

**Геном суперорганизма пчел: взаимосвязь между метагеномами улья *Apis mellifera*****Научный руководитель – Адонин Леонид Сергеевич***Смутин Д.В.<sup>1</sup>, Тальдаев А.Х.<sup>2</sup>*

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

Пчелиный улей формирует единый ответ на изменения окружающей среды, в связи с чем его рассматривают как единый суперорганизм. Совокупный геном всех представителей этого сообщества - хологеном - формирует ответ на изменения окружающей среды [4]. Микробиомы определяют метаболизм пчел и химический состав сред улья [3], функционируют как его иммунная система, влияя и на поведение и эволюцию пчел [2]. Их состав стабилен, но зависит от климата [1], рациона и региона [2]. Механизмы поддержания стабильности и взаимодействия микробиомов остаются малоописанными [1,3].

После анализа 338 образцов метагеномного shotgun-секвенирования Illumina и изучения литературы было обнаружено, что в каждом улье присутствуют по меньшей мере 15 групп видов. 9 из них присутствовали во всех образцах метагенома кишечника, остальные - только в некоторых микробиомах. Основные виды всех микробиомов метаболически зависимы. Некоторые члены микробиома встречаются в постоянных соотношениях, что вместе с обнаруженными генами позволяет предположить возможность формирования биопленок этими представителями. Наибольшим генетическим разнообразием характеризуется *Apilactobacillus kunkeei*. Филогенетическое исследование штаммов этого вида показывает, что отдельные линии независимо передаются между ульями и что их роль в разных метагеномах различна.

Наиболее изучена микробиота кишечника пчел. В то время как кишечник куколки на поздних стадиях практически не имеет микробиоты, всего 5 групп видов бактерий составляют 98 % биомассы микробиома кишечника взрослых особей, что делает пчел отличным модельным объектом [2]. Другие микробиомы улья (мед, маточное молочко и соты) значительно сложнее анализировать. Все изученные метагеномы характеризуются высокой стабильностью. Были выявлены гены синтеза и устойчивости к антибиотикам, которые могут поддерживать постоянство микробиомов. Применение пан-метагеномного анализа в дальнейших исследованиях особенно перспективно.

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

**Источники и литература**

- 1) Gut microbiota structure differs between honeybees in winter and summer. / L. Kešnerová, O. Emery, M. Troilo [et al.] // The ISME journal. – 2020. – Vol. 14. – № 3. – P. 801-814.
- 2) Kwong, W. K. Evolution of host specialization in gut microbes: the bee gut as a model / W. K. Kwong, N. A. Moran // Gut Microbes. – 2015. – Vol. 6. – Evolution of host specialization in gut microbes. – № 3. – P. 214-220.
- 3) Micro"bee"ota: Honey Bee Normal Microbiota as a Part of Superorganism. / D. Smutin, E. Lebedev, M. Selitskiy [et al.] // Microorganisms. – 2022. – Vol. 10. – № 12.
- 4) Schwarz, R. S. Hologenome theory and the honey bee pathosphere. / R. S. Schwarz, Q. Huang, J. D. Evans // Current opinion in insect science. – 2015. – Vol. 10. – P. 1-7.