

Изучение систем рестрикции-модификации в метагеноме гиперсоленого озера Глубокое, Антарктида

Научный руководитель – Ершова Анна Степановна

Хачатурян Марина Александровна

Студент (специалист)

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

E-mail: zyukeriy@gmail.com

Системы рестрикции-модификации (Р-М) - один из способов защиты бактерий и архей от чужеродной ДНК, например, вирусов. Активные ортодоксальные системы Р-М типа II вызывают избегание соответствующего сайта узнавания ДНК в геномах прокариот и их вирусов [1].

В данной работе исследовано влияние систем Р-М на горизонтальный перенос генов и защиту от вирусов в реальном микробиомном сообществе озера Глубокое, Антарктида. Данное сообщество хорошо охарактеризовано с точки зрения состава прокариот, их вирусов, а также систем защиты CRISPR и BREX [2, 3]. При этом системы Р-М не были исследованы.

Для работы был использован метагеном озера Глубокое и геномы четырех архей, обитателей этого озера, которые составляют 70% данного сообщества [2]. Метагеном содержит около 10 различных вирусов. Соответствие архей и их вирусов было взято из работы [3].

Для поиска систем Р-М и предсказания их сайтов узнавания в метагеноме использовалась БД REBASE. Для оценки недопредставленности сайтов систем Р-М был использован метод Карлина [4].

В контигах метагенома были обнаружены гены систем Р-М всех известных типов; всего обнаружено 53 ортологичные группы систем, узнающих сайты длины 4-8. В четырех геномах архей были найдены системы Р-М, узнающие 9 различных сайтов систем Р-М типа II. Каждый из четырех геномов характеризуется собственным набором систем Р-М.

В четырех геномах было найдено 13 случаев недопредставленности для 7 сайтов. Более родственные археи имеют сходный профиль представленности сайтов. Больше половины (8 из 13) случаев недопредставленности относятся к сайтам систем, не закодированных в данном геноме, но закодированных в других геномах сообщества. Эти результаты свидетельствуют о вероятном горизонтальном переносе систем Р-М внутри популяции даже между далекими организмами.

В метагеноме идентифицированы контиги, относящиеся минимум к 10 различным вирусам. Вирусы существенно различаются по количеству недопредставленных сайтов и степени недопредставленности. Интересно, что самый распространенный по числу ридов в метагеноме вирус HRTV-7 полностью избегает 5 из 9 сайтов систем типа II, закодированных в четырех наиболее распространенных видах архей. Его распространенность может быть связана с эффективной защитой от систем Р-М хозяев.

Источники и литература

- 1) Ершова А. С. и др. Роль систем рестрикции-модификации в эволюции и экологии прокариот (обзор) //Биохимия. – 2016. – Т. 81. – №. 1. – С. 18-34.
- 2) DeMaere M. Z. et al. High level of intergenera gene exchange shapes the evolution of haloarchaea in an isolated Antarctic lake //Proceedings of the National Academy of Sciences. – 2013. – Т. 110. – №. 42. – С. 16939-16944.

- 3) Tschitschko B. et al. Antarctic archaea–virus interactions: metaproteome-led analysis of invasion, evasion and adaptation //The ISME journal. – 2015.
- 4) Karlin S., Cardon L. R. Computational DNA sequence analysis //Annual Reviews in Microbiology. – 1994. – Т. 48. – №. 1. – С. 619-654.