

УДК: 579.25/575.167

КАК ФУНКЦИОНИРУЮТ МЕТАГЕНОМЫ В ЕДИНОМ СУПЕРОРГАНИЗМЕ УЛЬЯ?

Смутин Д. В. (Университет ИТМО, Санкт-Петербург; Институт экологической и сельскохозяйственной биологии X-BIO, Тюменский государственный университет, Тюмень), **Лебедев Е. Е.** (Институт экологической и сельскохозяйственной биологии X-BIO, Тюменский государственный университет, Тюмень), **Тальдаев А. Х.** (Институт биомедицинской химии, Москва; Московский физико-технический институт, Москва)
Научный руководитель - кандидат биологических наук, PhD Адонин Л. С.
(Институт экологической и сельскохозяйственной биологии X-BIO, Тюменский государственный университет, Тюмень)

Введение. Пчелиная колония часто описывается как единый суперорганизм, и эта концепция широко обсуждается в литературе [1], [2], [3]. Функционирование этого суперорганизма в значительной степени зависит от участия микроорганизмов. В современном научном понимании концепция “хологенома” подчеркивает взаимосвязь и согласованное функционирование всех геномов организмов, обитающих в пчелином улье [4]. Важно отметить, что влияние микробиомов выходит за рамки простого воздействия на метаболизм пчел [5], поскольку они также служат комплексной системой реагирования на внешние раздражители, подобно иммунной системе [6]. Кроме того, микробиомы оказывают глубокое влияние на различные аспекты жизни пчел, включая поведение [1] и даже видообразование [2]. Стоит подчеркнуть, что качественный и количественный состав микробиомов удивительно постоянен [3]. Однако механизмы поддержания этой стабильности, конкретные роли, которые играют отдельные члены микробиома, и способы их переноса микроорганизмов между ульями по-прежнему являются областью активных исследований.

Хотя кишечная микрофлора пчел была предметом обширного изучения, 98% биомассы микробиома кишечника взрослых пчел представлено всего 5 группами бактерий. Кишечник куколки на поздних стадиях развития практически не содержит микроорганизмов, что делает пчел идеальной моделью для изучения репопуляции кишечника [1]. Другие микробиомы улья - меда, маточного молочка, прополиса и сот, оказались значительно более сложными в исследованиях и менее изученными [3].

Основная часть. Мы провели систематическое изучение литературы и анализ 338 образцов метагеномного shotgun-секвенирования Illumina. Этот обзор выявил наличие по меньшей мере 15 групп видов, которые, скорее всего, являются постоянными представителями микрофлоры улья. Среди этих групп 9 постоянно обнаруживаются в образцах метагенома кишечника, а 2 присутствовали во всех остальных образцах. Остальные группы оказались специфичными для конкретных микробиомов.

Следует отметить, что метаболическая взаимозависимость видов микробиома кишечника ульев, как и других микробиомов, была хорошо доказана [5]. Кроме того, в ходе филогенетического анализа линий *Apilactobacillus kunkeei* было обнаружено, что их линии различаются в разных метагеномах одного улья, что свидетельствует о независимой передаче различных линий между ульями.

Выводы. Несмотря на различия в видовом составе между разными метагеномами улья, все они характеризуются высоким постоянством. Многие представители этих сообществ являются продуцентами различных антибиотиков, что это постоянство

может поддерживать. Дальнейшие исследования могут использовать полученные результаты для улучшения качества результатов с применением анализа пан-геномов.

Финансирование. Работа выполнена при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации в рамках Федеральной научно-технической программы развития генетических технологий на 2019–2027 годы (соглашение №075-15-2021-1345, Уникальный идентификатор проекта RF----193021X0012).

Список использованных источников:

- [1] W. K. Kwong and N. A. Moran, “Gut microbial communities of social bees.,” *Nat. Rev. Microbiol.*, vol. 14, no. 6, pp. 374–384, Jun. 2016, doi: 10.1038/nrmicro.2016.43.
- [2] W. K. Kwong and N. A. Moran, “Evolution of host specialization in gut microbes: the bee gut as a model,” *Gut Microbes*, vol. 6, no. 3, pp. 214–220, 2015, doi: 10.1080/19490976.2015.1047129.
- [3] D. Smutin, E. Lebedev, M. Selitskiy, N. Panyushev, and L. Adonin, “Micro"bee"ota: Honey Bee Normal Microbiota as a Part of Superorganism.,” *Microorganisms*, vol. 10, no. 12, Nov. 2022, doi: 10.3390/microorganisms10122359.
- [4] R. S. Schwarz, Q. Huang, and J. D. Evans, “Hologenome theory and the honey bee pathosphere.,” *Curr. Opin. Insect Sci.*, vol. 10, pp. 1–7, A521ug. 2015, doi: 10.1016/j.cois.2015.04.006.
- [5] G. Bonilla-Rosso and P. Engel, “Functional roles and metabolic niches in the honey bee gut microbiota.,” *Curr. Opin. Microbiol.*, vol. 43, pp. 69–76, Jun. 2018, doi: 10.1016/j.mib.2017.12.009.
- [6] N. Morfin, R. Anguiano-Baez, and E. Guzman-Novoa, “Honey Bee (*Apis mellifera*) Immunity,” *Vet. Clin. North Am. Food Anim. Pract.*, vol. 37, no. 3, pp. –533, Nov. 2021, doi: 10.1016/j.cvfa.2021.06.007.