

## Дополнительный материал (Приложение 3) к статье «СИСТЕМЫ РЕСТРИКЦИИ-МОДИФИКАЦИИ СО СПЕЦИФИЧНОСТЯМИ GGATC, GATGC И GATGG. ЧАСТЬ 1. ЭВОЛЮЦИЯ И ЭКОЛОГИЯ»

Авторы: С.А. Спирин\*, И.С. Русинов, О.Л. Макарикова, А.В. Алексеевский, А.С. Карягина

\* — автор, ответственный за переписку, [sas@belozersky.msu.ru](mailto:sas@belozersky.msu.ru)

Журнал «Биохимия». Работа выполнена в НИИ физико-химической биологии имени А.Н.Белозерского МГУ имени М.В.Ломоносова в 2025 г.

Рисунки на стр. 2, 3, 4 изображают филогенетические деревья, построенные по последовательностям эндонуклеаз рестрикции (ЭР). Последовательности отбирались по следующему алгоритму. Сначала последовательности всех ЭР из систем со специфичностями GGATC, GATGC И GATGG были кластеризованы программой cd-hit с параметрами: локальное выравнивание, порог на длину участка выравнивания — 90% от длины меньшей последовательности, порог на идентичность 70%. Затем из каждого кластера было выбрано по одной ЭР из каждого вида бактерий-хозяев.

Филогенетические деревья были построены программой FastME отдельно для ЭР каждой из трёх специфичностей. Параметры программы: критерий “Balanced Minimum Evolution”, поиск лучшего дерева алгоритмом SPR, бутстреп 100 реплик. Деревья были визуализированы в онлайн-сервисе iTOL и укоренены в среднюю точку. Ветви с поддержкой менее 40% удалены («схлопнуты»). После идентификатора каждой ЭР указаны вид, класс и отдел бактерии-хозяина. Цвета названий листьев дерева соответствуют отделам бактерий.

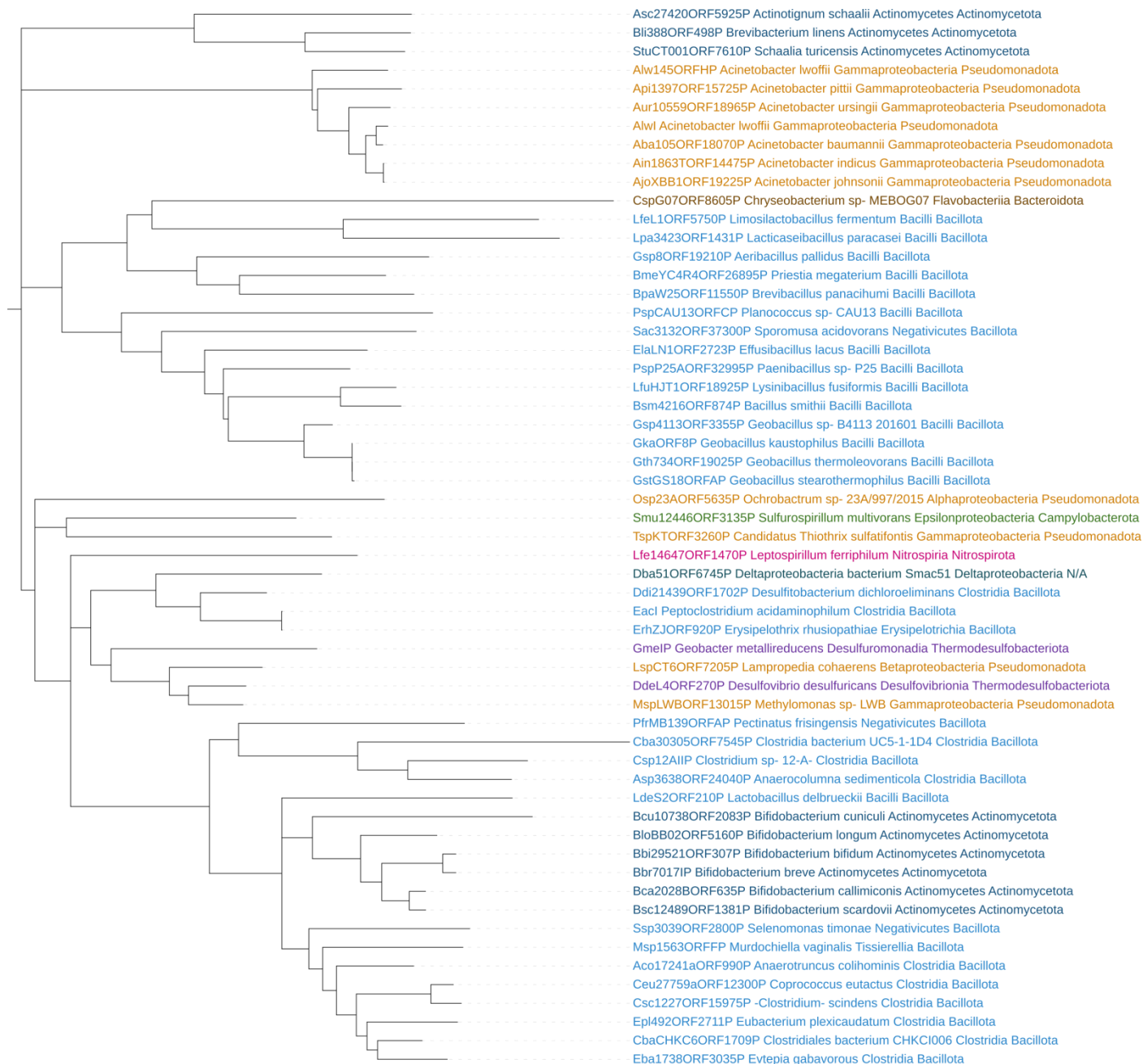


Рис. III. Филогенетическое дерево ЭР со специфичностью GGATC

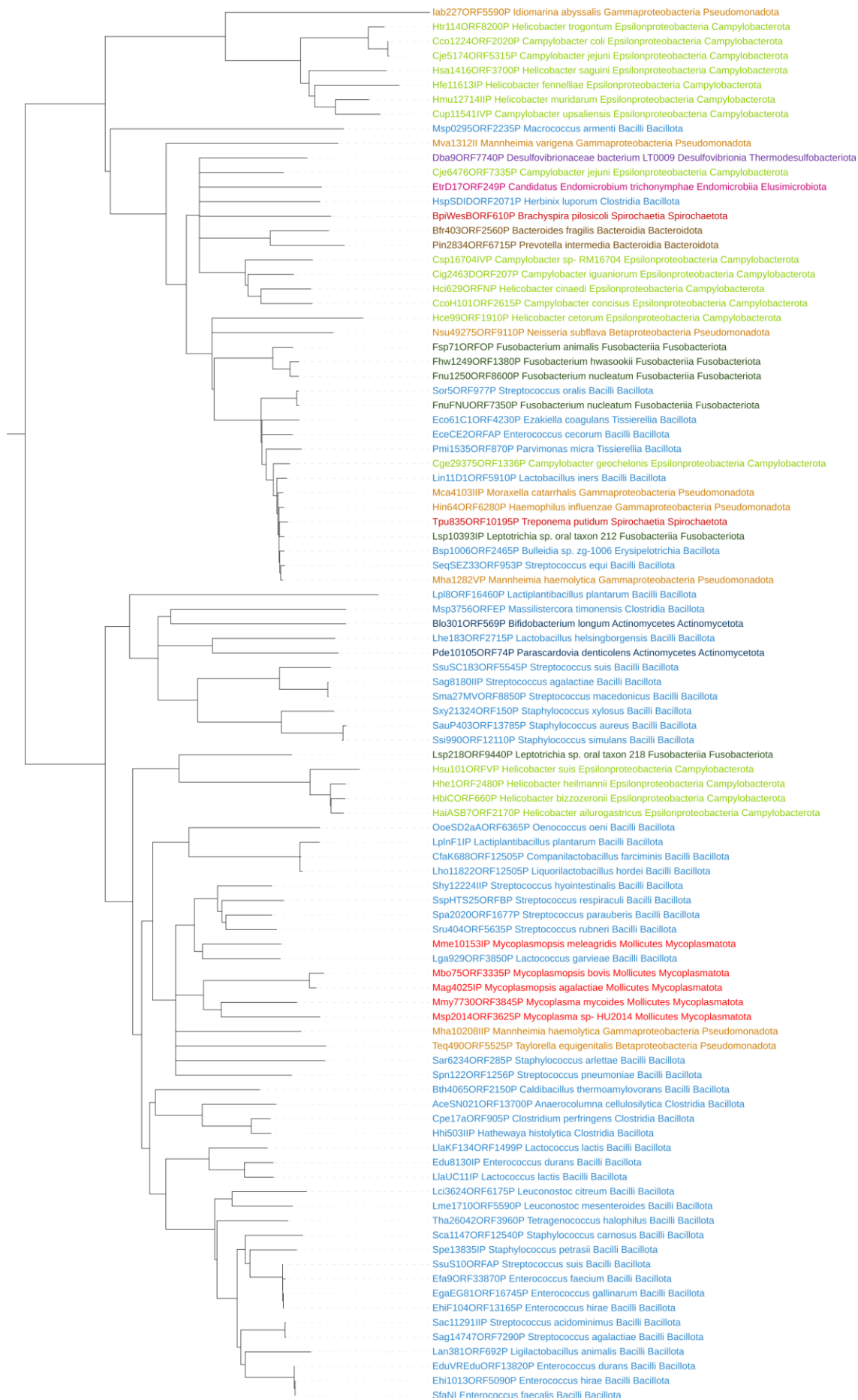
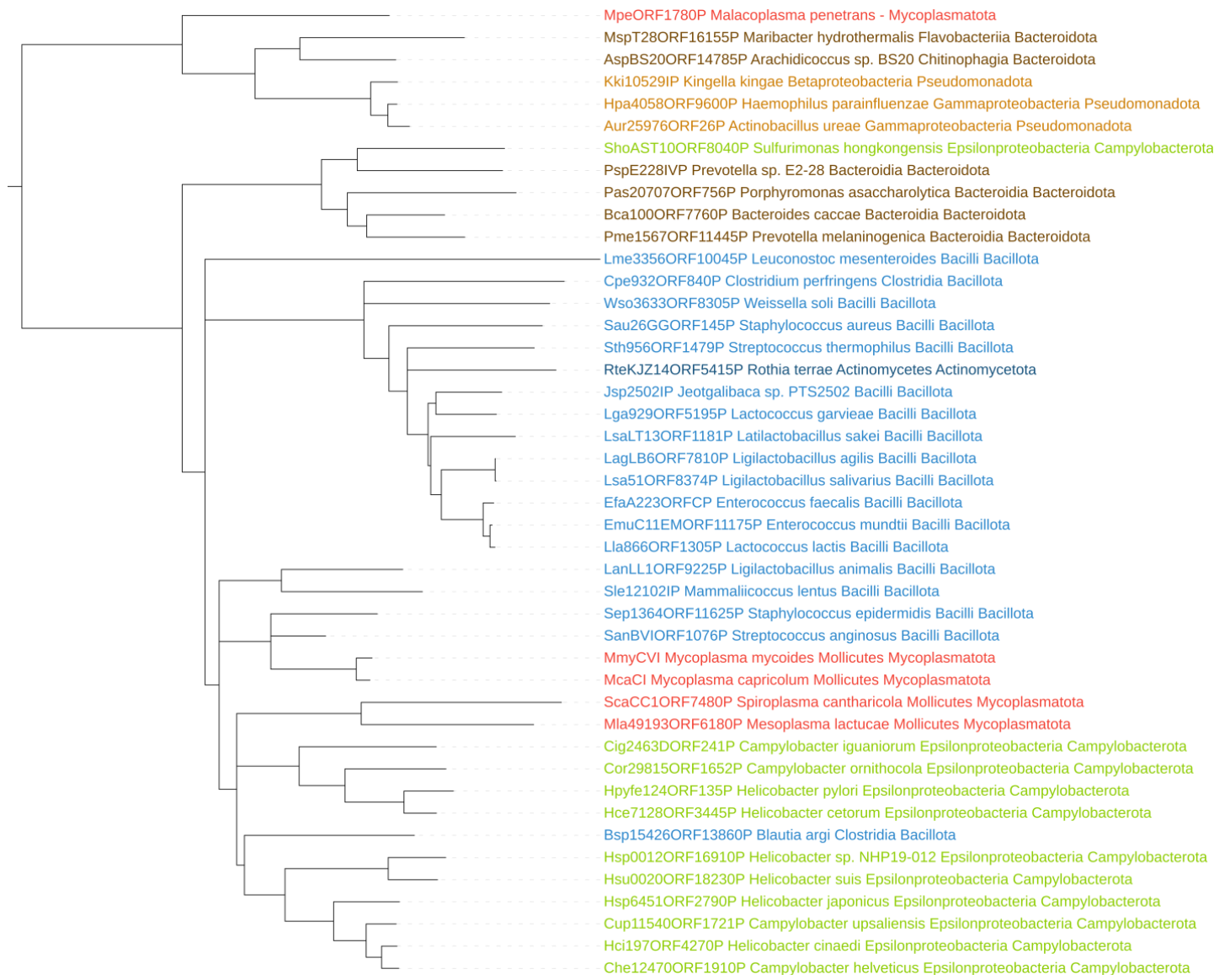


Рис. П2. Филогенетическое дерево ЭР со специфичностью GATGC



**Рис. ПЗ.** Филогенетическое дерево ЭР со специфичностью GATGG