

## Изучение разнообразия защитных систем в метагеномах

*Никитин Иннокентий Дмитриевич*

*Студент (специалист)*

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

*E-mail: nikitinkesha94@gmail.com*

Целью работы было изучение разнообразия прокариотических защитных систем в различных метагеномах. Мы начали изучение метагеномов, происходящих из антарктического суперсоленого озера Deep Lake. Они интересны, поскольку имеют малое биологическое разнообразие и высокий уровень горизонтального переноса генов [1]. С помощью НММ-моделей PADLOC [2] были распознаны последовательности, кодирующие белки 44 типов защитных систем. Были выявлены предполагаемые белки метагенома, закодированные в геномах тех организмов из обитающих в озере, для которых доступен полностью собранный геном (четыре вида архей). Был запущен поиск программой TBLASTN, в результате которого было обнаружено, что примерно 10% найденных белков защитных систем относятся к изученным археям, а остальные, вероятно, к более редким организмам, чей геном пока не известен. Для дальнейшего анализа были выбраны системы фосфотионирования — Dnd и Ssp. В попытке найти полноценные защитные системы были выделены белки из систем одного типа, находящиеся на одном контиге близко друг от друга.

### Источники и литература

- 1) DeMaere, Matthew Z., et al. (2013) High level of intergenera gene exchange shapes the evolution of haloarchaea in an isolated Antarctic lake. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 110.42:16939–16944
- 2) Payne, Leighton J., et al. (2022). PADLOC: a web server for the identification of antiviral defence systems in microbial genomes. *Nucleic Acids Research*.