

**Распространенность и эволюция систем рестрикции-модификации,  
содержащих эндонуклеазу рестрикции семейства Bse634I**

**Научный руководитель – Алексеевский Андрей Владимирович**

**Кирпиченко Алина Олеговна**

*Студент (специалист)*

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Факультет  
биоинженерии и биоинформатики, Москва, Россия

*E-mail: 7645577@mail.ru*

Одной из важных особенностей успешной эволюции прокариот является их возможность отличать свою ДНК от чужеродной. Микроорганизмы выработали механизмы защиты, значимой частью которых стали системы рестрикции-модификации (РМ). Системы представлены ферментами с двумя активностями: эндонуклеазы рестрикции (ЭР) и ДНК метилтрансферазы (МТ). ЭР узнает и расщепляет чужеродные ДНК в определенных локусах, МТ обеспечивает различие между своей и чужой ДНК за счет переноса метильной группы. Системы РМ разделяют на 4 типа, при этом II тип наиболее представлен у прокариот [3]. В данной работе рассмотрены системы РМ, содержащие ЭР типа II Pfam семейства Bse634I.

Помимо вертикального наследования прокариоты передают генетический материал с помощью горизонтального переноса, что играет важную роль в эволюции. Горизонтальный перенос помогает приобретать новые метаболические возможности и адаптироваться к среде [1]. Цель данной работы - выявить соотношение горизонтальных переносов и вертикального наследования систем РМ, содержащих ЭР Bse634I, и соответствующих генов МТ и ЭР отдельно. В базе данных Uniprot было найдено 68 последовательностей белков с доменом Bse634I. На основе анализа множественного выравнивания последовательностей, разметки его по вторичной структуре ЭР Bse634IR с известной 3D структурой и идентификации каталитического мотива PDx(10,51)[DE]x(1,13)K [2] были удалены вероятные ошибки аннотации. Осталось 60 ЭР. С помощью программы BLAST и баз данных были найдены 58 последовательностей МТ, входящих вместе с обнаруженными ЭР в одну систему РМ. Все 58 найденных МТ гомологичны и принадлежат одному Pfam семейству DNA\_methylase (PF00145).

Найденные нами 58 систем РМ класса Bse634I#DNA\_methylase присутствуют в 39 родах из 33 семейств бактерий и архей. Такое распределение гомологичных систем по таксонам высокого уровня говорит о том, что в эволюции система РМ недолго существует в одном виде, но часто переносится горизонтально. В докладе случаи такого переноса будут подтверждены сравнением филогенетических деревьев ЭР, МТ и прокариот.

В дальнейшей планируется использовать и другие способы идентификации систем РМ изучаемого класса при помощи поиска по профилю Bse634I в трансляциях всех ORF из нуклеотидных последовательностей прокариот.

**Источники и литература**

- 1) Garushyants S.K., Gelfand M.S., Kazanov M.D. Horizontal gene 47 transfer and genome evolution in Methanosarcina // BMC Evol. Biol., Jun. 2015. vol.15. p.102.
- 2) Grazulis S. et al. Crystal structure of the Bse634I restriction endonuclease: comparison of two enzymes recognizing the same DNA sequence // Nucleic Acids Res., Feb. 2002. vol.30. No.4 pp. 876-85.

- 3) Nagaraja V., Vasu K. Diverse functions of restriction-modification systems in addition to cellular defense // *Microbiol. Mol. Biol. Rev.*, Mar. 2013. vol. 77. No. 1, pp. 53–72.