

Эволюция систем рестрикции-модификаций

Безсуднова Ольга Игоревна

Студент (специалист)

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

E-mail: olusha96@gmail.com

Системы рестрикции-модификации (Р-М) защищают бактерии и археи от чужеродной ДНК. Все системы РМ классифицированы по 4 типам. Типичная система Р-М типа I состоит из ДНК метилтрансферазы, эндонуклеазы и узнающего белка. Системы Р-М типа II обычно состоят из эндонуклеазы и ДНК-метилтрансферазы или из одного белка, объединяющего обе активности (подтип IIG). Типичная система Р-М типа III состоит из ДНК-метилтрансферазы и эндонуклеазы. Системы Р-М типа IV обычно состоят из одной эндонуклеазы, режущих метилированную ДНК. Так же устроены и функционируют системы Р-М подтипа IIM.

Известно, что системы Р-М могут эволюционировать независимо от хозяина благодаря горизонтальному переносу систем или отдельных генов. Наше исследование выполнено в рамках проекта по сравнению эволюции систем Р-М с эволюцией их хозяев - бактерий и архей.

Данные о системах Р-М и их генах были получены из базы данных REBASE, содержащей наиболее полную информацию о системах Р-М. Из 4594 геномов прокариот были получены данные о 31508 системах Р-М.

Мы классифицировали системы Р-М по составу генов. Оказалось, что семь типов генов (эндонуклеазы, метилтрансферазы, белок с эндонуклеазной и метилтрансферазной активностью, узнающий белок, никаза, контролирующий белок, хеликаза) встречаются в 110 комбинациях. Было обнаружено, что для систем Р-М типа I типичный состав белков встречается в 3173 случаях (50%), для системы Р-М типа III в 1621 случае (78%), для системы Р-М типа IV в 3640 (96%) случаях. для системы Р-М типа II 2876 (32%) случаев, не включающих подтипа M (355 случаев), еще 2826 (32%) систем подтипа IIG.

Таким образом, треть (32,5%) систем Р-М имеет нетипичный состав генов, что подтверждает высокую скорость их эволюции. Некоторые интересные нетипичные примеры будут рассмотрены в докладе.

Мы классифицировали 14471 эндонуклеаз из систем Р-М по гомологии последовательностей эндонуклеазных доменов в соответствии с БД Pfam. Из 79 классов эндонуклеазы из 7 классов встречаются в двух или более типах систем Р-М.

Полученные результаты являются необходимым шагом в описании эволюции систем Р-М.