

Микробиомы гидромедуз Белого моря: сравнительный анализ *Aglantha digitale* и *Bougainvillia superciliaris*

Научный руководитель – Хабибулина Валерия Руслановна

Фисенко Екатерина Максимовна

Студент (бакалавр)

Санкт-Петербургский государственный университет, Биологический факультет,

Санкт-Петербург, Россия

E-mail: katyafey03@gmail.com

На данный момент книдарии активно изучаются и рассматриваются как холобионты, где единым целым является организм-хозяин и его симбиотические микроорганизмы. Бактерии являются источником биоактивных веществ, которые оказывают влияние на хозяина и, вероятно, могут регулировать его жизненный цикл. В данной работе мы рассматриваем бактериальные микробиомы двух массовых беломорских видов гидромедуз *Aglantha digitale* и *Bougainvillia superciliaris*. Отличаются они жизненным циклом: *B. superciliaris* имеет метагенетический жизненный цикл, *A. digitale* - голопелагический, в котором отсутствует стадия гидроидного полипа. Изучение данных видов имеет важное значение для представления об ассоциированном бактериальном микробиоме этих книдарий и общем бактериальном разнообразии арктических морей.

Гидромедузы были собраны на Белом море в губе Чупа в окрестностях острова Средний в июне 2025. По 5 особей каждого вида были пойманы сачком, затем промыты стерильной морской водой для избавления от контаминации и зафиксированы 96% этанолом. Выделение тотальной ДНК проводилось набором MP Biomedicals FastDNA Spin Kit, после чего было проведено метабаркодинговое секвенирование варибельного участка V3-V4 бактериальной 16S рДНК.

Был проведен анализ бактериального разнообразия на уровне фил и родов. На уровне фил наиболее представленными были пять: Proteobacteria, Actinobacteria, Firmicutes, Bacteroidetes и Cyanobacteria. Относительное обилие данных фил было схожим, за исключением филы Cyanobacteria, доля которой была на 10% больше у *A. digitale*. На уровне родов различия в качественном составе бактериального сообщества почти не наблюдались, за исключением рода *Sphigorhabdus*, доля которого была существенно выше у *A. digitale* и достигала 25%. Наиболее представленными у обоих видов гидромедуз были рода: *Pseudomonas*, *Sphingomonas*, *Novosphingobium*, *Lactobacillus*, *Paenarthrobacter*, *Caulobacter*, *Pseudoalteromonas*, *Herbaspirillum*, *Aquabacterium*, чья относительная доля превышала 2%. Основные характеристики этих родов: психрофильность или психротолерантность, способность к выделению антимикробных соединений и способность к разложению углеводов. Ранее все представители были обнаружены в морских водах и большинство найдены ассоциированными на книдариях, но также были выявлены представители, ранее не встречающиеся на них: *Lactobacillus*, *Paenarthrobacter*, *Caulobacter*, *Aquabacterium*.

Мы получили новые данные о составе бактериального сообщества характерного для массовых гидромедуз Белого моря. Обитание в одной среде, а именно в планктоне, по видимому, оказывает значительное влияние на бактериальный состав микробиома медуз, поэтому микробиом данных видов схож, но для *A. digitale* характерен специфический род, что может быть связано с ее голопелагическим жизненным циклом.