

## Сравнительный анализ микробиомов паразитических плоских червей семейства Opisthorchiidae

Научный руководитель – Пахарукова Мария Юрьевна

*Лишай Екатерина Алексеевна*

*Студент (магистр)*

Новосибирский государственный университет, Факультет естественных наук,  
Новосибирск, Россия

*E-mail: lishai.ekaterina@gmail.com*

Эпидемиологически значимыми трематодами семейства Opisthorchiidae являются *Opisthorchis viverrini*, *Opisthorchis felinus* и *Clonorchis sinensis*. Описторхиды обладают сложным жизненным циклом, в который входят два промежуточных хозяина: пресноводный моллюск *Bithynia* spp и карповые рыбы (Cyprinidae) и одним окончательным хозяином - млекопитающим, включая человека. Ареалы этих видов трематод в природе практически не пересекаются. *O. viverrini* распространен в Юго-Восточной Азии (Таиланд, Вьетнам), *C. sinensis* - в Восточной Азии (Китай, Южная Корея), а *O. felinus* - в Западной Сибири. Кроме ареала, генетических и фенотипических различий, виды обладают также и различным канцерогенным потенциалом: *O. viverrini* и *C. sinensis* являются биологическими канцерогенами 1 группы опасности, тогда как *O. felinus* относится к 3 группе.

Для выявления различий в микробиомах трематод хомячки *Mesocricetus auratus* из SPF-вивария были заражены метацеркариями, привезенными из эндемичных регионов. Из взрослых особей трех видов червей, а также из образцов фекалий, желчи контрольных и инфицированных хомяков были получены библиотеки, содержащие V3-V4 район гена 16S рибосомальной РНК, которые затем были секвенированы на платформе MiSeq Illumina методом парных прочтений.

В результате 18 830 015 прочтений были отнесены к 17 625 оперативным таксономическим единицам (OTU) и, в свою очередь, к 261 родам бактерий. Обработка данных производилась с использованием программ QIIME2 и R (пакет metagenomeSeq).

В образцах из червей было найдено 14 276 OTUs, из которых 7615 OTUs на уровне рода, которые в свою очередь объединяются в 188 родов бактерий.

С помощью попарного дисперсионного анализа показано, что микробиом *C. sinensis* значительно отличается от микробиомов *O. viverrini* и *O. felinus* ( $q$ -value = 0,042), тогда как между микробиомами *O. viverrini* и *O. felinus* значимого различия не обнаружено. Анализ индекса филогенетического разнообразия (Faith) показал значимые различия в представленности минорных таксонов ( $p$ -value = 0,018).

Микробиомы трематод включают бактерий, характерных для сточных вод, почвы, активного ила, а также представителей экстремофилов (*Thermus* sp., *Thermosinus* sp.). В частности, трематоды содержат 139 OTUs на уровне рода, которые отсутствуют во всех остальных образцах хомяков (например, оппортунистические патогены *Brevibacterium casei* или *Ochrobactrum* sp.). Кроме того, трематоды содержат некоторые таксоны (60 OTUs на уровне рода), которые обнаруживаются в желчи только инфицированных хомяков, т.е. наблюдается передача бактерий от паразита к хозяину (*Amaricoccus* sp., характерные для активного ила, или термофилы *Geobacillus vulcani*).

Инфекция *O. viverrini* вызывает наибольшие изменения в микробиоме желчи хомяков (значимо изменяются 19 OTUs на уровне вида), по сравнению с инфекциями *O. felinus* и *C. sinensis*.

Работа поддержана грантом РФФИ (№20-04-00370\_А).