Секция «Биоинформатика»

# Изучение эволюции и классификация систем рестрикции-модификации содержащих эндонуклеазу рестрикции семейства RE_AlwI

**Научный руководитель – Спирин Сергей Александрович**

***Попова Анастасия Ивановна***
*Выпускник (бакалавр)*
Московский политехнический университет, Москва, Россия
*E-mail: diatrimma@mail.ru*

Системы рестрикции-модификации (Р-М) – прокариотические системы, включающие в себя как минимум два фермента: сайт-специфическую эндонуклеазу рестрикции (ЭР) и сайт-специфическую ДНК-метилтрансферазу (МТазу) узнающих одну и ту же короткую последовательность ДНК. Они защищают клетку от чужеродной ДНК, внося вклад в выживаемость и разнообразие бактериальных сообществ[1].

Материалом исследования являются 1124 систем Р-М, взятых из базы данных REBASE версии 408_040824 . Для отбора систем использовались HMM-профили из банка Pfam, а именно, отбирались системы с одной или двумя МТазами, в которых профилями в эндонуклеазах рестрикции детектировались эволюционные домены семейства RE_AlwI. При этом находками считались все белки, где вес соответствующего профиля был выше рекомендуемого в Pfam порога.

Полученные нами эндонуклеазы рестрикции образуют системы ДНК метилтрансферазами различных семейств, таких как: DNA_methylase, N6_N4_Mtase, MethyltransfD12. Ранее в нашей группе была описана эволюция и сайты узнавания систем, содержащих одну ЭР семейства RE_AlwI и две МТазы MethyltransfD12. Цель данной работы: изучить эволюцию систем рестрикции-модификации, содержащих эндонуклеазу рестрикции семейства RE_AlwI и ДНК метилтрансферазу семейства N6_N4_Mtase.

Класс систем RE_AlwI + N6_N4_Mtase интересен крайней разнородностью по распространённости систем — содержит всего 20 систем найденных в прокариотических организмах относящихся к разным, неблизкородственным родам. Нами были отобраны 15 систем с двумя МТазами семейства N6_N4_Mtase и 5 — с одной МТазой того же семейства. В МТазах отобранных систем консервативные мотивы FxGxG и DPPY могут идти в разном порядке. В МТазах, у которых FxGxG расположен в N-концевой части, основным профилем может быть MethyltransfD12, но может быть и N6_N4_Mtase. В последнем случае профиль N6_N4_Mtase "рвётся": его начальная часть выравнивается в белке после конечной. Тем самым МТазы этих систем фактически относятся к двум разным семействам, различающимся циклической перестановкой субдоменов. ЭР из систем с МТазами из этих двух семейств разделены на филогенетическом дереве. У МТаз, у которых домен FxGxG расположен в N-концевой части, часто в последовательности перекрываются находки профилей N6_N4_Mtase и MethyltransfD12. ЭР из систем с такими МТазами образуют отдельную кладу на дереве всех ЭР семейства RE_AlwI (рис. 1).

Так же нами было обнаружено, что часть систем класса RE_AlwI + N6_N4_Mtase содержат МТазу в которой детектировались эволюционные домены семейства MethyltransfD12. ЭР этих систем выделяются в отдельную кладу на филогенетическом дереве, построенном на основе выравнивания представителей кластеров ЭР, образующих системы с МТазами семейств: DNA_methylase, N6_N4_Mtase, MethyltransfD12.

## Источники и литература

1) Williams, R. J. (2003) Restriction endonucleases: Classification, properties, and applications, Mol. Biotechnol., 23, 225-244, doi: 10.1385/mb:23:3:225

## Иллюстрации

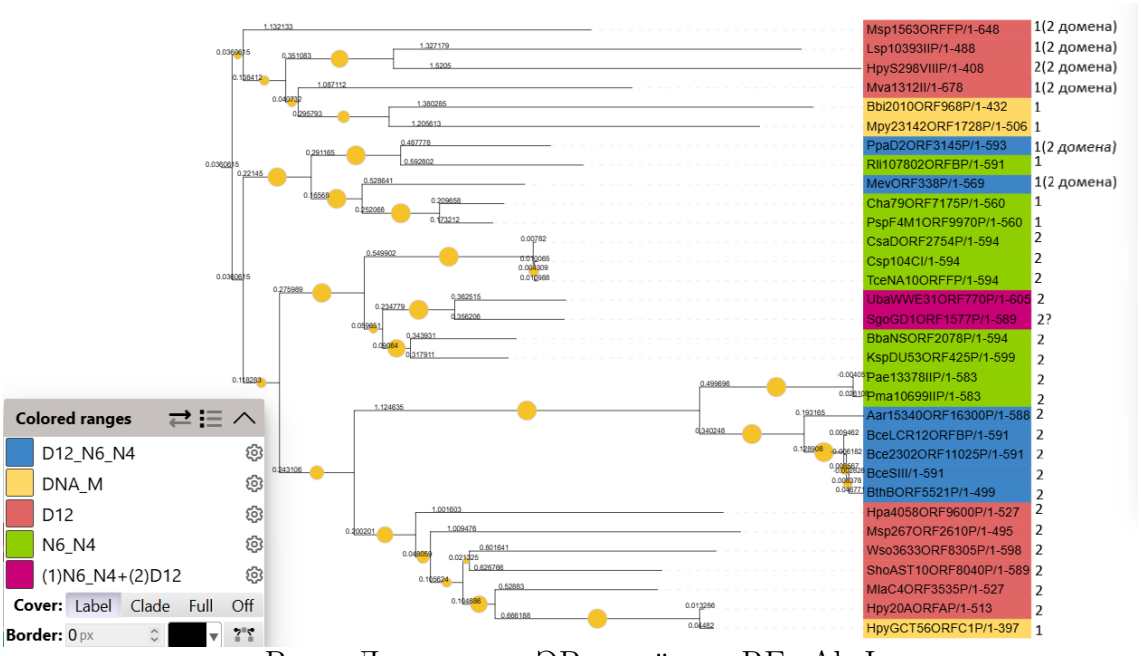


Рис. : Дерево всех ЭР семейства RE_AlwI