Phylogenetic analysis of genomic islands in closely-related species belonging to *Sinorhizobium* sp.

Vladimirova M.E., Muntyan V.S., Saksaganskaya A.S., Simarov B.V., Roumiantseva M.L.

All-Russia Research Institute for Agricultural Microbiology, Saint-Petersburg, Russia

E-mail: mariiavladimirova@mail.ru

Key message. Genomic islands of closely related *S. meliloti* and *S. medicae* species were evaluated and homologous sequences were identified; it has been suggested that horizontal gene transfer occurs at homologous tRNA sites.

Keywords: genomic islands, site-specific integration, nodule bacteria, *Sinorhizobium* sp.

Genomic islands (GIs) are widespread among strains of *Sinorhizobium meliloti* – nitrogen-fixing symbionts of alfalfa [Muntyan et al. 2016]. While data about GIs in the genomes of a closely related *S. medicae* species, symbionts of annual alfalfa are limited [Cherkasova et al. 2019].

Chromosomes of the reference strains *S. medicae* WSM419 and *S. meliloti* Rm1021 are contained GIs of unknown function inserted into different tRNA genes. GIs of WSM419 designated as Sme4.42S and Sme4.51K (42 and 51 kb), GIs of Rm1021 are Sme21T, Sme19T and Sme80S (19, 21 and 80 kb): hereinafter 42S, 51K, 21T, 19T and 80S. GI in genomes of 60 strains of *S. medicae* and 26 strains of *S. meliloti* (GenBank) were searched by applying Islander algorithm, GIs sequences analysis was done by Mauve and BLASTn.

In the genomes of 26 strains of *S. meliloti* the 30 GIs inserted into tRNAs in which were identified GIs: 42S, 51K, 21T, 19T, and 80S, were found. The 10 out of 30 GIs were inserted into tRNA-Trp^{GGT} and in tRNA-Lys^{CTT}. In the genomes of *S. medicae* the 14 GIs were detected, but the 6 GIs were inserted into tRNA-Thr^{CGT} and the 5 GIs into tRNA-Ser^{TGA}. The occurrence of GIs among *S. meliloti* and *S. medicae* strains were significantly distinct ($P = 0.006$).

The analysis of GIs inserted into identical tRNAs in *S. meliloti* and *S. medicae* was carried out. It was found that GIs of the 3 *S. medicae* strains were inserted into tRNA-Thr^{CGT} and these GIs had extended sequences homologous to GI of *S. meliloti* B399 (tRNA-Thr^{CGT}; cover/identity is 61/88%). GI integrated into the same tRNA-Thr^{CGT} of *S. medicae* USSDA1611 is homologous to GI of *S. meliloti* AK83 (tRNA-Thr^{CGT}); GI of *S. medicae* Str8 (tRNA-Thr^{CGT}) had also similar homologous sequences (cover/identity (%): 20/84). It was found that the sequences of the 4 GIs of *S. medicae* did not have homology with GIs of *S. meliloti*, although they were inserted into the corresponding analogous tRNAs (tRNA-Thr^{GGT}, tRNA-Ser^{TGA} and tRNA-Lys^{CTT}).

Thus, common predominant sites for site-specific recombination in closely related species of *Sinorhizobium* sp. and the presence of homologous gene blocks in GIs of *S. meliloti* and *S. medicae* were identified. That is indicated at the intensive horizontal transfer of genetic information between bacteria from the same genus.

This work was supported by the RFBR 18-04-01278 a (analysis of GIs of *S. medicae*).

Филогения геномных островов у близкородственных видов рода *Sinorhizobium* sp.

Владимирова М.Е., Мунтян В.С., Саксаганская А.С., Симаров Б.В., Румянцев М.Л.

ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии», Санкт-Петербург, Россия

Аннотация. Показано, что геномные острова ризобий близкородственных видов *S. meliloti* и *S. medicae* имеют гомологичные последовательности; выдвинуто предположение, что горизонтальный перенос генов происходит по сайтам гомологичных тРНК.

Ключевые слова: геномные острова, сайт-специфическая рекомбинация, клубеньковые бактерии, *Sinorhizobium* sp.

Геномные острова (ГО) – сайт-специфически интегрированные в геном бактерий последовательности, функциональная роль которых предопределяется локализованными в них генами. Показано, что ГО распространены у *Sinorhizobium meliloti* – азотфиксирующие симбионты люцерны [Мунтян и др. 2016]. Данные о наличии ГО в геномах близкородственного вида *S. medicae*, симбионтов однолетних видов люцерн, ограничены [Cherkasova et al. 2019].

В хромосомах модельных штаммов *S. medicae* WSM419 и *S. meliloti* Rm1021 выявлены ГО неизвестной функции: Sme4.42S и Sme4.51K (42 и 51 т.п.н.) в WSM419, а Sme21T, Sme19T и Sme80S (21, 19, и 80 т.п.н.) в Rm1021 (далее 42S, 51K, 21T, 19T и 80S); указанные ГО встроены в последовательности разных генов тРНК. Проведен анализ геномов 60 штаммов *S. medicae* и 26 штаммов *S. meliloti* (GenBank) на наличие ГО с использованием алгоритма Islander и их последовательностей с применением Mauve и BLASTn.

В геномах 26 штаммов *S. meliloti* выявлено 30 ГО, встроенных в тРНК, в которых присутствуют ГО 42S, 51K, 21T, 19T и 80S. При этом по 10 ГО выявлены в тРНК-Trp^{GGT} и в тРНК-Lys^{CTT}. В геномах *S. medicae* выявлено 14 ГО, при этом наибольшее число ГО (6 ГО) было встроено тРНК-Trp^{CGT}, и тРНК-Ser^{TGA} (5 ГО). Различия по встречаемости ГО между *S. meliloti* и *S. medicae* достоверны ($P = 0.006$).

Проведен анализ ГО, встроенных в одинаковые тРНК у *S. meliloti* и *S. medicae*. Установлено, что ГО 3-х штаммов *S. medicae*, встроенные в тРНК-Trp^{CGT}, имели протяженные последовательности гомологичные таковым ГО *S. meliloti* B399 (тРНК-Trp^{CGT}) (cover/identity (%): 61/88). ГО, встроенный в тРНК-Trp^{CGT} *S. medicae* USSDA1611 гомологичен ГО *S. meliloti* AK83 (тРНК-Trp^{CGT}); ГО *S. medicae* Str8 также имел гомологичные им последовательности (cover/identity (%): 20/84). Установлено, что последовательности 4-х ГО *S. medicae* не имели гомологии с ГО *S. meliloti*, хотя они были встроены в соответствующие аналогичные тРНК (тРНК-Trp^{GGT}, тРНК-Ser^{TGA} и тРНК-Lys^{CTT}).

Таким образом, выявлены общие преимущественные сайты специфической рекомбинации для близкородственных видов *Sinorhizobium* sp. и наличие гомологичных блоков генов в ГО *S. meliloti* и *S. medicae*, что указывает на интенсивный обмен генетической информацией между бактериями внутри рода.

Работа выполнена при поддержке РФФИ 18-04-01278 а (анализ ГО *S. medicae*).