

Сравнительный анализ микробиоты, ассоциированной с литоральными моллюсками *Littorina obtusata* и *L. fabalis*

Научный руководитель – Мальцева Арина Леонидовна

Курячий Дмитрий Сергеевич

Студент (бакалавр)

Санкт-Петербургский государственный университет, Биологический факультет,

Санкт-Петербург, Россия

E-mail: dkuracij@gmail.com

Ассоциированные микроорганизмы (микробиом) могут играть важную роль в функционировании своих многоклеточных хозяев. Например, кишечные симбионты могут участвовать в регуляции таких процессов в организме животных как метаболизм, развитие, иммунитет и репродуктивное поведение. Состав микробиома связан с характеристиками экологической ниши хозяина. Особенности пищевых предпочтений близкородственных видов-хозяев и их микробиотопического распределения влияют на спектр встречаемых, поглощаемых и остающихся в ассоциации микроорганизмов, т.е. на формирование видоспецифичного микробиома. Насколько сильно подвержен изменениям состав этого сообщества при экологическом видообразовании - актуальный вопрос эволюционной биологии. Другой важный вопрос - какие факторы, определяющие состав микробного сообщества, являются более значимыми при изменениях: отличия населяемой ниши или физиологическое сходство расходящихся видов.

Для детальной характеристики ассоциированных бактериомов и их изменчивости мы в качестве организмов-хозяев выбрали пару сестринских видов моллюсков *Littorina obtusata* и *L. fabalis*. Это виды криптической группы “*obtusata*” (*Littorina*, *Neritrema*), обитающие в симпатрии. Они тяготеют на литорали к зоне фукоидов; *L. fabalis* предпочитает в качестве субстрата *Fucus serratus* (в нижней части литорали и верхней сублиторали), тогда как *L. obtusata* - *F. vesiculosus* и *Ascophyllum nodosum* (в нижней и средней литорали). Гипотетически, различия в занимаемых микронишах должны отражаться на наборе микроорганизмов, с которым улитки сталкиваются и/или устанавливают стабильные взаимоотношения в естественных условиях. Различия в составе и свойствах микробных сообществ могут, в свою очередь, влиять на адаптивный потенциал видов. Возможно, отличия в особенностях ассоциированной микробиоты имели важное значение и при дивергенции данных видов.

В нашем исследовании мы провели детальный сравнительный анализ бактериомов, ассоциированных с сестринскими видами группы “*obtusata*”, с учетом сезонной и географической изменчивости. Сбор образцов проводили в двух регионах (Баренцево море, пос. Дальние Зеленцы и Белое море, мыс Картеш) в разные сезоны. Собирали образцы нижних отделов кишки индивидуально для каждой литторины, а также в качестве образцов сравнения - фрагменты мантийного эпителия для анализа поверхностного микробиома; в дополнение были взяты соскобы поверхностных биопленок с различных живых (все представленные виды фукоидов) и неживых (камни) субстратов. Из образцов была выделена геномная ДНК бактерий, затем были приготовлены 16S-ДНК-библиотеки, просеквенированные на платформе Illumina MiSeq. Компьютерная обработка включала формирование ASV с использованием алгоритмов QIIME 2. Предварительные результаты позволяют сказать, что средовые микробиомы более разнообразны, чем ассоциированные с моллюсками; микробиота поверхности тела моллюсков отличается от кишечной; состав кишечных микробных сообществ обладает разной изменчивостью у двух видов.

Проект выполняется при поддержке гранта РНФ 19-14-00321,рук. А.И.Гранович