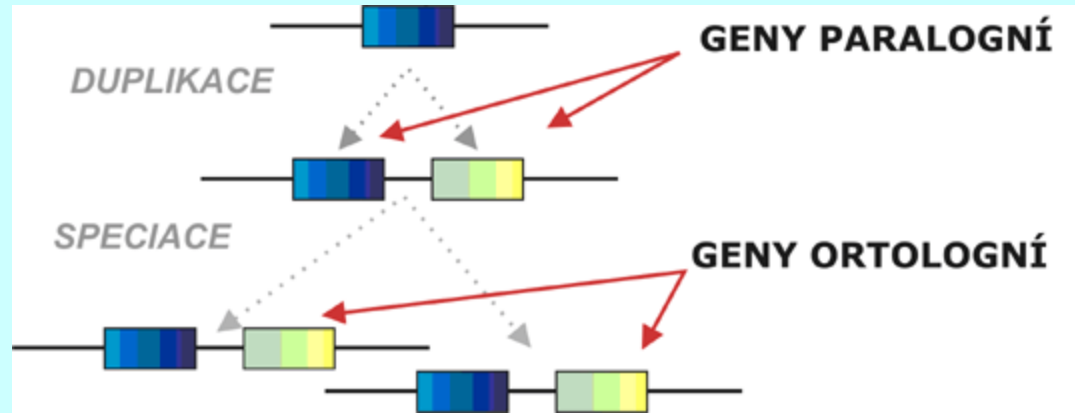
- zvýšení dávek genů
- vytvoření redundantní DNA pro následnou genetickou divergenci

→ paralogní geny – adaptace na nová prostředí

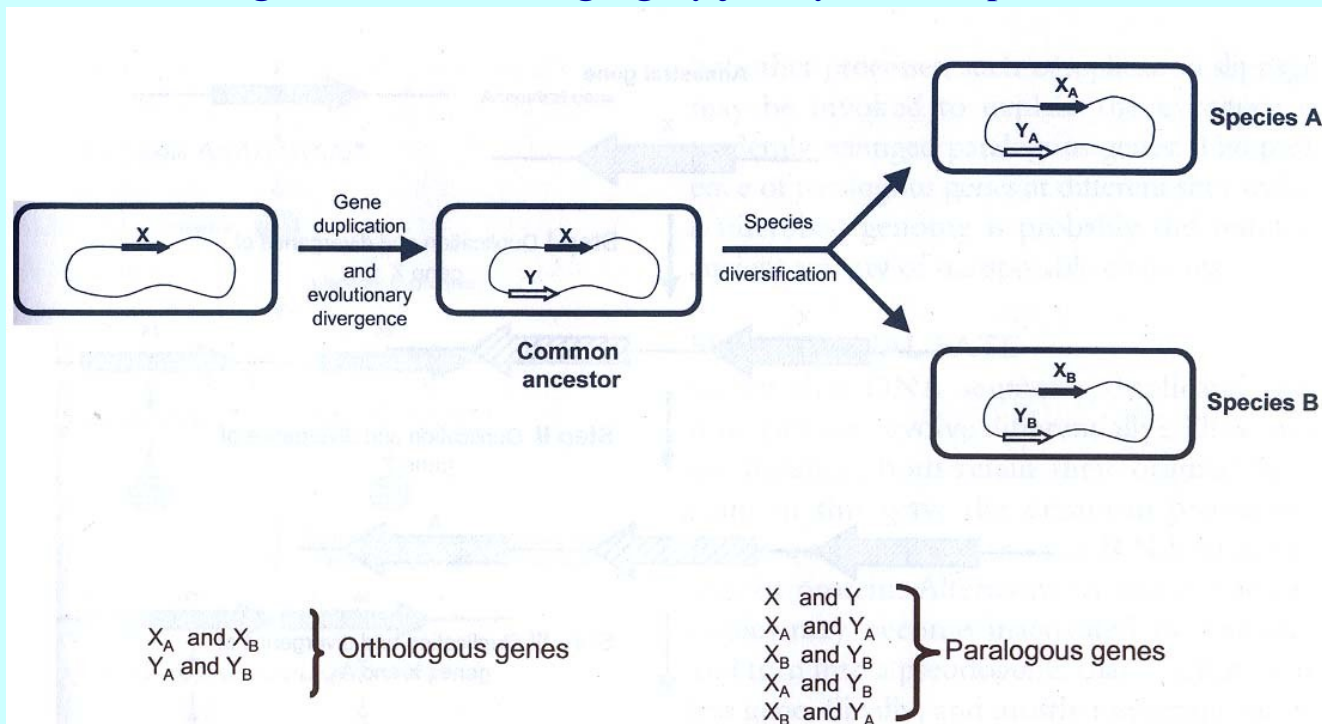
Vytváření paralogních genů duplikací a divergencí



Evoluční vztahy mezi ortologními a paralogními geny



Jako homologní jsou označovány geny odvozené z jednoho společného (ancestrálního) genu. Již v roce 1970 bylo navrženo dělení homologických genů na dva typy: geny paralogní a geny ortologní. Paralogní geny jsou výsledkem duplikace ancestrálního genu, zatímco ortologní geny jsou výsledkem speciace.

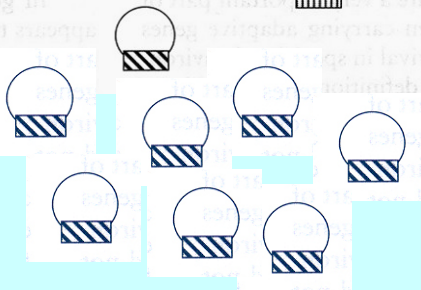
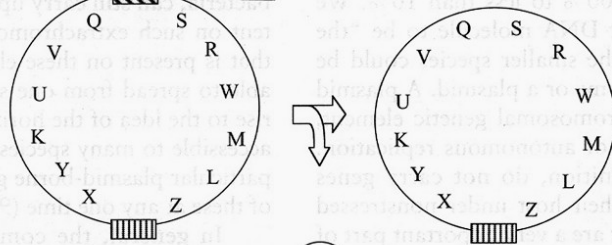
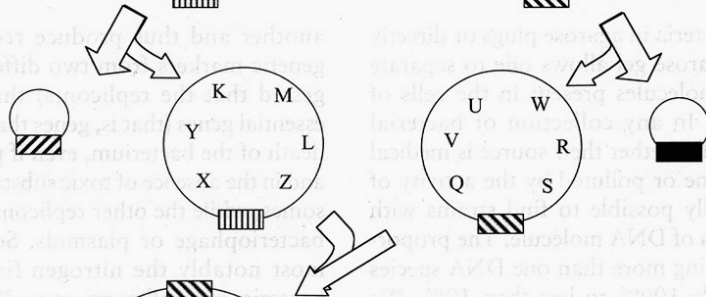
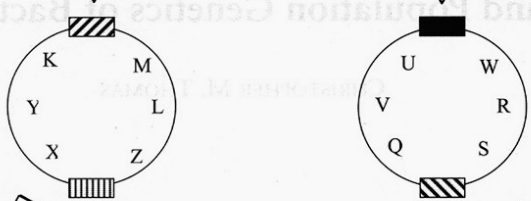
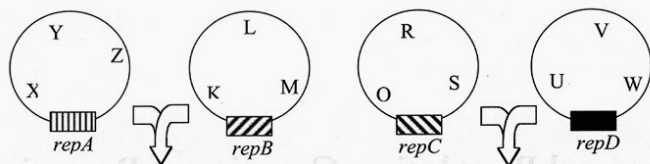


Počty paralogních genů v genomech bakteriálních druhů

Organismus	Velikost genomu (Mbp)	Počet ORF	Počet paralogů
<i>T. pallidum</i>	1.14	1 040	129 (12%)
<i>B. burgdorferi</i>	1.44	1 751	707 (40%)
<i>H. pylori</i>	1.66	1 657	266 (16%)
<i>A. fulgidus</i>	2.18	2 437	719 (30%)
<i>B. subtilis</i>	4.20	4 100	1 947 (47%)
<i>M. tuberculosis</i>	4.41	3 924	2 000 (51%)
<i>E. coli</i>	4.60	4 288	2 272 (53%)

zvýšený adaptivní potenciál

Vznik plazmidů během evoluce bakteriálních replikonů



Plazmid
(vícekopiový)

F x F'

Původní genom tvořený několika menšími replikony

Vytváření hybridů těchto replikonů vzájemnou integrací

Rozklad hybridů za vzniku větších nízkokopiových stabilních replikonů (chromozomů) nesoucích většinu genů, a malých vysokokopiových replikonů (plazmidů)

Opakování procesu integrace a rozkladu, optimalizace informačního obsahu replikonů

Výhoda vyššího počtu kopií:

1. vyšší dávka genů,
2. vyšší šance mutací
3. přenos mezi buňkami

Horizontální přenos genů

- Často přenášené operační geny (metabolismus a regulace, buněčná struktura)
- Zřídka přenášené informační geny (transkripce, translace)

Horizontální přenos genů je spjat s variabilními genetickými elementy

profágy,
plazmidy,
IS elementy,
transpozony,
integrony

Počet horizontálně přenesených genů u vybraných druhů bakterií a archeí

Druh	Velikost genomu (Mbp)	Počet ORF	Horizontálně přenesené ORF	
			počet	%
Proteobacteria				
<i>Escherichia coli</i>	4.64	4289	381	96
<i>Haemophilus influenzae</i>	1.83	96	96	62
<i>Helicobacter pylori</i>	1.67	1553	89	64
<i>Rickettsia prowazekii</i>	1.11	834	28	36
Gram pozitivní bakterie				
<i>Bacillus subtilis</i>	4.21	4100	537	145
<i>Mycoplasma genitalium</i>	0.58	480	67	145
<i>Mycoplasma pneumoniae</i>	0.82	677	39	59
<i>Mycobacterium tuberculosis</i>	4.41	3918	187	50
Spirochete				
<i>Borrelia burgdorferi</i>	0.91	850	12	1.56
<i>Treponema pallidum</i>	1.14	1031	77	83
Chlamydiae				
<i>Chlamydia trachomatis</i>	1.04	894	36	43
<i>Deinococcus radiodurans</i>	2.66	2380	95	392
<i>Synechocystis</i> sp.	3.57	3169	219	7.5
<i>Thermotoga nartina</i>	1.86	1846	198	11.63
Archaea				
<i>Aeropyrum pernix</i>	1.67	2694	370	140
<i>Methanobacterium thermo</i>	1.75	1869	179	103
<i>Methanococcus jannaschii</i>	1.66	1715	77	50
<i>Pyrococcus abyssi</i>	1.76	1765	124	7.35



1% bakteriálních
genů bylo získáno
HGT z eukaryot

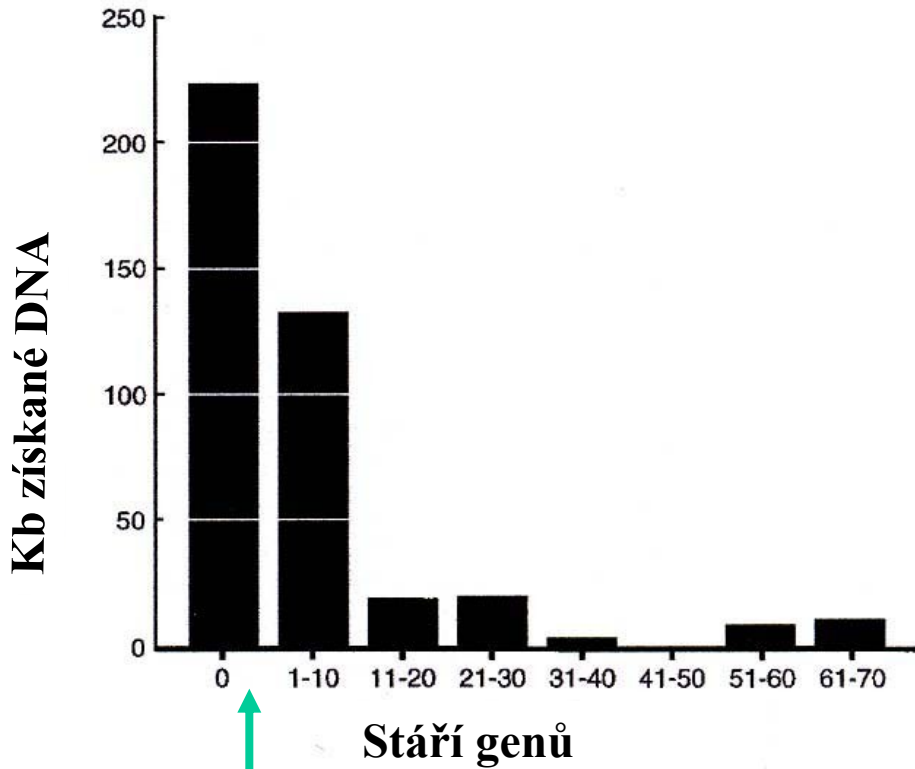
Horizontálně přenesené geny (HGT) u *E. coli* K12 MG1655 (pod divergencí *E. coli* a *S. typhimurium*)

Genom *E. coli* obsahuje relikty 75 HGT
(18% genomu = 548 kb, 234 přenosových událostí)

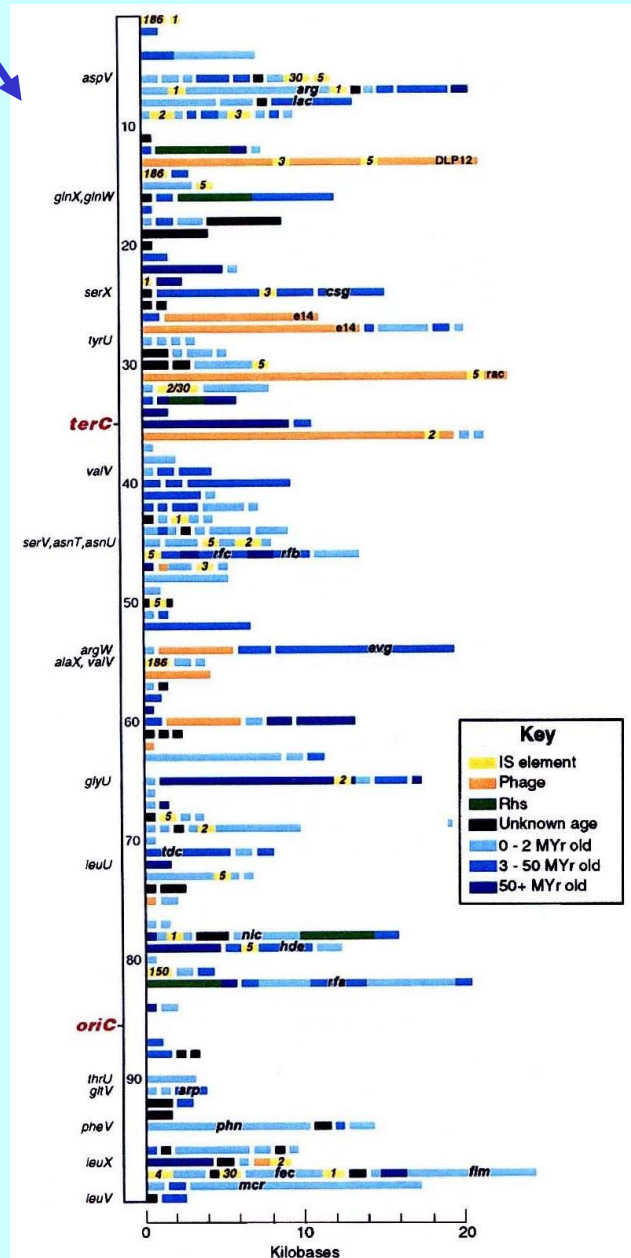
- Vyšší proporce HGT v oblasti terminátoru replikace
- Lokalizace HGT poblíž genů pro tRNA (přenos pomocí fágů)
- V blízkosti HGT se nachází 68% všech inverzních sekvencí
 - IS jsou přeneseny spolu HGT
 - IS navozují integraci přenesené DNA

Genetický element	Označení	Faktory virulence nebo jiné funkce
Ostrovy patogenity		
Enteropatogenní <i>E. coli</i>	PAI	Adhesiny, hemolyziny, cytotoxiny
Enterohemoragické <i>E. coli</i>	LEE (esp-LEE)	Adhesiny, enterotoxiny
<i>Vibrio cholera</i> O1, 0139	VPI (vibrio path. island)	Pilusy, regulace
<i>Staphylococcus aureus</i>	TSST-1-PAI (SaPI1 aj) Exotoxinový PAI Enterotoxinový PAI	Toxin toxického šoku Exotoxin Enterotoxin
Ostrůvky patogenity		
<i>E. coli</i> , <i>Shigella dysenteriae</i>	Lokus chuA a shuA	Příjem hemu
<i>Salmonella enterica</i> sv. <i>Typhimurium</i>	Lokus msgA/pagC	Protein vnější membrány, přežívání v makrofágách
<i>Streptococcus pyogenes</i>	Oblast vir	proteázy
Plazmidy		
<i>E. coli</i> (mimo střevo)	pHly, Vir plazmidy	Hemolyzin, cytotoxický nektrotizující faktor
intestinální <i>E. coli</i>	pO157, Vir plazmidy	Adheziny, enterotoxiny, kataláza, hemolyzin
<i>Shigella flexneri</i>	pWR100, pWR501	Invasiny, enterotoxin
<i>Clostridium tetani</i>	pCL1	Tetanový toxin
Bakteriofágy		
<i>Clostridium botulinum</i>	cI	Botulotoxin A, B
<i>Corynebacterium diphtheriae</i>	β	Difterický toxin A, B
<i>E. coli</i> (enterohemoragické)	H19, 933	Shiga toxin A, B
<i>S. aureus</i>	φ42	Enterotoxin A, B
<i>V. cholerae</i>	CTXφ	Cholerový toxin A, B

Odhadované stáří genů horizontálně přenesených do chromozomu *E. coli* MG1655 a jejich lokalizace v genomu



IS sekvence,
profágy, Rhs



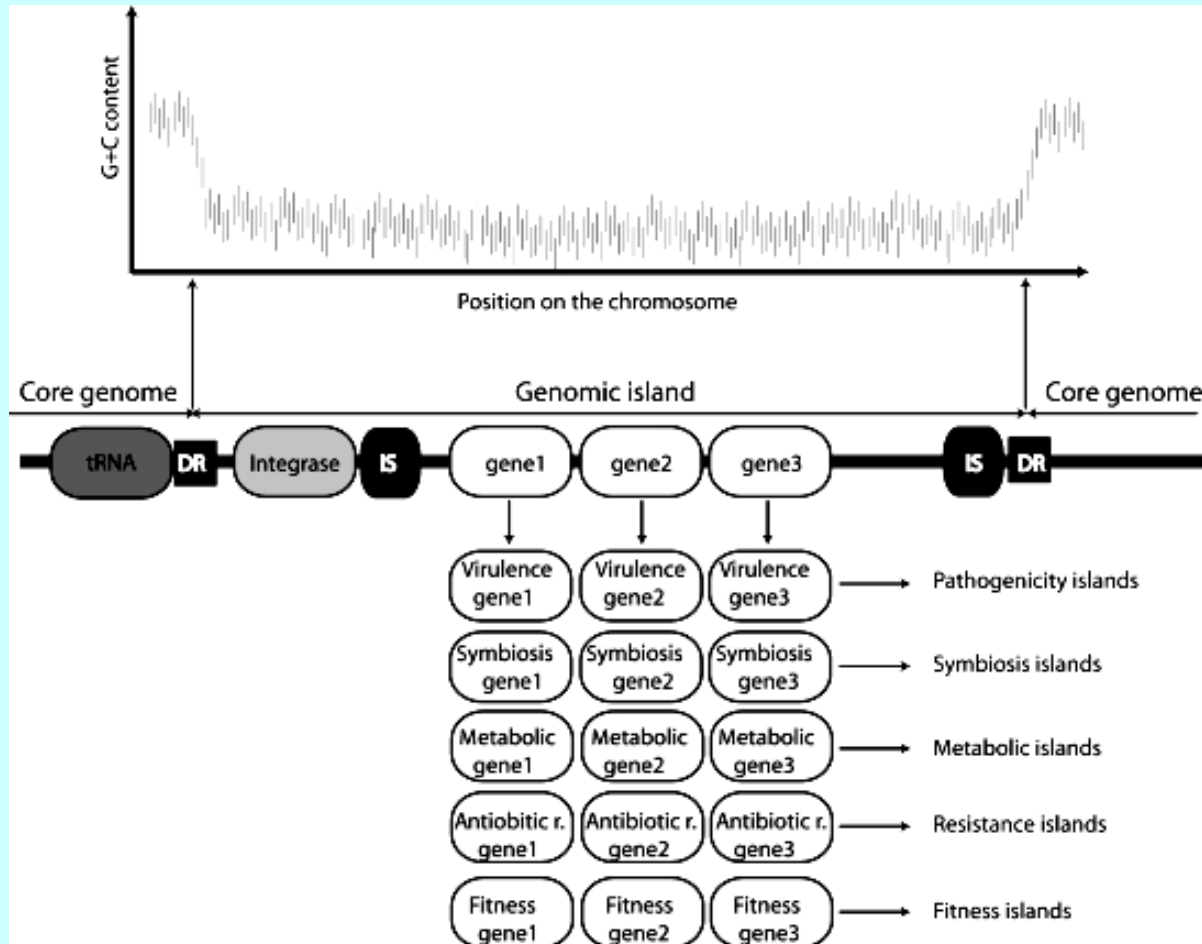
Genomické ostrovy („fitness“ ostrovy)

části genomů se znaky mobilních genetických elementů s odlišným obsahem GC, ohraničené repetitivními a geny pro mobilitu

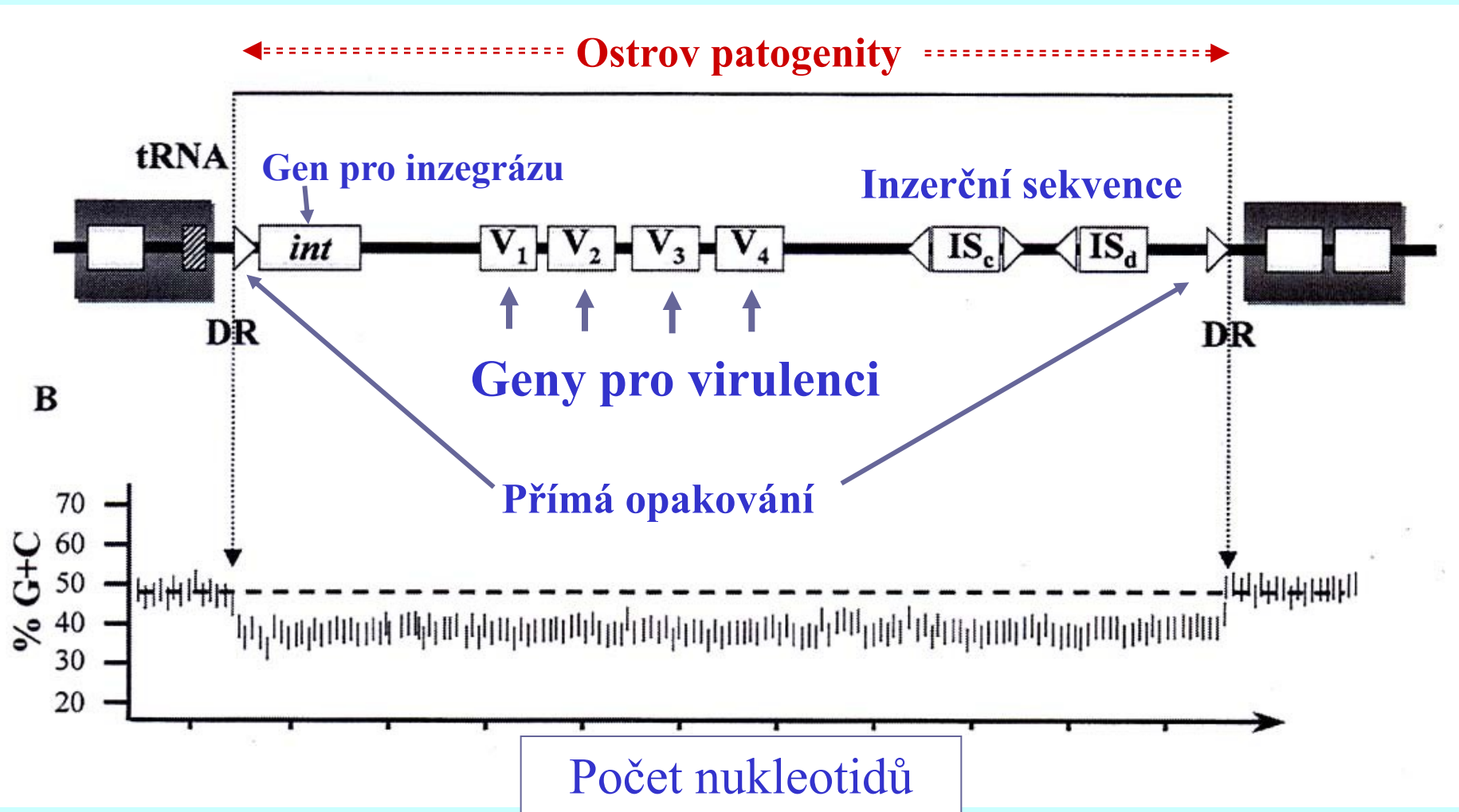
- ostrovy patogenity
- ekologické ostrovy
- saprofytické ostrovy
- symbiotické ostrovy

Charakteristické pro jednotlivé kmeny vrání dnu

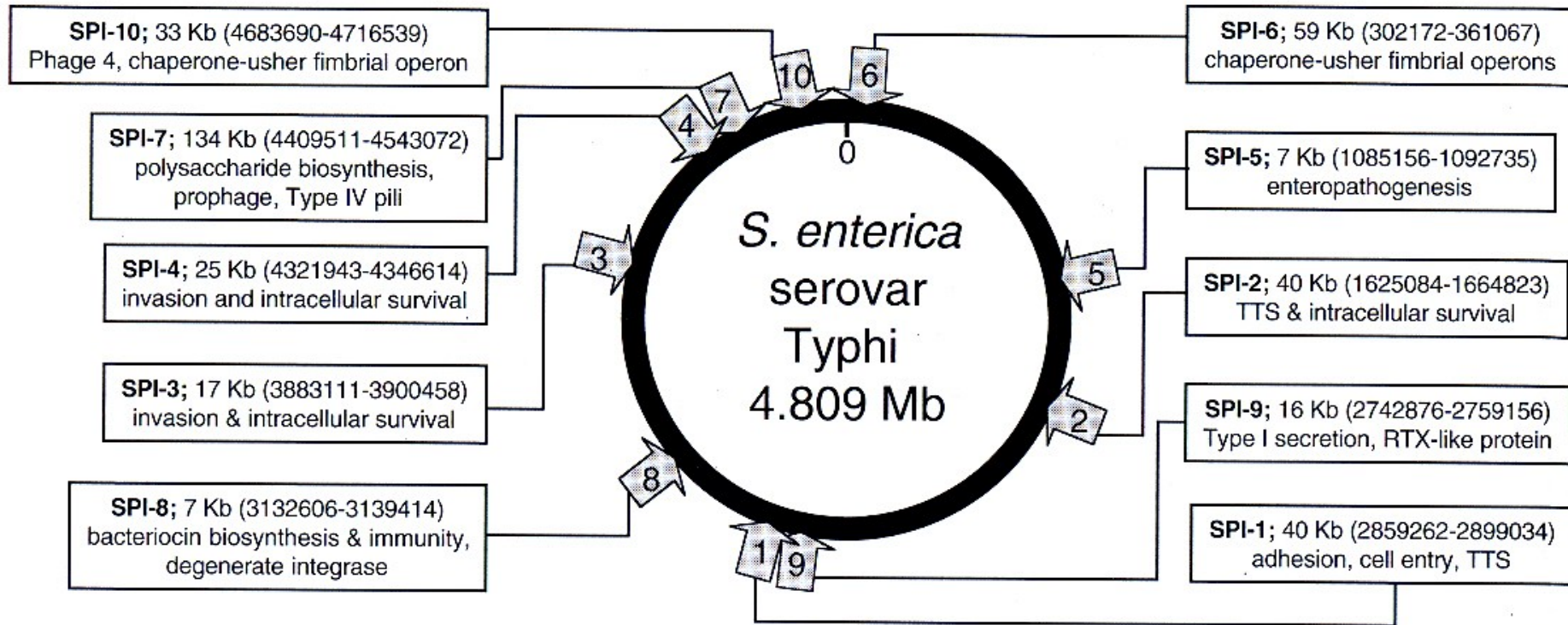
Obecné rysy genomických ostrovů (GEIs)



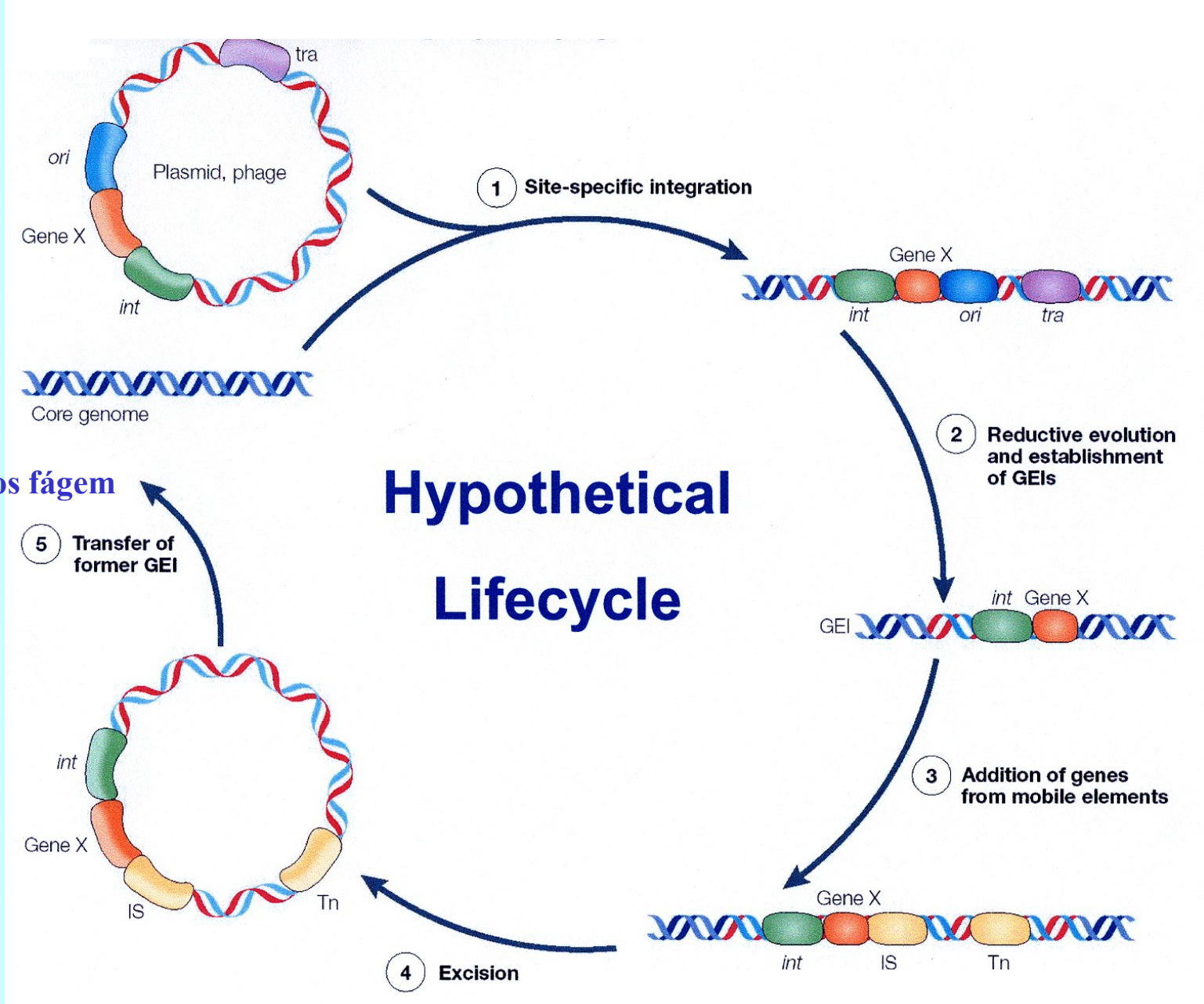
Obecná struktura ostrovů patogenity

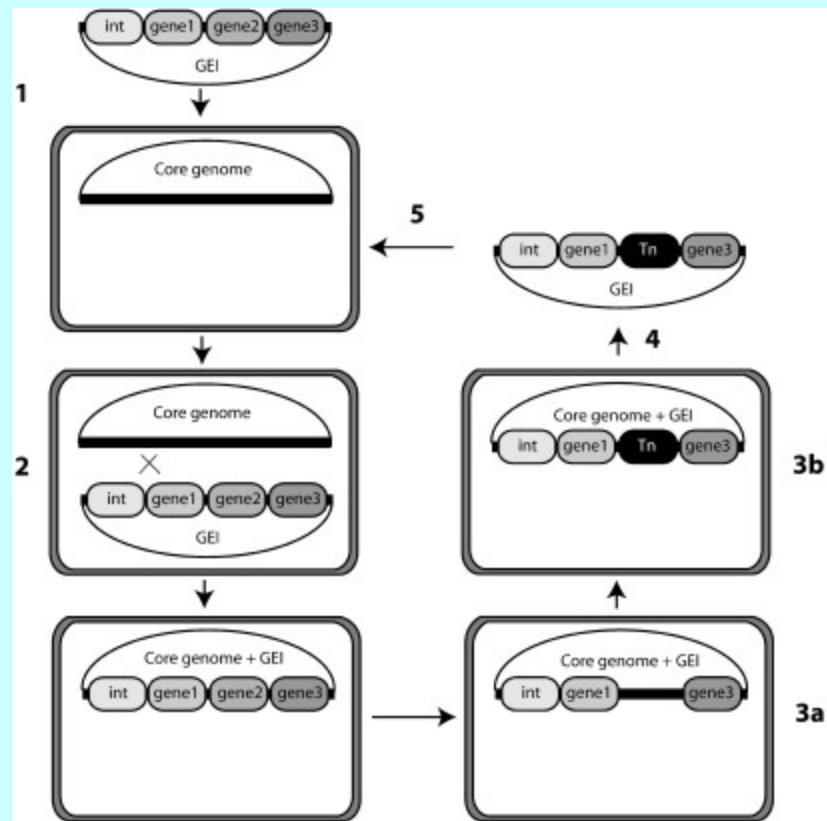


Distribuce ostrovů patogenity u *S. enteritica* serovar Typhi



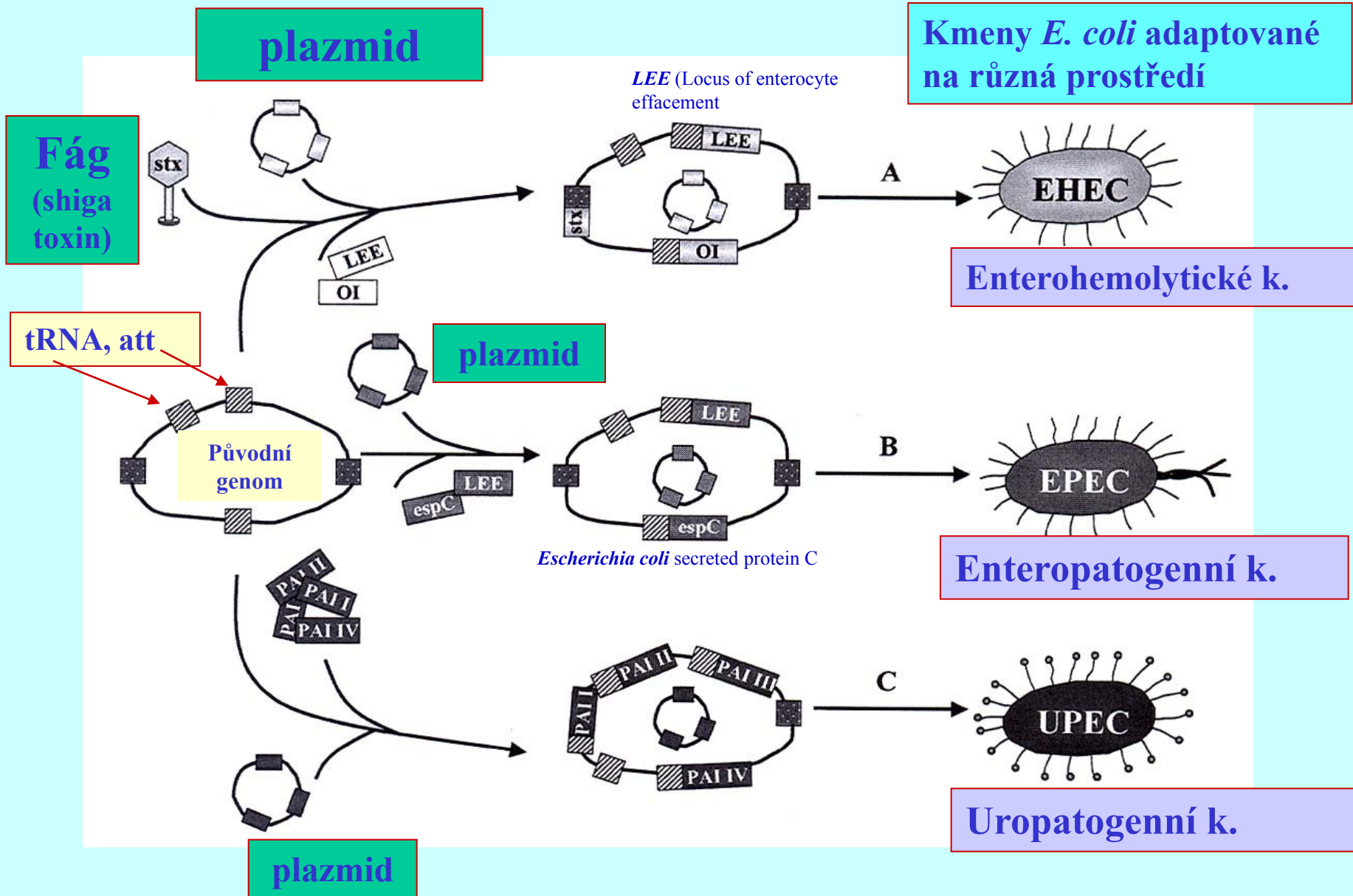
Vznik genomických ostrovů u patogenních a environmentálních mikrobuů



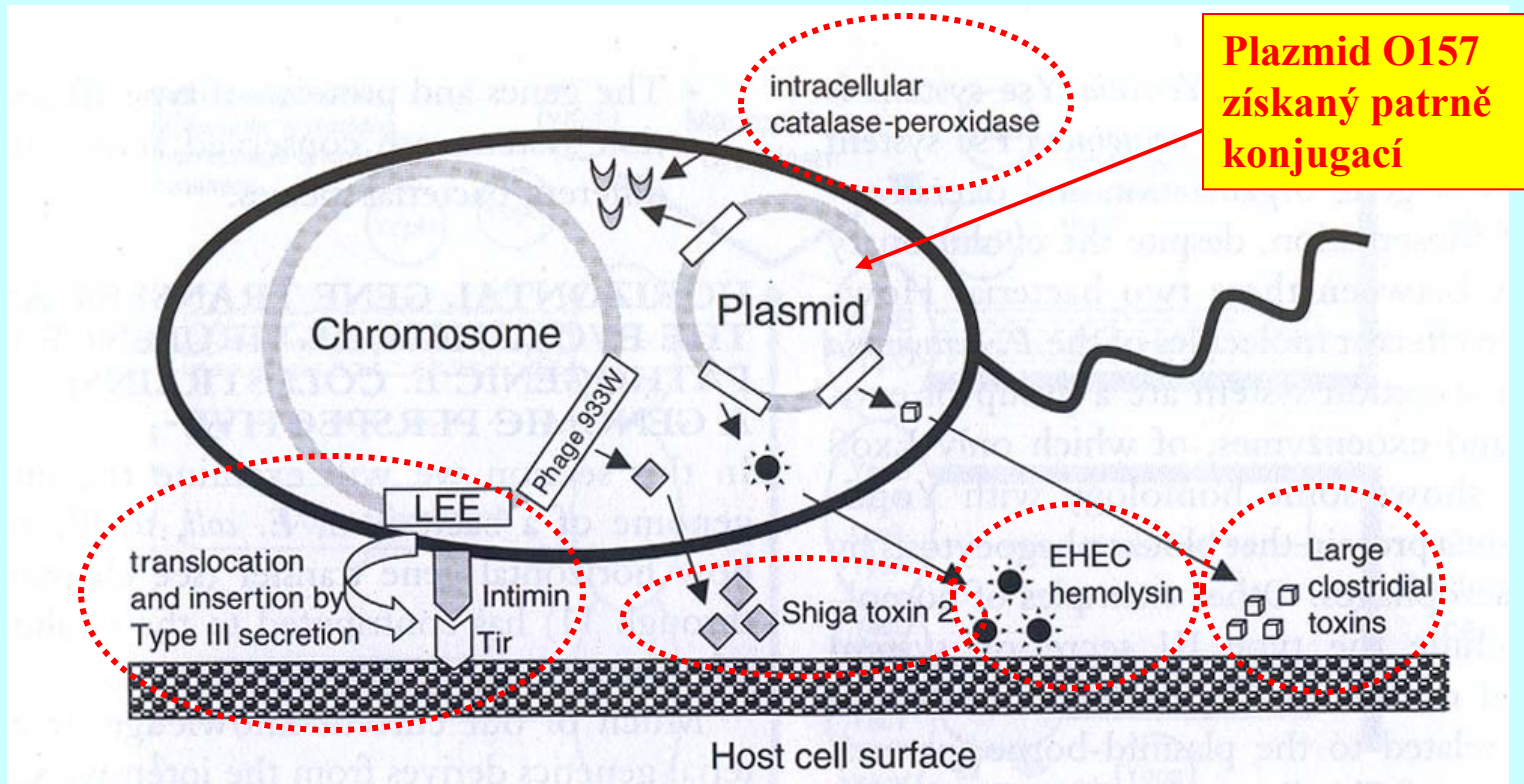


Integration, development and excision of GEIs. The schematic life-style of mobile GEI consists of the following steps: (1) acquisition by horizontal gene transfer; (2) integration into the host's chromosome by site-specific recombination; (3) development of the GEI by genetic rearrangements, gene loss (a) or gene acquisition (b); (4) excision from the chromosome; (5) transfer to another recipient

Model vzniku ostrovů patogenity u patogenních *E. coli*

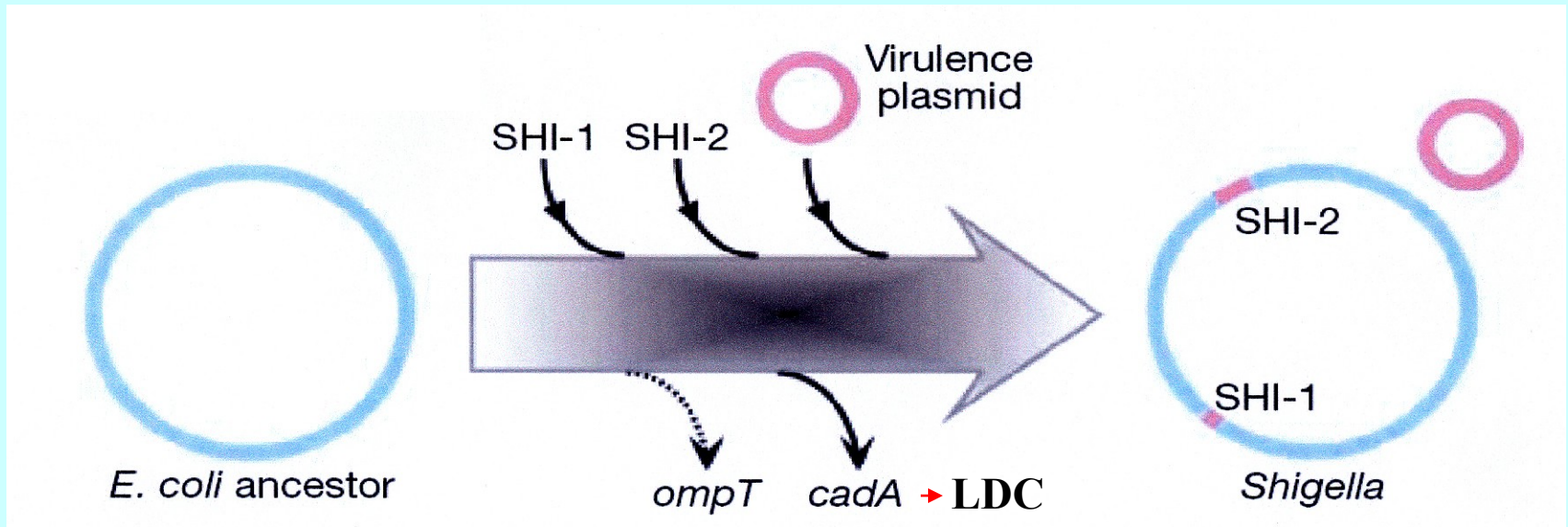


Horizontálně získané virulenční faktory zodpovědné za patogenitu enterohemorhagického kmene E. coli O157:H7



LEE = locus for enterocyte effacement (uchycení na střevní sliznici a její léze)

Sukcese genetických událostí vedoucích k virulenci druhů *Shigella*



Kmeny *Shigella* jsou odvozeny z *E. coli* po získání virulenčního plasmidu a dvou chromozomových genů (SHI-1, SHI-2) a po ztrátě několika málo genů z genomu *E. coli* (lyzindekarboxyláza – inhibice toxinů)

r. Shigella x Escherichia coli K-12

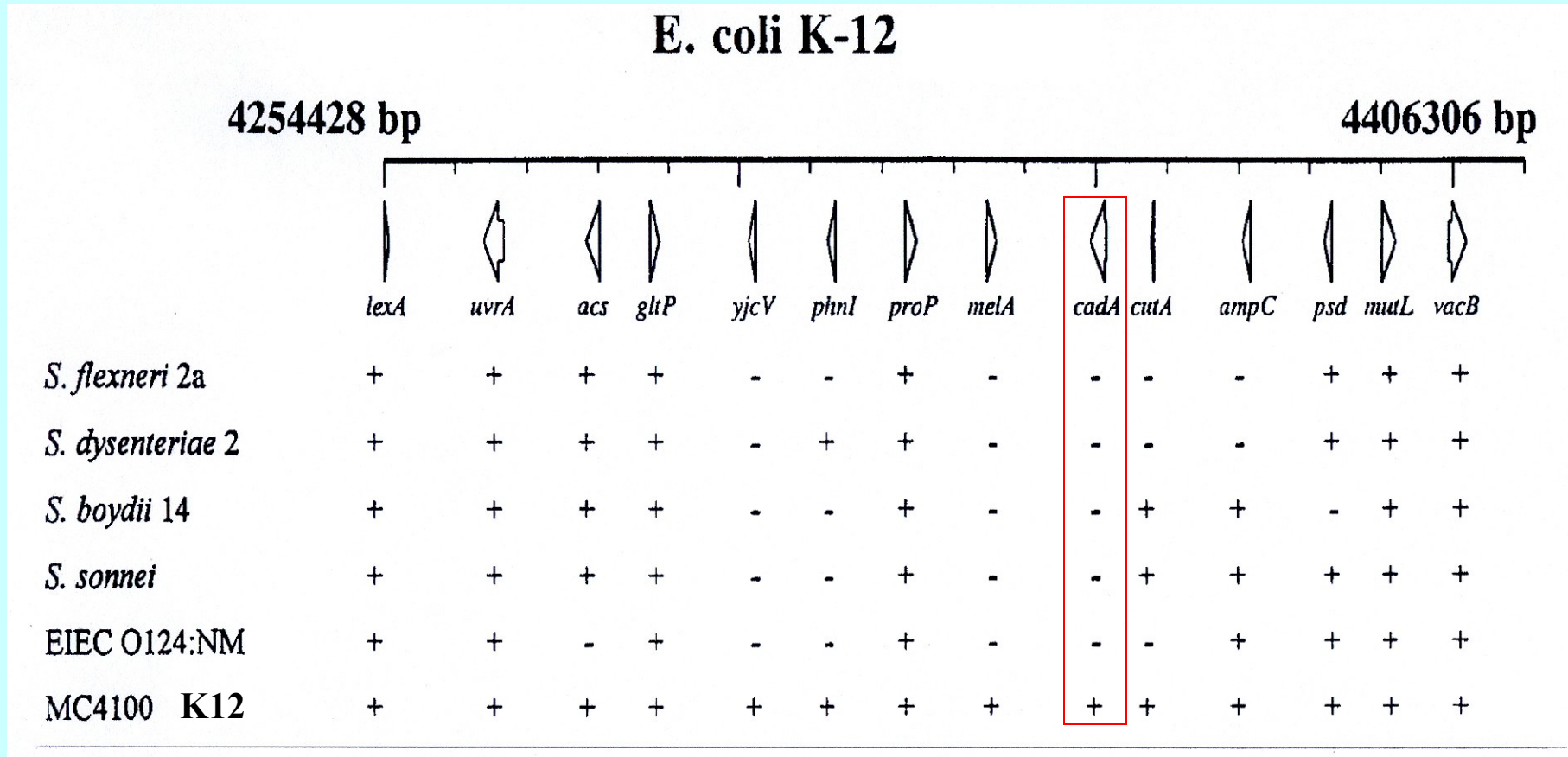
90% homologie DNA (!)

Kolinearita genů

Rekombinace po HGT

Vliv ztráty genů ztráty genů na patogenitu enterobakterí

Genomové delece („černé díry“) zvyšující virulenci u *Shigella* spp. a u enteroinvazivních kmenů *E. coli* (EIEC)



Výsledek hybridizace sond z 14 různých genů E. coli K12 z oblasti genomu 4254428-4406306 bp k genomové DNA reprezentativních kmenů *Shigella* a EIEC (+ = pozitivní hybridizace, - = negativní hybridizace)

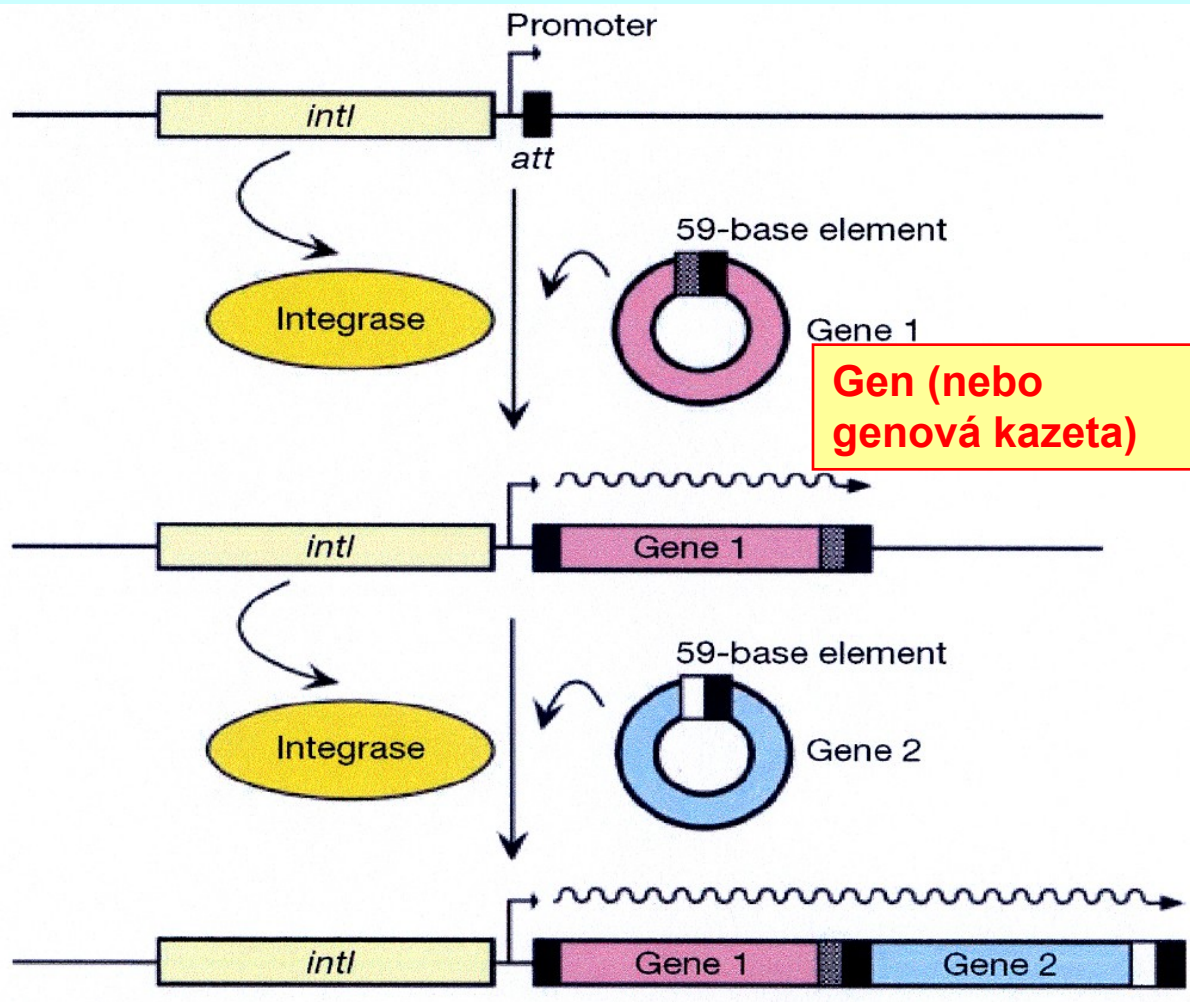
***Shigella* spp., původce bacilární dysentérie, se liší od příbuzných komensálních kmenů *Escherichia coli* přítomností plazmidu, který kóduje virulenční funkce. Patogenní bakterie však vedle toho mohou postrádat vlastnosti, které jsou charakteristické pro nepatogenní druhy.**

Enzym lysindekarboxyláza (LDC) je přítomna u $\approx 90\%$ kmenů *E. coli* strains, avšak vždy chybí u kmenů *Shigella*. Pokud je gen *cadA* kódující LDC zaveden do *Shigella flexneri* 2a, její virulence se sníží a je silně inhibována aktivita enterotoxinu.

Inhibitorem enterotoxinu je kadaverin, což je produkt reakce katalyzované LCD. Srovnání genomů *S. flexneri* 2a a laboratorního kmene *E. coli* K-12 ukázalo, že v oblasti, kde se nachází *cadA* je u shigely rozsáhlá delece. Vybrané kmeny *Shigella* spp. a enteroinvazivních kmenů *E. coli* mají podobné delece genu *cadA*.

Tyto výsledky naznačují, že patogenní kmeny *Shigella* spp. se vyvinuly z *E. coli* nejen po získání virulenčních genů nesených na plazmidu, ale současnou ztrátou genů v důsledku delece. Vytvoření těchto “černých děr”, tj. delece genů, které jsou škodlivé pro patogenní způsob života, představují evoluční proces, který umožňuje patogenu zvýšit jeho virulenci. To, že kadaverin snižuje aktivitu enterotoxinu, může představovat obecný návod a model pro “antitoxinovou terapii” – nový způsob léčby infekčních onemocnění.

ZACHYTÁVÁNÍ GENŮ INTEGRONY



Genová kazeta v CTn (v plazmidu)

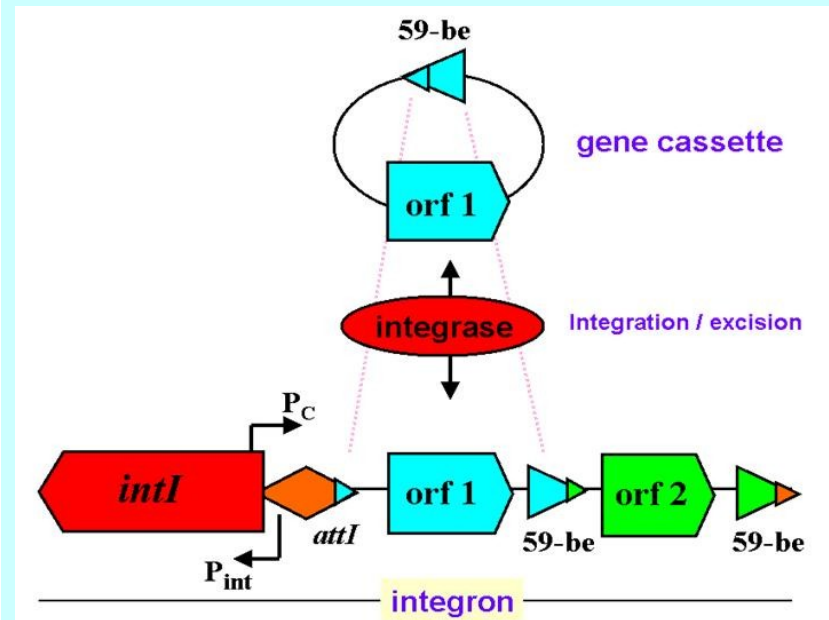
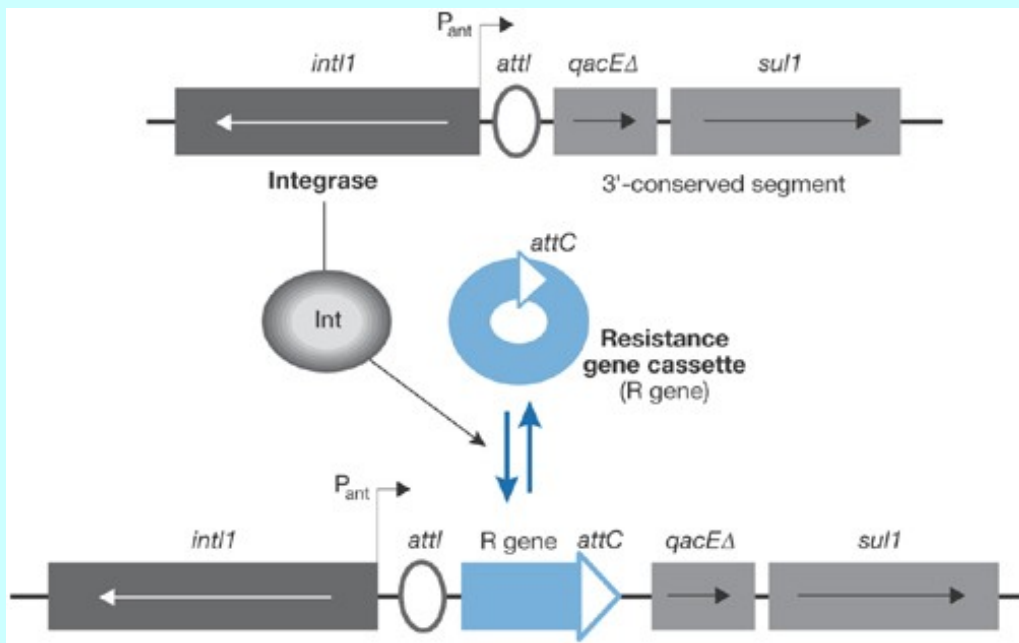
Integron obsahuje:

1. att místo, umožňující opakované zachycení genů nebo genových kazet

2. Gen *intI* kódující integrázu, rozpoznávající různá 59 bp rekombinační místa

3. Promotor umožňující expresi vloženého genu

***Vibrio cholerae* – obsahuje superintegrony s mnoha genovými kazetami**



The integron includes a site-specific recombination system capable of integrating and expressing genes contained in structures called mobile gene cassettes. Integrons were originally identified on mobile elements from pathogenic bacteria and were found to be a major reservoir of antibiotic-resistance genes. Integrons are now known to be ancient structures that are phylogenetically diverse and, to date, have been found in approximately 9% of sequenced bacterial genomes. Overall, gene diversity in cassettes is extraordinarily high, suggesting that the integron/gene cassette system has a broad role in adaptation rather than being confined to simply conferring resistance to antibiotics.

Integrans are genetic structures capable of capturing and excising gene cassettes, which usually encode antimicrobial drug resistance determinants. Although integrans are not self-mobilizable, they are usually found in association with transposons and are often located on plasmids, facilitating their mobility. Integrans are thus ideally suited for the dissemination and recombination of antimicrobial drug-resistance genes.

Integrans may usually be part of largest transposons, in turn often present on conjugative plasmid and integrative conjugative elements. That's the reason for being considered mobile genetic elements themselves.

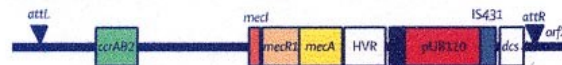
Typy stafylokokových chromozomových kazet (SCCmec) zodpovědných za rezistenci kmenů *S. aureus* k meticilinu

SCCmec type

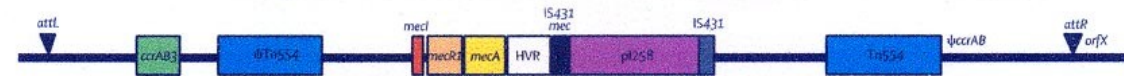
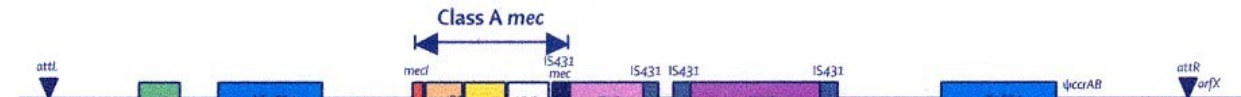
I-34 kb



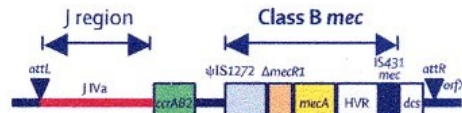
II-53 kb



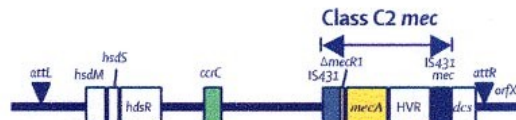
III-67 kb



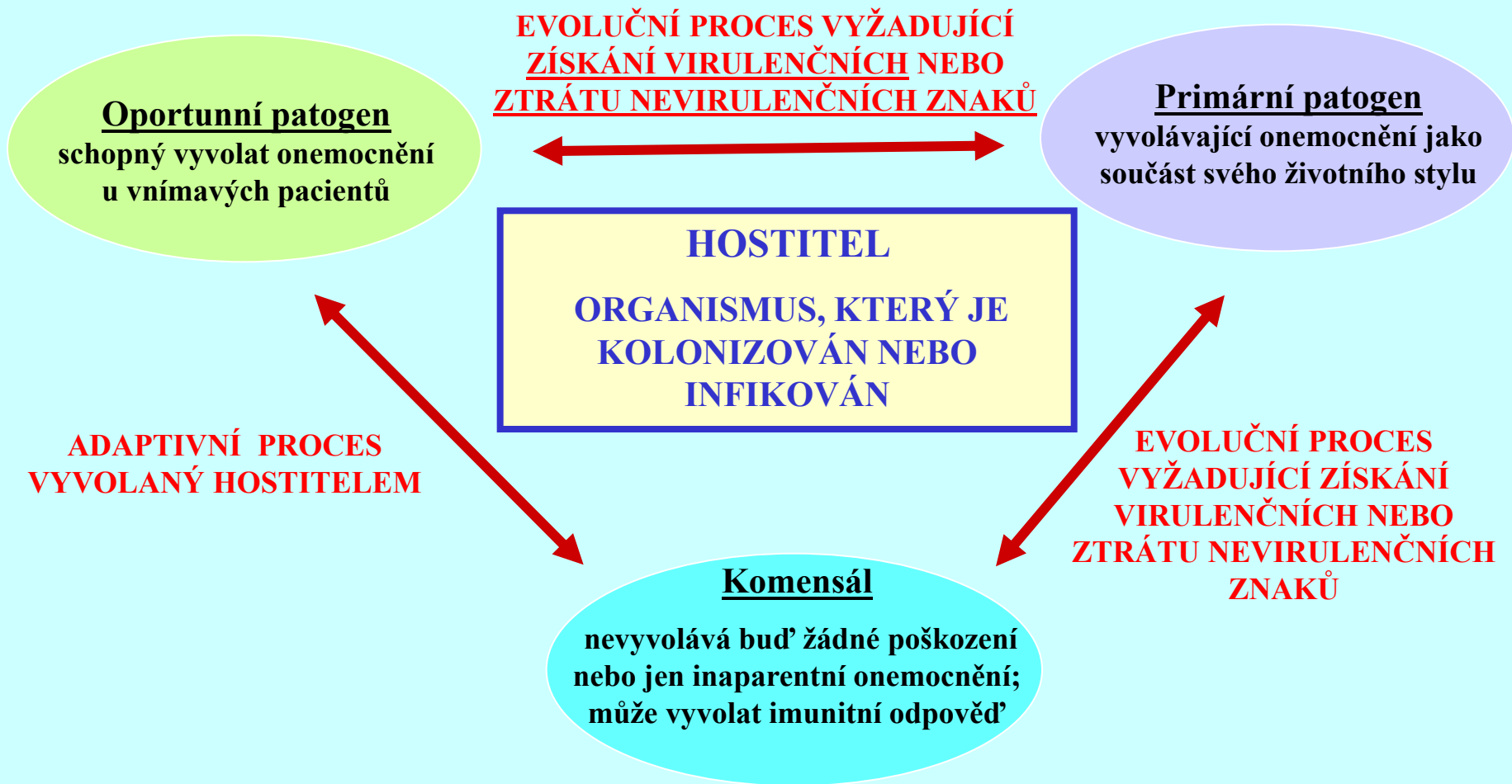
IVa-24 kb



V-28 kb



Interakce patogen-hostitel u bakteriálních infekčních onemocnění



Minimální genom

Definice: Základní sada esenciálních genů, kterou daný organismus potřebuje k udržení života.

Představuje silně redukovanou sestavu genů jeho genomu, která se liší v závislosti na životním stylu a podmínkách prostředí (růstové požadavky, dostupné zdroje živin atp).

Závisí na podmínkách experimentu, při nichž jsou esenciální geny určovány.

Cíle studia minimálního genomu

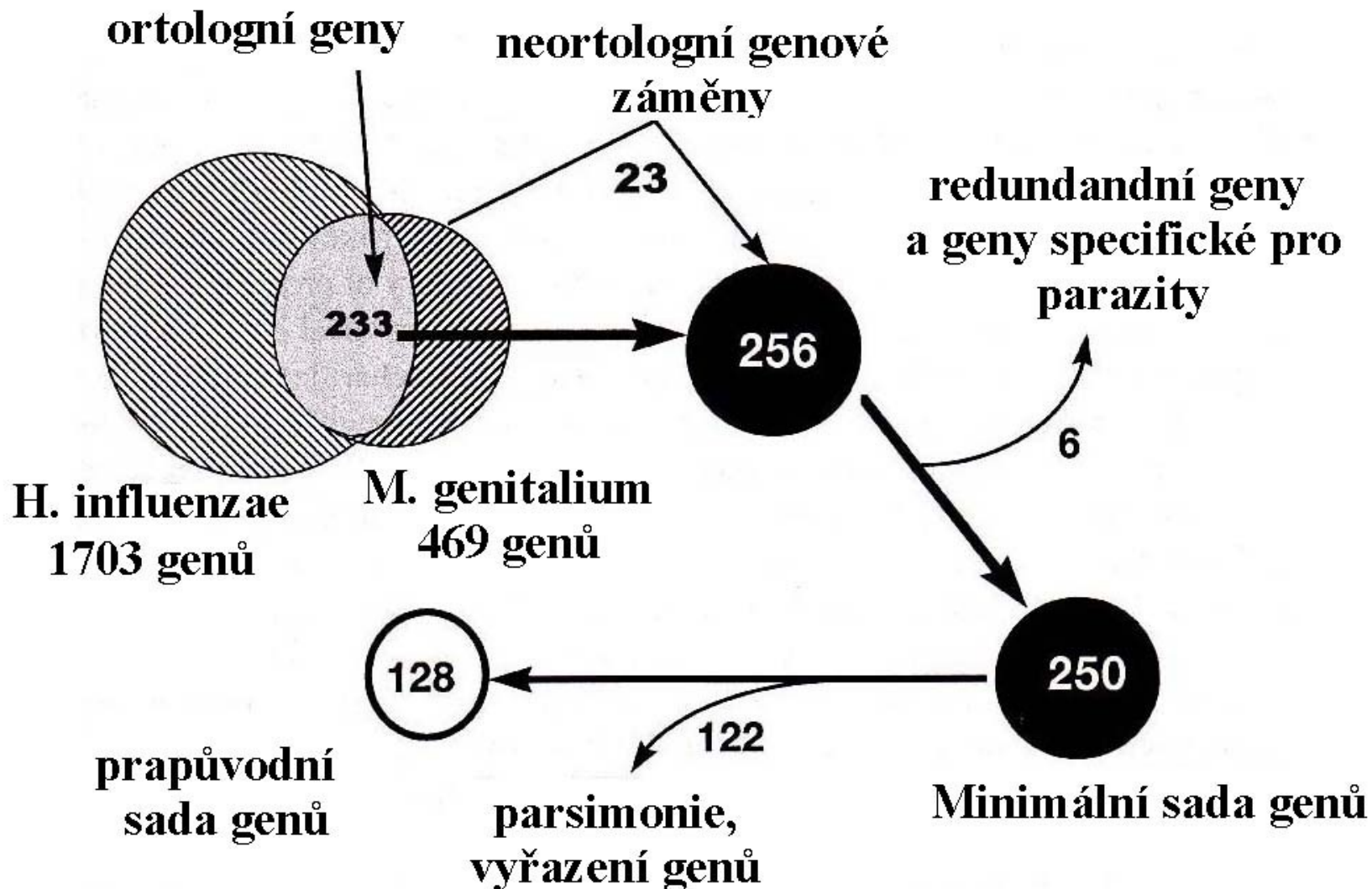
1. Poznání životně nezbytných enzymových funkcí – pochopení prebiotické existence – předchůdců prvních bakterií
2. Pochopení vývoje bakteriálních druhů
3. Předpoklad pro přípravu bakterií s umělým genomem (*Mycoplasma laboratorium*)
 - produkce látek pro průmyslové využití (paliva, plasty, farmaka)

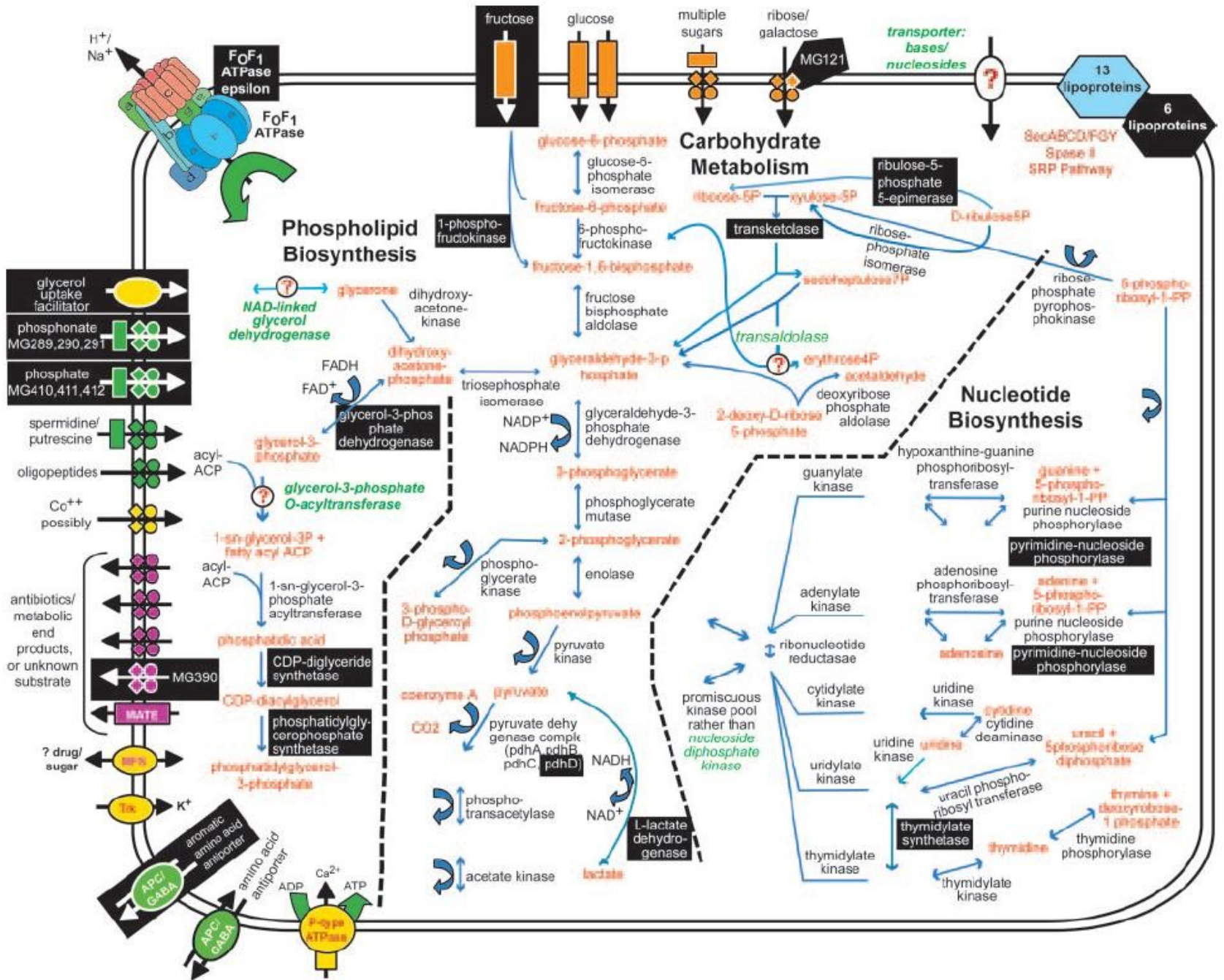
Přístupy ke stanovení minimálního genomu

A. Teoretické přístupy

- 1. Bioinformatický přístup – srovnání genomů různých organismů a vyhledání těch genů (genových funkcí), které jsou konzervovány u většiny druhů – tyto geny jsou esenciální, udržují se v podobných formách u všech**
- 2. Modelování buněčných procesů, zejména metabolických drah. Vyhledání biochemických modulů a jeho konfrontace s genetickým základem.**

Odhad minimální sady genů pro život buňky ze srovnání genomů *Haemophilus influenzae* a *Mycoplasma genitalium*





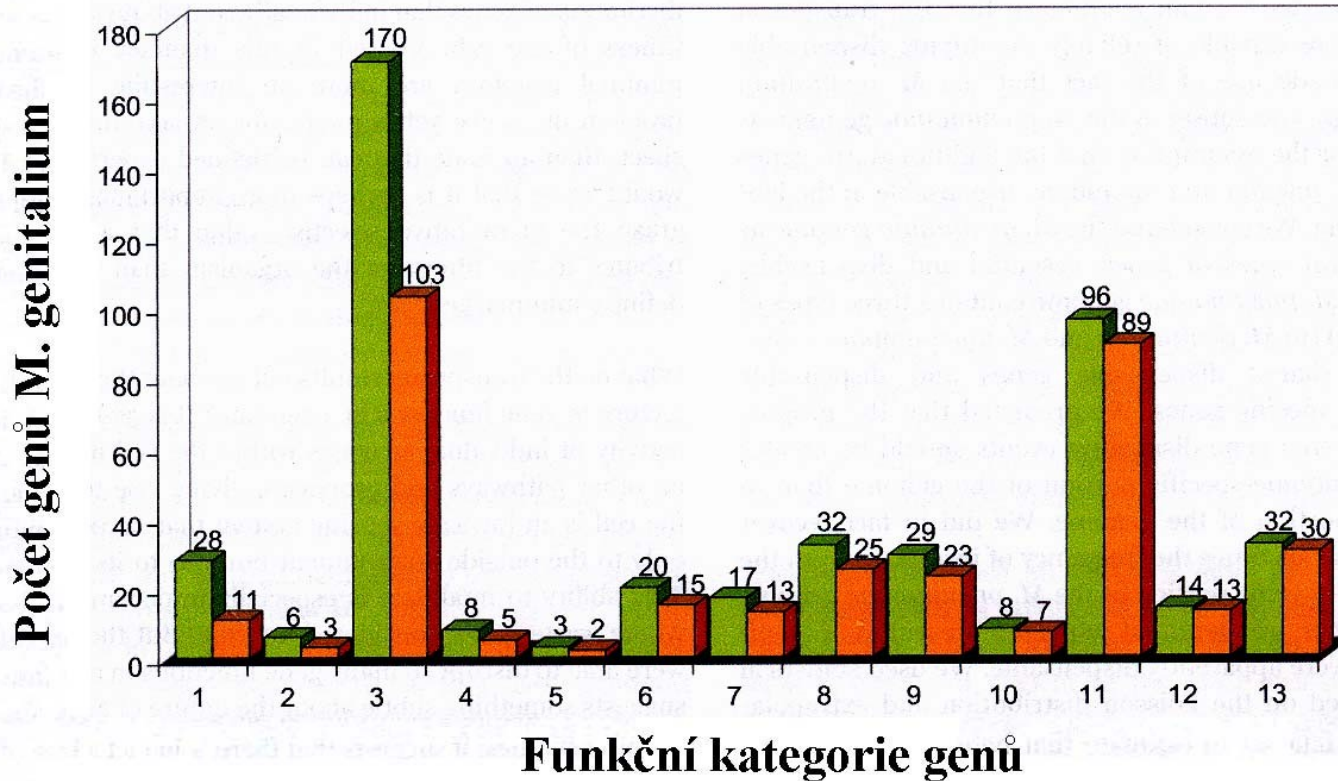
Přístupy ke stanovení minimálního genomu

B. Experimentální přístupy – navození delece genů

Gen, který je esenciální,

1. **Využití sebevražedných plazmidů.** Plazmid obsahuje sekvence homologní se sekvencemi ohraničující úsek genomu určený k deletování. Po začlenění plazmidu do genomu dojde k intramolekulární rekombinaci, která vede buď k odstranění plazmidu nebo žádaného úseku genomu (chromozomu). Lze využít též lineární DNA – princip je stejný jako u plazmidu).
2. **Transpozonová mutageneze.** Náhodné začlenění transpozonu vede k inzerční inaktivaci genů a ztrátě jejich funkcí
3. **Antisense RNA.** Inaktivace transkriptů strukturních genů.

Počty genů *Mycoplasma genitalium* podle jejich funkce a inaktivace transpozonovou mutagenezí

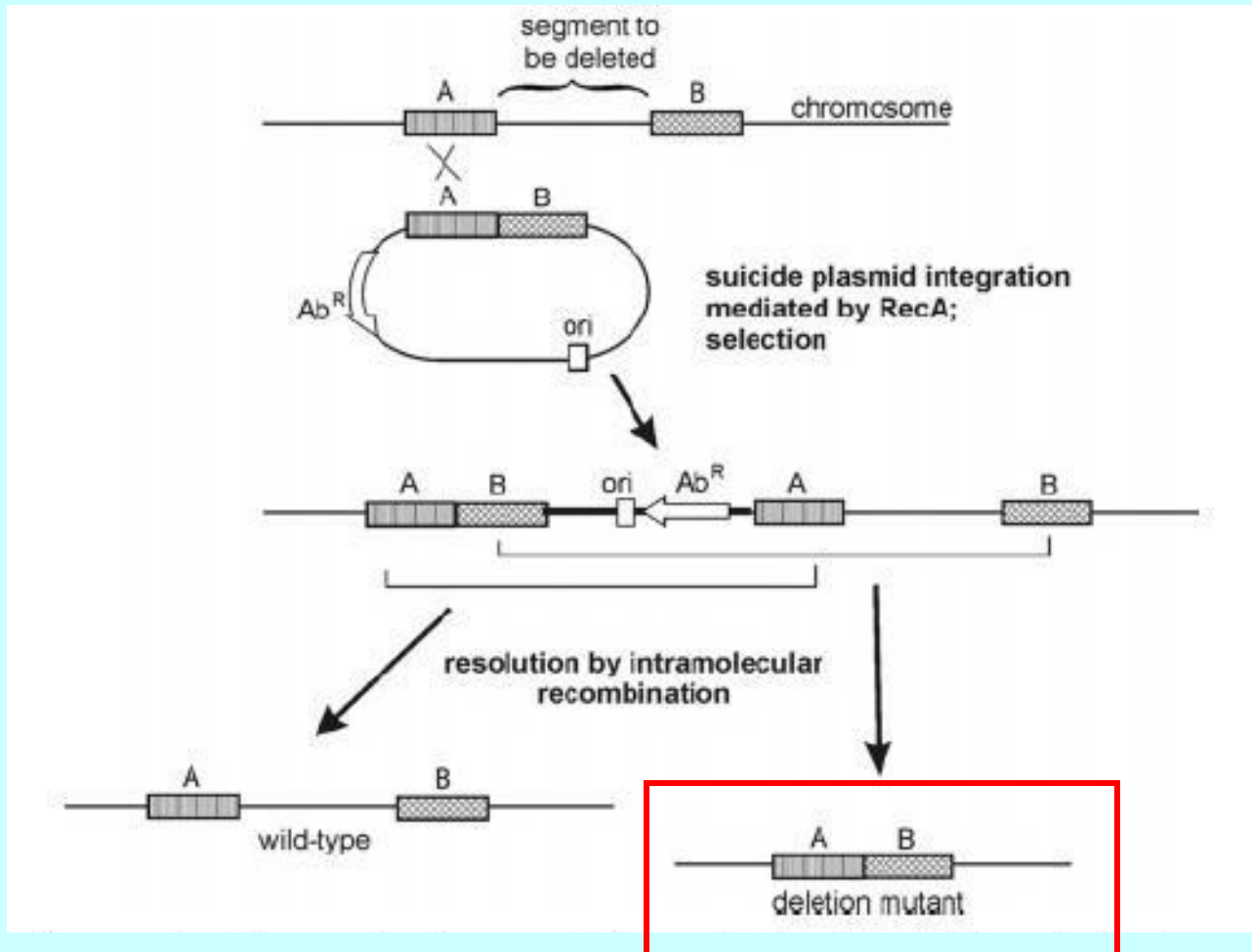


- | | |
|-------------------------|-------------------------------------|
| 1. Buněčný obal | 8. Transport |
| 2. Regulace | 9. Replikace, rekombinace, reparace |
| 3. NEZNÁMÁ FUNKCE | 10. Metabolismus lipidů |
| 4. Metabolismus | 11. Translace |
| 5. Biosyntéza kofaktorů | 12. Buněčné procesy |
| 6. Metabolismus Pu a Py | 13. Energie |
| 7. Transkripce | |

 Počet genů v jednotlivých funkčních kategoriích u *M. genitalium*

 Počet genů, které nebyly přerušeny při transpozonové mutagenezi

Navození delece úseku chromozomu pomocí plazmidu



Srovnání informačního obsahu sekvencovaných genomů

- Počet informačních genů je v každém genomu zhruba stejný, i když se jejich velikosti značně liší.
- Počet genů ostatních funkčních kategorií je mnohem variabilnější a má tendenci se zvyšovat.
- Se zvyšováním velikosti genomu přibývá paralogních genů a z větší se též biochemická komplexita organismu.
- Jedna čtvrtina ORF u každého druhu je jedinečná a nemá významnou sekvenční homologii k žádné dostupné proteinové sekvenci.

Zhruba třetina (~100) esenciálních genů nemá žádnou ze známých funkcí

ZÁVĚRY VYVOZENÉ Z ANALÝZY MINIMÁLNÍCH GENOMŮ

- Každý genom obsahuje dva typy genů
 - Esenciální geny zajišťující základní biologické procesy
 - Geny pro dosažení selektivní výhody v daném prostředí (metabolismus – nové substráty, nové faktory virulence)
- Minimální sada genů je společná pro všechny druhy (současný odhad ~ 206 kódujících genů)
- Prostředí určuje, který gen je pro daný druh esenciální a který je postradatelný

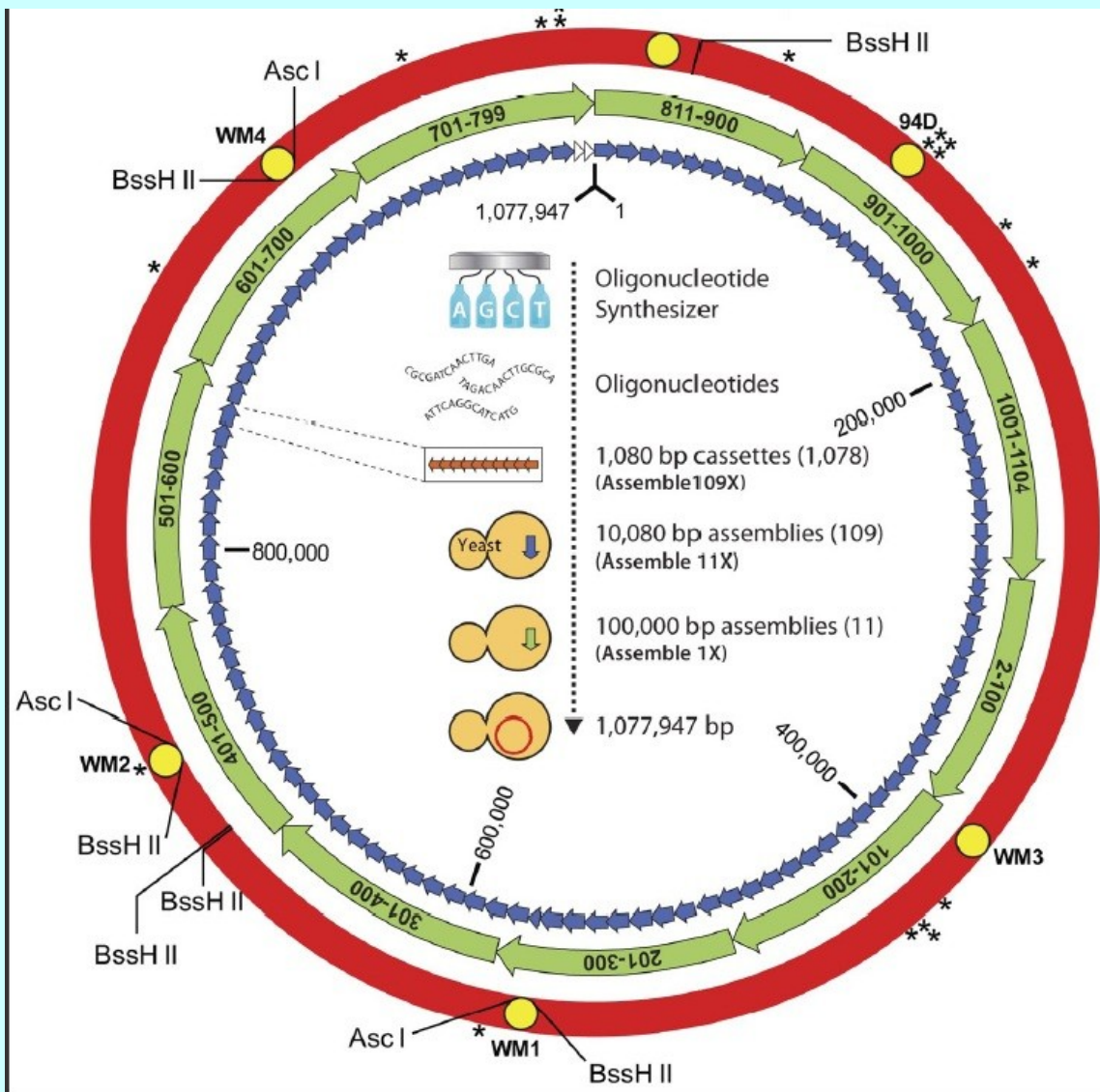
Science 2 July 2010: vol. 329 no. 5987 pp. 52-56

Creation of a Bacterial Cell Controlled by a Chemically Synthesized Genome

The assembly of a synthetic *M. mycoides* genome in yeast. A synthetic *M. mycoides* genome was assembled from 1078 overlapping DNA cassettes in three steps. In the first step, 1080-bp cassettes (orange arrows), produced from overlapping synthetic oligonucleotides, were recombined in sets of 10 to produce 109 ~10-kb assemblies (blue arrows). These were then recombined in sets of 10 to produce 11 ~100-kb assemblies (green arrows). In the final stage of assembly, these 11 fragments were recombined into the complete genome (red circle). With the exception of two constructs that were enzymatically pieced together in vitro (white arrows), assemblies were carried out by in vivo homologous recombination in yeast. Major variations from the natural genome are shown as yellow circles. These include four watermarked regions (WM1 to WM4), a 4-kb region that was intentionally deleted (94D), and elements for growth in yeast and genome transplantation. In addition, there are 20 locations with nucleotide polymorphisms (asterisks). Coordinates of the genome are relative to the first nucleotide of the natural *M. mycoides* sequence. The designed sequence is 1,077,947 bp. The locations of the Asc I and BssH II restriction sites are shown. Cassettes 1 and 800-810 were unnecessary and removed from the assembly strategy. Cassette 2 overlaps cassette 1104, and cassette 799 overlaps cassette 811.

Mycoplasma
mycoides

Mycoplasma
capricolum



Science 2 July 2010: vol. 329 no. 5987 pp. 52-56

Creation of a Bacterial Cell Controlled by a Chemically Synthesized Genome

