

Системы антивирусной защиты *Porphyromonas gingivalis*

Д.В. Кривонос^{1,2}, А.Д. Проскурин¹, А.А. Ахмедзянова¹, Т.А. Савинова¹, К.А. Микаелян¹,
А.В. Введенский¹, Д.Н. Конанов¹, А.В. Лукина-Гронская¹, В.М. Говорун¹, Е.Н. Ильина¹,
З.Э. Ревазова³, М.О. Царгасова³, Е.И. Выборная³, В.А. Бризгалова³, И.С. Бобр³, О.О.
Янушевич³

¹ НИИ системной биологии и медицины Роспотребнадзора, Москва, Россия

² Московский физико-технический институт, Долгопрудный, Россия

³ ФГБОУ ВО «Российский университет медицины», Москва, Россия

* danil01060106@gmail.com

Ключевые слова: бактериофаги; парадонтит; метилирование

Antiviral defense systems in *Porphyromonas gingivalis*

D.V. Krivonos^{1,2}, A.D. Proskurin¹, A.A. Akhmetzyanova¹, T.A. Savinova¹, K.A. Mikaelyan¹,
A.V. Vvedensky¹, D.N. Konanov¹, A.V. Lukina-Gronskaya¹, V.M. Govorun¹, E.N. Ilina¹,
Z.E. Revazova³, M.O. Tsargasova³, E.I. Vybornaya³, V.A. Brizgalova³, I.S. Bobr³, O.O. Yanushevich³

¹ Research Institute for System Biology and Medicine of Rospotrebnadzor, Moscow, Russia

² Moscow Institute of Physics and Technology, Dolgoprudny, Russia

³ Federal State Budgetary Educational Institution of Higher Education "Russian University of Medicine", Moscow, Russia

* danil01060106@gmail.com

Key words: bacteriophages; periodontitis; methylation

Porphyromonas gingivalis – патогенная бактерия, играющая ключевую роль в развитии парадонтита. Особое место локализации данного патогена дает ему своеобразную защиту, снижая локальную доступность и силу воздействия антибиотиков и антимикробных препаратов, что затрудняет применение классических методов лечения бактериальных заболеваний. Перспективным направлением в этой области является применение фаговой терапии. Сами бактериофаги данного патогена изучены достаточно плохо, однако еще менее изучены системы противовирусной защиты.

В результате поиска систем противовирусной защиты были обнаружены системы abortивной инфекции, 5 типов различных систем CRISPR-Cas и системы рестрикции-модификации. Системы рестрикции-модификации являются наиболее распространенные и у этого вида, однако в литературе они ранее никак не охарактеризовывались. В настоящей работе было обнаружено 16 уникальных сайтов модификации, среди которых 12 соответствуют модификации NbmeA, а 4 – 4meC. Сами сайты имеют разный процент метилирования по культуре, что обуславливает различия между штаммами бактерий по уровню метилирования. В данной работе также было проведено сопоставление определенных сайтов метилирования и соответствующих им метилтрансфераз. Также было выявлено, что сами системы рестрикции-модификации способны передаваться посредством горизонтального переноса, это дополнительно повышает вариативность паттерна метилирования.

Финансирование: Исследование поддержано за счет средств ГЗ 122030900064-9.