

**Метод компьютерной реконструкции экологической структуры сообществ
кишечной микробиоты на основе данных высокопроизводительного
секвенирования**

Научный руководитель – Клименко Александра Игоревна

Кропачев Андрей Игоревич

Аспирант

Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

E-mail: andrew.kropachev@gmail.com

Человеческий кишечник является домом для разнообразной и сложной микробной экосистемы, состоящей из триллионов бактерий. Показано, что определенные изменения в таксономической структуре микробного сообщества могут быть ассоциированы с патогенезом многочисленных заболеваний, например, диабетом и ожирением [2]. Однако поскольку естественные микробные сообщества состоят из большого количества видов, где различные таксономические группы могут выполнять схожие функции, выявить экологические связи между различными бактериями и организмом хозяина довольно сложно.

Эти проблемы заставляют исследователей обратить внимание на подходы экологии, основанной на функциональных признаках, которые позволяют глубже понять механизмы экологических процессов. Такие подходы могут снижать сложность анализа системы за счет смещения фокуса с таксономии на экологическую функцию.

В нашей работе, используя данный подход, мы разработали метод компьютерной реконструкции экологической структуры микробных сообществ. Для нашего исследования мы использовали доступные данные о синтетическом микробном сообществе из 14 видов, которое послужило моделью микробиоты кишечника человека [1].

В рамках реализации этого метода, мы провели экспертную реконструкцию экологической структуры микробного сообщества, выделив следующие функциональные группы: бутират-производящие бактерии, муцин-разлагающие бактерии, ацетогены и сульфатредукторы. Для каждой функциональной группы были определены генетические маркеры, используя которые мы оценивали представленность функциональных групп в сообществе.

На последнем этапе работы мы верифицировали разработанный метод, сравнив в разных условиях изменения представленности функциональных групп, оцененных на основе метатранскриптомных данных, с изменениями таксономической представленности, оцененной на основе 16S рРНК. Дальнейшее использование разработанного нами метода для анализа экологической структуры естественных микробных сообществ представляет большую актуальность.

Источники и литература

- 1) Desai MS, Seekatz AM, Koropatkin NM, Kamada N, Hickey CA, Wolter M, Pudlo NA, Kitamoto S, Terrapon N, Muller A, Young VB, Henrissat B, Wilmes P, Stappenbeck TS, Núñez G, Martens EC. A Dietary Fiber-Deprived Gut Microbiota Degrades the Colonic Mucus Barrier and Enhances Pathogen Susceptibility // Cell, 2016.
- 2) Nicholson JK, Holmes E, Kinross J, Burcelin R, Gibson G, Jia W, Pettersson S. Host-gut microbiota metabolic interactions. // Science, 2012.

Иллюстрации

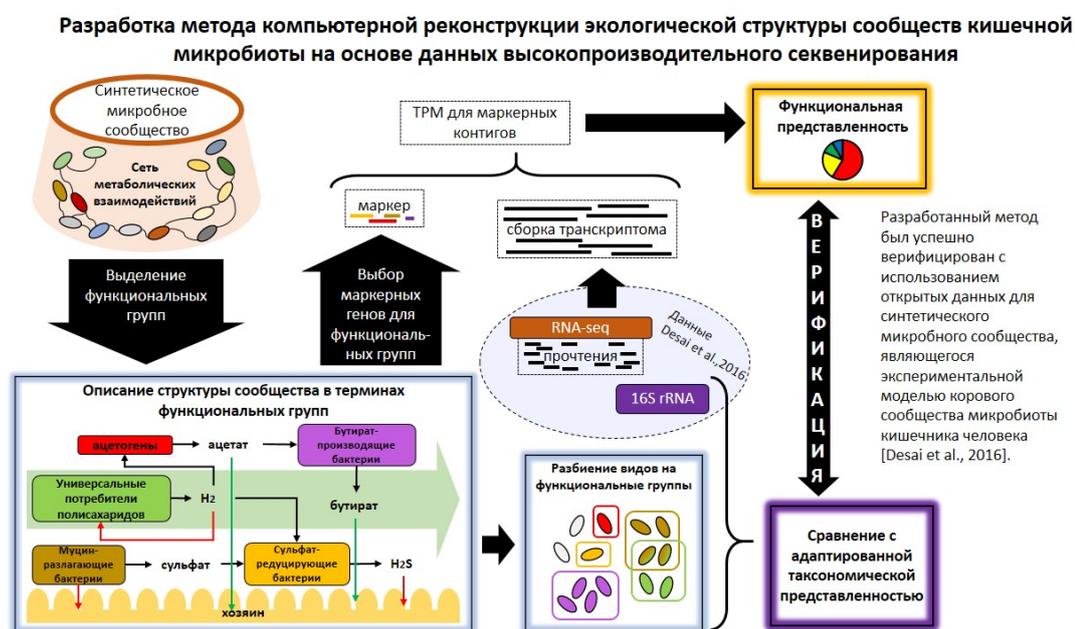


Рис. 1. Метод компьютерной реконструкции экологической структуры сообществ кишечной микробиоты на основе данных высокопроизводительного секвенирования