

**Реконструкция межхромосомных транслокаций в геномах рода *Vibrio*****Научный руководитель – Бочкарева Ольга Олеговна*****Первощикова Кристина Юрьевна****Студент (специалист)*Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Факультет  
биоинженерии и биоинформатики, Москва, Россия*E-mail: kristina.ferryman@yandex.ru*

*Vibrio* - род грамотрицательных бактерий, представители которого имеют форму палочек и обитают преимущественно в морях [4]. Большинство видов имеет две хромосомы [1]. *Vibrio cholerae*, *Vibrio vulnificus*, *Vibrio parahaemolyticus* способны вызывать серьезные заболевания человека [4]. Одно из возможных преимуществ генома, состоящего из нескольких хромосом - это способность к быстрой репликации за счет наличия нескольких ориджинов [1]. Обычно помимо размера и количества генов хромосомы отличаются GC составом, составом синонимичных кодонов, распределением генов по лидирующей и отстающей цепям, функциональным составом генов, уровнем транскрипции. Такая организация генома не является случайной и сформирована давлением отбора [2]. Первая хромосома имеет больший размер, содержит больше базовых для жизнедеятельности бактерии генов и имеет первичное происхождение в эволюционной истории рода. Вторая же хромосома имеет плазмидное происхождение, содержит в основном нишеспецифичные гены наряду с небольшим количеством генов базового метаболизма и имеет значительно меньший размер [3]. В связи с большим размером первая хромосома начинает реплицироваться раньше второй, что способствует локализации на ней наиболее активно транскрибируемых генов. Меньший уровень транскрипции генов второй хромосомы способствует их более быстрой эволюции [1]. Такая гетерогенная организация генома позволяет поставить задачу сравнения пангеномов первых и вторых хромосом, реконструкции межхромосомных транслокаций и проверки гипотезы о действии отбора, направленного на сохранение положения транслоцированного участка относительно лидирующей/запаздывающей цепи.

Проведенное сравнение пангеномов хромосом показало, что среди функций генов, лежащих на первых хромосомах перепредставлены GO категории связанные с формированием рибосом и недопредставлены GO категории связанные с регуляцией транскрипции, а гены лежащие на вторых хромосомах имеют перепредставленность GO категорий транскрипционных факторов и клеточной коммуникации (TCRS). Гены первых хромосом, принадлежащие филогенетически единым группам имеют перепредставленности GO категорий связанных с: хемотаксисом и двухкомпонентными сигнальными системами, системами секреции II и III типа, TSP белками; вторых хромосом - азотфиксацией и PTS системами для транспорта сорбитола. Реконструкция межхромосомных транслокаций показала, что более крупные транслокации чаще склонны сохранять цепь, чем более короткие.

**Источники и литература**

- 1) Cooper VS, Vohr SH, Wrocklage SC, Hatcher P.J.: Why Genes Evolve Faster on Secondary Chromosomes in Bacteria. PLoS Comput Biol 6(4):e1000732 (2010).
- 2) diCenzo GC, Finan TM. The Divided Bacterial Genome: Structure, Function, and Evolution. Microbiol Mol Biol Rev. 2017;81(3):e00019-17. Published 2017 Aug 9. doi:10.1128/MMBR.00019-17

- 3) Lukjancenکو O and Ussery DW (2014) Vibrio chromosome-specific families. Front. Microbiol. 5:73. doi: 10.3389/fmicb.2014.00073
- 4) Thompson FL, Iida T, Swings J. Biodiversity of vibrios. Microbiol Mol Biol Rev. 2004;68(3):403-31