

Геномные исследования микроорганизмов, ассоциированных с патогенезом лососёвых рыб: *Y. intermedia*, *A. salmonicida*

Научный руководитель – Бровко Фёдор Александрович

Радченко Екатерина Михайловна

Студент (бакалавр)

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биотехнологический факультет, Москва, Россия
E-mail: Kalinellah@yandex.ru

Аквакультура в настоящий момент развивается с опережением в рамках пищевой индустрии. По данным мировой Продовольственной и сельскохозяйственной организации ООН, в 2022 году мировая продукция аквакультуры превысила по объемам продукцию промышленного рыболовства (Food and Agriculture Organization of the United Nations, 2024).

Известны ряд патогенных микроорганизмов, способных инфицировать рыб и снижать прирост биомассы аквакультур. Среди них особое место занимают *Yersinia spp.*, и *Aeromonas spp.* *Y. intermedia* - условный патоген, инфицирует ослабленных рыб при интенсификации рыбной промышленности, а также человека и животных, вызывая пищевые расстройства. *Y. intermedia* обладает большим разнообразием вирулентных факторов, наличием профагов, плазмид с генами устойчивости к антибиотикам и мобильных генетических элементов. Такой состав генома увеличивает инфекционный потенциал, а также обуславливает высокую метаболическую активность (Vilela et al., 2024). *A. salmonicida* - типичный холодовой патоген рыб, вызывающий фурункулез лососевых. Однако патогенность в рамках одного вида *Aeromonas* определяется не только наличием определённого набора вирулентных генов, но и их тонкой организацией. Например, при наличии одинаковой системы секреции микроорганизма, её регуляция осуществляется совершенно на разных уровнях в зависимости от конкретного штамма (Rasmussen-Ivey et al., 2016).

Целью данной работы стало выявление ключевых групп генов вирулентности и антибиотикорезистентности, характерных для патогенеза рыб. В ходе работы была выделена ДНК из изолятов *Y. intermedia* и *A. salmonicida*, полученных с территории Камчатского края, произведено секвенирование (по методу Illumina), сборка (с помощью ассемблера Flye) и описание геномов с использованием баз данных вирулентных факторов (BLAST, VFDB, GenBank).

Анализ исследуемых геномов показал наличие следующих групп факторов вирулентности:

- у *Y. intermedia*: гены гемолизина HlyA и термолabileного гемолизина (разрушение клеточной стенки); систем токсин-антитоксин (RelE4, HigB); белков, регулирующих биоплёнообразование (BhsA) и ремоделирующих клеточную стенку путём изменения структуры ЛПС (ArnT); различных механизмов антибиотикорезистентности: эффлюксные насосы (MFS, SMR, ABC-типа), β -лактамазы.

- у *A. salmonicida*: гены порообразующих токсинов (гемо-, аэролизины); ген токсина AopH (подавление фагоцитоза); белков пермеаз, FieF, металло-гидролаз (защита от оксидативного стресса); белков CpaF, AAA+, FlpC, PilW (участие в сборке пилей); а также генов устойчивости к антибиотикам: модули β -лактамных ферментов, эффлюксные системы.

Предполагается, что перечисленные факторы вносят существенный вклад в развитие патологических процессов у культивируемых лососёвых рыб.

Источники и литература

- 1) Vilela FP, Imori PFM, Allard MW, et al. Insights into the genomic traits of *Yersinia frederiksenii*, *Yersinia intermedia* and *Yersinia kristensenii* isolated from diverse sources in Brazil. *Antonie van Leeuwenhoek*. 2024;117(86).
- 2) Rasmussen-Ivey C. R., Figueras M. J., McGarey D. et al. Virulence Factors of *Aeromonas hydrophila*: In the Wake of Reclassification. *Frontiers in Microbiology*. 2016. Vol. 7. Art. 1337.