

Молекулярно-генетический анализ островков патогенности, кодирующих секреторные системы микроорганизмов

Ярцева Анастасия Андреевна

Белорусский государственный медицинский университет, Минск

Научный(-е) руководитель(-и) – кандидат медицинских наук, доцент Слизень Вероника Вячеславовна, Белорусский государственный медицинский университет, Минск

Введение

В последнее время благодаря развитию геномики и протеомики стали накапливаться сведения о механизме доставки синтезируемых факторов патогенности за пределы бактериальной клетки, одними из которых являются секреторные системы I-VII типов. Изучение секреторных систем в перспективе позволит контролировать патогенность микроорганизмов и предотвращать развитие инфекционных заболеваний.

Цель исследования

Сопоставить первичные структуры генов, кодирующих эффекторных белки, секретируемые секреторными системами бактериальных патогенов.

Материалы и методы

Изучены первичные последовательности генов, кодирующих белки-эффекторы, секретируемые секреторными системами бактериальных патогенов. В качестве источников последовательностей генов использованы следующие банки геномов и генов: DNA Data Bank of Japan (National Institute of Genetics), EMBL (European Bioinformatics Institute), GenBank (National Center for Biotechnology Information). Для сравнения последовательностей генов использована программа MEGA 7, а также ClustalW2 – Phylogeny.

Результаты

Проведен анализ структурных различий секреторных систем III, IV, V, VI, VII типов, а также отличие в их составе у различных патогенных микроорганизмов. Система секреции первого типа у *E.coli* секретирует α -гемолизин, *B.pertussis* — аденилатциклазу, *Pasteurella haemolytica* — лейкоцидин, *P.aeruginosa* и *Erwinia spp.* — протеазы. Система секреции второго типа секретирует липазу, фосфолипазу, эластазу, энтеротоксин, а у *P.aeruginosa* хитиназу, протеазу и холерный токсин *V.cholerae*. Посредством системы секреции третьего типа экспортируются многие факторы вирулентности патогенов человека и животных, а также Avr-белки и харпины. С помощью секреторной системы IV типа *Helicobacter pylori* впрыскивает белок Cag в эпителиальные клетки желудка, *B.*

pertussis – пертуссин. Секреторная система V включает контактно-зависимую систему ингибиции роста, через которую секретируются протеазы IgA у *N.gonorrhoeae*, цитотоксин Vac у *H. pylori*. Секреторная система VI схожа с системой инъекции бактериофагов, вводит белок-эффектор за счет механической силы, встречается у *Serratia marcescens*, *Vibrio cholerae*, *P.aeruginosa*. У *M.tuberculosis* описана 7 секреторная система ESAT-6 (ESX-1-ESX-5). Именно ей выделяется ранний белок с антигенными свойствами размером 6kDa (ESAT-6) с мотивом Trp-Xaa-Gly (WXG).

Выводы

Знание 7 основных систем секреции факторов патогенности позволит контролировать секрецию основных белков-эффекторов, отвечающих за развитие заболеваний.