

## Взаимосвязь между микроорганизмами в составе метабенома ячеек улья

Научный руководитель – Адонин Леонид Сергеевич

Тальдаев А.Х.<sup>1</sup>, Смутин Д.В.<sup>2</sup>

1 - Московский физико-технический институт, Москва, Россия, *E-mail: t-amir@bk.ru*; 2 - Санкт-Петербургский национальный исследовательский университет информационных технологий, механики и оптики, Санкт-Петербург, Россия, *E-mail: dvsmutin@gmail.com*

Пчелиные семьи образуют среду для особой микробиоты. Члены улья, их микрофлора и микроорганизмы, живущие на разных субстратах улья, влияют друг на друга и функционируют вместе как суперорганизм [1]. Несмотря на то, что многие метабеномы улья хорошо исследованы, ранее NGS не применялось в исследовании ячеек улья. Из-за методологических трудностей это оставалось единственной неизученной средой улья.

Для изучения микробиома сот отбирались пробы тотальной ДНК. Полученные образцы секвенированы на платформе Illumina/Solexa. Таксономический анализ проводился с использованием Kraken 2 и Kaiju в базах данных RefSeq и HoloBee. Проведена оценка альфа и бета-разнообразия, а также аннотация вторичных метаболитов и метаболических путей с использованием Interproscan, antiSMASH, Prokka с Artemis и MinPath [2].

Хотя мы обнаружили определенные сходства в видовом разнообразии, оно демонстрирует значительные отличия от всех ранее описанных метабеномов улья. Несмотря на различия в условиях между ячейками с куколками и личинками, микробиом отличается высоким постоянством. Многие распространенные группы и соотношения между ними практически не различаются, однако таксоны с самым высоким уровнем численности имеют тенденцию быть эфемерными. Более 95% классифицированных организмов относятся к Gamma-Proteobacteria, Bacilli и Actinomycota. Образцы достоверно не различаются друг с другом по метрикам альфа и бета-разнообразия, за исключением коэффициентов доминирования. Анализ главных компонент показывает, что различия между сотами с личинками и куколками проявляются в общем метабеноме, тогда как таксоны с наибольшей численностью остаются неизменными.

Типичные представители кишечной микрофлоры пчел и уникальные для микробиома улья организмы формируют основу двух главных антагонистических кластеров. Именно уникальная для сот часть метабенома несет гены синтеза и устойчивости к антибиотикам. Возможно, именно это обеспечивает стабильность микробиомов расплодных сот. Все это позволяет предположить, что ключевую роль в функционировании ячеек улья играет минорное биоразнообразие, функцию которого еще предстоит установить экспериментально.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда (проект № 24-16-00226).

### Источники и литература

- 1 Kwong, W.K.; Moran, N.A. Gut microbial communities of social bees. *Nat. Rev. Microbiol.* 2016, 14, 374–384.
- 2 Smutin, D.; Taldaev, A.; Lebedev, E.; Adonin, L. Shotgun Metagenomics Reveals Minor Micro“bee”omes Diversity Defining Differences between Larvae and Pupae Brood Combs. *Int. J. Mol. Sci.* 2024, 25, 741.