# Horizontální přenos genů v komplexní struktuře genomických signatur

Martínková N.1,2, Moravec J. C.1 , Jaron K. S.2

*1* *Akademie věd ČR, Ústav biologie obratlovců, v.v.i., Květná 8, 603 65 Brno, martinkova@ivb.cz*

*2* *Masarykova univerzita, Institut biostatistiky a analýz, Kamenice 3, 625 00 Brno*

Horizontální přenos genů boří zavedené dogma o přenosu vlastností z jedince na potomka. Adaptivní vlastnosti organizmů získány horizontálním přenosem zahrnují např. patogenicitu, rezistenci vůči lékům, schopnosti přežívat v toxickém, nebo teplotně extrémním prostředí. Horizontálně přenesený genomický úsek se odlišuje od domovského genomu signály evoluční historie. Mezi ně patří kromě fylogenetického signálu i genomická signatura, která představuje vektor frekvencí oligonukleotidů a vzniká zřejmě systematickou chybovostí molekulárního aparátu replikujícího DNA. Místa genomu s jiným než specifickým poměrem frekvencí oligonukleotidů mohou být produkty horizontálního přenosu. U vyšších organismů metody založené na genomické signatuře selhávají, protože složitější struktura genomu znemožňuje popsání organismu jedinou statistikou hlavně z důvodu heterogenity sekvence DNA podél chromozomů. Pomocí klouzavé hustoty prvků genomické signatury demonstrujeme, že rozdělení frekvence oligonukleotidů se mění v závislosti na pozici sekvence na chromozomu. Lokálně se v některých oblastech vyskytují multimodální hustoty signatury. Vznik multimodálního rozdělení signatury může reflektovat kombinaci dvou a více úseků se specifickou signaturou, například při horizontálním přenosu. Tyto úseky ovšem mohou představovat i strukturální nebo konzervativní části původní v domovském genomu. Popsání těchto struktur je dalším krokem pro úspěšnou detekci genomických ostrovů ve vyšších organismech, a tak k nahrazení konzervativních fylogenetických metod, jejichž efektivita je silně závislá na známých sekvencích a schopností algoritmů odhalit homologii.