

УДК: 579.25/575.167

Враг моего врага - мой друг: метаанализ метагеномов в поисках нативной биозащиты пчелиного улья

Смутин Д. В. (ИТМО, СПбГУТ, ИБМХ), **Тальдаев А. Х.** (ИБМХ, МФТИ)
Научный руководитель - доцент, к.б.н., PhD Адонин Л. С. (СПбГУТ, ИБМХ)

Введение. Концепция пчелиной колонии как суперорганизма предполагает тесную интеграцию всех её компонентов, включая микробиомы [1], [2]. Современный подход к изучению хологенома акцентирует внимание на функциональном разнообразии и динамических вариациях микробных сообществ улья, от кишечника пчел до продуктов их жизнедеятельности [3]. Если ключевые симбионты (например, 5 доминирующих бактериальных групп, составляющих 98% кишечной биомассы) хорошо изучены [1], то роли оппортунистических видов в поддержании стабильности хологенома остаются малоисследованными. Эти второстепенные участники, вероятно, играют критическую роль в адаптации к стрессам, выступая резервной системой при нарушении баланса [4].

Особый интерес представляет мета-анализ оппортунистов, чьи функции часто маскируются доминантными таксонами. Например, стерильность кишечника куколок и контрастная сложность микробиомов меда, маточного молочка и сот [1] создают уникальные модели для изучения колонизационных процессов и межвидовых взаимодействий. Однако механизмы переноса микроорганизмов между нишами улья, а также их вклад в видообразование и поведенческие адаптации требуют системного подхода. Данное исследование фокусируется на вариативности хологенома пчел, объединяя данные о редких таксонах для выявления их роли в устойчивости суперорганизма.

Основная часть. На основе анализа более 800 образцов выявлены ключевые агонистические и антагонистические взаимодействия в хологеноме пчел. Например, обнаружена значимая корреляция между численностью микроспории *Nosema* и вирусом *AMFV*, причем последний чаще встречается в ассоциации с патогенами, чем самостоятельно. Это указывает на возможную синергию между вирусами и другими инфекционными агентами. Также исследованы взаимодействия с бактерией *Serratia*, которая демонстрирует выраженные корреляции с рядом известных патогенов. При этом сами патогены слабо коррелируют друг с другом, что подчеркивает сложность и многоуровневость взаимодействий в микробных сообществах улья.

Систематический анализ 338 образцов метагеномного shotgun-секвенирования (Illumina) и обзор литературы позволили идентифицировать 15 устойчивых групп микроорганизмов, которые можно считать постоянными компонентами микробиома улья. Из них 9 групп стабильно обнаруживаются в кишечнике пчел, 2 группы присутствуют во всех типах образцов, а остальные специфичны для отдельных ниш (например, меда, маточного молочка или сот). Эти данные подтверждают высокую специализацию микробных сообществ в разных частях улья.

Особый интерес представляет метаболическая взаимозависимость видов, которая была подробно изучена в контексте микробиома кишечника [5]. Например, филогенетический анализ линий *Apilactobacillus kunkeei* выявил их вариативность даже в пределах одного улья, что свидетельствует о независимой передаче различных штаммов между колониями. Это подчеркивает динамичность микробных взаимодействий и их роль в поддержании функциональной устойчивости хологенома.

Выводы. Несмотря на значительные различия в видовом составе между микробиомами разных ниш улья, все они демонстрируют высокий уровень постоянства. Это может быть связано с тем, что многие представители этих сообществ являются продуцентами антибиотиков, которые, вероятно, играют ключевую роль в поддержании стабильности и предотвращении колонизации патогенами. Полученные данные открывают перспективы для дальнейших исследований, включая применение пан-геномного анализа. Такой подход позволит глубже изучить функциональный потенциал микробных сообществ, выявить уникальные гены и метаболические пути, а также улучшить интерпретацию данных о взаимодействиях внутри хологенома.

Финансирование. Работа выполнена в рамках Программы фундаментальных научных исследований в Российской Федерации на долгосрочный период (2021–2030 годы) (№ 122030100168-2).

Список использованных источников:

- [1] 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, p. 2359, Nov. 2022, doi: 10.3390/microorganisms10122359.
- [2] E. V. S. Motta and N. A. Moran, “The honeybee microbiota and its impact on health and disease,” *Nat. Rev. Microbiol.*, vol. 22, no. 3, pp. 122–137, Mar. 2024, doi: 10.1038/s41579-023-00990-3.
- [3] 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, Aug. 2015, doi: 10.1016/j.cois.2015.04.006.
- [4] K. Foley, G. Fazio, A. B. Jensen, and W. O. H. Hughes, “The distribution of *Aspergillus* spp. opportunistic parasites in hives and their pathogenicity to honey bees,” *Vet. Microbiol.*, vol. 169, no. 3–4, pp. 203–210, Mar. 2014, doi: 10.1016/j.vetmic.2013.11.029.
- [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.