

Сравнение систем защиты свободноживущих прокариот и внутриклеточных паразитов

Ириоглов Роман Андреевич

Аспирант

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

E-mail: irio-roman@yandex.ru

В наше время известно более 50 защитных систем прокариот, действующих на различных этапах фаговой инфекции и имеющих разные механизмы: системы, препятствующие узнаванию фагом рецепторов; системы химической защиты; системы, ингибирующие вход фаговой ДНК в клетку; системы, использующие деградацию ДНК; abortивные системы и системы токсин-антитоксин [1].

Недавно были созданы профили для поиска основных компонентов систем защиты в геномах прокариот, доступные в виде онлайн-сервиса PADLOC [2]. Мы решили испытать данный сервис на одном из объектов исследования нашей лаборатории - геномах бактерий рода *Brucella*. Было обнаружено 3 защитные системы (системы рестрикции-модификации типов I и II и дГТФазная система), что оказалось меньше ожидаемого результата, с учётом огромного разнообразия систем защиты и их частой локализации в форме «защитных островов» - участков, способных к горизонтальному переносу.

Была выдвинута гипотеза, что такой результат связан со способом существования бактерий рода *Brucella*. Они обладают высокой способностью к проникновению внутрь живых организмов, внутриклеточному размножению и длительному персистированию в фагоцитатах, проводя таким образом значительную часть своего жизненного цикла в среде с низким количеством бактериофагов и не нуждаясь в большом количестве защитных систем.

Чтобы проверить данную гипотезу, мы решили сравнить состав защитных систем у преимущественно свободноживущих бактерий и внутриклеточных паразитов. Мы сравнили состав систем защиты у бактерий - внутриклеточных паразитов из родов *Brucella* и *Rickettsia* с бактериями рода *Xanthomonas*, патогенными, но находящимися в контакте с воздушной средой, и как свободноживущими, так и паразитирующими бактериями рода *Stenotrophomonas*. Было показано наличие в среднем 2 систем у риккетсий, 9 - у *Xanthomonas* (Рис. 1 и 2) и *Stenotrophomonas*.

Полученные результаты свидетельствуют в пользу выдвинутой нами гипотезы. В дальнейшем мы планируем продолжить сравнение состава защитных систем на бактериях других родов, в частности исследовать род *Leptospira*, включающий в себя как свободноживущие, так и паразитические бактерии.

Источники и литература

- 1) Isaev, A. B., Musharova, O. S., & Severinov, K. V. (2021). Microbial Arsenal of Antiviral Defenses - Part I. Biochemistry. Biokhimiia, 86(3), 319–337. <https://doi.org/10.1134/S0006297921030081>
- 2) Payne L.J., Todeschini T.C., Wu, Y., Perry B.J., Ronson C.W., Fineran P.C., Nobrega F.L. and Jackson S.A.# (2021) Identification and classification of antiviral defence systems in bacteria and archaea with PADLOC reveals new system types. Nucleic Acids Research 49, 10868-10878. doi: 10.1093/nar/gkab883

Иллюстрации

Система		pd885	nbc2815	pd5205	Fap21	Fap29	SHQP01	YL19
Системы abortивной инфекции	AbiD	1	1	1	1	1	1	1
	AbiE	1	1	1	1	1	0	0
	darTG	0	0	0	0	0	1	1
	DprA-PRTase	1	0	0	0	0	0	0
	Ретрон I-B	0	0	0	0	0	1	1
CRISPR-Cas	Cas подтип I-F1	1	1	1	1	1	1	1
	кассета CRISPR	2	1	1	1	1	2	2
P-M и другие модификации	P-M тип I	1	1	1	1	1	1	1
	P-M тип IIG	0	0	0	0	0	1	1
	ФТ (SspABCD)	1	1	1	1	1	0	0
Другие	Septu (тип I)	0	1	0	0	0	0	0
	Zorya (тип III)	1	1	1	1	1	1	1
	Kiwa	0	1	0	0	0	0	0
	ppl	0	0	0	0	0	1	1

Рис. : 1 Защитные системы 7 штаммов бактерии *Xanthomonas fragariae*. Номером обозначено количество систем данного типа, найденных у штамма. Красным цветом обозначены системы, относящиеся к классу Abi (системы abortивной инфекции), включая системы токсин-антитоксин. Синим цветом обозначена система CRISPR-Cas. Зелёным цветом обозначены системы рестрикции-модификации и другие системы, связанные с модификацией нуклеиновых кислот. Все прочие системы выделены желтым цветом. Сокращения: P-M – системы рестрикции-модификации, ФТ – фосфотионирование.

Система		pFap21-1	pFap21-2	pFap29-1	pFap29-2	pNBC2815-21	pPD885-27	pPD885-29	pPD5205-21	pPD5205-30	pun1_shqp01	pYL19
Системы abortивной инфекции	RelE/ParE	1	2	1	2	2	3	1	2	1	1	1
	RelB/DinJ	1	1	1	1	1	0	1	1	1	0	0
	VbhA	1	1	1	1	1	2	1	1	1	0	0
	VapC	0	1	0	1	1	1	0	1	0	0	0

Рис. : 2 Защитные системы из плазмид 7 штаммов бактерии *Xanthomonas fragariae*. Номером обозначено количество систем данного типа, найденных в плазмиде. Красным цветом обозначены системы, относящиеся к классу Abi (системы abortивной инфекции), в данном случае все они являются системами типа токсин-антитоксин.