

## Секция «Биоинженерия и биоинформатика»

### Избегание сайтов рестрикции в геномах прокариот и их вирусов

*Русинов И.С.<sup>1</sup>, Ершова А.С.<sup>2</sup>*

*1 - Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова, Факультет биоинженерии и биоинформатики, 2 - Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова, НИИФХБ им. А.Н. Белозерского, Москва, Россия*

*E-mail: is\_rusinov@mail.ru*

Системы рестрикции-модификации (Р-М) — один из механизмов защиты прокариотической клетки от чужеродной ДНК, например бактериофагов. Компоненты системы Р-М специфичны к коротким последовательностям ДНК, называемым сайтами рестрикции. Избегание сайтов рестрикции в геноме было показано для некоторых бактериофагов, и считается одной из стратегий, позволяющих фагу миновать воздействия систем Р-М [1]. Значительное избегание сайтов рестрикции было обнаружено и в нескольких десятках прокариотических геномов, что, вероятно, свидетельствует о токсичности систем Р-М для хозяйской клетки [1,2]. На основании этого предположения делались попытки предсказания неизвестных сайтов узнавания систем Р-М по набору избегаемых в геноме бактерии коротких слов [1,2].

В данной работе на всех доступных полных геномах было показано, что и прокариоты, и их вирусы избегают только около половины сайтов узнавания известных систем Р-М. Причиной этого не могут быть только ошибки предсказания специфичности систем Р-М или неактивные системы, так как сайты экспериментально изученных систем Р-М тоже недопредставлены примерно в половине случаев.

Мы предположили, что неизбежные сайты рестрикции могут соответствовать системам Р-М, которые были приобретены бактерией недавно, и прошло недостаточно времени для значительного снижения их частоты. Прямая проверка предположения для всех систем Р-М требует больших затрат времени, поэтому мы использовали статистический подход и сравнили избегаемость сайтов узнавания в прокариотических геномах между наборами систем Р-М, в одном из которых предполагается больше недавно приобретенных систем, чем в другом. Среди закодированных на плаزمиде систем Р-М, вероятно, больше недавно приобретенных, так как такие системы в среднем чаще передаются между геномами, чем закодированные на хромосомах системы Р-М. Мы показали, что сайты плазмидных систем Р-М избегаются в среднем примерно в два раза реже. Также сравнивались системы с большим и маленьким числом известных гомологов в близких родственниках, так как недавно появившиеся системы Р-М имели меньше времени, чтобы распространиться. Оказалось, что сайты менее распространенных систем Р-М тоже избегаются примерно в два раза реже. Следовательно, активные системы Р-М, сайты узнавания которых не избегаются в геноме хозяина, действительно могут быть недавно приобретенными системами. Избегаемые сайты рестрикции в таком случае скорее всего соответствуют системам Р-М, которые функционировали в клетке в течение длительного промежутка времени. Таким образом, предсказание специфичности активных систем Р-М только на основании данных о наиболее избегаемых коротких словах не представляется возможным, однако изучение встречаемости потенциальных сайтов рестрикции, вероятно, позволит заглянуть в прошлое взаимоотношений систем Р-М, бактерий и бактериофагов.

**Литература**

1. Rocha EP, Danchin A, Viari A. Evolutionary role of restriction/modification systems as revealed by comparative genome analysis // *Genome Research*. 2001;11(6):946-958.
2. Gelfand MS, Koonin EV. Avoidance of palindromic words in bacterial and archaeal genomes: a close connection with restriction enzymes // *Nucleic Acids Research*. 1997;25(12):2430-2439.