

Метагеномный анализ бактериальных сообществ и их взаимодействий в клещах семейства Ixodidae

Научный руководитель – Сальницкая Мария Алексеевна

Тальдаев Амир Халилович

Сотрудник

Тюменский государственный университет, Институт экологической и сельскохозяйственной биологии (X-BIO), Тюмень, Россия

E-mail: am.k.taldaev@utmn.ru

Изучение микробиомов клещей семейства Ixodidae представляет особый интерес для исследователей, поскольку позволяет глубже понять их роль в биоценозах и взаимодействие с хозяевами. Клещи являются переносчиками опасных заболеваний человека и животных, что делает исследование их микробных сообществ особенно актуальным. В данной работе проведен метаанализ данных секвенирования 16S рРНК-кодирующего региона ДНК микробиомов клещей родов *Ixodes* и *Dermacentor* из открытых источников. Обработка данных выполнялась с использованием пакета QIIME2, а дальнейший анализ проводился с помощью скриптов на языке программирования R с применением пакетов vegan, MMUPhin и других. По результатам классификации получена таксономическая аннотация прочтений, а после фильтрации с учетом анализа разнообразия из 16 677 образцов отобрано 4 702, разреженных до 1 000 прочтений, что позволило выделить 1 378 OTU.

Анализ альфа- и бета-разнообразия показал, что состав микробиомов представителей разных родов существенно различается. Доминирующими бактериями кишечника клещей оказались потенциально патогенные Rickettsiales, принадлежащие к двум различным группам, специфичным для рода хозяина. Анализ дифференциального разнообразия не выявил значимых ассоциаций между видами хозяев и количественным составом микрофлоры с учетом батч-эффекта, однако позволил установить специфические связи между патогенными микроорганизмами и остальной микрофлорой.

Интересно, что *Borrelia burgdorferi*, возбудитель болезни Лайма, не встречается совместно с другими патогенами, хотя редко становится доминирующим видом. После корректировки батч-эффекта не удалось выявить дифференциально представленные с *B. burgdorferi* таксоны. При этом *Anaplasma*, одна из ключевых бактериальных патогенов, передаваемых клещами, не детектируется методом ампликонного 16S-секвенирования, что может указывать на ошибки в аннотации. Все таксоны, за исключением Rickettsiales, демонстрируют значимые различия в представленности только в образцах одного из родов клещей.

Выявленные ассоциации могут стать основой для разработки новых биологических методов борьбы с патогенами, передаваемыми клещами.

Исследование выполнено при финансовой поддержке гранта Министерства образования и науки Российской Федерации, соглашение № 075-15-2024-563.

Источники и литература

- 1) A. Wu-Chuang, A. Hodžić, L. Mateos-Hernández, A. Estrada-Peña, D. Obregon, and A. Cabezas-Cruz, "Current debates and advances in tick microbiome research," Current Research in Parasitology & Vector-Borne Diseases, vol. 1, p. 100036, 2021, doi: <https://doi.org/10.1016/j.crpvbd.2021.100036>.