

DOI: 10.25205/978-5-4437-1843-9-16

**ВЫЯВЛЕНИЕ МОЛЕКУЛЯРНЫХ МЕХАНИЗМОВ АДАПТАЦИИ МШАНОК
К ПРЕСНОВОДНОЙ СРЕДЕ ОБИТАНИЯ НА ОСНОВЕ ДАННЫХ RNA-SEQ-ЭКСПЕРИМЕНТОВ*****REVEALING MOLECULAR MECHANISMS OF BRYOZOAN ADAPTATION
TO FRESHWATER HABITAT BASED ON RNA-SEQ EXPERIMENTS**Ю. А. Зайцева¹, Л. Г. Данилов¹, В. В. Старунов²¹Научно-технологический университет «Сириус», Сочи²Зоологический институт РАН, Санкт-ПетербургI. A. Zaitseva¹, L. G. Danilov¹, V. V. Starunov²¹Sirius University of Science and Technology, Sochi²Zoological Institute RAS, Saint Petersburg

✉ yulia.zaitzeva674@yandex.ru

Аннотация

В работе проведен комплексный сравнительный анализ транскриптомных профилей и генных семейств морских и пресноводных мшанок. Выявлены биологические процессы, ассоциированные с переходом в пресноводную среду обитания, связанные с осморегуляцией, стресс-ответом, иммунной регуляцией, метаболизмом и симбиозом. Установлены таксоны, предположительно характерные для микробиоты пресноводных и морских видов мшанок.

Abstract

This study presents a comprehensive comparative analysis of transcriptomic profiles and gene families in marine and freshwater bryozoans. Biological processes associated with the transition to freshwater habitats related to osmoregulation, stress response, immune regulation, metabolism and symbiosis were identified. Taxa putatively characteristic of the microbiota of freshwater and marine bryozoan species have been identified.

Мшанки — колониальные эпобионты, широко распространенные в морских и пресноводных биотопах [1]. Несмотря на высокое видовое разнообразие и значительную экологическую роль в пресноводных и морских экосистемах [2], молекулярно-генетические особенности мшанок остаются недостаточно изученными. По сравнению с другими беспозвоночными, у представителей данного типа до сих пор отсутствуют полноценно описанные геномные и транскриптомные данные, что ограничивает возможности исследования их эволюционной биологии, симбиотических взаимодействий и стратегий адаптации. Переход от морской к пресноводной среде представляет собой значимое эволюционное событие, сопровождающееся комплексной физиологической и молекулярной перестройкой, механизмы которой активно изучаются с применением биоинформатических подходов.

В анализ были включены сырые данные четырех видов мшанок — двух пресноводных (*Fredericella sul-tana*, *Plumatella fungosa*) и двух морских (*Dendrobeatia fruticosa*, *Euratea loricata*), а также транскриптомные сборки из открытых источников, ранее опубликованные для других представителей данного типа. Для видов, чьи сборки отсутствовали в публичных базах, была выполнена *de novo* реконструкция транскриптомов на основе парных RNA-Seq-прочтений с использованием Trinity (v2.15.2). Предсказание и редукция белок-кодирующих последовательностей осуществлялись с помощью TransDecoder (v5.7.1) и CD-HIT (v4.8.1). Функциональная аннотация выполнялась несколькими базами данных.

Для всех видов были выделены общие ортогруппы с использованием OrthoFinder (v2.5.5). Филогенетический анализ и оценка времени дивергенции проводились на основе конкатенированной матрицы однокопийных ортогрупп, выровненных с помощью MAFFT (v.7.471). Построение филогенетического дерева выполнено методом максимального правдоподобия в IQ-TREE (v2.4.0), временные оценки получены с использованием MCMCTree на основе байесовского подхода. Изменения в размерах генных семейств оценивались в программе CAFE5 (v1.1) на основе матрицы чисел копий транскриптов, что позволило выявить функциональные категории, демонстрирующие достоверное сокращение или расширение в пресноводных линиях. Таксономический состав микробиоты оценивался на основе транскриптомных данных с использованием инструмента Kaiju (v1.10.1) и базой данных refseq_nr. Для выявления таксонов, статистически обогащенных в морских и пресно-

* Исследование выполнено в рамках государственного задания № 125012800894-6.

© Ю. А. Зайцева, Л. Г. Данилов, В. В. Старунов, 2025

водных формах, применялся дифференциальный анализ с помощью инструмента LefSe (v1.1.2) (p-value < 0,01, LDA score > 2).

Филогенетический анализ и оценка времени дивергенции показали, что пресноводные мшанки отделились от морских форм в кембрийском периоде (~ 540 млн лет назад), что указывает на их независимое эволюционное развитие. В ходе анализа были выявлены функциональные категории генов, потенциально связанные с адаптацией к пресноводной среде обитания, в том числе отвечающие за осморегуляцию, транспорт молекул и клеточные реакции на стресс. В частности, были обнаружены семейства, участвующие в поддержании внутриклеточного гомеостаза, включая процессы катаболизма нуклеотидов, транспорта анионов и аминокислот, а также механизмы клеточного ответа на такие стрессовые воздействия, как радиация, фолиевая кислота и окислительные повреждения. Таксономический анализ микробиоты выявил средоспецифичных бактериальных порядка *Gemmatales* [3] у пресноводных форм и *Vibrionales* [4] и *Alteromonadales* [5] — у морских, которые могут быть важными компонентами микробиома, влияющими на физиологическое состояние колонии в морских и пресноводных средах обитания.

Литература

1. Темерева Е. Н. Руководство для большого практикума по зоологии беспозвоночных: флориды и мшанки. Ч. 2. М.: Товарищество научных изданий КМК, 2023. С. 84.
2. Gordon D. P. Kingdom Animalia: Radiata, Lophotrochozoa, Deuterostomia. Christchurch: Canterbury University Press. 2009. P. 528.
3. Kumar G., Eswarappa S. M., Okamura B., Hartikainen H. Gemmata algarum, a Novel Planctomycete Isolated from an Algal Mat, Displays Antimicrobial Activity // Marine Drugs. 2023. Vol. 22, No. 1. P. 10.
4. Radjasa O. K., Sabdono A., Junaidi, Trianto A., Sabdaningsih A. Bacterial symbionts of reef invertebrates: screening for anti-pathogenic bacteria activity // Biodiversity. 2013. Vol. 14, No. 2. P. 80–86.
5. Демидова М. А. и др. Идентификация и локализация симбиотических бактерий мшанки *Patinella verrucaria* (Cyclostomata) // Тр. XI Междунар. науч.-практ. конф. «Морские исследования и образование». М.: МГУ, 2022. С. 247–250.