

Влияние филогенетических связей и трофической специализации на микробиом кишечника семейства Жужелицы (Carabidae)

Научный руководитель – Козлова-Рябова Александра Дмитриевна

Степанова Анна Ильинична

Студент (бакалавр)

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

E-mail: astep0404@gmail.com

Известно, что состав микробных сообществ, ассоциированных с многоклеточными организмами, может варьировать в зависимости от эволюционной истории и экологических особенностей хозяев. Долговременная интеграция между хозяевами и их микробиотой позволяет предположить, что композиция микробиома может отражать эволюционную историю хозяина. Однако характер и масштаб изменений микробиома в ходе эволюции остаются неясными, и исследований, направленных на выявление этих закономерностей, пока нет.

Сложность подобных исследований связана с выбором объектов. Необходима многочисленная и таксономически хорошо описанная группа с высоким уровнем видового разнообразия. Насекомые в целом, и семейство жужелиц в частности, представляют собой хорошую модельную систему для подобных работ. Жужелицы – широко распространенная и разнообразная группа, с большим объемом таксономических и филогенетических данных, что делает их удобными модельными организмами [1,2].

В данном исследовании предполагается, что эволюционно близкие виды жужелиц обладают более сходным составом и функциями микробиома по сравнению с филогенетически или трофически более разнородными видами. Цель – выявить закономерности, связывающие состав микробиома с таксономическим положением жужелиц.

Данные для анализа были получены из открытых источников – в работе использованы результаты 16S-секвенирования микробиома жужелиц (Carabidae), на данном этапе только представителей четырех видов трибы Bembidiini. Прочтения были сгруппированы в ASV с помощью программы DADA2, после чего ASV классифицировали с использованием базы данных рРНК SILVA v138.2. Затем был проведен статистический анализ: описан состав микробиома, рассчитаны показатели бета-разнообразия с использованием расстояния Айтчисона. Оценивалась связь состава и вариабельности микробиома с таксономическим положением.

В результате обработки данных были выявлены наиболее распространенные классы микроорганизмов в кишечнике Bembidiini – Gammaproteobacteria, Alphaproteobacteria, Bacteroidia, Bacilli и Cyanobacteria. При расчете бета-разнообразия присутствует кластеризация микробиомов по виду жука, указывая на большую схожесть микробиомов между представителями одного вида. При этом иерархия, получившаяся в результате кластеризации, похожа на филогенетические отношения этих видов друг к другу (Рис.1).

Предварительный анализ выявил возможные связи между таксономией жужелиц и их микробиомом. Ожидается, что дальнейший анализ 16S данных других триб жужелиц на основе как открытых, так и собственно собранных данных позволит получить более исчерпывающие результаты.

Источники и литература

- 1) Kotze DJ, Brandmayr P, Casale A, Dauffy-Richard E, Dekoninck W, Koivula M, et al. Forty years of carabid beetle research in Europe – from taxonomy, biology, ecology and population studies to bioindication, habitat assessment and conservation. *ZooKeys*. 2011 May 20;100:55–148.
- 2) Koivula M. Useful model organisms, indicators, or both? Ground beetles (Coleoptera, Carabidae) reflecting environmental conditions. *ZooKeys*. 2011 May 20;100:287–317.

Иллюстрации

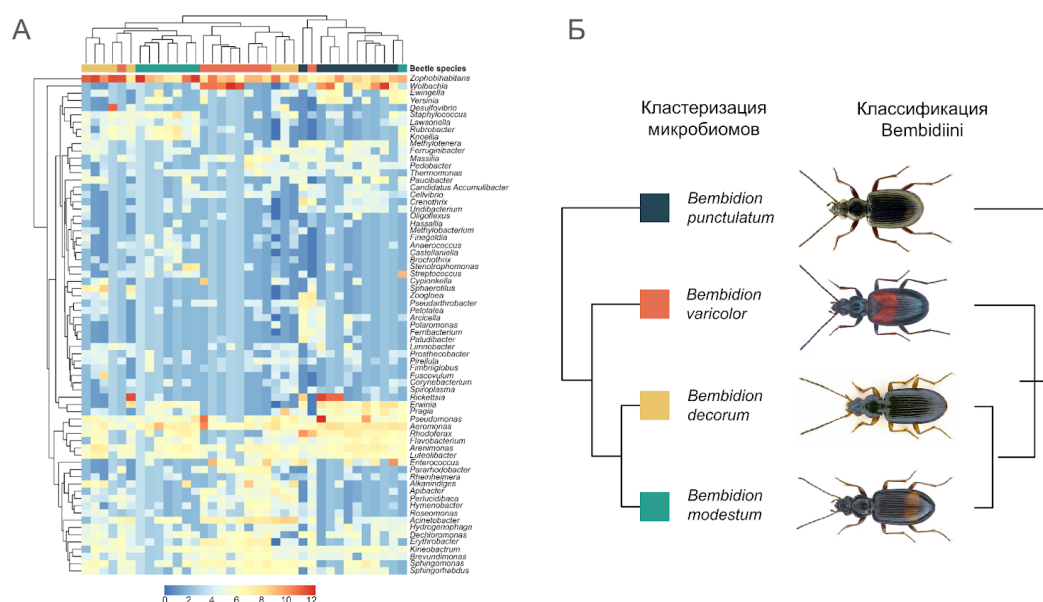


Рис. : Кластеризация метагенома жуужелиц (Carabidae) трибы Bembidiini. А - Представленность трансформированной относительно центрированным логарифмированием численности бактериальных организмов в образцах Жуужелиц с кластеризацией на евклидовом расстоянии. Б - сравнение полученного после кластеризации микробиомов дерева с деревом классификации Bembidiini.