

Анализ изменчивости кишечного микробиома литорин при трематодной инвазии**Научный руководитель – Гранович Андрей Игоревич****Зубова Екатерина Владимировна**

Студент (бакалавр)

Санкт-Петербургский государственный университет, Биологический факультет,

Санкт-Петербург, Россия

E-mail: zubova.15@list.ru

Трематоды рода *Microphallus* используют в качестве промежуточных хозяев различных гастропод (Mollusca: Gastropoda). Есть сведения, что эти паразиты способны оказывать влияние на многие аспекты жизни своих хозяев, такие как метаболизм, размножение, питание и движение. Заражение спороцистами этих трематод может приводить к изменению размера и формы раковины моллюсков, изменению характера перемещений моллюсков, а также вызывает паразитарную кастрацию.

Многие аспекты влияния трематодной инвазии на поведение, морфологию и физиологию их промежуточных хозяев достаточно полно изучены, однако ранее не было исследовано влияние трематод на бактериальную микрофлору хозяина. Важность этого аспекта взаимодействий паразит-хозяин становится все более очевидной в последние годы в связи с развитием представлений о значимой роли сообщества микроорганизмов в определении ключевых свойств организма хозяина (концепция голобионта). Очевидно, что роль микроорганизмов в составе организма-хозяина может иметь существенное значение для понимания механизмов формирования и устойчивости системы паразит-хозяин.

В исследовании мы использовали морских литоральных гастропод *Littorina saxatilis* и *L. obtusata*, а также микробиом пищеварительной системы этих улиток в качестве модели для анализа влияния трематод *Microphallus pygmaeus* на голобионта.

Наша гипотеза заключалась в том, что моллюск и его микробиом способны отвечать на заражение трематодами как единая система. В качестве пилотного исследования для проверки этого предположения мы решили выяснить, какие последствия для микробиома пищеварительной системы моллюсков влечет заражение *M. pygmaeus*. Индивидуальные кишечные образцы в количестве 56 штук (фрагменты задней кишки зараженных и незараженных *L. obtusata* и *L. saxatilis* с верхнего и нижнего уровня литорали, по 7 повторностей) были собраны в августе 2021 года на побережье Баренцева моря. Для анализа состава кишечного микробиома неинфицированных и инфицированных *M. pygmaeus* моллюсков двух видов рода *Littorina* был использован 16S рДНК метабаркодинг. Анализ показал, что состав кишечных бактерий качественно и количественно различался как у зараженных и незараженных улиток, так и между видами *L. saxatilis* и *L. obtusata*, но не зависел от уровня литорали. Бактерии рода *Nitrospiraceae* были в большей степени характерны для *L. obtusata*, а бактерии рода *Rhizobiaceae* оказались характерны для *L. saxatilis*. В бактериомах кишечника обоих видов моллюсков заражение *M. pygmaeus* приводит к снижению численности бактерий из родов *Psychromonas*, *Psychrilyobacter* и *Halochromatium*. Мы предполагаем, что снижение обилия представителей этих родов может повлиять на способность моллюсков рода *Littorina* переваривать пищу: может ухудшаться метаболизм моно- и олигосахаридов. У зараженных моллюсков также отмечена повышенная численность бактерий рода *Mycoplasma*. Последнее может свидетельствовать о большей вероятности сопутствующих инфекций при трематодозе, поскольку представители рода - преимущественно патогенные организмы.

Закономерности в изменении таксономического состава кишечного микробиома *Littorina saxatilis* и *L. obtusata* в связи с инвазией *Microphallus pygmaeus* позволяют подтвердить важность рассмотрения взаимодействия в системах паразит-хозяин с учетом микрофлоры хозяина, то есть перспективность использования концепции голобионта при анализе отношений паразитов и их хозяев.