



植物乳杆菌天然质粒系统进化和起源

孙大庆^{1*}, 李洪飞¹, 杨健², 宋大巍²

¹黑龙江八一农垦大学国家杂粮工程技术研究中心, 黑龙江 大庆 163319

²黑龙江八一农垦大学食品学院, 黑龙江 大庆 163319

摘要:【目的】为了探索植物乳杆菌天然质粒系统进化关系和起源。【方法】本文利用复制起始蛋白(replication initiation protein, Rep)系统进化树、基因组共线性、基因组 GC 含量和宿主范围分析方法, 对植物乳杆菌 75 个天然质粒的系统进化关系和起源进行了详细和多角度的分析。【结果】首先, Rep 系统进化树和基因组共线性分析结果均表明, 植物乳杆菌所有天然质粒可以划分为 6 个进化关系亲密的家族、2 个进化形态特殊的杂合质粒和 1 个独立进化质粒 pLP2140。杂合质粒 pMRI5.2、pLP12-1 分别由家族 1-2 和 5-6 质粒融合形成, 因此植物乳杆菌质粒可能起源于 7 个祖先。其次, 基因组共线性分析可以将 6 个家族质粒进一步划分为 17 个进化关系更近的亚家族类群, 并清晰、有效地揭示类群内质粒之间的系统进化关系。最后, 基因组 GC 含量和宿主范围分析为植物乳杆菌质粒的系统进化关系和起源提供了进一步的证据。【结论】因此上述研究可以准确、有效地揭示植物乳杆菌天然质粒的系统进化关系和起源, 这对植物乳杆菌天然质粒系统进化和起源的了解和研究具有重要的参考价值。通过 Rep 系统进化树和基因组共线性两种分析方法优缺点的比较和组合, 我们提出了一种更加有效的研究思路和分析方法, 同时这种方法很可能适用于所有细菌天然质粒, 因此对于天然质粒进化和起源研究具有普遍的方法学意义。

关键词: 植物乳杆菌, 天然质粒, 系统进化树, 基因组共线性, 最小复制子

随着研究的不断深入, 乳杆菌与人类饮食、医疗、卫生和健康的关系越来越密切, 它们一直是乳酸菌研究领域的热点和前沿。目前乳杆菌属已鉴定的菌种数量多达 222 个(<http://www.bacterio.net/lactobacillus.html>), 近年研究显示, 乳杆菌属菌种之间进化的复杂程度超过一般“科”的分化程

度^[1], 因此乳杆菌是乳酸菌中遗传、进化多样性十分丰富的群体。然而由于基因丢失、环境选择压力等原因, 多种乳杆菌发生了高度专一性进化, 它们只能在有限的环境中生存, 例如德氏乳杆菌已高度适应乳环境, 嗜酸乳杆菌、约氏乳杆菌则更喜欢栖息于胃肠道中, 但植物乳杆菌似乎是个

基金项目: 黑龙江省青年科学基金(QC2014C020); 牡丹江市科学技术计划项目(Z2016n0015); 黑龙江八一农垦大学“校内培育课题资助计划”项目(XZR2016-15)

*通信作者。Tel: +86-459-2673850; Fax: +86-459-2673847; E-mail: sundaqing1979@163.com

收稿日期: 2017-03-22; 修回日期: 2017-04-25; 网络出版日期: 2017-04-27

例外,它在自然界广泛分布,对多种不同的生存环境具有高度的适应性,这可能主要得益于它含有乳杆菌中超大且结构多样的基因组,因此被称为“自然代谢工程师”^[2]。此外据我们统计分析发现,植物乳杆菌是乳杆菌属甚至乳酸菌中天然质粒最丰富和最多样的菌种^[3],这些天然质粒在不增加染色体大小情况下,可为植物乳杆菌提供多种多样的生理学和生态学表型特征,从而为植物乳杆菌适应生存环境变化提供灵活且必要的遗传物质基础。因此植物乳杆菌中丰富、多样的天然质粒群体为乳杆菌属和乳酸菌质粒研究提供了理想的研究对象,它们在植物乳杆菌生长、发育、遗传和进化过程中很可能扮演着十分重要的角色。

以往植物乳杆菌质粒研究多集中于功能基因元件分离、鉴定^[4-5]和克隆、表达载体构建^[6-7],而质粒系统进化和起源的研究关注很少,只有个别质粒基于序列同源性推测了起源^[8],因此至今我们对于植物乳杆菌天然质粒群体的进化和起源的了解都非常有限,这极大地限制了质粒和植物乳杆菌(宿主)在生理、生态学方面互作关系的研究。本研究的目的是准确、有效地揭示植物乳杆菌天然质粒的系统进化关系和起源,增加植物乳杆菌天然质粒进化机制和演化过程的了解,为深入研究天然质粒在植物乳杆菌生长、发育、遗传和进化过程中发挥的作用奠定基础。

1 材料和方法

1.1 质粒基因组序列来源

植物乳杆菌 99 个质粒基因组序列来自 NCBI 的 RefSeq 数据库(截止到 2017.1.24),其中质粒 pLY7801 全基因组序列(登录号 NZ_CP016631.1)为本实验室首次测定。质粒 pC194、pMV158、

pUCL287 登录号为 NC_002013.1、NC_010096.1、X75607.1,质粒 pAD1、pIP501 基因组序列来自文献^[9]和^[10]。

1.2 质粒基因组序列的收集、整理和初步分析

通过检索获得 NCBI RefSeq 数据库中所有收录的植物乳杆菌质粒基因组信息,选择基因组完整且没有拼接错误的质粒,下载其基因组序列及其注释信息。筛查每个质粒 Rep 编码情况,对注释或疑似的 Rep 进行 BLAST 比对分析,鉴定其保守结构域,确定其所属蛋白家族。

1.3 质粒 Rep 系统进化树构建

利用 DNAMAN 8.0.8.789 软件进行多序列一致性分析。利用 MEGA 7.0 软件^[11]进行系统进化树构建。均采用 Neighbor-Joining 模型构建系统进化树,并采用 Bootstrap 1000 计算分支置信度。

1.4 质粒基因组共线性分析

利用 Mauve 2.4.0 软件^[12]进行质粒基因组共线性分析,所有参数为默认设置。可视化结果按照质粒大小、家族和类群进行排序。

1.5 质粒家族宿主范围分析

利用每个质粒家族共有的最小复制子核心序列进行 BLAST 分析,对所有检索到的同源性序列的宿主进行统计和整理。

2 结果和分析

2.1 植物乳杆菌质粒基因组基本特征

经检索、比对和统计分析,RefSeq 数据库共收录 99 个质粒完整基因组序列,其中 24 个质粒序列存在完全重复的区域(大于 10 kb),很可能是错误拼接造成的,因此不做后续分析。其余 75 个质粒基因组基本特征及编码 Rep 情况汇总于表 1。

表 1. 植物乳杆菌质粒基因组一般特征

Table 1. General characteristics of plasmid genome in *Lactobacillus plantarum*

Plasmid name	Genome size/kb	Genome GC content/%	Rep family (size/aa)	Plasmid name	Genome size/kb	Genome GC content/%	Rep family (size/aa)
pLPI8	1.80	37.49	Rep_2/237	LZ206p3	11.65	34.29	N
pWCFS101	1.91	39.49	Rep_1/319	pZL3	11.89	37.66	Rep_3/304; Rep_3/311
pCAUH201	1.94	37.81	Rep_1/317	ZJ95p2	12.48	36.37	N
pLP2000	2.06	38.23	Rep_1/317	pZL4	12.51	39.38	Rep_3/311
pLR1	2.06	37.75	Rep_1/318	Lp16I	13.34	37.91	Rep_3/307
p200	2.06	38.22	Rep_1/317	pLP-ZJ101	15.16	40.17	Rep_3/311
pLD1	2.11	37.78	Rep_1/318	LBPp7	15.17	39.68	N
pLP2111	2.11	38.32	Rep_1/317	LBPp5	16.10	42.14	RepA_N ^a /155
pCMPG5300.01	2.12	38.03	Rep_1/317	pLP12-6	21.51	41.21	RepA_N/357
pC30i1	2.14	36.96	Rep_1/317	Lp16C	27.28	39.86	RepA_N/366
pLP2140	2.14	38.27	N	pCMPG5300.03	27.83	40.55	RepA_N/373
pLTK2	2.29	38.56	Rep_1/317	pLP12-5	27.90	39.30	RepA_N ^a /97
pWCFS102	2.36	34.33	Rep_2/219	LZ206p2	33.00	39.93	RepA_N/367
pA1	2.82	34.96	Rep_2/196	pLTK13	34.52	39.04	RepA_N ^a /102
pPB1	2.89	37.74	Rep_2/208	LZ227p3	35.46	39.61	RepA_N ^a /102
pXY3	2.96	38.24	Rep_2/219	pWCFS103	36.06	40.83	RepA_N ^a /102
pR18	3.21	35.81	Rep_1/317	LBPp4	37.04	41.24	N
pZL2	3.26	38.24	Rep_1/318	Lp16D	37.09	40.79	N
pM4	3.32	38.73	Rep_1/318	LZ227p5	38.21	39.80	N
pG6301	3.51	37.26	Rep_1/318	pLP-ZJ102	39.11	38.69	N
pLFE1	4.03	34.43	Rep_2/212	LBPp3	39.46	42.29	N
pMRI5.2	5.21	35.79	Rep_1/314; Rep_2/215	pLP12-3	40.05	41.34	RepA_N ^a /102
pLJ42	5.52	42.41	Rep_3/308	Lp16E	40.14	41.36	RepA_N/367
LZ206p1	6.11	37.47	N	pLP-ZJ103	41.50	39.50	N
pCAUH202	6.40	33.68	Rep_3/311	LBPp1	45.41	39.67	RepA_N/327
Lp16L	6.46	34.67	N	ZJ95p1	48.55	39.05	N
p256	7.22	36.73	N	LBPp2	49.01	42.01	N
Lp16A	7.24	33.37	Rep_3/311	Lp16F	50.19	39.78	N
Lp16B	8.63	35.93	Rep_3/311	Lp16G	51.85	42.56	RepR/512
LBPp6	8.68	35.98	Rep_3/311	LZ227p2	52.14	41.83	N
pG6302	9.11	36.39	Rep_3/200	pST-III	53.56	38.69	N
p100	9.25	37.37	N	pLP12-2	55.31	39.47	N
pLP9000	9.25	37.37	N	pMF1298-2	55.69	40.05	N
pLY7801	9.34	34.26	Rep_3/309	pMF1298-1	63.11	41.14	RepR/510
pG6303	10.04	36.83	N	pLP12-1	64.10	41.38	RepA_N ^a /102; RepR /508
pMD5057	10.87	36.22	Rep_3/311	Lp16H	74.07	41.46	RepR/510
pCMPG5300.02	10.94	38.59	Rep_3/309	LZ227p1	74.17	41.33	RepR/512
pCAUH203	11.32	36.97	N				

N: There is no known Rep. Rep_1: pfam01446. Rep_2: pfam01719. Rep_3: pfam01051. RepA_N: pfam06970. RepR (PriCT-1): pfam08708. ^a: The Rep belonging to the RepA_N family was deduced according to the amino acid sequence identity.

pMV158 家族来源的 2 个 RCR 质粒重组进化形成的,这一推测与 Gyu-Sung 等^[11]研究结果一致;质粒 pLP12-1 可能由 RepA_N 家族和 pIP501 家族来源的 2 个 theta 复制质粒重组进化形成;质粒 pZL3 或许是 pUCL287 家族来源的 2 个质粒重组进化的结果。由于质粒 pMRI5.2 和 pLP12-1 含有 2 个不同家族 Rep, 因此它们属于特殊进化阶段的杂合质粒。质粒 pG6302 Rep 含有一个不完整的家族 4 质粒 Rep 普遍存在的保守结构域 (pfam01051), 但质粒 pG6302 与家族 4 质粒没有聚类, 并且与进化树中最近的分支(家族 5)具有较低的置信度(46%)和遥远的遗传距离, 因此推测质粒 pG6302 与其他家族质粒没有显示明显的进化

关系, 可能具有独立的进化祖先和起源。综上所述, 基于质粒 Rep 系统进化树分析, 植物乳杆菌编码 Rep 的 51 个质粒可以划分为 6 个进化关系密切的家族, 因此它们可能起源于 6 个祖先质粒。虽然每个家族质粒与参照质粒显示了一定的分歧进化程度, 但与不同家族之间的遗传距离比较, 参照质粒与聚类家族质粒遗传距离更近, 并且分支处具有高分值的置信度, 因此每个家族质粒与聚类的参照质粒很可能具有共同的进化祖先和起源。

为了进一步分析每个家族质粒的进化关系, 基于 Rep 氨基酸序列一致性, 剔除特殊的杂合质粒和质粒 pG6302, 分别重新构建每个家族质粒 Rep 系统进化树, 结果见图 2。

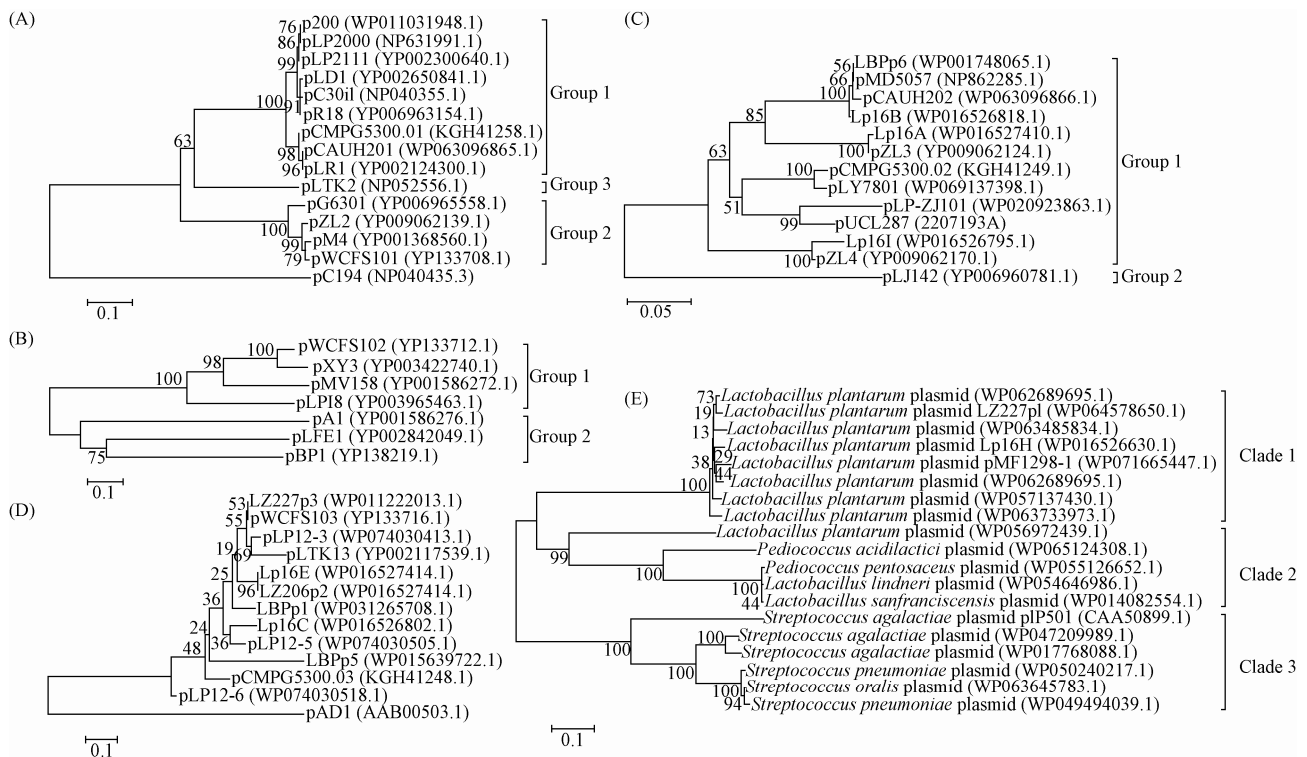


图 2. 植物乳杆菌质粒家族 Rep 系统进化树

Figure 2. Phylogenetic tree of the Reps of plasmid family in *Lactobacillus plantarum*. A, B, C, D and E are phylogenetic trees of *Lactobacillus plantarum* plasmid family 1, 2, 4, 5 and 6, respectively. The characters in parentheses are accession numbers of the plasmid-encoded Rep amino acid sequence.

2.2.1 编码 Rep 家族 1 质粒系统进化关系: 由图 2-A 可知, 编码 Rep 家族 1 质粒可以进一步划分为 3 个进化关系更近的亚家族类群。家族 1 质粒 Rep 与质粒 pC194 Rep (232 aa) 仅具有 20.94%–24.30% 一致性, 因此进化树中质粒 pC194 与家族 1 质粒显示了较远的进化距离和进化关系, 但序列比对分析发现, 家族 1 质粒 Rep 均含有 3 个保守 Motifs (表 2), 并且这些 Motifs 被证实是 pC194 家族质粒复制起始过程中关键的功能位点^[12]。因此基于 3 个 Motifs 保守性, 家族 1 质粒可能属于 RCR 质粒 pC194 家族, 与 pC194 家族质粒具有共同的进化祖先和起源, 但它们的分歧进化时间比较久远。

2.2.2 编码 Rep 家族 2 质粒系统进化关系: 由图 2-B 可知, 编码 Rep 家族 2 质粒可以进一步划分为 2 个进化关系更近类群, 参照质粒 pMV158 与类群 1 质粒聚类。家族 2 质粒 Rep 与质粒 pMV158 Rep (210 aa) 具有 20.55%–62.56% 一致性。进一步序列分析发现, 家族 2 多数质粒均含有 pMV158 家族 Rep 编码的 5 个保守的 Motifs^[13], 只有质粒 pA1 比较特殊(表 3)。因此基于 Rep 大小、序列一致性, 尤其 Motifs 序列保守性, 家族 2 质粒很可能属于 RCR 质粒 pMV158 家族, 并且与 pMV158 家族质粒具有共同的祖先和起源。

表 2. 家族 1 质粒 Rep 保守基序

Table 2. Conserved motifs of the plasmid Reps in the family 1

Term	Motif I	Motif II	Motif III
Group 1	FLTLTVKN	QHLHVLL/VF	TAKYEVK SAD
Group 2	FLTLTVK/EN	HHMHVLLF	TAKYQVK SKD
Group 3	FLTLTEEN	QHLHVLLF	TAKYQVK SAD
Conserved site	FLTLT**N	*H*HVL*F	TAKY*VKS*D
pC194	FLTLTPN	PHFHV LIA	MAKYS GK DSD

*: Not conserved site.

2.2.3 编码 Rep 家族 4 质粒系统进化关系: 由图 2-C 可知, 编码 Rep 家族 4 质粒可以进一步划分为 2 个进化关系更近类群, 参照质粒 pUCL287 与类群 1 质粒聚类。家族 4 质粒 Rep 与质粒 pUCL287 Rep (311 aa) 具有高度一致性(68.17%–91.32%), 因此, 基于 Rep 大小和序列的高度保守性, 家族 4 质粒很可能属于 theta 复制 pUCL287 家族^[14], 并且具有共同的祖先和起源。进化树中质粒 pLJ42 与家族 4 其他质粒遗传距离和进化关系最远, 这表明与家族 4 类群 1 质粒相比, 它可能经历了相对独立的进化事件或过程。

2.2.4 编码 Rep 家族 5 质粒系统进化关系: 由图 2-D 可知, 编码 Rep 家族 5 质粒之间具有紧密的进化关系, 参照质粒 pAD1 Rep (336 aa) 与家族 5 质粒 Rep 具有很低的一致性(4.44%–29.07%), 因此

表 3. 家族 2 质粒 Rep 保守基序

Table 3. Conserved motifs of the plasmid Reps in the family 2

Group	Term	Motif I	Motif II	Motif III	Motif IV	Motif V
Group 1	pLPI8	F S F I I YPESI	AISPLHDCD	KKPHYHVL--Y	VDSVENTFKYLTHESKD	YAK
	pWCFS102	F T F LLYPESI	AISPLHDKD	KKAHYHVI--Y	VQSMENMYLYLTHESKD	YSK
	pXY3	F T F LLYPESI	AISPLHDKD	KKAHYHVI--Y	VQSMDN I YLYLTHESKN	YSK
Group 2	pLFE1	WWIVVYPESL	AISPLHDKD	KKPHYHIVFNY	I S GLTGAVRYLTH-MDN	YDN
	pPB1	WSWIVYPESA	IESPLHDKD	KKHHWHII-IS	VASLQGAVQYLWHR-NN	YDK
	pA1	WTFIVYPESA	IESPLHDKD	KKSHYHILLTF	–	–
Conserved site	** ** * YPES*	* * SPLHD*D	KK*H*H*****	* * * * * * * * Y** H ****	Y**	
pMV158	F T F LLYPESI	AISPLHDKD	KKAHYHVL--Y	VLNVENMYLYLTHESKD	YDK	

*: Not conserved site; -: There is not conserved motif.

在进化树中与家族 5 质粒遗传距离和进化关系最远。进一步序列比对分析发现, 家族 5 质粒较大的 Rep (大于 200 aa) 与质粒 pAD1 Rep N 端显示高度一致性; 家族 5 质粒较小的 Rep (小于 200 aa) 与 pAD1 Rep 几乎没有一致性, 但家族 5 所有质粒 Rep C 端具有高度一致性; 较大 Rep N 和 C 末端之间序列显示了很低的一致性。家族 5 质粒 Rep 3 个区域的保守性特征与以往关于 RepA_N 家族质粒 Rep 的研究结果是一致的, 这些区域特征与其负责的复制起始功能密切相关^[15-16]。因此基于 Rep 序列不同区域的保守性特征, 家族 5 质粒可能都属于 theta 复制质粒 RepA_N 家族, 并与质粒 RepA_N 家族质粒具有共同的进化祖先和起源, 但分歧进化时间可能比较久远。

2.2.5 编码 Rep 家族 6 质粒系统进化关系: 经 BLAST 比对分析发现, 质粒 Lp16G Rep 与众多植物乳杆菌 (大于 90%)、其他乳杆菌和片球菌 (40%–45%) 和链球菌 (30%–40%) 质粒 Rep 具有一致性, 这些同源 Rep 均含有一个保守的涉及质粒复制起始的 PriCT-1 结构域 (pfam08708), 未出现其他菌属同源 Rep。家族 6 质粒同源性 Rep 系统进化树见图 2-E。由图 2-E 和 BLAST 分析可知, 家族 6 质粒之间的系统进化关系非常紧密, 它们与植物乳杆菌、其他乳杆菌和片球菌、链球菌质粒的进化关系依次渐远, 同时这些同源性质粒的进化关系与其宿主菌的系统发育关系一致, 这表明家族 6 质粒与宿主菌具有明显的共进化特征。因此基于 Rep 中保守结构域的存在, 家族 6 质粒很可能属于 theta 复制质粒 pIP501 家族, 并与 pIP501 家族质粒具有共同的进化祖先和起源。

2.3 植物乳杆菌质粒的系统进化关系

为了全面揭示植物乳杆菌天然质粒的系统进

化关系, 利用 Mauve 软件对所有 75 个质粒进行了基因组共线性分析, 可视化结果见图 3。质粒最小复制子是质粒基因组中最保守和必不可少的区域, 最小复制子序列的微小突变即可造成质粒宿主范围的改变^[17], 因此本文在划分进化家族时, 将是否具有同源的最小复制子作为优先原则。由图 3 可知, 植物乳杆菌质粒基因组中存在着大量的同源性区域 (相同颜色的区块) 和非同源性区域 (两条垂直红线之间的空白区域)。同颜色区块表示两个区域之间至少发生过一次进化事件, 同颜色区块之间序列一致性越低, 表示发生的进化事件越复杂, 进化关系越远, 反之亦然。空白区块表示该区域与所有分析的其他质粒没有发生过进化事件, 具有相对独立的进化过程和起源。因此根据质粒基因组共线性分析结果, 可以清晰地反映出这些质粒之间发生的进化事件和故事情节, 从而有效地揭示它们之间的系统进化关系。基于质粒基因组共线性分析结果和质粒最小复制子优先原则, 植物乳杆菌所有 75 个质粒可以划分为 6 个进化关系密切的家族、2 个特殊进化阶段的杂合质粒和 1 个独立进化质粒 p2140 (图 3)。由于质粒 p2140 与所有分析质粒没有发现同源性区域, 因此它很可能具有独立的起源和进化过程。杂合质粒 pMRI5.2 含有家族 1 和家族 2 质粒的复制子区域, 并与家族 1 类群 3 质粒和家族 2 类群 2 质粒 pPB1 的基因组显示了高度同源性, 因此质粒 pMRI5.2 很可能由家族 1 类群 3 质粒与家族 2 类群 2 质粒 pPB1 重组形成。杂合质粒 pLP12-1 不仅含有家族 5 质粒高同源的 Rep 和家族 5 质粒 (除了 LBp5) 共有的接合相关基因 (下文 2.3.5 有具体论述), 而且含有家族 6 质粒高同源的 Rep, 因此质粒 pLP12-1 很可能是家族 5 和家族 6 来源的两个质粒重组融合形成。

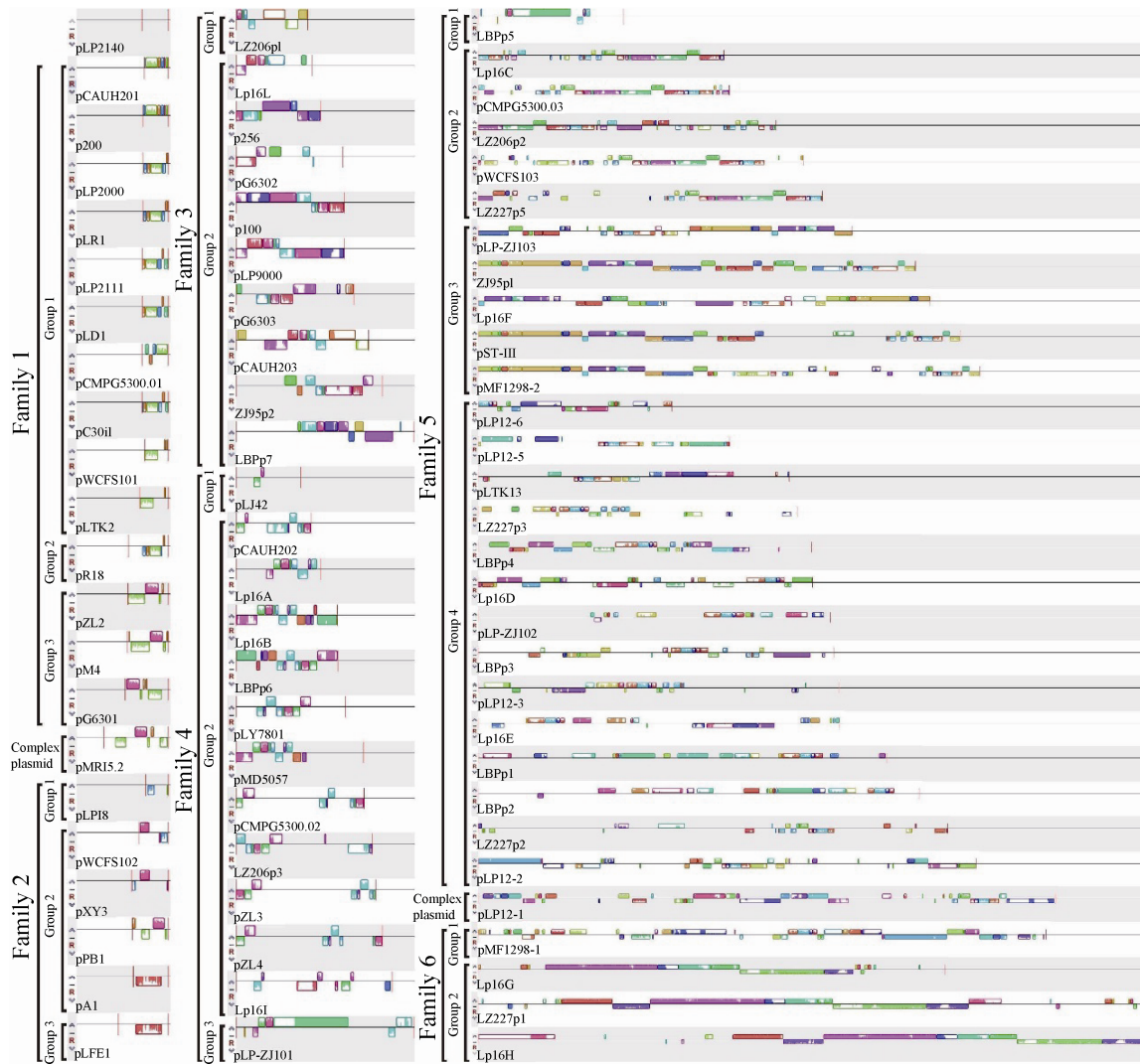


图 3. 植物乳杆菌质粒基因组共线性可视化图

Figure 3. Visualization diagram of plasmid genomic collinearity in *Lactobacillus plantarum*.

2.3.1 植物乳杆菌家族 1 质粒系统进化关系: 经质粒基因组共线性分析, 家族 1 含有 14 个质粒, 均为编码 Rep 的 RCR 小型质粒, 可以划分为 3 个进化关系更近的亚家族类群(图 3)。类群 1 质粒均为隐蔽性质粒, 其基因组仅含有复制必需的复制子区域, 具有高度的同源性和共线性。与类群 1 质粒比较, 类群 2 质粒 pR18 额外编码了一个林肯酰胺抗性(lincosamide nucleotidyltransferase, *linA*)基因, 该基因被报道与葡萄球菌多个质粒携带的 *linA* 基因高度一致^[18]。与类群 1 质粒比较, 类群

3 质粒额外编码了转移(mobilization, *mob*)基因和转移起点(origin of transfer, *oriT*), 因此均为可移动质粒。进一步序列比对分析发现, 家族 1 质粒均含有 pC194 家族质粒同源的复制子序列, 该序列由 *rep*、双链起点(double-stranded origin, *dso*)和单链起点(single-stranded origin, *ssso*)序列组成。基于上述分析, 家族 1 质粒之间具有十分亲密的进化关系, 大部分质粒为隐蔽性质粒, 只有少数(类群 2 和类群 3)质粒发生了外源基因插入事件, 因此家族 1 质粒很可能具有共同的进化祖先和起源。

2.3.2 植物乳杆菌家族 2 质粒系统进化关系: 经质粒基因组共线性分析, 家族 2 含有 6 个质粒, 均为编码 Rep 的 RCR 小型质粒, 可以划分为 3 个进化关系更近的亚家族类群(图 3)。类群 1 质粒 pLPI8 为隐蔽性质粒, 除了复制子没有编码其他基因。类群 2 质粒在复制子区域外编码了 *mob* 和/或未知基因, 因此推测它们属于可移动质粒。类群 3 质粒 pLFE1 在类群 2 质粒框架基础上额外编码了一个红霉素抗性基因, 有报道称该基因很可能来自屎肠球菌^[19]。家族 2 质粒均含有 pMV158 家族质粒同源的复制子序列, 该序列由拷贝数调控(copy number control, *copG*)、*rep*、*dso* 和 *sso* 序列组成。基于上述分析, 家族 2 质粒之间同样具有相当亲密的进化关系, 因此家族 2 质粒也很可能具有共同的进化祖先和起源, 但与家族 1 质粒比较, 它们含有较多的非同源性区域, 这提示它们经历了更复杂的进化事件和过程。

2.3.3 植物乳杆菌家族 3 质粒系统进化关系: 经质粒基因组共线性分析, 家族 3 含有 10 个质粒, 包括 1 个编码 Rep 质粒 pG6302 和 9 个非编码 Rep 质粒。根据基因组共线性特征和复制子序列, 家族 3 质粒可以划分为 2 个进化关系更近的亚家族类群(图 3)。以往关于家族 3 质粒复制子的研究十分有限, 目前只对质粒 p256 进行了初步研究, 其最小复制子被定位在一个 688 bp 大小的 DNA 片段上, 该区域没有编码已知的 Rep, 该质粒没有单链复制中间体, 因此被鉴定为 theta 复制质粒^[4]。经基因组共线性和序列比对分析, 类群 1 质粒 LZ206p1 是家族 3 质粒中唯一不含有质粒 p256 复制子同源性序列的质粒, 由于它大部分基因组与类群 2 质粒 pCAUH203 高度一致, 且没有编码已知的 Rep, 因此它被归属于家族 3。类群 2 质粒中, 质粒 p100 和 pLP9000 基因组几乎完全一致, 因此

它们很可能是植物乳杆菌不同菌株中的同一个质粒; 质粒 p256 与质粒 LBPp7 部分基因组高度同源, 因此质粒 LBPp7 很可能由质粒 p256 和另一个未知质粒重组进化形成; 上面提到, 质粒 pCAUH203 含有类群 1 质粒 LZ206p1 大部分基因组, 因此质粒 pCAUH203 很可能由类群 1 质粒 LZ206p1 和一个含有 p256 同源复制子的类群 2 质粒重组融合形成; 质粒 pG6302 是家族 3 质粒中唯一编码 Rep 质粒, 根据 Xi 等^[20]报道, 质粒 pG6302 可能含有一个由特殊重复子和不完整 Rep (Rep_3 家族)组成的新复制子, 而根据基因组共线性和序列比对发现, 质粒 pG6302 只与家族 3 质粒具有多个同源性区域, 并且与大部分家族 3 质粒共有一个质粒 p256 同源性的非编码复制子区域, 同时, 质粒 pG6302 与其他家族质粒仅存在很少的同源性区域, 更重要的是, Xi 等^[20]推测的复制子区域与其他 74 个质粒没有显示出同源性, 因此我们推测质粒 pG6302 归属于家族 3, 与家族 3 质粒具有亲密的进化关系。基于上述分析, 家族 3 质粒可能起源于一个含有非编码 Rep 的 theta 型复制子的祖先质粒。

2.3.4 植物乳杆菌家族 4 质粒系统进化关系: 经质粒基因组共线性分析, 家族 4 含有 13 个质粒, 包括 1 个非编码 Rep 质粒 LZ206p3 和 12 个编码 Rep 质粒。家族 4 质粒均含有一个典型的 theta 型复制 pUCL287 家族复制子序列, 该复制子由 *ori* (3–4 个 11 bp 和 3.0–4.5 个 22 bp 正向重复序列)和 *rep* 基因组成^[21]。根据基因组共线性差异, 家族 4 质粒可以划分为 2 个进化关系更近的亚家族类群(图 3)。类群 1 质粒 pLJ42 是家族 4 质粒中最小的, 除了家族共有的复制子, 与家族 4 其他质粒没有同源性区域, 这提示质粒 pLJ42 很可能经历了一个相对独立的进化过程, 因此与家族 4 其他质粒

进化关系较远。类群 2 质粒 LBp6 和 Lp16B 基因组同源性 98.99%，仅在非编码区相差 50 bp，这表明它们来源于同一个质粒，并在近期发生过序列丢失或插入事件。质粒 LZ206p3 是家族 4 中唯一非编码 Rep 质粒，但序列分析发现，它同样含有完整的 pUCL287 家族复制子序列，只是其 *rep* 基因发生了移码突变(数据库中注释)，导致转录提前终止，因此不能产生完整的 Rep。基于上述分析，家族 4 质粒均含有高度同源的 pUCL287 家族复制子，这表明该家族质粒很可能具有共同的进化祖先和起源。此外，家族 4 质粒基因组中存在相当多的非同源性区域(空白区域)，类群 1 质粒 pLJ42 尤为明显，这表明家族 4 质粒曾与植物乳杆菌外源基因(组)发生过频繁的水平基因转移事件，经历过复杂的进化事件和过程。

2.3.5 植物乳杆菌家族 5 质粒系统进化关系：经质粒基因组共线性分析，家族 5 含有 25 个质粒，包括 13 个非编码 Rep 质粒和 12 个编码 Rep 质粒(属于 theta 复制 RepA_N 家族)。除了质粒 LBp5，家族 5 质粒均含有一个约 3000 bp 高度同源性共有区域，该区域编码了切口酶(nickase, *traA*)、2 个未知蛋白和 *oriT*，其中 *traA* 和 *oriT* 是质粒接合转化必需的基因元件。根据基因组共线性差异和复制子序列，家族 5 质粒可以划分为 4 个进化关系更近的亚家族类群。类群 1 唯一质粒 LBp5 与家族 5 其他质粒几乎没有同源性区域，但与家族 4 质粒 pLP-ZJ101 具有大范围同源性区域，并缺失质粒 pLP-ZJ101 复制子(pUCL287 家族)，含有家族 5 质粒高度同源的 Rep (RepA_N 家族)，因此尽管质粒 LBp5 与家族 4 质粒 pLP-ZJ101 发生过大片段的基因重组事件，具有较近的进化关系，但基于复制子优先原则，将它归属于家族 5。类群 2 含有 5 个质粒(4 个编码 Rep)，除了家族共有序列，

它们均含有一个由 21 个接合转化相关基因组成的 18 kb 的高同源性区域^[22]，这表明它们之间具有更加亲密的进化关系。类群 3 含有 5 个质粒，均为非编码 Rep 质粒，除了家族共有序列，它们均含有一个约 18 kb 的高同源性区域，该区域编码了渗透压调节、DNA 合成和无机离子转运等功能蛋白^[23]，这提示它们之间同样具有更加亲密的进化关系。类群 4 含有 14 个质粒(7 个编码 Rep)，除了家族共有序列，类群 4 质粒之间含有众多同源性和非同源性区域，没有发现大范围共有同源性区域，这表明类群 4 质粒经历了复杂的进化事件和过程，它们之间的进化关系不如类群 2 和 3 质粒那么亲密。基于上述分析，家族 5 质粒之间进化关系不是非常紧密，经历了十分复杂的进化过程，但由于普遍含有接合转移关键基因(*traA* 和 *oriT*)，因此它们很可能起源于一个接合质粒祖先。虽然质粒 LBp5 与家族 5 质粒缺乏同源性，但它与家族 5 的 11 个质粒编码了高度同源的 RepA_N 家族 Rep，由此推测，质粒 LBp5 可能同样起源于一个接合质粒祖先，但在与家族 4 质粒 pLP-ZJ101 发生的重组事件中丢失了接合转移基因。

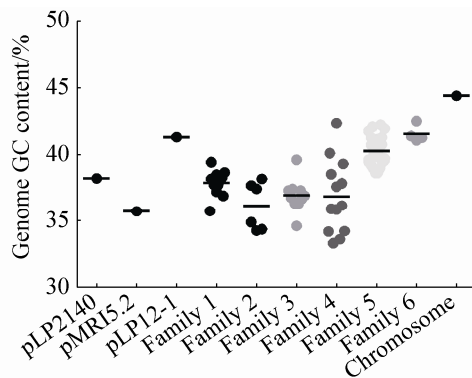
2.3.6 植物乳杆菌家族 6 质粒系统进化关系：经质粒基因组共线性分析，家族 6 含有 4 个质粒，均为编码 Rep 的大型质粒，它们均含有典型的 theta 复制 pIP501 家族复制子，该区域由 *rep* 基因和下游的 *ori* 组成。根据基因组共线性差异，家族 6 质粒可以清晰地划分为 2 个进化关系更近的亚家族类群(图 3)。类群 1 唯一质粒 pMF1298-1 基因组结构与类群 2 质粒明显不同，除了家族共有的复制子序列，它与类群 2 质粒几乎没有同源性，但与家族 5 类群 4 质粒含有众多同源性区域，并含有家族 5 质粒 3000 bp 的共有序列，因此它是一个接合质粒，尽管它与家族 5 质粒发生过重组进

化事件,但基于复制子优先原则,它归属于家族 6。类群 2 质粒均为非接合质粒,除了家族共有的复制子序列,它们均含有一个 34 kb 的高度同源性区域(大多数基因注释为未知蛋白),因此它们具有非常亲密的进化关系。基于上述分析,家族 6 类群 1 和类群 2 质粒进化关系较远,但鉴于它们共有 pIP501 家族复制子,家族 6 质粒很可能具有共同的进化祖先和起源。

2.4 植物乳杆菌天然质粒的起源

为了进一步探究植物乳杆菌质粒的起源,对每个家族质粒的基因组 GC 含量和最小复制子核心组件进行统计和 BLAST 分析,结果见图 4 和表 4。

由图 4 可知,家族 1-6 质粒基因组 GC 含量具有不同的变化范围和稳定性,家族 6 的变化最小,家族 4 的变化范围最大。基因组 GC 含量越稳定,表明该家族质粒发生水平基因转移事件越少,具有越窄的宿主范围,从而该家族质粒越趋于与宿主发生共同进化。根据 Rep 系统进化树(图 2E)和基因组 GC 含量稳定性,家族 6 质粒很符合这种



Lactobacillus plantarum plasmids and chromosome

图 4. 植物乳杆菌质粒和染色体基因组 GC 含量
Figure 4. The genome GC content of *Lactobacillus plantarum* plasmids and chromosome. Chromosome: The genome GC content of *Lactobacillus plantarum* WCFS1 chromosome (accession No. NC_004567.2) is 44.45%.

情况。与此相反,如果基因组 GC 含量变化范围越大,提示该家族质粒发生水平基因转移事件越频繁,具有越宽泛的宿主范围,因此它们在广泛宿主中发生着更加频繁的水平基因转移事件,从而具有更加复杂的进化过程。根据基因组共线性分析(图 3)和基因组 GC 含量变化范围,家族 4 质粒符合这种情况。家族 4 质粒 pLJ42 即是很好的例证。Rep 系统进化树(图 2-C)和基因组共线性(图 3)分析都表明质粒 pLJ42 与家族 4 其他质粒进化关系较远,具有相对独立的进化过程,此外基因组 GC 含量分析显示,质粒 pLJ42 基因组 CG 含量(42.41%)明显高于家族 4 质粒平均 GC 含量(36.91%),这一结果进一步证明了上述两种分析方法的结论。

家族 1-6 质粒基因组平均 GC 含量分别为 37.94%、36.19%、36.98%、36.91%、40.32%和 41.62%,均低于植物乳杆菌染色体(44.45%),尤其是家族 1-4 质粒,这提示家族 1-6 质粒祖先并非起源于植物乳杆菌,它们很可能起源于染色体 GC 含量更低的其他宿主菌。杂合质粒 pMRI5.2 和 pLP12-1 基因组 GC 含量分别处于家族 1-2 和家族 5-6 之间,符合 Rep 系统进化树(图 1)和基因组共线性(图 3)分析中关于它们由两个不同家族质粒融合进化的推测,因此它们分别与家族 1-2 和 5-6 具有共同的进化祖先和起源。根据质粒大小和基因组 GC 含量(38.27%),质粒 pLP2140 与家族 1 质粒相似,然而根据基因组共线性分析,它与植物乳杆菌所有分析的其他质粒没有同源性区域,因此质粒 pLP2140 不属于上述 6 个家族,可能具有完全独立的进化过程和起源。

由表 4 可知,家族 1-2(RCR)同源性质粒不仅在厚壁菌门众多革兰氏阳性菌属中出现,而且可以在变形菌门多个革兰氏阴性菌属中生存,这提示家族 1-2 同源性质粒很可能经历了十分漫长的

表 4. 植物乳杆菌同源性质粒宿主范围

Table 4. Host range of homologous plasmid in *Lactobacillus plantarum*

Classified family	Replication mechanism	Hypothetical family	Target sequence	Host range of homologous plasmid	
				Gram-positive bacteria	Gram-negative bacteria
Family 1	RCR	pC194	Rep	<i>Lactobacillus</i>	<i>Acetobacteraceae</i>
				<i>Pediococcus</i>	<i>Salmonella</i>
				<i>Weissella</i>	
				<i>Granulicatella</i>	
				<i>Streptococcus</i>	
				<i>Staphylococcus</i>	
				<i>Enterococcus</i>	
				<i>Sporosarcina</i>	
				<i>Listeria</i>	
				Family 2	RCR
<i>Lactococcus</i>	<i>Escherichia</i>				
<i>Bacillus</i>	<i>Campylobacter</i>				
<i>Staphylococcus</i>	<i>Cetobacterium</i>				
<i>Weissella</i>	<i>Chlamydia</i>				
<i>Enterococcus</i>	<i>Mycoplasma</i>				
<i>Paenibacillus</i>					
<i>Streptococcus</i>					
<i>Leuconostoc</i>					
<i>Listeria</i>					
<i>Streptomyces</i>					
<i>Jeotgalibaca</i>					
<i>Pediococcus</i>					
<i>Mycobacterium</i>					
<i>Aerococcus</i>					
<i>Carnobacterium</i>					
<i>Fructobacillus</i>					
<i>Tetragenococcus</i>					
<i>Pseudobutyrvibrio</i>					
<i>Clostridioide</i>					
Family 3	Theta	p256	Minimal replicon of	<i>Lactobacillus</i>	–
Family 4	Theta	pUCL287	plasmid p256 (688bp) Rep	<i>Pediococcus</i>	–
				<i>Lactobacillus</i>	–
				<i>Pediococcus</i>	
				<i>Enterococcus</i>	
Family 5	Theta	RepA_N	Rep N-terminal (100aa)	<i>Tetragenococcus</i>	
				<i>Lactococcus</i>	
				<i>Lactobacillus</i>	<i>Chlamydia</i>
				<i>Pediococcus</i>	
				<i>Oenococcus</i>	
Family 6	Theta	pIP501	Rep	<i>Tetragenococcus</i>	
				<i>Lactococcus</i>	
				<i>Enterococcus</i>	
				<i>Lactobacillus</i>	–
				<i>Pediococcus</i>	
				<i>Streptococcus</i>	

The family 3 target sequence is determined by reference [3]. The family 5 target sequence is determined by reference [15]. –: No results were retrieved.

进化历史,尤其是家族 2 同源性质粒,从而获得了广泛的宿主范围,因此家族 2 可能是植物乳杆菌中最古老的家族,最早进入植物乳杆菌。与 RCR 质粒相比,theta 复制家族 3-6 同源性质粒宿主范围较窄,尤其是家族 6 同源质粒仅出现在 3 个亲缘关系较近的宿主菌,并且它们与宿主清晰地显示了共进化现象,因此家族 6 可能是植物乳杆菌中出现最晚的家族。虽然家族 3 同源性质粒具有很窄的宿主范围,但由于该家族质粒最小复制子的研究和了解非常有限,只有质粒 p256 最小复制子可用于 BLAST 分析,因此家族 3 同源性质粒的宿主范围可能不限于表 4 所列。家族 4-5 质粒比家族 3、6 同源性质粒宿主范围更宽,且质粒数量较多,因此家族 4-5 是植物乳杆菌 theta 复制质粒的优势家族和古老家族。基于上述分析,家族 1-6 质粒在不同宿主范围具有同源性质粒,它们在这些宿主范围内具有维持、复制和水平转移的潜力,因此它们与同源性质粒很可能具有共同的进化祖先和起源,而根据基因组 GC 含量分析,家族 1-6 质粒很可能不起源于植物乳杆菌,因此家族 1-6 质粒的祖先和起源很可能来源于这些同源性质粒及其宿主。此外,通过 BLAST 比对分析,质粒 pLP2140 全基因组序列仅与 1 个鼠李糖乳杆菌染色体和 1 个有害片球菌质粒的 101 bp 的非编码区域具有同源性,这进一步证明,质粒 pLP2140 与植物乳杆菌其他质粒的进化和起源具有完全的独立性。

3 讨论

如果两个质粒具有同源性区域,那么这两个质粒具有一定的系统进化关系;如果两个质粒具有同源性(最小)复制子,那么这两个质粒具有共同

的进化祖先和起源。本文基于这两个基本假设,通过 Rep 系统进化树、基因组共线性、基因组 GC 含量和宿主范围分析方法,准确、有效地揭示了植物乳杆菌天然质粒的系统进化关系和起源,提供了分子(核苷酸和氨基酸序列)水平的佐证和依据,这对植物乳杆菌天然质粒系统进化和起源研究具有重要的参考价值,为今后植物乳杆菌天然质粒进化机制,及质粒与植物乳杆菌(宿主)互作关系研究奠定基础。

通过 Rep 系统进化树和基因组共线性两种方法分析,植物乳杆菌天然质粒的系统进化关系在家族水平上分析结果完全一致,这有力地证明了两种分析方法的准确性和有效性。比较两种分析方法可知,质粒 Rep 系统进化树方法可以简单、快速地对编码 Rep 质粒进行系统进化分析,可以准确划分质粒家族,并清晰地反映质粒家族之间的系统进化关系,但对于非编码 Rep 质粒无效。质粒基因组共线性方法可以全面、精确地对所有质粒进行系统进化分析,由于它针对质粒的全基因组进行比较分析,因此它可以在家族和亚家族水平对所有分析质粒进行准确、细致的微进化关系分析。然而,当质粒数量较多、基因组共线性较差时,该方法会产生海量的同源性区域信息和数据(本研究未列出),这对后续同源性区域的比对和鉴定造成很大困难,因此该方法进行大量质粒分析时,存在分析过程繁琐、结果数据解析费时费力的缺陷。因此基于上述分析,两种分析方法各有优缺点,Rep 系统进化树分析方法更适合在家族水平对大量质粒进行快速的系统进化分析,而质粒基因组共线性分析方法更适合在亚家族水平对较少质粒进行精准的微进化分析。因此将两种方法前后结合使用,可以建立一种准确、快速、

全面的质粒系统进化分析方法。此外, 这种组合方法不限于编码 Rep 质粒, 对于含有未知复制子的质粒(家族 3 和家族 5 部分质粒)同样适用, 因此这种组合方法很可能适用于所有细菌天然质粒的系统进化和起源研究, 可能具有普遍的方法学意义。

综合本文研究结果, 我们可以推测出植物乳杆菌天然质粒大致的演化过程和一些重要进化事件。植物乳杆菌 75 个天然质粒起源于 7 个祖先, 由于基因组 GC 含量均低于植物乳杆菌染色体, 因此所有质粒的祖先并非起源于植物乳杆菌, 它们可能都是通过偶然的水平基因转移事件从染色体 GC 含量更低的宿主菌进入植物乳杆菌。RCR 小型质粒(家族 1-2)属于植物乳杆菌质粒家族中的古老家族, 经历了漫长的进化时间, 从而适应了广泛的宿主范围, 因此它们较早进入植物乳杆菌, 但由于复制机制限制, 基因组很小, 只能携带很少的功能基因, 因此含有宽宿主范围的小型质粒, 对宿主细胞个体短期而言影响非常有限, 但对宿主群体长期而言, 意味着它们可以频繁地转移远源宿主的功能基因及其表型, 促进宿主适应环境变化的能力, 从而增强宿主群体的进化优势, 同时质粒本身得以生存、延续和传播。theta 复制质粒(家族 3-6)属于植物乳杆菌天然质粒的年轻家族, 家族基因组越大形成越晚, 进化历史越短, 从而适应的宿主范围越有限, 因此这些质粒进入植物乳杆菌的时间较晚。家族 6 质粒即是典型的例证。家族 6 质粒 Rep 分化程度(图 1)、基因组 GC 含量(图 4)和宿主范围(表 4)分析均表明, 家族 6 质粒是最后进入植物乳杆菌的家族。家族 6 质粒基因组巨大, 可以携带多种多样的功能基因, 由于形成和进化时间很短, 它们通常不能跨越“物

种”发生水平基因转移, 因此家族 6 质粒与宿主表现出明显的共进化现象。然而, 一旦成功发生“物种”间转移事件, 新宿主可以一次性获得大量的外源基因及其多种表型, 在生境发生大的变化时, 更能体现进化优势, 同时大质粒本身得以生存、延续和传播。基于前文分析, 家族 4-5 比家族 3、6 质粒发生了更加频繁的水平基因转移, 但基因组功能分析显示(结果未列出), 家族 4-5 质粒的进化动力机制不同, 家族 4 质粒主要依赖于转座, 家族 5 质粒转座和接合机制共存, 这表明家族 5 比家族 4 质粒可以更加频繁地进行宿主转移, 宿主范围分析也支持了这个观点(表 4), 因此含有家族 5 质粒的宿主可以获得更大的进化优势。综上所述, 每个家族质粒在不同外界环境选择压力下对植物乳杆菌(宿主)个体生理学和群体生态学意味着不同的进化意义, 但不论从质粒还是宿主角度分析, 获得生存与进化优势或许是它们统一且最终的目标^[24], 因此如此丰富且多样的天然质粒很可能在植物乳杆菌生长、发育、遗传和进化过程中扮演着非常重要的角色。

参 考 文 献

- [1] Sun ZH, Harris HMB, McCann A, Guo CY, Argimón S, Zhang WY, Yang XW, Jeffery LB, Cooney JC, Kagawa TF, Liu WJ, Song YQ, Salvetti E, Wrobel A, Rasinkangas P, Parkhill J, Rea MC, O'Sullivan O, Ritari J, Douillard FP, Paul Ross R, Yang RF, Briner AE, Felis GE, de Vos WM, Barrangou R, Klaenhammer TR, Caufield PW, Cui YJ, Zhang HP, O'Toole PW. Expanding the biotechnology potential of lactobacilli through comparative genomics of 213 strains and associated genera. *Nature Communications*, 2015, 6: 8322.
- [2] Siezen RJ, van Hylckama Vlieg JET. Genomic diversity and versatility of *Lactobacillus plantarum*, a natural metabolic engineer. *Microbial Cell Factories*, 2011, 10 Suppl 1: S3.
- [3] Sun DQ, Li HF, Song DW, Yang J, Zhang DJ, Xu XX. Progress in research on natural plasmids in *Lactobacillus*.

- Food Science*, 2015, 36(11): 251–255. (in Chinese)
孙大庆, 李洪飞, 宋大巍, 杨健, 张东杰, 许晓曦. 乳杆菌属天然质粒研究进展. *食品科学*, 2015, 36(11): 251–255.
- [4] Sørvig E, Skaugen M, Naterstad K, Eijsink VGH, Axelsson L. Plasmid p256 from *Lactobacillus plantarum* represents a new type of replicon in lactic acid bacteria, and contains a toxin-antitoxin-like plasmid maintenance system. *Microbiology*, 2005, 151(2): 421–431.
- [5] Yin S, Hao YL, Zhai ZY, Zhang W, Zhou H, Wang GH, Shi XL, Luo YB. Functional analysis of the plasmid pM4 replicon from *Lactobacillus plantarum* M4: determination of the minimal replicon and functionality identification of the putative *ssrA*. *Plasmid*, 2009, 62(3): 166–171.
- [6] Sun ZL, Kong J, Kong WT. Characterization of a cryptic plasmid pD403 from *Lactobacillus plantarum* and construction of shuttle vectors based on its replicon. *Molecular Biotechnology*, 2010, 45(1): 24–33.
- [7] Rattanachaikunsopon P, Phumkhachorn P. Construction of a food-grade cloning vector for *Lactobacillus plantarum* and its utilization in a food model. *The Journal of General and Applied Microbiology*, 2012, 58(4): 317–324.
- [8] de las Rivas B, Marcobal A, Muñoz R. Complete nucleotide sequence and structural organization of pPB1, a small *Lactobacillus plantarum* cryptic plasmid that originated by modular exchange. *Plasmid*, 2004, 52(3): 203–211.
- [9] Francia MV, Haas W, Wirth R, Samberger E, Muscholl-Silberhorn A, Gilmore MS, Ike Y, Weaver KE, An FY, Clewell DB. Completion of the nucleotide sequence of the *Enterococcus faecalis* conjugative virulence plasmid pAD1 and identification of a second transfer origin. *Plasmid*, 2001, 46(2): 117–127.
- [10] Thompson JK, Collins MA. Completed sequence of plasmid pIP501 and origin of spontaneous deletion derivatives. *Plasmid*, 2003, 50(1): 28–35.
- [11] Cho GS, Huch M, Mathara JM, van Belkum MJ, Franz CMAP. Characterization of pMRI 5.2, a rolling-circle-type plasmid from *Lactobacillus plantarum* BFE 5092 which harbours two different replication initiation genes. *Plasmid*, 2013, 69(2): 160–171.
- [12] Khan SA. Plasmid rolling-circle replication: highlights of two decades of research. *Plasmid*, 2005, 53(2): 126–136.
- [13] Moscoso M, del Solar G, Espinosa M. Specific nicking-closing activity of the initiator of replication protein RepB of plasmid pMV158 on supercoiled or single-stranded DNA. *Journal of Biological Chemistry*, 1995, 270(8): 3772–3779.
- [14] Benachour A, Frère J, Novel G. pUCL287 plasmid from *Tetragenococcus halophilus* (*Pediococcus halophilus*) ATCC 33315 represents a new theta-type replicon family of lactic acid bacteria. *FEMS Microbiology Letters*, 1995, 128(2): 167–175.
- [15] Weaver KE, Kwong SM, Firth N, Francia MV. The RepA_N replicons of Gram-positive bacteria: a family of broadly distributed but narrow host range plasmids. *Plasmid*, 2009, 61(2): 94–109.
- [16] Schumacher MA, Tonthat NK, Kwong SM, Chinnam NB, Liu MA, Skurray RA, Firth N. Mechanism of staphylococcal multiresistance plasmid replication origin assembly by the RepA protein. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2014, 111(25): 9121–9126.
- [17] Sota M, Yano H, Hughes JM, Daughdrill GW, Abdo Z, Forney LJ, Top EM. Shifts in the host range of a promiscuous plasmid through parallel evolution of its replication initiation protein. *The ISME Journal*, 2010, 4(12): 1568–1580.
- [18] Jalilsood T, Baradaran A, Ling FH, Mustafa S, Yusof K, Rahim RA. Characterization of pR18, a novel rolling-circle replication plasmid from *Lactobacillus plantarum*. *Plasmid*, 2014, 73: 1–9.
- [19] Feld L, Bielak E, Hammer K, Wilcks A. Characterization of a small erythromycin resistance plasmid pLFE1 from the food-isolate *Lactobacillus plantarum* M345. *Plasmid*, 2009, 61(3): 159–170.
- [20] Xi XD, Fan J, Hou Y, Gu JH, Shen WJ, Li ZK, Cui ZL. Characterization of three cryptic plasmids from *Lactobacillus plantarum* G63 that was isolated from Chinese pickle. *Plasmid*, 2013, 70(3): 321–328.
- [21] Benachour A, Frère J, Flahaut S, Novel G, Auffray Y. Molecular analysis of the replication region of the theta-replicating plasmid pUCL287 from *Tetragenococcus* (*Pediococcus*) *halophilus* ATCC33315. *Molecular and General Genetics MGG*, 1997, 255(5): 504–513.
- [22] van Kranenburg R, Golic N, Bongers R, Leer RJ, de Vos WM, Siezen RJ, Kleerebezem M. Functional analysis of three plasmids from *Lactobacillus plantarum*. *Applied and Environmental Microbiology*, 2005, 71(3): 1223–1230.
- [23] Chen C, Ai LZ, Zhou FF, Ren J, Sun KJ, Zhang H, Chen W, Guo BH. Complete nucleotide sequence of plasmid pST-III from *Lactobacillus plantarum* ST-III. *Plasmid*, 2012, 67(3): 236–244.
- [24] Kado CI. Origin and evolution of plasmids. *Antonie van Leeuwenhoek*, 1998, 73(1): 117–126.

Phylogenetic evolution and origin of natural plasmids of *Lactobacillus plantarum*

Daqing Sun^{1*}, Hongfei Li¹, Jian Yang², Dawei Song²

¹ National Coarse Cereals Engineering Research Center, Heilongjiang Bayi Agricultural University, Daqing 163319, Heilongjiang Province, China

² College of Food Science, Heilongjiang Bayi Agricultural University, Daqing 163319, Heilongjiang Province, China

Abstract: [Objective] In order to explore the evolutionary relationship and origin of natural plasmid of *Lactobacillus plantarum*. [Methods] We analyzed phylogenetic relationships and origins of 75 natural plasmids of *L. plantarum* by replication initiation protein (Rep) phylogenetic tree, genomic collinearity, genomic GC content and host range. [Results] Rep phylogenetic tree and genomic collinearity analysis simultaneously showed that all natural plasmids of *L. plantarum* could be divided into 6 families with close evolutionary relationships, 2 complex plasmids with special evolution form and 1 independent evolution plasmid pLP2140. The complex plasmids pMRI5.2 and pLP12-1 were fused by 2 different plasmids of the family 1-2 and family 5-6. Therefore, the natural plasmids of *L. plantarum* could be originated from 7 ancestors. The genomic collinearity analysis showed that the 6 family plasmids could be further divided into 17 subfamily groups with closer evolutionary relationships, and the phylogenetic relationships among plasmids could be clearly and effectively revealed at the subfamily level. Finally, the analysis of genomic GC content and host range provided further evidence for the phylogenetic relationship and origin of the natural plasmid of *L. plantarum*. [Conclusion] Therefore, the above research can accurately and effectively reveal the phylogenetic relationship and origin of the natural plasmids of *Lactobacillus plantarum*, which is of great reference value for the acquaintance and study of the evolution and origin of the natural plasmids of *Lactobacillus plantarum*. We proposed a more effective research strategy and analytical method of the evolution and origin of natural plasmids by comparing and combining the characteristics of the analytical methods of Rep phylogenetic tree and genome collinearity, and this method may be applicable to all bacterial natural plasmids, so it may have universal methodological significance for the study of the evolution and origin of natural plasmids.

Keywords: *Lactobacillus plantarum*, natural plasmid, phylogenetic tree, genomic collinearity, minimal replicon

(本文责编: 张晓丽)

Supported by the Youth Science Foundation of Heilongjiang Province (QC2014C020), by the Science and Technology Project of Mudanjiang City (Z2016n0015) and by the School Cultivation Subject of Heilongjiang Bayi Agricultural University (XZR2016-15)

*Corresponding author. Tel: +86-459-2673850; Fax: +86-459-2673847; E-mail: sundaqing1979@163.com

Received: 22 March 2017; Revised: 25 April 2017; Published online: 27 April 2017