

Структура метагеномных сообществ мирового океана в пространстве пониженной размерности

Научный руководитель – Козлова-Рябова Александра Дмитриевна

Милек Александр Сергеевич

Студент (бакалавр)

Национальный исследовательский университет «Высшая школа экономики», Факультет биологии и биотехнологии, Москва, Россия

E-mail: aleksandrmilek@gmail.com

Структура метагеномных сообществ мирового океана в пространстве пониженной размерности

Александр Милек^{1*}, Александра Козлова^{2,3**}, Дмитрий Сутормин³, Андрей Соболев³, Артем Исаев³, Михаил Гельфанд³

¹ *Высшая школа экономики, Клеточная и молекулярная биотехнология*

² *Высшая школа экономики, Центр биомедицинских исследований и технологий*

³ *Сколтех, Москва, Россия*

**aleksandrmilek@gmail.com, **amiandwho@gmail.com*

Морские микробные сообщества играют роль в функционировании океанических экосистем и глобальных биогеохимических циклах. Несмотря на большое число исследований морских метагеномов, высокоразмерная структура пространства β -разнообразия остаётся предметом дискуссии. В частности, неясно, формируют ли сообщества дискретные устойчивые группы или их изменчивость описывается преимущественно непрерывными градиентами.

Целью данной работы является исследование структуры морских микробных сообществ и оценка ее кластерной/градиентной организации. В анализ включены образцы, собранные в Карском и Баренцевом морях в рамках проекта лаборатории метагеномного анализа Сколтеха «Атлас микробных сообществ России» по изучению микробных сообществ арктических морей – рассматривались пробы с глубины до 1 м. Таксономический профиль получен по данным 16S rRNA ампликонного секвенирования.

Для первичного анализа β -разнообразия использованы методы линейного и нелинейного снижения размерности (PCA, PCoA, UMAP, t-SNE). Проекция первых двух координат ординации на географическую карту отбора образцов по каждому из методов выявляет выраженный пространственный градиент: сходные по составу сообщества формируют преимущественно непрерывные переходы, согласующиеся с географическим положением станций. Наиболее отчетливо такая структура визуально проявляется в представлении UMAP. В районах эстуариев наблюдается локальное уплотнение точек, что может быть связано с влиянием пресноводного стока и терригенного материала.

Для формальной проверки гипотезы о дискретной организации сообществ был применён протокол валидации кластерной структуры, аналогичный подходу, предложенному в работе Bulygin et al. (2023)[1]. В большинстве комбинаций методов снижения размерности и алгоритмов кластеризации значения оценки плотности разделимости DBCV оказывались отрицательными, что согласуется с представлением о геометрии данных без выраженной плотностной сегментации. В ограниченной области параметров выявлены согласованные кластерные решения, удовлетворяющие критериям плотностной разделимости и устойчивости, что может свидетельствовать о наличии локальных структур внутри общего многообразия. При этом их выраженность зависит от способа нелинейной ординации и требует осторожной интерпретации.

Полученные результаты свидетельствуют о многоуровневой организации микробных сообществ арктических морей. На глобальном уровне структура β -разнообразия описывается непрерывным нелинейным градиентом, согласованным с географическим распределением станций и, вероятно, отражающим экологические факторы. Дальнейшая работа будет направлена на расширение выборки и оценку вклада экологических и географических факторов в формирование наблюдаемой структуры.

Источники и литература

- 1) Bulygin I., Shatov V., Rykachevskiy A., Raiko A., Bernstein A., Burnaev E., Gelfand M.S1. Absence of enterotypes in the human gut microbiomes reanalyzed with non-linear dimensionality reduction methods. PeerJ. 2023. 11:e15838.