

Koewolucja bakterii i fagów

(Slajd 1)

Koewolucja jest procesem wzajemnych adaptacji pomiędzy oddziałującymi ze sobą ekologicznie gatunkami i działa na zasadzie pewnego rodzaju „sprzężenia zwrotnego”. W przypadku interakcji bakteria-fag, koewolucja jest często uważana za "wyścig zbrojeń", w którym bakterie rozwijają mechanizmy obronne, czyniące je opornymi na infekcję faga. Fag natomiast ewoluuje, aby pokonać mechanizmy oporności bakteryjnej i zachować zdolność infekcji. Systemy obrony bakteryjnej przeciwko infekcji fagowej są wymierzone w wiele faz fagowego cyklu infekcyjnego: fazę przyłączania faga do powierzchni komórki, fazę wstrzyknięcia genomu oraz fazę replikacji DNA

(Slajd2)

W celu zainicjowania infekcji, fagi muszą z powodzeniem przyłączyć się do swojego gospodarza, rozpoznając przy tym konkretne receptory obecne w powierzchni komórki. Proces ten nazywa się adsorpcją. Receptory bakteryjne są biochemicznie zróżnicowaną grupą cząsteczek, która zawiera białka, polisacharydy i lipopolisacharydy. Są one skutecznie rozpoznawane przez fagowe białka wiążące się z receptorem (ang. RBPs). Bakterie wykształciły szereg mechanizmów, które zapobiegają rozpoznaniu receptorów komórkowych przez RBP, uniemożliwiając w ten sposób adsorpcję faga. Jednym z tych mechanizmów jest modyfikacja lub eliminacja receptora komórkowego, który przestaje być rozpoznawany przez RBP. W celu infekcji gospodarza posiadającego zmodyfikowany receptor, fagi mogą modyfikować RBP lub inne białka zaangażowane w adsorpcję (takie jak białka ogonka). Drugim mechanizmem zapobiegającym adsorpcji jest zmniejszenie dostępności receptora dla RBP, poprzez wytwarzanie kapsułki lub innych egzopolisacharydów (EPS). W celu uzyskania dostępu do ukrytych w ten sposób receptorów i uwidocznienia ich dla RBP, niektóre fagi nabyły specyficzne enzymy, zdolne do rozkładu macierzy zewnątrzkomórkowej.

(Slajd 3)

W przypadku, gdy adsorpcja faga się powiedzie, bakteria może zastosować drugą linię obrony, którą stanowi system restrykcji-modyfikacji (R-M) System R-M jest zazwyczaj złożony z dwóch rodzajów enzymów: endonukleaz restrykcyjnych, które rozpoznają specyficzne sekwencje DNA i są skierowane przeciw wprowadzonemu genomowi fagowemu oraz metylotransferazy DNA, która metyluje DNA gospodarza i chroni go przed endonukleazami restrykcyjnymi. W celu przezwyciężenia systemu R-M, fag opracował szereg strategii, które można podzielić na strategie bierne (pasywne) oraz strategie aktywne (czynne). Strategie pasywne obejmują modyfikację genomu fagowego, która wpływa na rozpoznawanie go przez endonukleazy restrykcyjne: eliminację lub redukcję miejsc docelowych dla endonukleaz restrykcyjnych, glikozydację DNA oraz wprowadzanie zmodyfikowanych zasad, takich jak hydroksymetylocytosyna zamiast cytozyny.

(Slajd 4)

W aktywnych strategiach obrony, obecny jest dodatkowy czynnik chroniący DNA fagowe przed endonukleazami restrykcyjnymi. Czynnik ten może być kodowany przez faga lub występować już w bakteriach, jak metylotransferaza, którą fag może wykorzystać do ochrony własnego DNA lub być. Czynniki kodowane przez bakteriofagi są zmienne i działają na różne sposoby. Fagi mogą kodować swoje własne metylotransferazy, które chronią newralgiczne miejsca w genomie fagowym przed endonukleazami restrykcyjnymi. Dodatkowo, niektóre fagi mogą wraz z genomem wprowadzać dodatkowe białka ochronne, takie jak DarA i DarB z faga P1, które wiążą do genomu fagowego i maskują miejsca docelowe dla endonukleaz restrykcyjnych. Innym przykładem jest peptyd OCR kolifaga T7, imitujący miejsce docelowe dla endonukleaz restrykcyjnych i separujący związane endonukleazy od genomu fagowego.

Wreszcie, bakterie, które nie uniknęły infekcji fagowej, mogą chronić przyległe komórki indukując swoją śmierć przed replikacją genomu fagowego. Jednakże wiele fagów znalazło sposób na zapobieganie śmierci gospodarza gwarantujący powodzenie replikacji fagowej.

(Slajd 5)

Koewolucja i ciągły rozwój adaptacji obejmuje mechanizmy genetyczne, takie jak mutacje punktowe, rearanżacje genów oraz wymianę odcinków DNA pomiędzy fagami a także między fagami a bakteriami. Mechanizmy pozwalają na uzyskanie nowych cech a także wpływają bezpośrednio na zróżnicowanie bakterii i fagów i odgrywają ważną rolę w ekologii mikrobiologicznej i procesach ewolucyjnych.