



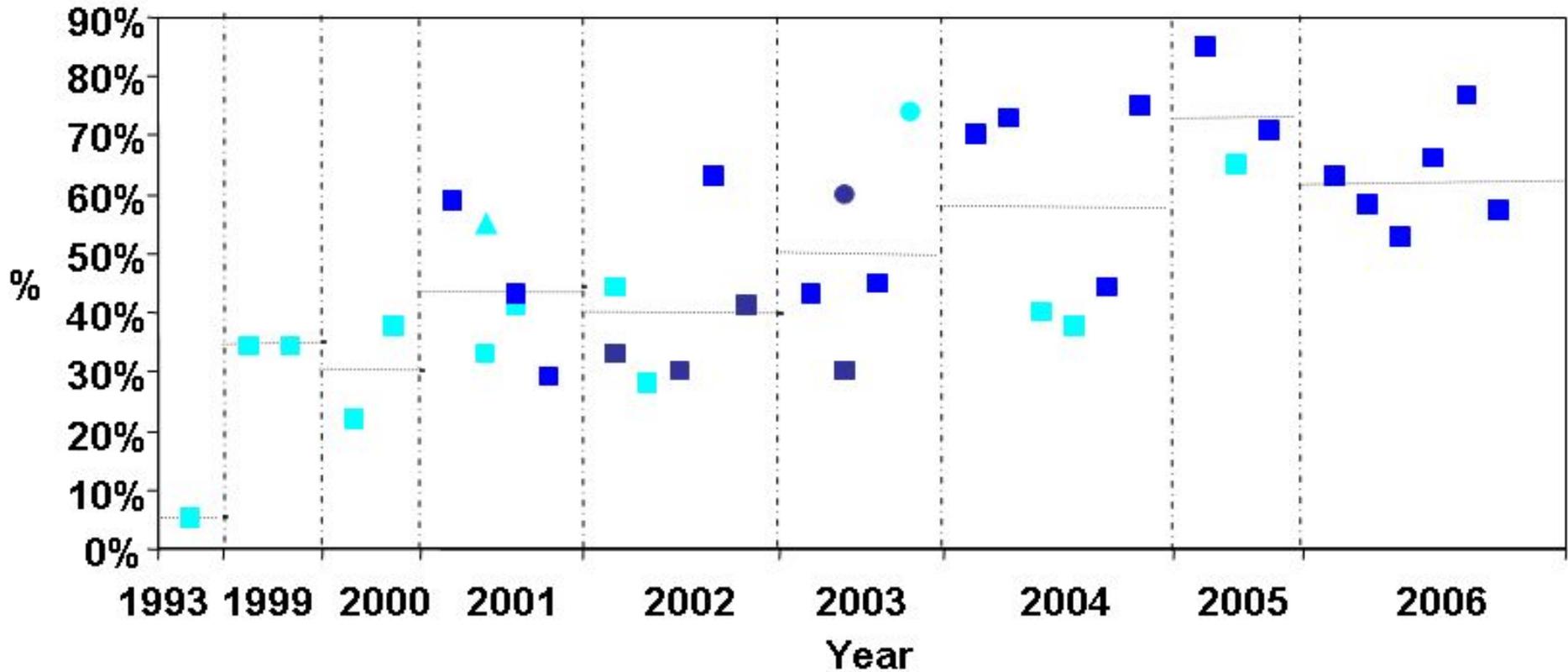
# Альтернативный сплайсинг – детская площадка эволюции

**М.Гельфанд**

*Институт проблем передачи информации  
им. А.А.Харкевича РАН*

«Молекулярная и клеточная биология», 2 апреля 2007

# Оценки % альтернативно сплайсируемых генов млекопитающих (по году публикации)



■ Человек (выборка из генома)

■ Все гены

■ Человек (полные хромосомы)

● Только гены с  $\geq 2$  экзонами

■ Мышь (выборка из генома)

▲ Гены с высоким покрытием EST

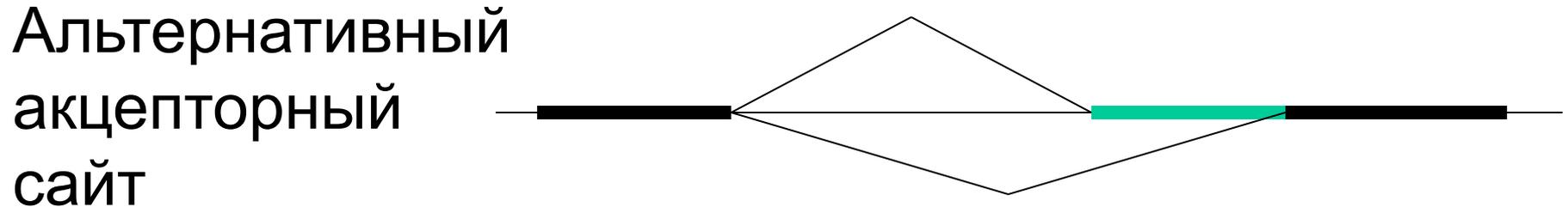
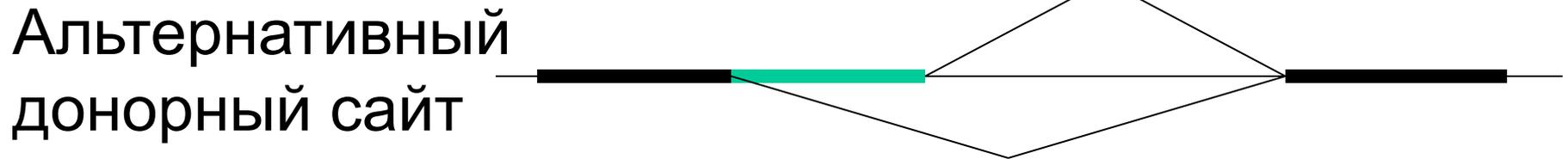
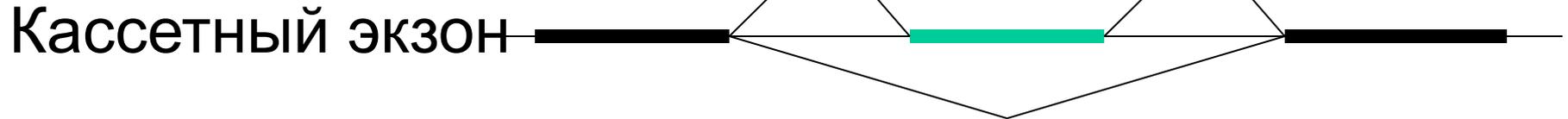
# Значение альтернативного сплайсинга

- **Функциональное:**
  - поддержание белкового разнообразия
    - Человек: ~30.000 генов, >100.000 белков
  - поддержание белкового **едино**образия
    - Например, секретлируемые, мембранные и цитоплазматические изоформы
  - регуляция?
- **Эволюционное**

# Общий план

- **Эволюция альтернативной экзон-интронной структуры**
  - млекопитающие: человек, мышь, собака
  - двукрылые насекомые: *Drosophila melanogaster*, *D. pseudoobscura*, *Anopheles gambiae*
- **Скорость эволюции и тип отбора в постоянных и альтернативных областях**
  - Человек и мышь
  - *D. melanogaster* и *D. pseudoobscura*
  - человек-шимпанзе vs. человеческие SNP
- **Альтернативный сплайсинг и структура белка**

# Элементарные альтернативы



И т.д.: взаимоисключающие экзоны,  
удержанные интроны, сложные альтернативы

# EDAS: альтернативный сплайсинг генов человека

20809 генов;  
114568 мРНК;  
91835 белков;  
51713 альтернатив,  
из них 31746  
элементарных

The screenshot displays the EDAS (EST-Derived Alternative Splicing Database) interface in a Microsoft Internet Explorer browser window. The page title is "EDAS: EST-Derived Alternative Splicing Database". The main content area shows the gene structure for "collagen, type XVI, alpha 1" on "Chromosome 1". The gene is represented by a horizontal line with numerous exons (brown boxes) and introns (lines between boxes). A zoom slider on the right indicates a zoom level of 1:59. Below the gene structure, there is a legend for "Supporting evidence": brown boxes for Protein(s), blue boxes for ESTs from several clone libraries, green boxes for mRNA(s), and red boxes for ESTs from a single clone library. A "View in scale" button is also present. Below the legend, there is a "Confirmation level" dropdown menu set to "Optimized" and a "Change" button. At the bottom of the main content area, there are links for "Previous gene" and "Next gene".

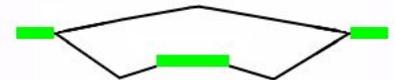
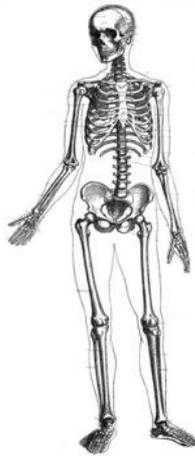
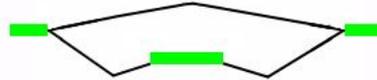
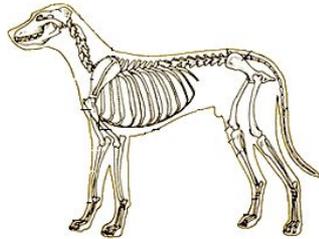
**Alternatives:**

<a href="#">Cassette type alternative is observed between 212 and 3934</a>	212;1822..1928;3934; 212;3934;	Observed on the level of mRNA(s) Observed on the level of 1 EST(s) library
<a href="#">Cassette type alternative is observed between 24007 and 24364</a>	24007;24364; 24007;24198..24245;24364;	Observed on the level of 3 EST(s) library Observed on the level of protein(s)
<a href="#">Cassette type alternative is observed between 32434 and 35194</a>	32434;35194; 32434;33403..33447;35194;	Observed on the level of 1 EST(s) library Observed on the level of protein(s)
<a href="#">Donor site type alternative is observed between 38431 and 38815</a>	38431..38466;38815; 38431..38545;38815;	Observed on the level of protein(s) Observed on the level of 1 EST(s) library

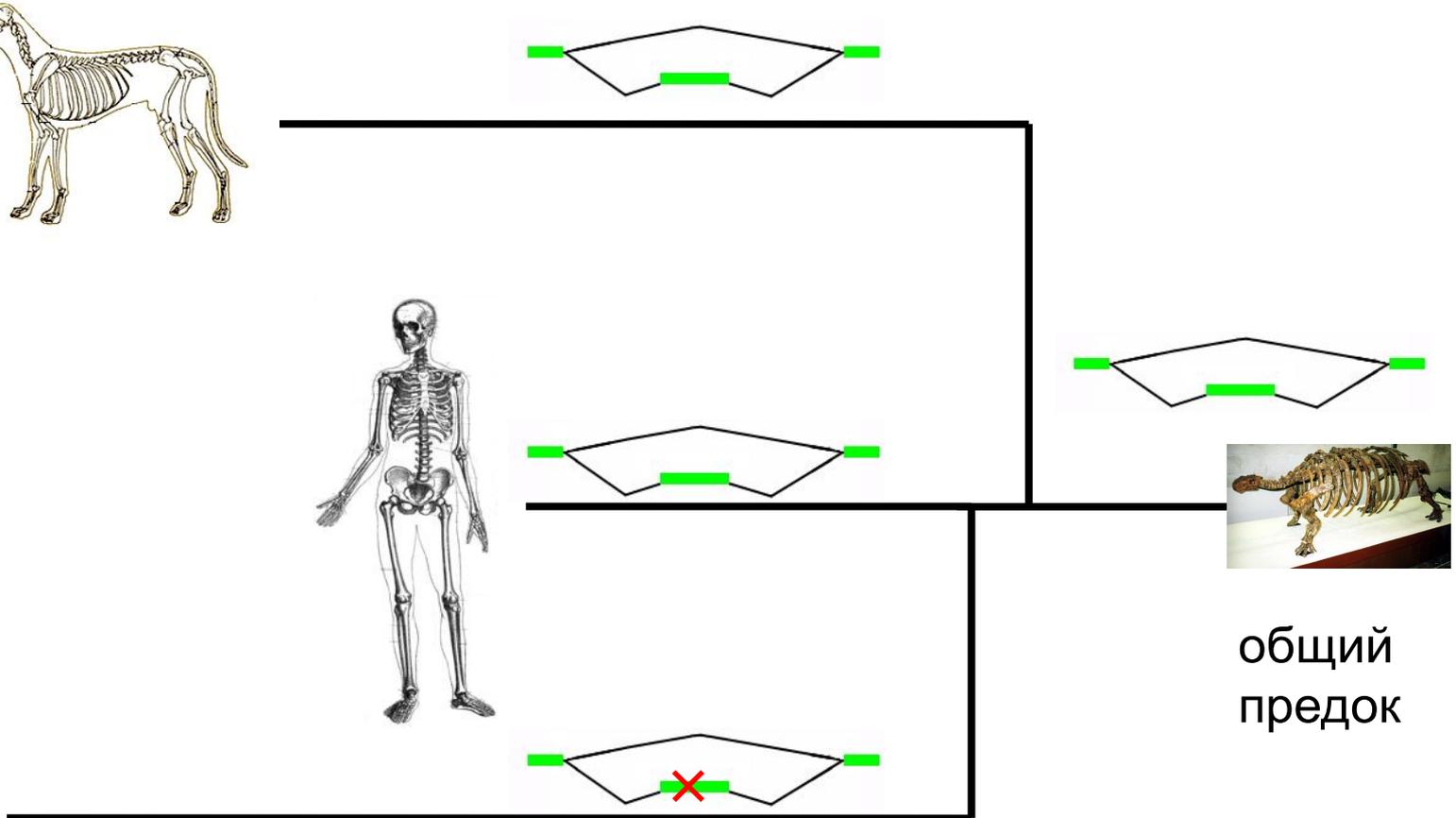
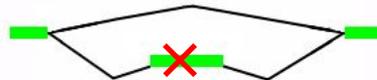
# Альтернативная экзон-интроновая структура генов млекопитающих

- Тройки ортологичных генов: человек-мышь-собака
- Следим за судьбой (консервативностью) альтернатив человека в геномах мыши и собаки

# Потеря альтернативы в геноме мыши

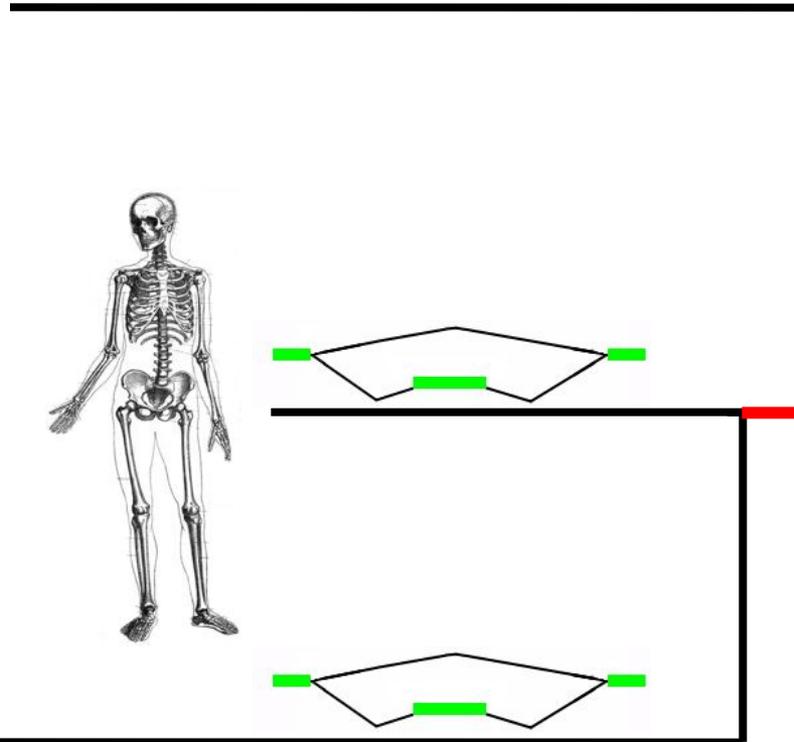
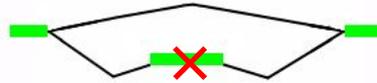
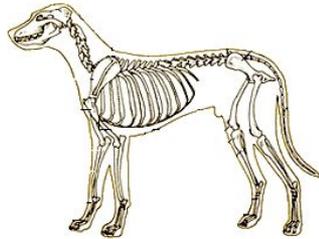


общий  
предок



# Потеря альтернативы в геноме собаки

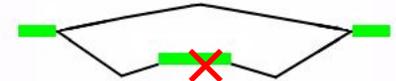
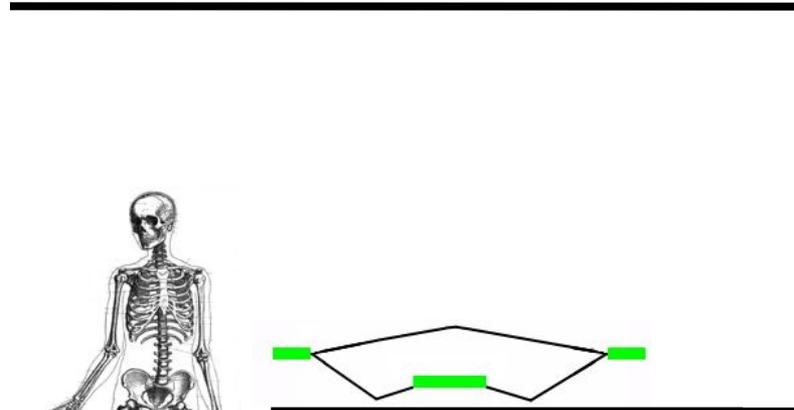
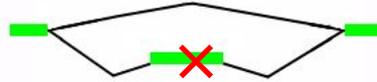
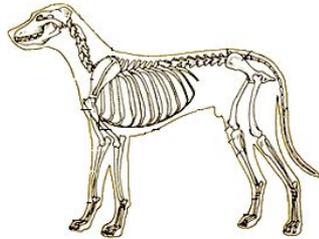
(хотя теоретически возможно возникновение в общем предке приматов и грызунов)



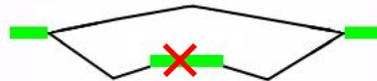
общий предок



# Появление альтернативы в геноме человека (или ошибка сплайсинга, или экспериментальный шум)



Common  
ancestor



# Альтернативы в генах человека, отсутствующие в генах мыши – реальны ли они?

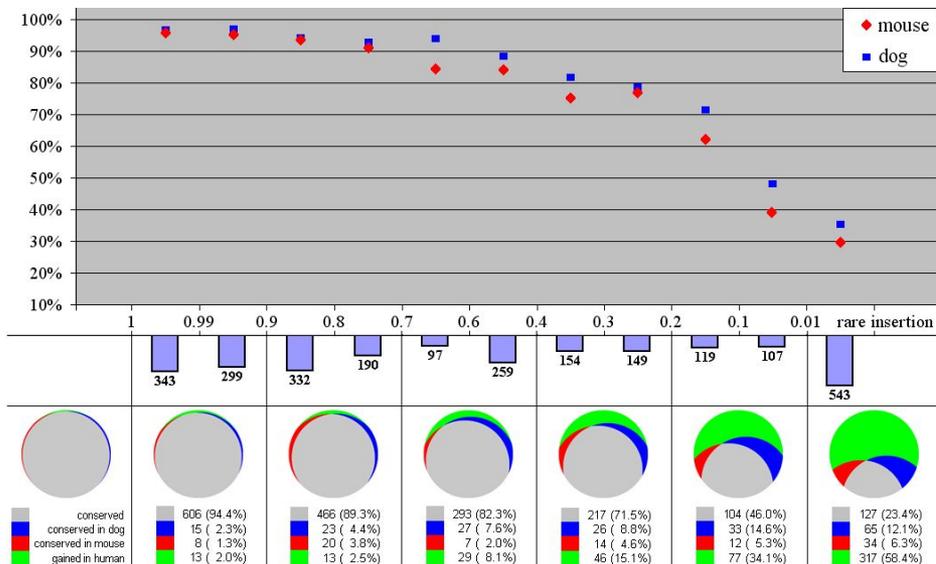


# Добавим геном собаки



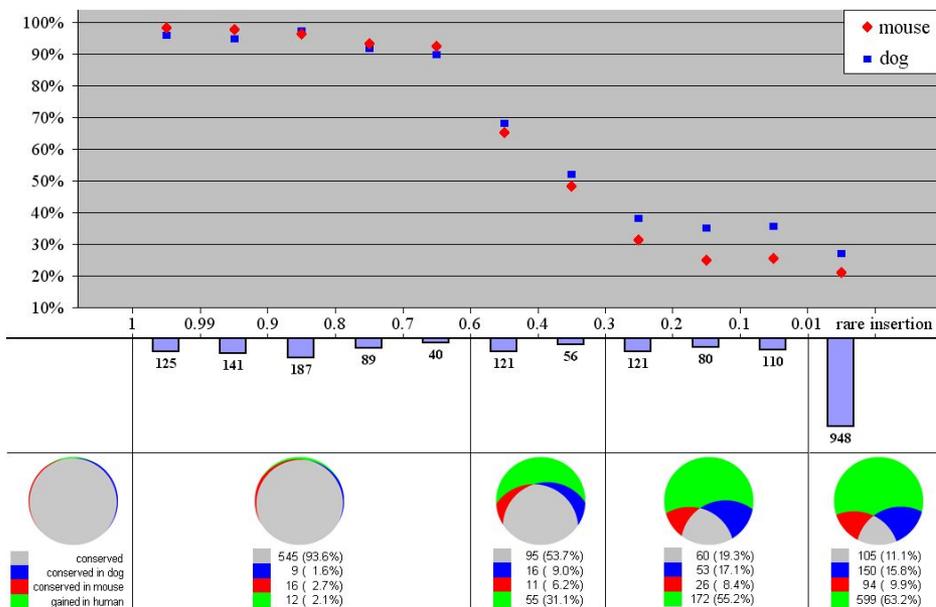
# Наблюдения

НЕТ сдвига рамки



- Часто вставляемые экзоны консервативны независимо от того, сбивают ли они рамку
- Редко вставляемые экзоны менее консервативны, особенно сбивающие рамку
- Много геном-специфичных потерь
  - Больше в мыши, чем в собаке
  - Чаще для экзонов, сбивающих рамку
- Тем не менее, ~40% редко вставляемых экзонов консервативны хоть в одном экзоне

сдвиг рамки

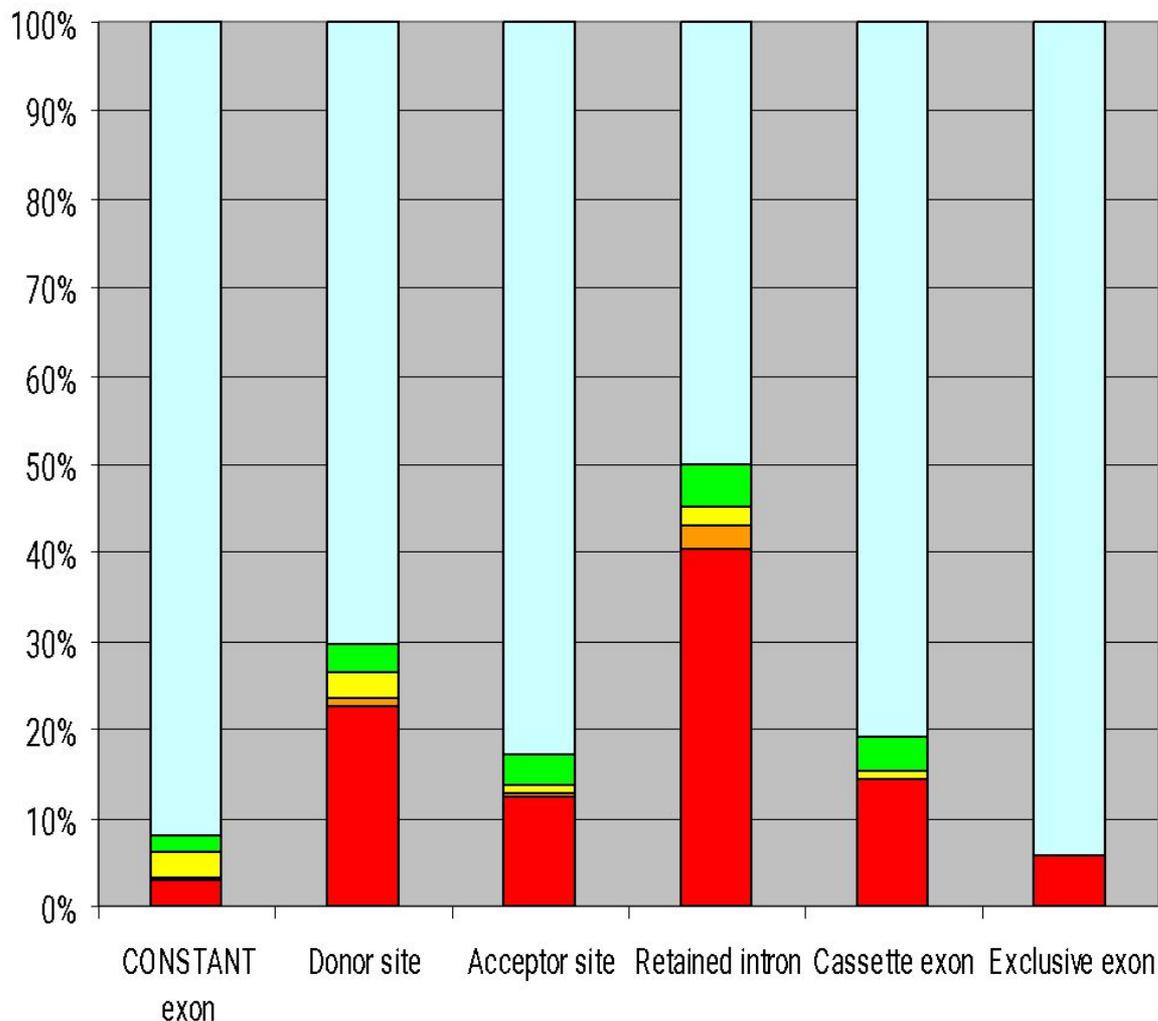


# Консервативность белок-кодирующих областей в генах насекомых

Технически сложнее (сложности с выравниванием), но наблюдения те же: **альтернативные сегменты менее консервативны, чем константные**

	Константные сегменты	Альтернативные сегменты
<i>D. melanogaster</i> – <i>D. pseudoobscura</i>	97%	75-80%
<i>D. melanogaster</i> – <i>Anopheles gambiae</i>	77%	~45%

# Консервативность элементарных альтернатив *D.melanogaster* в генах *D. pseudoobscura*



голубой – сохранились точно

зеленый – вставка интрона в *D.ps.* (или потеря в *D.mel.*)

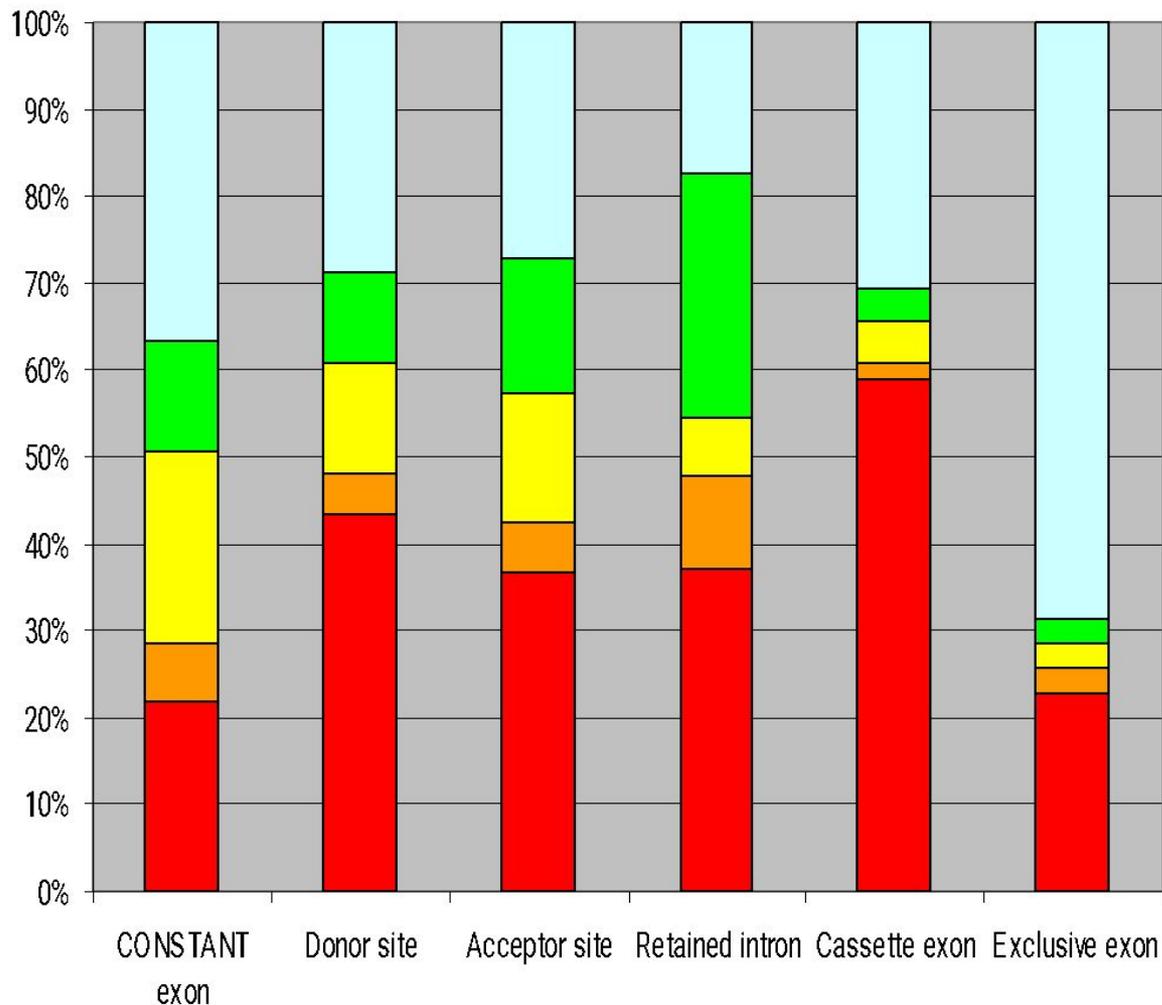
желтый – вставка интрона в *D.mel.* (или потеря в *D.ps.*)

оранжевый – множественные вставки/потери

красный – неконсервативно

- Удержанные интроны наименее консервативны (**все ли они функциональны?**)
- Взаимоисключающие экзоны столь же консервативны, как конститутивные

# Консервативность элементарных альтернатив *D.melanogaster* в генах *Anopheles gambiae*



голубой – сохранились точно  
зеленый – вставка интрона в *Anopheles* (или потеря в *Drosophila*)  
желтый – вставка интрона в *Drosophila* (или потеря в *Anopheles*)  
оранжевый – множественные вставки/потери  
красный – неконсервативно

- ~30% вставок у дрозофилы, ~10% вставок у комара (вообще, у него примерно 3 интрона на ген, а у дрозофилы примерно 4)
- Почти нет вставок интронов во взаимоисключающие экзоны

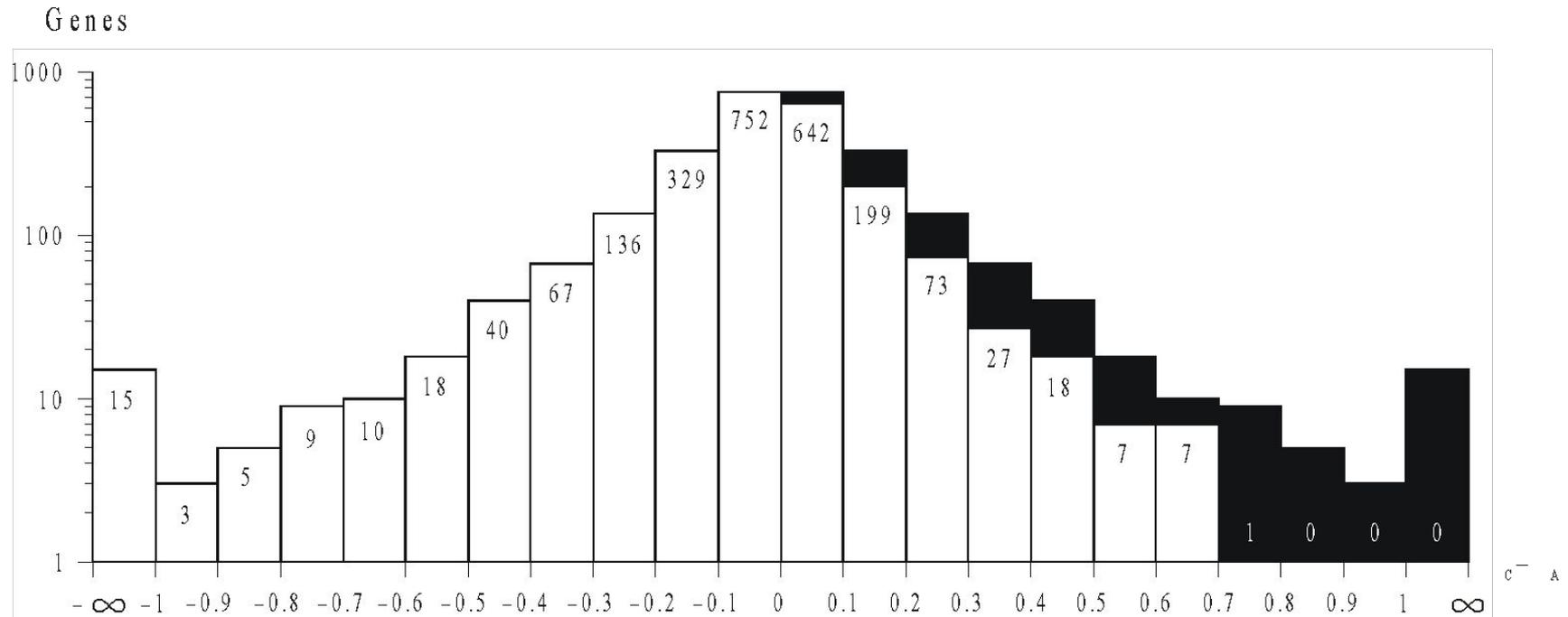
# Скорость эволюции и тип отбора в альтернативных и константных областях

- Пары ортологичных генов
  - человек и мышь
  - *D. melanogaster* и *D. pseudoobscura*
- Отношение скорости синонимичных и несинонимичных замен ( $d_n/d_s$ ):

**большая доля несинонимичных замен  
(изменяющих аминокислоту)**

**=> слабый стабилизирующий отбор или отбор на изменчивость  
(в такой постановке неразличимы)**

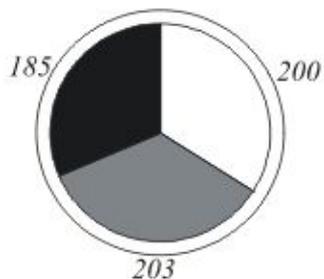
# Гены человека и мыши: несимметричная гистограмма $d_n/d_s(\text{const}) - d_n/d_s(\text{alt})$



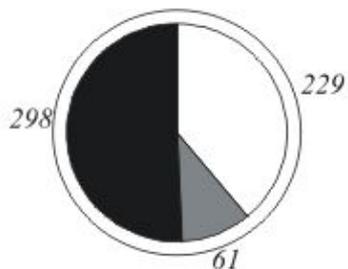
Черный: «тень» левой части.

В большей части генов  $d_n/d_s(\text{alt}) > d_n/d_s(\text{const})$ , особенно в области больших значений. Т.е. **в альтернативных областях слабее стабилизирующий отбор**

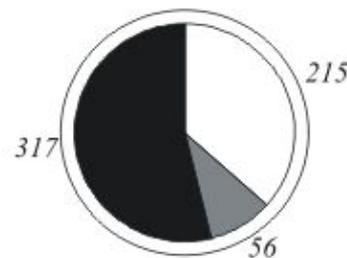
# Гены *Drosophila*: слабее отбор в альтернативных областях?



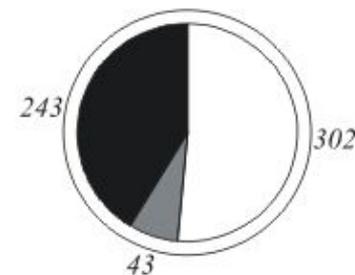
Id



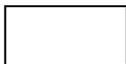
$d_N$



$d_S$



$\omega$

 Больше замен в альт. обл.     Равный уровень замен     Больше замен в конст. обл.

В большинстве генов, **уровни и синонимичных, и несинонимичных замен выше в альтернативных областях по сравнению с конститутивными**

# Альтернативные области изменяются быстрее, чем константные



$$d_s \quad \frac{\pi}{0,405} \quad \frac{A}{0,414}$$

$$d_N/d_s$$

$\frac{\pi}{0,168}$	$\frac{A}{0,183}$
---------------------	-------------------

$$d_N \quad \frac{\pi}{0,068} \quad \frac{A}{0,076}$$

1

$$d_N/d_s$$

$\frac{0,79}{\pi}$	$\frac{0,80}{A}$
--------------------	------------------



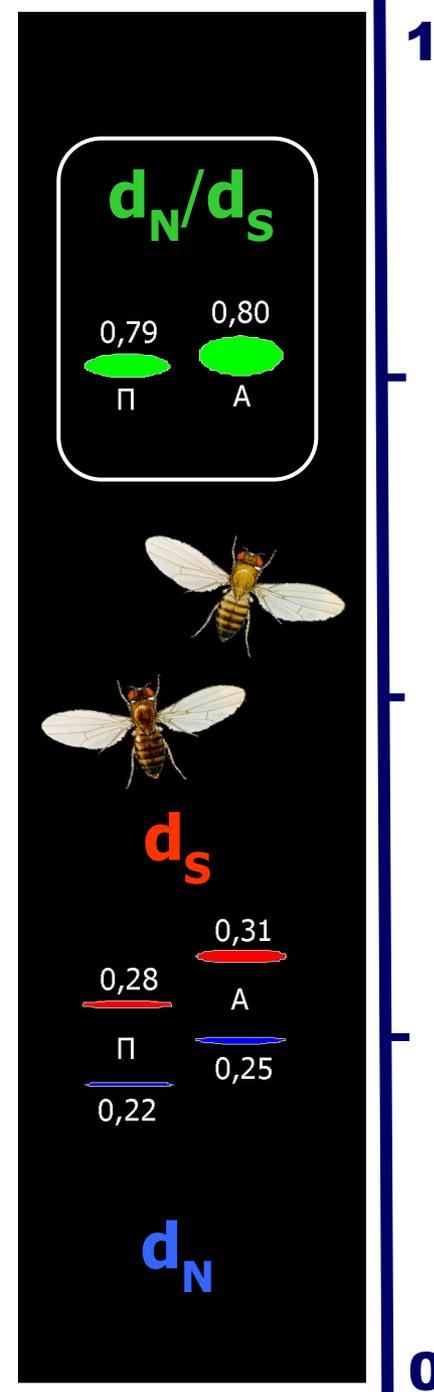
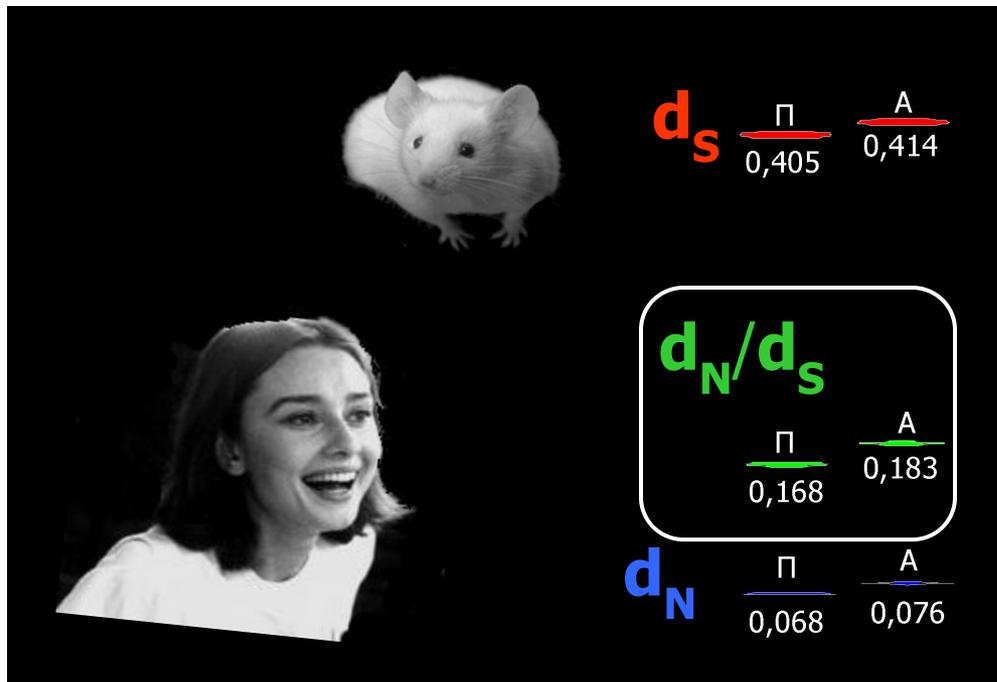
$$d_s$$

$\frac{0,28}{\pi}$	$\frac{0,31}{A}$
$\frac{0,22}{\pi}$	$\frac{0,25}{A}$

$$d_N$$

0

# Ослабление стабилизирующего отбора в альтернативных областях

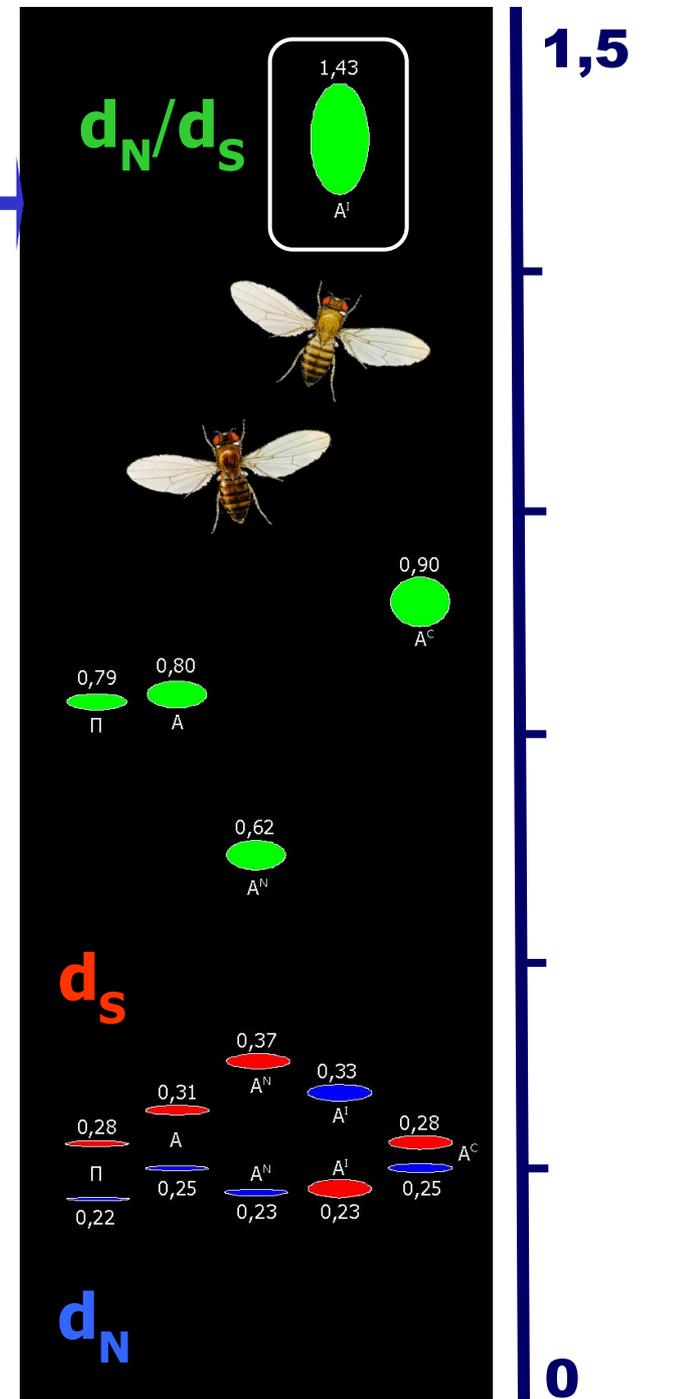


1

0

$$d_N(A^I)/d_S(A^I) = 1,43$$

Положительный отбор во  
внутренних  
альтернативных областях  
генов *Drosophila*



# Тест МакДональза-Крейтмана: положительный отбор в минорных альтернативных областях

- Сравнение различий между генами человека и шимпанзе со SNP человека
- Экзоны, консервативные в генах мыши и/или собаки
- Гены с  $\geq 60$  ESTs
- Оценка значимости – тест Фишера

	$P_n/P_s$ (SNP)	$K_n/K_s$ (геномы)	разница	значим.
Конст.	0.72	0.62	- 0.10	0
Мажор.	0.78	0.65	- 0.13	0.5%
Минор.	<b>1.41</b>	<b>1.89</b>	<b>+ 0.48</b>	0.1%

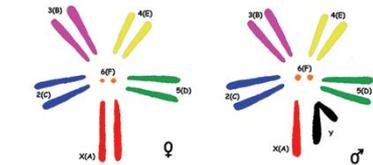
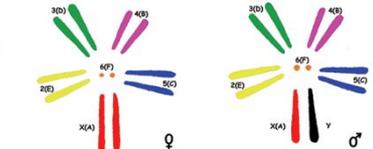
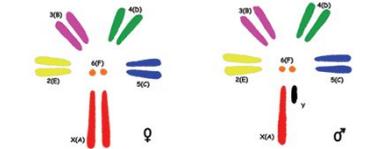
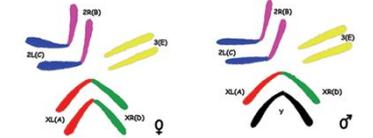
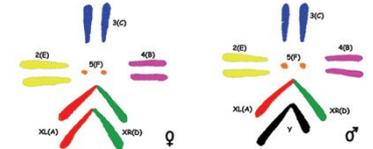
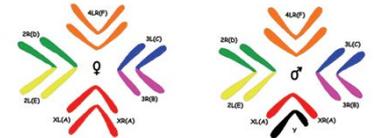
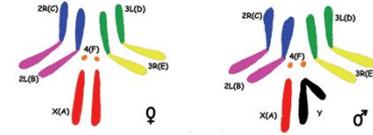
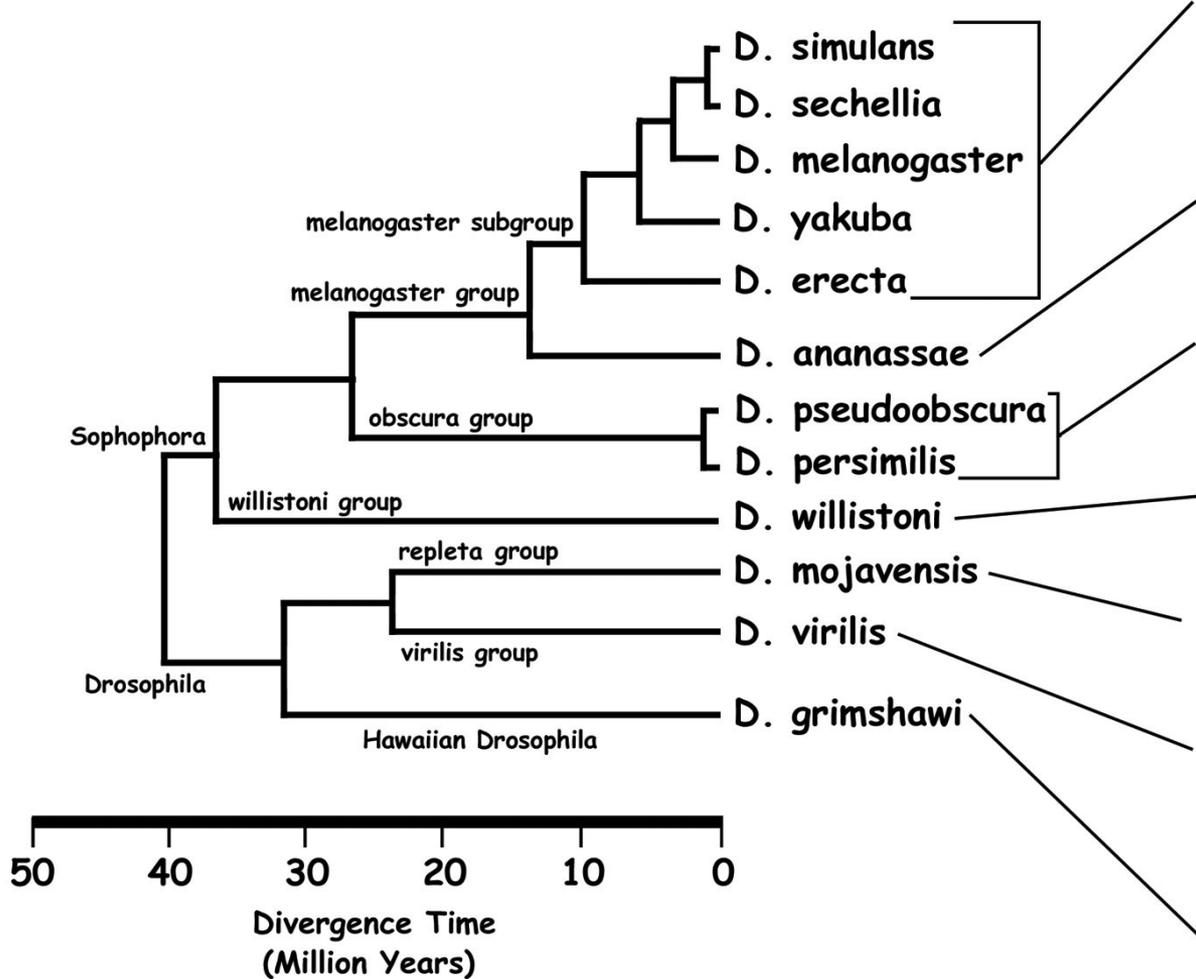
Минорные изоформы:

- Больше несинонимичных SNP:  $P_n(\text{alt\_minor})=.12\% \gg P_n(\text{const})=.06\%$
- Больше несинонимичн. замен:  $K_n(\text{alt\_minor})=.91\% \gg K_n(\text{const})=.37\%$
- **Положительный отбор** (не просто ослабление стабилизирующего):  
 $\alpha = 1 - (P_a/P_s) / (K_a/K_s) \sim \mathbf{25\%}$  позиций
- Аналогичные результаты для всех консервативных альтернатив или для всех генов с высоким покрытием EST

# Попытка синтеза

- Альтернативный сплайсинг часто видоспецифичен
- *«молодые» альтернативные изоформы часто тканеспецифичны*
- ... но все же функционален
- В альтернативных областях снижен уровень стабилизирующего отбора
  - избыток несинонимичных замен (по сравнению с синонимичными)
- В альтернативных областях действует положительный отбор
  - избыток несинонимичных замен (по сравнению с SNP)
- Альтернативный сплайсинг часто тасует белковые домены
- **Таким образом, альтернативный сплайсинг – это способ попробовать новые формы белков, не жертвуя старыми**

# Планы: много дрозофил; млекопитающие (ENCODE)



# Что делать?

- Оценить не только скорость потерь альтернатив, но и скорость приобретений (отличая молодые изоформы от ошибок сплайсинга)
- Следить за:
  - функциональность: транслируемые / нарушающие рамку
  - уровень: частые / редкие изоформы
  - паттерн тканеспецифичности (?)
  - Тип альтернативы: N-концевая / внутренняя / C-концевая
- Альтернативный сплайсинг в одном геноме / конститутивный – в другом (данные с микрочипов)
- Эволюция регуляции альтернативного сплайсинга
- Ошибки сплайсинга и мутации:  
удержанные интроны, пропущенные экзоны, скрытые сайты

# Благодарности

- Обсуждения
  - Евгений Кунин (NCBI)
  - Игорь Рогозин (NCBI)
  - Всеволод Макеев (ГосНИИГенетика)
  - Дмитрий Петров (Stanford)
  - Дмитрий Фришман (GSF, TUM)
- Данные
  - King Jordan (NCBI)
- Поддержка
  - РАН (программа «Молекулярная и клеточная биология»)
  - РФФИ
  - Howard Hughes Medical Institute
  - INTAS

## Авторы

- **Андрей Миронов** (МГУ, ИППИ)
- **Рамиль Нуртдинов** (МГУ)  
– человек/мышь/собака
- **Дмитрий Малько** (ГосНИИГенетика)  
– дрозофилы/комар
- **Екатерина Ермакова** (ИППИ)  
–  $K_n/K_s$
- **Василий Раменский** (ИМБ)  
– SNP
- **Ирена Артамонова** (ИОГен)  
– человек/мышь, график из обзора
- **Алексей Неверов** (ГосНИИГенетика)  
– функциональность изоформ

# Основные публикации

- 10,1** D.B.Malko, V.J.Makeev, **A.A.Mironov**, **M.S.Gelfand** (2006) Evolution of the exon-intron structure and alternative splicing in fruit flies and malarial mosquito genomes. *Genome Research*. 16: 505-509 .
- 4,1** **E.O.Ermakova**, **R.N.Nurtdinov**, **M.S.Gelfand** (2006) Faster evolutionary rate in alternatively spliced regions of mammalian genes. *BMC Genomics*. 7: 84.
- 0,36** **Е.О.Ермакова**, Д.Б.Малько, **М.С.Гельфанд** (2006) Эволюционные отличия альтернативных и постоянных белок-кодирующих участков альтернативно сплайсируемых генов *Drosophila*. *Биофизика*. 51: 581-588.
- 0,36** **Р.Н.Нуртдинов**, **А.Д.Неверов**, Д.Б.Малько, И.А.Космодемьянский, **Е.О.Ермакова**, В.Е.Раменский, **А.А.Миронов**, **М.С.Гельфанд** (2006) EDAS – база данных альтернативно сплайсированных генов человека. *Биофизика*. 51: 589–592.
- книга** **A.D.Neverov**, **A.A.Mironov**, **M.S.Gelfand** (2006) Similarity-based gene recognition. *Handbook of Computational Molecular Biology* (Chapman & Hall/CRC), Chapter 2.
- книга** **M.S.Gelfand** (2006) Computational analysis of alternative splicing. *Handbook of Computational Molecular Biology* (Chapman & Hall/CRC), Chapter 16.

## В работе:

- Nurtdinov et al. Conserved and species-specific alternative splicing in mammalian genomes  
Ramensky et al. Positive selection in alternatively spliced regions of human genes

# Публикации в других областях

## *Системная биология*

- 10,2 V.Spirin, **M.S.Gelfand**, **A.A.Mironov**, L.A.Mirny (2006) Metabolic network in the evolutionary context: multi-scale structure and modularity. Proceedings of the National Academy of Sciences of USA. 103: 8774-8779.
- 0,89 А.В.Любецкая, Л.И.Рубанов, **М.С.Гельфанд** (2006) Поточковая модель метаболизма аминокислот кишечной палочки. Биохимия. 71: 1544-1549.

## *Сравнительная геномика и эволюция регуляторных систем*

- 5,9 C.Yang, **D.A.Rodionov**, X.Li, **O.N.Laikova**, **M.S.Gelfand**, O.Zagnitko, M.F.Romine, A.Y.Obraztsova, K.H.Nealson, A.L.Osterman (2006) Comparative genomics and experimental characterization of N-acetylglucosamine utilization pathway of *Shewanella oneidensis*. Journal of Biological Chemistry. 281: 29872-29885.
- 4,2 **D.A.Rodionov**, P.Hebbeln, **M.S.Gelfand**, T.Eitinger (2006) Comparative and functional genomic analysis of prokaryotic nickel and cobalt uptake transporters: Evidence for a novel group of ATP-Binding cassette transporters. Journal of Bacteriology. 188: 317-327.
- 2,1 **D.A.Rodionov**, **M.S.Gelfand** (2006) Computational identification of BioR, transcriptional regulator of biotin metabolism in alpha-proteobacteria, and its binding signal. FEMS Microbiology Letters. 255: 102-107.
- 0,44 Н.А.Дорошук, **М.С.Гельфанд**, **Д.А.Родионов** (2006) Регуляция метаболизма азота у грамположительных бактерий. Молекулярная биология. 40: 919-926.
- 2,2 **A.E.Kazakov**, **E.A.Permina**, **O.V.Kalinina**, **M.S.Gelfand** (2006) Comparative genomics of regulation of heavy metal resistance in Eubacteria. BMC Microbiology. 6: 49.
- пока нет **D.A.Rodionov**, **M.S.Gelfand**, J.D.Todd, A.R.J.Curson, A.W.B.Johnston (2006) Comparative reconstruction of transcriptional network controlling iron and manganese homeostasis in alpha-proteobacteria. PLoS Computational Biology. 2: e163.
- нет **G.Y.Kovaleva**, G.A.Bazykin, M.Brudno, **M.S.Gelfand** (2006) Comparative genomics of transcriptional regulation in yeasts and its application to identification of a candidate alpha-isopropylmalate transporter. Journal of Bioinformatics and Computational Biology. 4: 981-998.

## *Структуры и функции белков*

- 4,7 **O.V.Kalinina**, **M.S.Gelfand** (2006) Amino acid residues that determine functional specificity of NADP- and NAD-dependent isocitrate and isopropylmalate dehydrogenases. Proteins. 64: 1001-1009.
- нет N.S.Sadovskaya, R.A.Sutormin, **M.S.Gelfand** (2006) Recognition of transmembrane segments in proteins: review and consistency-based benchmarking of internet servers. Journal of Bioinformatics and Computational Biology. 4: 1033-1056.

## *Обзоры*

- 9,6 **M.S.Gelfand** (2006) Evolution of transcriptional regulation networks in microbial genomes. Current Opinion in Structural Biology. 16: 420-429.
- 0,44 **М.С.Гельфанд** (2006) Цис-регуляторные структуры РНК бактерий. Молекулярная биология. 40: 609-619.