

Odkryto setki wielkich bakteriofagów

16 lutego 2020

Naukowcy odkryli setki gigantycznych bakteriofagów, wirusów zabijających bakterie. Okazało się, że mają one cechy przynależne żywym organizmom, co zaciera granicę pomiędzy mikroorganizmami a wirusami. Ich rozmiary i złożoność budowy dorównują strukturom, które bezspornie uznajemy za żywe. W nowo odkrytych bakteriofagach znaleziono geny typowe dla bakterii, które bakterie używają przeciwko swoim gospodarzom.

Wielki bakteriofag (czerwony, po lewej) w porównaniu ze standardowymi bakteriofagami

Niezwykłego odkrycia dokonali uczeni z University of California, Berkeley (UCB). Najpierw pobrali oni liczne próbki z 30 różnych ziemskich środowisk, od przewodu pokarmowego wcześniaków i ciężarnych kobiet, przez tybetańskie gorące źródło, południowoafrykański bioreaktor po pokoje szpitalne, oceany, jeziora obszary położone głęboko pod ziemią. Na podstawie tych próbek utworzyli wielką bazę DNA i zaczęli ją analizować.

Analiza wykazała obecność 351 różnych gatunków gigantycznych bakteriofagów. Każdy z nich miał genom co najmniej 4-krotnie dłuższy niż genom przeciętnego znanego dotychczas bakteriofaga. Rekordzistą był tutaj bakteriofag o genomie złożonym z 735 000 par bazowych. To 15-krotnie więcej niż genom przeciętnego faga. Ten genom jest bardziej rozbudowany niż genomy wielu bakterii, którymi żywią się fagi.

„Badamy mikrobiomy Ziemi i czasem znajdujemy coś niespodziewanego. Te gigantyczne fagi zacierają różnice pomiędzy bakteriofagami, które nie są uważane za organizmy żywe, a bakteriami i archeonami. Natura znalazła sposób na istnienie czegoś, co jest hybrydą pomiędzy tego, co uznajemy

za tradycyjne wirusy, a tradycyjne żywe organizmy” – mówi profesor Jill Banfield.

Innym zdumiewającym odkryciem było spostrzeżenie, że w DNA tych olbrzymich fagów znajdują się fragmenty CRISPR, czyli systemu używanymi przez bakterie do obrony przed bakteriofagami. Prawdopodobnie gdy fag wprowadza swoje DNA do wnętrza bakterii jego system CRISPR zwiększa możliwość bakteryjnego CRISPR, prawdopodobnie po to, by lepiej zwalczać inne fagi.

„Te fagi tak przebudowały system CRISPR, który jest używany przez bakterie i archeony, by wykorzystać go przeciwko własnej konkurencji i zwalczać inne fagi” – mówi Basem Al-Shayeb, członek zespołu badawczego.

Okazało się również, że jeden z nowo odkrytych fagów wytwarza białko analogiczne do Cas9, białko wykorzystywanej w unikatowej technologii edycji genów CRISPR-Cas9. Odkrywczy nazwali tę białko Cas(fi), gdyż grecką fi oznacza się bakteriofagi. „Badając te wielkie fagi możemy znaleźć nowe narzędzia, które przydadzą się na polu inżynierii genetycznej. Znaleźliśmy wiele nieznanych dotychczas genów. Mogą być one źródłem nowych białek dla zastosowań w przemyśle, medycynie czy rolnictwie” – dodaje współautor badań Rohan Sachdeva.

Nowe odkrycie może mieć też znaczenie dla zwalczania chorób u ludzi. Niektóre choroby są pośrednio wywoływane przez fagi, gdyż fagi są nosicielami genów powodujących patogenność i antybiotykooporność. A im większy genom, tym większa zdolność do przenoszenia takich genów i tym większe ryzyko, że takie szkodliwe geny zostaną przez fagi przeniesione na bakterie żyjące w ludzkim mikrobiomie.

Jill Banfield od ponad 15 lat bada różnorodność bakterii, archeonów i bakteriofagów na całym świecie. Teraz, na łamach Nature, poinformowała o zidentyfikowaniu 351 genomów bakteriofagów o długości ponad 200 kilobaz. To czterokrotnie

więcej więc długość genomu przeciętnego bakteriofaga. Udało się też określić dokładną długość 175 nowo odkrytych genomów. Najdłuższy z nich, i absolutny rekordzista w świecie bakteriofagów, ma 735 000 par bazowych. Uczeni sądzą, że genomy, których długości nie udało się dokładnie ustalić, mogą być znacznie większe niż 200 kilobaz.

Większość z genów nowo odkrytych bakteriofagów koduje nieznane białka. Jednak naukowcom udało się zidentyfikować geny kodujące proteiny niezbędne do działania rybosomów. Tego typu geny nie występują u wirusów, a u bakterii i archeonów. „Tym co odróżnia cząstki nie będące życiem od życia jest posiadanie rybosomów i związana z tym zdolność do translacji białek. To właśnie jedna z najważniejszych cech odróżniających wirusy od bakterii, czyli cząstki nie będące życiem od organizmów żywych. Okazuje się, że niektóre z tych olbrzymich fagów posiadają znaczną część tej maszynerii, zatem nieco zacierają te granice” – przyznaje Sachdeva.

Naukowcy przypuszczają, że olbrzymie fagi wykorzystują te geny do pokierowania bakteryjnymi rybosomami tak, by wytwarzały kopie protein potrzebnych fagom, a nie bakteriom. Niektóre z tych fagów posiadają też alternatywny kod genetyczny, triplety, które kodują specyficzne aminokwasy, co może zmylić bakteryjne rybosomy.

Jakby tego było mało, nowo odkryte bakteriofagi posiadają geny kodujące różne odmiany protein Cas. Niektóre mają też macierze CRISPR, czyli takie obszary bakteryjnego genomu, gdzie przechowywane są fragmenty genomu wirusów, służące bakteriom do rozpoznawania i zwalczania tych wirusów.

Uczeni stwierdzili, że fagi z wielkimi genomami są dość rozpowszechnione w ekosystemach Ziemi. Ich obecność nie ogranicza się do jednego ekosystemu.

Odkryte wielkie fagi zostały przypisane do 10 nowych kładów. Każdy z nich posiada w nazwie słowo „wielki” w języku jednego

z autorów badań. Te nowe klady to Mahaphage (z sanskrytu), Kabirphage, Dakhmphage i Jabbarphage (z arabskiego), Koydaiphage (japoński), Biggiephage (angielski z Australii), Whopperphage (angielski z USA), Judaphage (chiński), Enormephage (francuski) oraz Keampephage (duński).

Autorstwo: Mariusz Błoński

Na podstawie: News.Berkeley.edu

Źródło: KopalniaWiedzy.pl