

## Бактериальные сообщества губок Белого моря

Научный руководитель – Дубилей Светлана Алексеевна

Русанова А.Н.<sup>1</sup>, Сутормин Д.А.<sup>2</sup>, Травин Д.Ю.<sup>3</sup>

1 - Институт биологии гена РАН, Москва, Россия, E-mail: ruslan.rusanova1970@yandex.ru; 2 - Сколковский институт науки и технологий, Москва, Россия, E-mail: sutormin94@gmail.com; 3 - Сколковский институт науки и технологий, Москва, Россия, E-mail: travin\_birds@mail.ru

Губки (Porifera) населяют Землю более 600 миллионов лет. Их симбиоз с бактериями считается самым древним из изученных на сегодняшний день [4]. Некоторые представители данного типа могут содержать в одном грамме своей массы до нескольких миллиардов бактериальных клеток. Населяющие губки микроорганизмы могут быть высокоспецифичны к определённому виду хозяев и играть важную роль в их жизни [3], начиная от синтеза биологически активных соединений для химической защиты, и заканчивая синтезом витаминов и питательных веществ [2]. К настоящему моменту большинство работ по бактериальным сообществам губок относятся к организмам, населяющим тропические и субтропические места обитания, в то время как представители приполярных и умеренных широт остаются менее изученными. С развитием методов высокопроизводительного секвенирования стало возможным получать данные о таксономии и метаболических путях микроорганизмов, не поддающихся выделению и культивированию в лабораторных условиях.

С помощью метагеномного анализа ампликонов V3-V4 участка гена 16S рРНК и секвенирования тотальной ДНК мы изучили ассоциированные бактериальные сообщества трёх губок *Isodictya palmata*, *Halichondria panicea*, *Halichondria sitchensis* и морской воды Кандалакшского залива Белого моря, собранных в 2016 и 2018 годах на ББС имени Н. А. Перцова. Мы показали, что сообщества губок в основном состоят из протеобактерий (Gammaproteobacteria и Alphaproteobacteria) и цианобактерий (Cyanobacteria) (Рис. 1А). Однако, разные виды губок и морская вода значительно отличаются по таксономическому составу микроорганизмов (Рис. 1В, 1С). По сравнению с 2016 годом мы наблюдаем рост числа протеобактерий во всех образцах 2018 года, в особенности родов *Alteromonas* и *Pseudoalteromonas*, что, возможно, является следствием аномально высокой температуры воды летом 2018 года [1] (Рис. 1В). С помощью сравнения частоты встречаемости микроорганизмов в сообществах губок и морской воды нам удалось обнаружить потенциальных симбионтов Porifera, уникальных для каждого из исследованных видов (Рис. 1D, 1E). Геномы некоторых из этих бактерий-симбионтов нам удалось собрать из данных секвенирования тотальной ДНК, в том числе геномы двух неописанных ранее симбионтов губок *H. sitchensis*, *I. palmata*, относящихся к классу Gammaproteobacteria (Рис. 1F). Поиск генетических кластеров биосинтеза вторичных метаболитов в сборках тотального метагенома бактериальных сообществ выявил наличие многочисленных кластеров NRPS, лантипептинов, LAPs, PKS, бактериоцинов, и других типов вторичных метаболитов (Рис. 1G). Дальнейшее изучение обнаруженных кластеров может привести к открытию новых веществ с антибактериальными свойствами. Данная работа является первым метагеномным исследованием ассоциированных сообществ бактерий для губок Белого моря.

## Источники и литература

- 1) Ereskovsky, A., Ozerov, D. A., Pantyulin, A. N. et al. Mass mortality event of White Sea sponges as the result of high temperature in summer 2018 // Polar Biology. 2019, 42. p. 2313–2318.

- 2) Fiore, C. L., Jarett, J.K., Steinert, G. et al. Trait-Based Comparison of Coral and Sponge Microbiomes // Scientific Reports. 2020, 10. 2340.
- 3) Knobloch, S., Johannsson, R., Marteinson, V. Genome analysis of sponge symbiont 'Candidatus Halichondriabacter symbioticus' shows genomic adaptation to a host-dependent lifestyle // Environ Microbiol. 2020, 22. p. 483-498.
- 4) Rix, L., Ribes, M., Coma, R. et al. Heterotrophy in the earliest gut: a single-cell view of heterotrophic carbon and nitrogen assimilation in sponge-microbe symbioses // The ISME Journal. 2020, 14. p. 2554-2567.

### **Иллюстрации**

