

Особенности в организации системы конъюгации плазмиды pBS72 природных бактерий *Bacillus subtilis*

Научный руководитель – Титок Марина Алексеевна

Гуринович Анастасия Сергеевна

Аспирант

Белорусский государственный университет, Биологический факультет, Кафедра микробиологии, Минск, Беларусь
E-mail: nastia.gurinovich96@gmail.com

Изучение систем конъюгации плазмид представляет большой научный и практический интерес. Данным способом распространяются гены антибиотикорезистентности и патогенности среди бактерий природных популяций, и он используется при введении генно-инженерных конструкций для генетического анализа биотехнологически значимых микроорганизмов.

Целью настоящей работы являлось изучение особенностей в системе конъюгации плазмиды pBS72 природных бактерий *B. subtilis*.

Анализ полной нуклеотидной последовательности плазмиды pBS72 размером 102 254 п.н. (GeneBank NCBI, KX711616) позволил в пределах *tra*-области (занимает более 30% плазмидного репликона) выявить и охарактеризовать ключевые генетические элементы, широко используемые для классификации бактериальных плазмид (T4SS, MOB и T4CP).

Установлена доменная организация белка VirB системы T4SS (*orf* 31) с отсутствием трансмембранных доменов на N-конце и наличием в C-концевой части молекулы консервативных аминокислотных последовательностей, определяющих его АТФ-азную активность (Walker A и Walker B, мотивы C, D и E) [1].

В пределах белка T4CP (*orf* 24) обнаружено присутствие в N-концевой части трансмембранного домена и аминокислотной последовательности, способной формировать петлю в периплазме. На C-конце белка выявлены консервативные домены, определяющие распознавание и связывание молекулы ДНК (соответственно домены AAD и NBD), а также АТФ-азную активность (Walker A и Walker B) [2].

В пределах белка MOB (*orf* 37) выявлены три функциональных домена (His-домен, Tug-домен и Ser-домен), характерных для белков MOB-типа.

Установлено, что маркированная геном антибиотикорезистентности плаزمида pBS72 обеспечивает конъюгационный перенос вектора, содержащего релаксазу MOB-типа, в биотехнологически значимые штаммы *B. licheniformis* FD9 *B. amyloliquefaciens* 7IA3и *B. subtilis* d16 с частотой от $2,4 \times 10^{-4}$ до $9,34 \times 10^{-6}$ (при оптимальных условиях наличие трансконъюгантов фиксировали через 3 часа скрещивания в жидкой среде).

Научный руководитель работы - доктор биологических наук, профессор Титок Марина Алексеевна.

Источники и литература

- 1) Sgro G.G. [et al.] Bacteria-Killing Type IV Secretion Systems // Front Microbiol. 2019. Vol. 10. E. 1078. doi:10.3389/fmicb.2019.01078.
- 2) Whitaker N., Chen Y., Jakubowski S.J, Sarkar M.K, Li F., Christie P.J. The all-alpha domains of coupling proteins from the *Agrobacterium tumefaciens* VirB/VirD4 and *Enterococcus faecalis* pCF10-encoded type IV secretion systems confer specificity to binding of cognate DNA substrates. // J. Bacteriol. 2015. Vol. 197. № 14. P. 2335–2349. doi: 10.1128/JB.00189-15