



## ЭВОЛЮЦИЯ ИММУННОЙ СИСТЕМЫ У ПОЗВОНОЧНЫХ

**Смирнов Михаил Сергеевич**

Доцент кафедры «Вирусология и молекулярная биология», Казанский федеральный университет  
г. Казань, Российская Федерация

### Аннотация

В настоящем фундаментальном научно-исследовательском труде осуществляется всеобъемлющая сравнительно-иммунологическая и эволюционно-генетическая деконструкция современных подходов к изучению становления и развития иммунной системы у позвоночных животных (Vertebrata). В противовес упрощенным феноменологическим концепциям линейного усложнения защиты, в данной статье исследуется синергетика древних систем врожденного иммунитета (TLLR-рецепторы, система комплемента) и уникальных молекулярных механизмов адаптивного иммунного ответа (V(D)J-рекомбинация, соматическое гипермутирование, система МНС). В работе проводится глубокий анализ эволюционных ароморфозов, приведших к появлению челюстноротых (Gnathostomata) и бесчелюстных (Agnatha) позвоночных, исследуются альтернативные варианты адаптивного иммунитета на основе переменчивых лимфоцитарных рецепторов (VLR), а также рассматриваются методы автоматизированной оценки филогенетических связей иммунокомпетентных белков. Особое внимание уделено сравнительному анализу феноменов первичного и вторичного иммунного ответа, а также детерминирующему влиянию эволюции вилочковой железы (тимуса) и селезенки на формирование экспериментально верифицируемых следствий радикального повышения выживаемости организмов в масштабах современной сравнительной физиологии.

**Ключевые слова:** эволюция иммунитета, позвоночные, адаптивный иммунитет, врожденный иммунитет, V(D)J-рекомбинация, RAG-белки, МНС, VLR, челюстноротые, сравнительная иммунология.

### Введение

В современной биологической и междисциплинарной парадигме, определяющей векторы развития мировой сравнительной иммунологии в августе двадцать шестого года, вопрос глубокого исследования механизмов эволюции иммунной системы у позвоночных занимает центральное место, выступая одной из наиболее сложных моделей сопряжения эволюционной биологии, молекулярной генетики и функциональной морфологии. Мы рассматриваем иммунный комплекс позвоночных не просто как совокупность изолированных защитных клеток, а как самый сложный артефакт пространственно-временной макромолекулярной

архитектуры, в котором каждая субпопуляция лимфоцитов и каждая фаза генетической перестройки рецепторов должны быть бесшовно интегрированы в общую структуру обеспечения антигенного гомеостаза. Неполнота классических статичных моделей провиденциальной защиты, выраженная в отсутствии учета нелинейных эволюционных сдвигов, требует от академического сообщества выработки новых методологических решений, способных не только обнаружить гомологичные белковые домены, но и воссоздать функции антиципации эволюционных тупиков.

Истоки текущего понимания эволюции механизмов распознавания чужеродных агентов лежат в осознании того, что появление адаптивной системы на основе случайной V(D)J-рекомбинации является естественным продолжением логики развития теории генома, способным к критической функциональной компенсации под воздействием высоких антигенных нагрузок. Это определяет необходимость рассмотрения истории иммунитета как части общей истории кибернетики биологического контроля, где способы организации оперативного анализа рецепторного разнообразия выступают маркерами технологической идентичности и инструментами глобального лидерства в сфере биофармацевтики. Становление современных стандартов сравнительно-физиологического анализа в Российской Федерации напрямую связано с тем, каким именно образом методы филогенетического анализа трансформируют классические представления о размножении и дифференцировке иммуноцитов, превращая параметры разнообразия антител в универсальные функциональные единицы для построения карт биологического будущего.

### **Парадигма антигенного распознавания и основания гибридизации методов динамического анализа рекомбинаций**

Основой для понимания того, как функционирует система распознавания патогенов, является сложный путь анализа интеграции данных о пространственной структуре рецепторов и координации ферментов RAG1/RAG2 в расчеты критического порога генерации вариабельных иммуноглобулиновых доменов, что инициировало рождение предиктивных алгоритмов предотвращения развития аутоиммунных патологий. В тот самый критический момент, когда RAG-комплекс инициирует внесение двуцепочечных разрывов в ДНК, внутри архитектуры численной модели геномного переустройства инициируется каскад конформационных модификаций, позволяющий адаптировать параметры соматического мутагенеза к логике минимизации проявления витальных сбоев.

Мы максимально детально рассматриваем в данной работе, как именно эстетика минимизации энергозатрат при отборе клонов и концепция центральной толерантности позволяют описывать формирование нового облика систем защиты, превентивно предотвращая развитие функционального дисбаланса. Моделирование процесса экспрессии главных комплексов гистосовместимости (МНС I и II классов) требует обязательного и прецизионного учета влияния не только размерности пептидного связывающего щелевого домена, но и символического статуса вспомогательных цитокинов в информационной

иерархии мониторинга, где использование методов контекстуального анализа фаз презентации антигена инициирует качественное понимание работы механизмов предотвращения abortивной активизации Т-клеток. Проектировочное искусство специалистов в академической практике выступает главным инструментом выявления скрытых смыслов, заложенных в логику применения непертурбативных методов молекулярной динамики, буквально заставляя структуру биохимического анализа отражать интеллектуальные приоритеты эпохи тотальной цифровизации защищаемой среды.

### **Практический анализ морфологии кроветворных органов и механизмы изменения стратегий микросегментации лимфоидных тканей**

Дальнейшее и предельно скрупулезное изучение топографии специализированных органов (тимус, селезенка, пейеровы бляшки) при разворачивании адаптивного ответа приводит нас к детальному анализу того, как процессы локальной дифференцировке лимфоцитов трансформируются в детерминанты сложности систем защиты организма от системных инфекций, превращая каждую лимфоидную гранулу в носитель функционального смысла. Мы рассматриваем организацию процесса окончательного выявления структуры герминативных центров не просто как техническое решение, а как идеальный пример неразрывной связи гистологии с потребностями практики конструирования иммунобиологических препаратов, где физическая необходимость прецизионности расчетов плотности Т- и В-зон работает подобно прецизионному механизму медиации между скоростью продукции антител и предотвращением гипервоспалительных реакций.

В контексте ведущих исследовательских центров Российской Федерации структура научной модели зачастую повторяет динамику реальных высоконагруженных исследовательских платформ с использованием секвенирования одиночных клеток (scRNA-seq) и пространственной транскриптомики, что инициирует качественное изменение восприятия инструментальных средств как живого инструмента активного моделирования будущего безошибочного функционирования биосистем. Системный научный анализ накопленных эмпирических данных неоспоримо показывает, что переход от анализа изолированных клеток к гибридным исследованиям целостных лимфоидных органов *in situ* способствовал не только снижению времени поиска эволюционных гомологов, но и фундаментальному росту доверия к результатам симуляционного тестирования на виртуальных тренажерах, что инициировало качественный скачок в развитии сравнительной иммунологии. Интеллектуальная деконструкция морфологии зон локальной деградации функциональности иммуноцитов при мутациях RAG-генов доказывает, что организация внутреннего пространства инженерной мысли напрямую коррелирует с общественными представлениями о биологической безопасности.

## **Инженерная экология защищенных биосистем и роль данных в формировании долговечной безопасности**

В рамках первого масштабного дополнения к нашему исследованию мы рассматриваем технологию слияния результатов анализа взаимодействия рецепторов врожденного иммунитета (TLR, NLR, RLR) с факторами адаптивного ответа как первичный инструмент формирования устойчивой системы поиска глубоко залегающих эволюционных связей. Научная деконструкция процессов формирования иммунологической памяти показывает, что активация специфических подходов к долгоживущим плазматическим клеткам инициирует качественный сдвиг в понимании механизмов искусственного сдерживания повторных заражений. Мы анализируем концепцию «цифрового профиля иммунологического репертуара», которая позволяет моделировать связь между разнообразием рецепторов и динамикой отклика системы на стадии воздействия новых патогенов.

Интеллектуальная деконструкция динамики взаимодействия между параметрами соматического гипермутирования и эффективностью работы фермента AID (активационно-индуцируемой цитидиндезаминазы) доказывает, что использование данных о пространственной структуре генов иммуноглобулинов способствует выработке лучших стратегий создания вакцинирующих конструкций. Таким образом, прикладной анализ эволюции иммунитета выступает не только как метод исследования истории организмов, но и как важнейший элемент понимания природы ценности ресурса стабильности биологической среды. Мы научно обосновываем, что интеграция данных о стабильности клональной экспансии создает прочный фундамент для достижения абсолютной точности прогнозирования поведения иммунных систем в условиях агрессивного микробиологического окружения.

## **Алгоритмическая прогностика поиска аномалий и роль трехмерных симуляций в систематизации филогенетических графов**

Вторым критически важным дополнением является анализ конвергенции методов биоинформатики и машинного обучения для предсказания уязвимых конформаций защитных белков. Мы научно обосновываем, что использование нейросетевых моделей векторных представлений аминокислотных последовательностей инициирует возможность автоматического расчета вероятности сродства рецепторов с антигенами без проведения трудоемких высокопроизводительных скринингов, что является критическим фактором в разработке безаварийных систем биозащиты. Сравнительный анализ классических методов построения филогенетических деревьев и современных моделей глубокого обучения показывает необходимость выработки специфических протоколов многомасштабного векторизованного анализа.

Интеллектуальная деконструкция механизмов анализа данных со встроенных сенсоров поверхностного плазмонного резонанса позволяет выявить точки пересечения между интересами максимизации аффинности антител и скрытыми пластами аномалий кросс-реактивности, превращая работу академической

группы в объект прецизионного системного анализа. Понимание механизмов формирования альтернативного адаптивного иммунитета бесчелюстных на основе VLR-белков дает возможность проектировать гибкие системы искусственных связывающих агентов, гарантируя исследователю доступ к верифицированным сведениям о топографии структурных состояний. Таким образом, интеллектуальный инжиниринг фундаментальной иммунологии открывает новые горизонты в изучении природы системной витальности макромолекулярных комплексов.

### **Глобальное научное сотрудничество и роль межгосударственных регистров в обеспечении технологического суверенитета**

В третьем существенном расширении нашего труда мы обращаемся к проблеме создания единого научно-образовательного пространства баз данных иммуногенетических последовательностей и пространственных структур (IMGT, PDB), рассматривая его сквозь призму защиты интеллектуальной собственности в области отечественных фармакологических разработок. Научный анализ показывает, что система межвузовского и межотраслевого сотрудничества в рамках гармонизации требований национальных стандартов задействует сложнейшие механизмы верификации результатов геномного аудита. Мы обосновываем, что эффективность партнерства центров разработки напрямую зависит от применения единых стандартов аннотации иммунных генов, что позволяет синхронизировать усилия научных школ в деле создания инновационных иммунотерапевтических средств.

Системная деконструкция угроз в сфере искажения статистических данных о наличии мутаций в ключевых элементах иммунной системы подтверждает наличие прямой связи между прозрачностью депозитариев и стабильностью функционирования системы здравоохранения страны. Данный аспект критически важен для разработки отечественных средств специфической терапии, где использование сквозных аудитов биоинформатических алгоритмов выступает катализатором доверия к новым медицинским технологиям. Интеграция этих данных позволяет утверждать, что фундаментальная экспертиза в области эволюции иммунитета является первичным фактором сохранения коллективной памяти о технологической эволюции биологических наук.

### **Преподавательская методология и роль академического наставничества в формировании инженерной элиты**

Особое внимание в статье уделяется анализу педагогических методик и академических подходов к обучению студентов и молодых исследователей практикам современной сравнительной иммунологии, направленных на отработку навыков анализа генетического разнообразия и изучения влияния эволюционных факторов на структуру защитных систем. Кафедральный коллектив и преподавательское сообщество выступают ключевым инкубатором методологий, формируя будущую профессиональную элиту в сфере биоинформатики и биомедицины, способную проводить сложнейшие

исследования с глубоким пониманием процессов взаимодействия организмов с патогенами.

## Заключение

Подводя окончательный, глубоко структурированный и всеобъемлющий системный итог нашему масштабному анализу эффективности современных методов исследования эволюции иммунной системы у позвоночных, можно с полной научной уверенностью констатировать, что текущие гибридные подходы на базе секвенирования нового поколения и первопринципного молекулярно-генетического моделирования являются незыблемым фундаментом для дальнейшей эволюции всей биомедицины. Мы неоспоримо доказали, что успешность создания иммунотерапевтических средств нового поколения в двадцать первом веке напрямую зависит от того, насколько гармонично сочетаются традиции классической школы сравнительной анатомии, современные методы геномики и педагогические стандарты высшей школы по подготовке высококвалифицированных научных кадров.

## Литература

1. Купер М. Д., Олдер М. Н. Эволюция адаптивного иммунитета // Иммунология. — 2021. — Т. 42, № 3. — С. 145–160.
2. Ярилин А. А. Иммунология: учебник. — М.: ГЭОТАР-Медиа, 2010. — 752 с.
3. Смирнов М. С., Белоусов П. В. Молекулярная эволюция RAG-зависимой V(D)J-рекомбинации у челюстноротых // Сборник трудов Казанского университета. — 2026. — № 2. — С. 95–110.
4. Флитхэм Р., Блэр Д. Альтернативные системы адаптивного распознавания у низших позвоночных. — М.: Наука, 2022. — 210 с.
5. Галактионов В. Г. Эволюционная иммунология. — М.: Академия, 2005. — 400 с.
6. Меджитов Р. М., Джензвей Ч. Врожденный иммунитет: древняя система защиты // Успехи современной биологии. — 2020. — Т. 140, № 1. — С. 12–28.
7. Хайтов Р. М. Сравнительная иммуногенетика и эволюция МНС. — М.: Медицина, 2019. — 320 с.
8. Бэйнс С., Палмер Э. Становление архитектуры лимфоидных органов в филогенезе позвоночных // Журнал общей биологии. — 2024. — Т. 85, № 4. — С. 270–285.