

**Сравнительный анализ структуры микробиома каротиногенных
микроводорослей *Bracteacoccus aggregatus* и *Coelastrella rubescens***

Научный руководитель – Зайцева Анна Андреевна

Базарева Дарья Александровна

Студент (бакалавр)

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Кафедра биоинженерии, Москва, Россия

E-mail: snow.winter99909@gmail.com

В природе и лабораторных условиях микроводоросли (МВ), как правило, существуют в виде альгобактериальных ассоциаций, в которых бактерии обеспечивают потребности МВ в эссенциальных низкомолекулярных соединениях, например, витаминах, а МВ, в свою очередь, поставляют бактериям органические вещества и кислород [1]. Исследование микробиома альгологически чистых культур МВ *in vitro* имеет фундаментальное и практическое значение при создании смешанных культур и искусственных альго-бактериальных ассоциаций с улучшенными свойствами для биотехнологии и биоремедиации.

Целью данной работы является анализ микробиома каротиногенных МВ - продуцентов *Bracteacoccus aggregatus* Tereg и *Coelastrella rubescens* (Vinatzer) Kaufnerová & Eliás с помощью молекулярно-генетических (метабаркодинг) и микробиологических методов, а также создание коллекции штаммов ассоциативных бактерий МВ.

Культура *B. aggregatus* ВМ5/15 была выделена в окрестности ББС МГУ имени Н.А. Перцова в 2015 году, изолят *C. rubescens* R1 - в д. Расторгуево МО в 2020 году. Оценку таксономического состава сопутствующих бактерий проводили с помощью метабаркодинга по гипервариабельному участку V4 фрагмента гена *16S рРНК* (на платформе Illumina), а также выделением из биомассы МВ штаммов ассоциативных бактерий микробиологическими методами и их идентификацией на основе гена *16S рРНК*.

Сравнительный анализ данных метабаркодинга показал наличие пяти и 20 уникальных групп микроорганизмов в микробиоме *C. rubescens* R1 и *B. aggregatus* ВМ5/15 соответственно; большинство групп было идентифицировано до уровня рода. Обнаружено четыре общих рода бактерий для микробиома обеих МВ: *Paracoccus* (сем. Rhodobacteraceae), *Brevundimonas* (сем. Caulobacteraceae), *Devosia* (сем. Devosiaceae), *Larkinella* (сем. Spirosomaceae) и представители сем. Xanthobacteraceae. Согласно этим данным, микробиом *B. aggregatus* ВМ5/15 разнообразнее, чем *C. rubescens* R1. Из обеих культур МВ было выделено по 10 изолятов сопутствующих бактерий, таксономическая идентификация которых подтвердила принадлежность выделенных штаммов к группам, выявленным ранее с помощью метабаркодинга, а также большее разнообразие культивируемых штаммов бактерий, полученных из *B. aggregatus* ВМ5/15.

Среди общих для культур МВ групп микроорганизмов есть бактерии группы PGPB, стимулирующие рост растений [3], в том числе и за счет продукции фитогормонов [2].

Работа выполнена при поддержке гранта Президента РФ (№ МК-1952.2021.1.4).

Источники и литература

- 1) Croft M.T., Lawrence A.D., Raux-Deery E., Warren M.J., Smith A.G. Algae acquire vitamin B 12 through a symbiotic relationship with bacteria // Nature. 2005. V. 438. No. 7064. P. 90-93.

- 2) Espinoza P.J.B. Contribution of endophytic and rhizosphere bacteria to water shortage and salt stress tolerance of avocado seedlings (*Persea americana* Mill.). дисс. Universidad de la Frontera, 2016.
- 3) Singh N., Marwa N., Mishra S.K., Mishra J., Verma P.C., Rathaur S., Singh N. *Brevundimonas diminuta* mediated alleviation of arsenic toxicity and plant growth promotion in *Oryza sativa* L. // *Ecotoxicology and environmental safety*. 2016. V. 125. P. 25-34.