

## ЭВОЛЮЦИЯ ГЕНОМА *VIBRIO*: ОТКРЫТЫЙ ПАНГЕНОМ И ФУНКЦИОНАЛЬНАЯ СПЕЦИАЛИЗАЦИЯ ХРОМОСОМ

Володарский М.О.<sup>1</sup>

Научный руководитель – Райко М.П.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Университет ИТМО

michael.volodarsky@yandex.ru

### Введение.

Род бактерий *Vibrio* – грамотрицательные бактерии семейства Vibrionaceae, которые широко распространены в водной среде. Вибрионы обитают как в толще воды, так и на поверхности, взаимодействуя с различными хозяевами, включая водоросли, беспозвоночных и позвоночных животных. Часть видов данного рода могут вызывать опасные заболевания. Из более чем 100 описанных видов по меньшей мере 12 вызывают инфекции у людей. Наиболее известным из них является холерный вибрион, возбудитель холеры, тяжелого диарейного заболевания, которое без лечения может привести к летальному исходу [1,2]. Вибрионы, не связанные с холерой, такие как вибрионы рода *Vibrio parahaemolyticus* и *Vibrio vulnificus*, также представляют большую опасность, поскольку могут вызывать гастроэнтерит, септицемию и другие внекишечные инфекции. Кроме того, вибрионы наносят серьезный ущерб аквакультуре [3]. Важно отметить, что рост заболеваемости вибриозом во всем мире напрямую связан со сложным комплексом факторов: увеличением туристических потоков, интенсивностью морских перевозок, потреблением морепродуктов и развитием аквакультуры. Эти факторы, в свою очередь, приводят к увеличению нагрузки на водные ресурсы, усилению загрязнения окружающей среды и изменению температурного режима. В этом контексте пангеномный и кор-геномный анализ способствует пониманию взаимосвязи между конкретными видами рода *Vibrio*, и эти знания будут полезны для разработки терапевтических стратегий. Несмотря на существующие сравнительные геномные исследования, они описывают ограниченное число видов, что не позволяет выявить общие закономерности эволюции и функциональной организации геномов полной мере [4–6]. Особый интерес представляет двуххромосомная организация генома вибрионов, различия между хромосомами в масштабе всего рода изучены недостаточно. В связи с этим актуальной научной проблемой является комплексный сравнительный анализ пангенома и кор-генома большого числа представителей рода *Vibrio* с отдельным рассмотрением каждой хромосомы и оценкой распределения факторов вирулентности.

### Основная часть.

В работе был проведён сравнительный геномный анализ 76 референсных геномов рода *Vibrio*. Геномы были разделены на первую и вторую хромосомы и проаннотированы с использованием современных биоинформатических инструментов. Далее был построен пангеном и кор-геном как для целых геномов, так и отдельно для каждой хромосомы, а также проведён функциональный анализ генов и поиск факторов вирулентности. Результаты показали высокую геномную пластичность рода *Vibrio*. Пангеном включал более 111 тысяч генов, тогда как кор-геном составил около 1000 генов. Это указывает на значительное преобладание добавочной части генома над консервативной. Построенные пангеномы были открытыми как для целых геномов, так и для отдельных хромосом. Анализ хромосом продемонстрировал выраженную функциональную асимметрию. Первая хромосома характеризуется большей консервативностью и содержит преимущественно гены «домашнего хозяйства», которые несут ответственность за репликацию, трансляцию, репарацию ДНК, биогенез клеточной стенки. Вторая хромосома значительно более вариабельна и обогащена генами,

связанными с регуляцией транскрипции, метаболической гибкостью, сигнальными системами, транспортом веществ и механизмами защиты. Низкий уровень обмена генами между хромосомами подтверждает их эволюционную специализацию. Особое внимание было уделено анализу генов вирулентности. Количество генов, ассоциированных с патогенностью, существенно варьирует между видами — от полного отсутствия до нескольких десятков. Патогенные для человека виды содержат наибольшее число таких генов. При этом примерно в 70% исследованных геномах относительная доля генов вирулентности выше во второй хромосоме. Это подтверждает гипотезу о том, что вторая хромосома функционирует как адаптивная платформа, аккумулирующая мобильные генетические элементы и гены, повышающие приспособленность к новым экологическим нишам и хозяевам.

### **Выводы.**

Проведённое исследование подтвердило открытую структуру пангенома рода *Vibrio*, функциональное различие двух хромосом и преимущественную локализацию генов вирулентности во второй хромосоме. Первая хромосома выполняет роль консервативного «ядра», обеспечивающего базовые клеточные процессы, тогда как вторая служит адаптивным модулем, способствующим экологической гибкости и формированию патогенности. Выявление закономерностей распределения генов вирулентности может быть использовано для разработки систем молекулярной диагностики потенциально опасных штаммов, мониторинга водных экосистем и оценки эпидемиологических рисков.

### **Литература**

1. Baker-Austin C. и др. *Vibrio* spp. infections // Nat. Rev. Dis. Primer. Nature Publishing Group, 2018. Т. 4, № 1. С. 1–19.
2. Sampaio A. и др. *Vibrio* spp.: Life Strategies, Ecology, and Risks in a Changing Environment // Diversity. Multidisciplinary Digital Publishing Institute, 2022. Т. 14, № 2. С. 97.
3. Onohuean H., Agwu E., Nwodo U. U. A Global Perspective of *Vibrio* Species and Associated Diseases: Three-Decade Meta-Synthesis of Research Advancement // Environ. Health Insights. 2022. Т. 16. С. 11786302221099406.
4. Comparative genomic analysis reveals the evolution and environmental adaptation strategies of vibrios | BMC Genomics | Springer Nature Link [Электронный ресурс]. URL: <https://link.springer.com/article/10.1186/s12864-018-4531-2> (дата обращения: 16.02.2026).
5. Insights on genomic diversity of *Vibrio* spp. through Pan-genome analysis | Annals of Microbiology | Springer Nature Link [Электронный ресурс]. URL: <https://link.springer.com/article/10.1007/s13213-019-01539-7> (дата обращения: 16.02.2026).
6. Frontiers | *Vibrio* chromosome-specific families [Электронный ресурс]. URL: <https://www.frontiersin.org/journals/microbiology/articles/10.3389/fmicb.2014.00073/full> (дата обращения: 16.02.2026).