

Скрининг ферментов Quorum Quenching в протеомах бактерий**Научный руководитель – Зайцева Юлия Владимировна****Соколов Максим Николаевич***Студент (бакалавр)*

Ярославский государственный университет им. П.Г. Демидова, Ярославль, Россия

E-mail: melsudbi@yandex.ru

Quorum Quenching (QQ), как механизм конкурентной борьбы у бактерий, предполагает различные подходы, в том числе ферментативную деградацию агентов Quorum Sensing (QS). Поиск и изучение ферментов QQ - актуальная задача науки.

Целью работы являлся скрининг ферментов QQ в аннотированных бактериальных протеомах в базе данных NCBI. Для этого были отобраны 12 референсных последовательностей ферментов, относящихся к 4 группам: Zn-гидролазы (AiiA, AiiB, AhlD, AhlK, AttM.); альфа/бета гидролазы (AidH, AiiM); фосфотриэстеразоподобные лактоназы (QsdA); и ацилазы (PvdQ, AhlM, QuiP, HacB). При помощи алгоритма BLAST были подобраны последовательности, гомологичные референсным не менее, чем на 70%. На основе выравнивания полученных данных с использованием алгоритма MUSCLE было сформировано филогенетическое дерево по алгоритму PHYLIP NJ, матрица расстояний Jones-Taylor-Thornton.

В ходе работы было проанализировано 326 белковых последовательностей ферментов. Наиболее широко распространенным семейством ферментов QQ являются Zn- гидролазы, они обнаруживаются в протеомах бактерий из филумов Proteobacteria, Actinomycetes и Firmicutes. типа AhlD свойственны для Actinomycetes. AhlK, AttM и AiiB распространены среди Proteobacteria. Лактоназы типа AiiA в основном присутствуют в протеомах Firmicutes, однако также встречаются и у Proteobacteria. AttM и AiiB высокогомологичны ферментам группы MBL гидролаз, которые были отмечены в филумах Proteobacteria и Firmicutes и в единственном случае в филуме Acidobacteria (HBL26025.1). Предположительно, MBL гидролазы являются предковой группой для Zn-гидролаз. При этом члены AiiA-подобного кластера идентичны более чем на 90%, в то время как члены AttM-подобного кластера демонстрируют только 30–58% гомологии и менее чем на 25% идентичны членам AiiA-подобного кластера, что соответствует литературным данным [1]. Меньшую степень гомологии проявили ферменты группы ацилаз - AidH, HacB, PvdQ и QuiP. Кроме единичных случаев среди PvdQ и QuiP, которые обнаружили в филуме Firmicutes, ацилазы распространены у Proteobacteria. PvdQ и QuiP показали высокую гомологичность белкам, аннотированным как бактериальные пенициллин-амидазы, которые, вероятно, являются для ацилаз предковой группой. Семейство фосфотриэстеразоподобных лактоназ состоит из единственного фермента QsdA, который, согласно литературным данным, присутствует только у бактерий рода *Rhodococcus*. Однако, высокогомологичные ему последовательности ферментов встречаются у бактерий других родов филума Actinomycetes, что также может указывать на эволюционное происхождение этих ферментов. Относящиеся к семейству $\alpha\beta$ -гидролаз AiiM и AhlM проявили большую гомологичность ферментам HacB и QuiP в первом случае и PvdQ во втором, соответственно. Предположительно, эта группа имеет гетерогенное происхождение, а их функциональное сходство конвергентно сложилось в ходе эволюции ферментных систем бактерий.

Источники и литература

- 1) Fetzner S. Quorum quenching enzymes // Journal of biotechnology. – 2015. – V. 201. – P. 2-14.

Иллюстрации

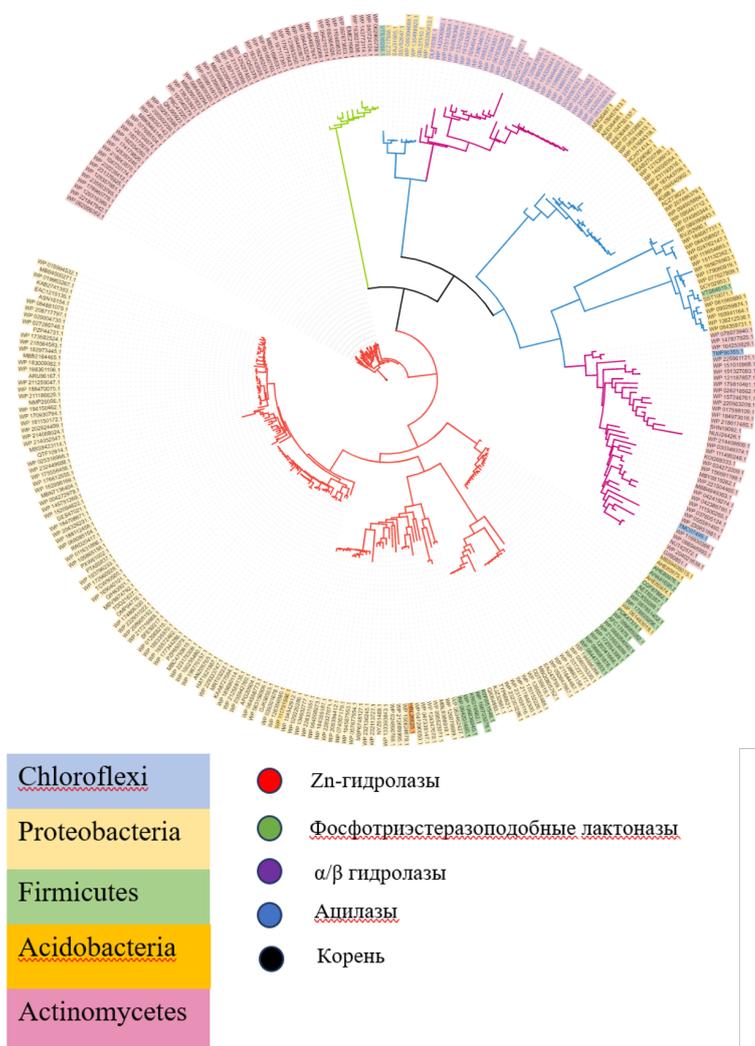


Рис. : Филогенетическое дерево распространения ферментов Quorum Quenching в отсеке-нированных протеомах бактерий