

DOI: 10.25205/978-5-4437-1843-9-32

СИСТЕМЫ ЗАЩИТЫ ОТ БАКТЕРИОФАГОВ В ГЕНОМАХ БАКТЕРИЙ РОДА *METHYLOCOCCUS*^{*}ANTIPHAGE DEFENCE SYSTEMS IN *METHYLOCOCCUS* BACTERIAL GENUSА. А. Чигирева¹, А. Е. Коренская, А. В. Резайкин^{2,3}, И. О. Стародумов², И. Г. Низовцева²¹Федеральный исследовательский центр «Фундаментальные основы биотехнологии» РАН, Москва²Уральский федеральный университет им. первого Президента России Б. Н. Ельцина, Екатеринбург³Уральский государственный медицинский университет, ЕкатеринбургA. A. Chigireva¹, A. E. Korenskaia, A. V. Rezaykin^{2,3}, I. O. Starodumov², I. G. Nizovtseva²¹*Federal Research Centre “Fundamentals of Biotechnology” RAS, Moscow*²*Ural Federal University named after the first President of Russia B. N. Yeltsin, Yekaterinburg*³*Ural State Medical University, Yekaterinburg*

✉ cigirevaalina23@gmail.com

Аннотация

В данной работе было проанализировано 9 геномов рода *Methylococcus*, в результате чего выявлено от 8 до 16 систем защиты в каждом из штаммов. Некоторые защитные механизмы оказались уникальны для отдельных штаммов, что, вероятно, свидетельствует об их недавнем приобретении в ходе горизонтального переноса.

Abstract

In this work, 9 genomes of the genus *Methylococcus* were analyzed, as a result of which 8 to 16 protection systems were identified in each of the strains. Some protective mechanisms turned out to be unique for individual strains, which probably indicates their recent acquisition during horizontal transfer.

В ответ на угрозу заражения бактериофагами бактерии разработали широкий спектр защитных систем. Эти системы функционируют по различным механизмам — от ингибиования роста и индукции апоптоза при заражении или стрессе до распознавания и разрушения чужеродных последовательностей, включая профаговые элементы [1]. Изучение защитных механизмов у бактерий рода *Methylococcus* представляет особый интерес, поскольку данный род включает промышленные штаммы, используемые для получения белка на основе метана [2]. Заражение фагами или самопроизвольная индукция апоптоза у таких штаммов может привести к срыву производственного процесса.

В рамках настоящего исследования были проанализированы 9 геномов представителей рода *Methylococcus*. В результате для каждого штамма было выявлено от 8 до 17 систем защиты. Наиболее распространенными оказались механизмы, обеспечивающие защиту путем распознавания и разрушения чужеродных последовательностей: во всех геномах обнаружены системы CRISPR-Cas и рестрикции-модификации типа I. Также почти у половины штаммов присутствовали системы BREX (bacteriophage exclusion), SoFic и рестрикции-модификации типа III. У некоторых штаммов были найдены системы, контролирующие целостность клеточного аппарата и вызывающие гибель клетки при инфицировании — в том числе токсин-антитоксинные системы и Abi-системы (абортивной инфекции). Некоторые защитные механизмы оказались уникальны для отдельных штаммов, что, вероятно, свидетельствует об их недавнем приобретении в ходе горизонтального переноса.

Наибольшее число защитных систем было выявлено у штаммов McNor, Mc7 и KN2 — 15, 17 и 16 соответственно. Ряд систем, встречающихся наиболее часто среди большинства штаммов, в том числе AbiE, BREX_III, CAS_Class1-Subtype-I-E, CBASS_I, RM_Type_I, RM_Type_II, RM_Type_III и SoFic, были дополнительно проанализированы на предмет их возможного синергического действия. У всех штаммов, кроме IM1, выявлено хотя бы по одной паре совместно встречающихся систем, что может указывать на их согласованную работу в условиях фаговой атаки.

Анализ гомологии генов, кодирующих элементы защитных систем, позволил выделить характерные для рода *Methylococcus* подтипы и определить штаммы, обладающие потенциально синергичными комбинациями механизмов защиты. Эти результаты представляют интерес для дальнейших исследований, направленных на повышение общей устойчивости клеток к бактериофагам.

^{*} Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда (проект № 24-24-00454).

© А. А. Чигирева, А. Е. Коренская, А. В. Резайкин, И. О. Стародумов, И. Г. Низовцева, 2025

Таким образом, полученные данные могут быть использованы для селекции и оптимизации штаммов с повышенной фагорезистентностью в рамках биотехнологических производств.

Литература

1. Héloïse Georjon, Aude Bernheim. The Highly Diverse Antiphage Defence Systems of Bacteria // *Nature Reviews Microbiology*. 2023. Vol. 21 (10). P. 686–700.
2. Nizovtseva I., Rezaykin A., Korenskaia A. et al. Identification and comparative genomic analysis of prophage sequences and CRISPR-Cas immunity in *Methylococcus* genomes: insights for industrial methane bioconversion // *PLOS Computational Biology*. 2025 (in print).