



Метагеномный анализ кишечной микробиоты синантропных рукокрылых: вирусы насекомых, гены антибиотикорезистентности и метаболический потенциал



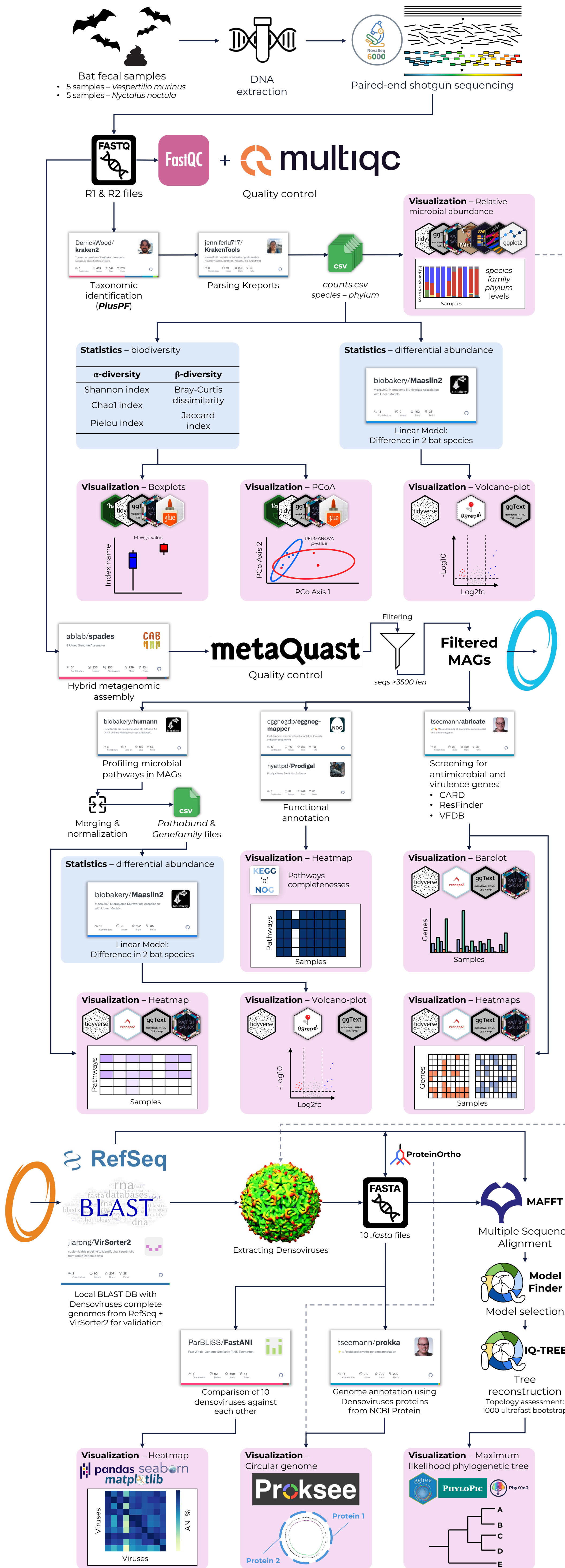
Попов Илья Витальевич¹, Попов Игорь Витальевич^{1,2}, Ермаков Алексей Михайлович¹

¹ Факультет «Биоинженерия и ветеринарная медицина», ДГТУ, Ростов-на-Дону, Россия

² Направление «Иммунобиология и биомедицина», Центр генетики и наук о жизни, НТУ «Сириус», Федеральная территория «Сириус», Россия

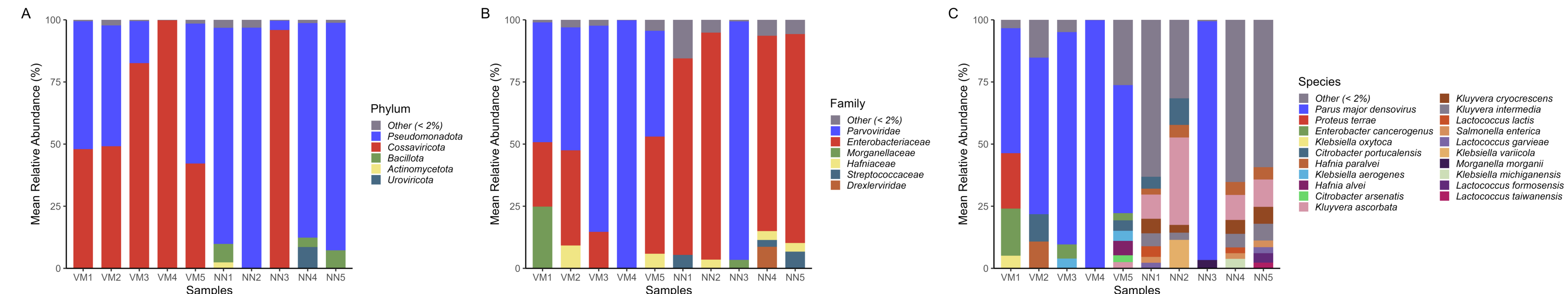
Цель исследования – проведение метагеномного анализа фекальных образцов летучих мышей для определения состава их микробиоты, функционального профилирования и проведения сравнения. Были собраны образцы фекалий от двух видов летучих мышей: *Vespertilio murinus* (n = 5) и *Nyctalus noctula* (n = 5).

Материалы и методы



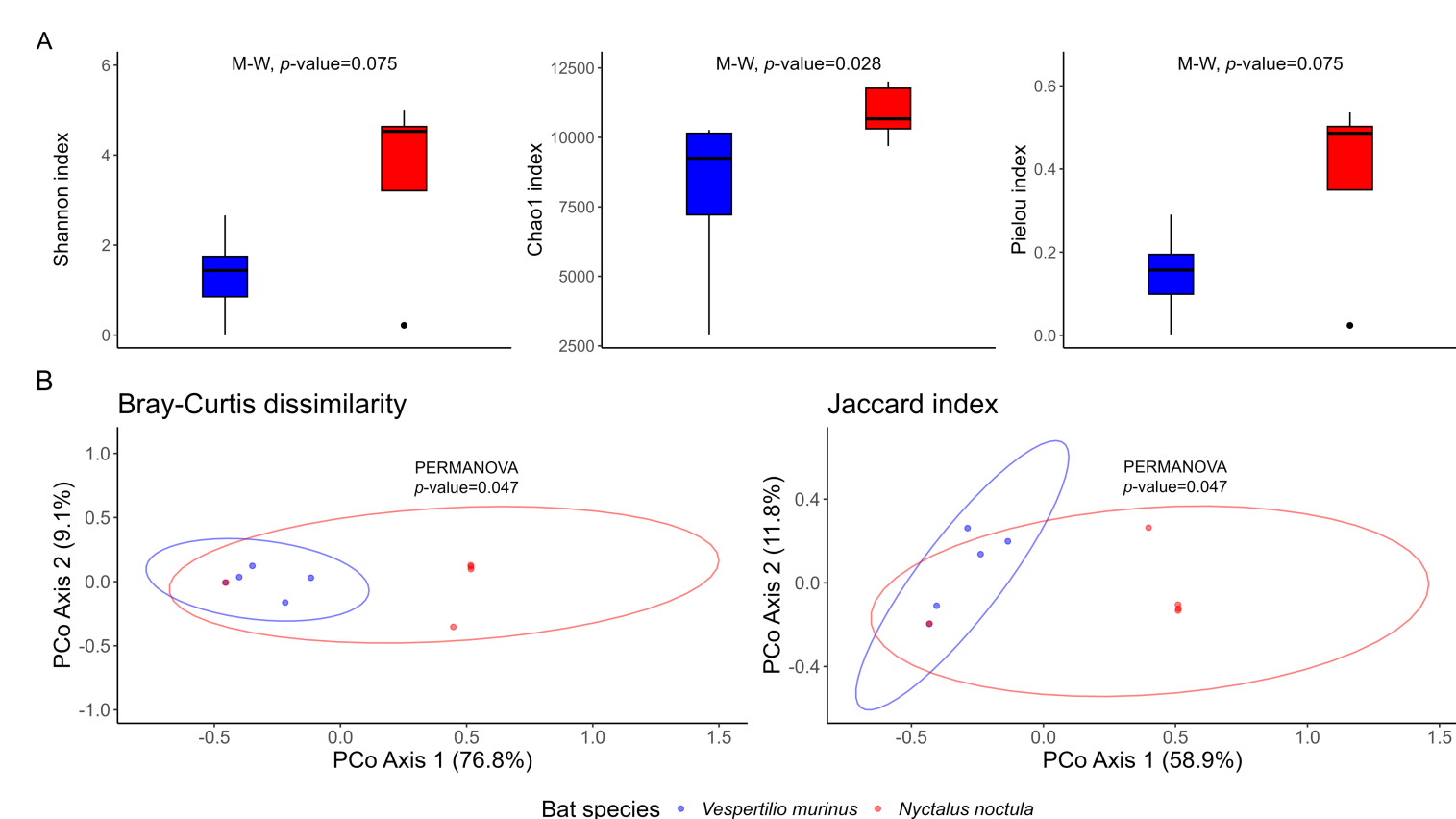
Основные результаты

Таксономический состав метагеномных образцов



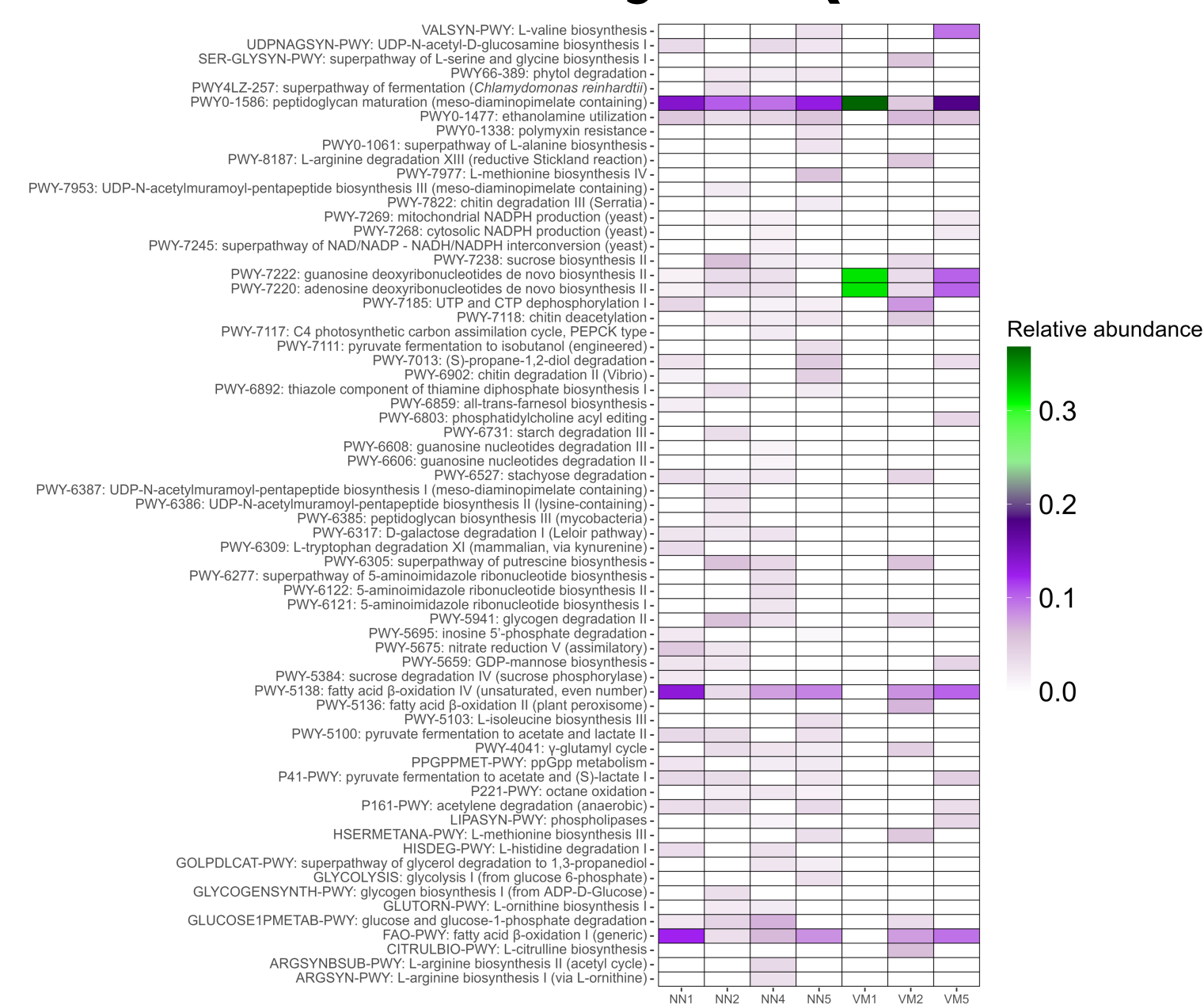
А – уровень типа; В – уровень семейства; С – уровень вида
На уровне вида – большое изобилие *Parus major densovirus* в большинстве образцов

Биоразнообразие



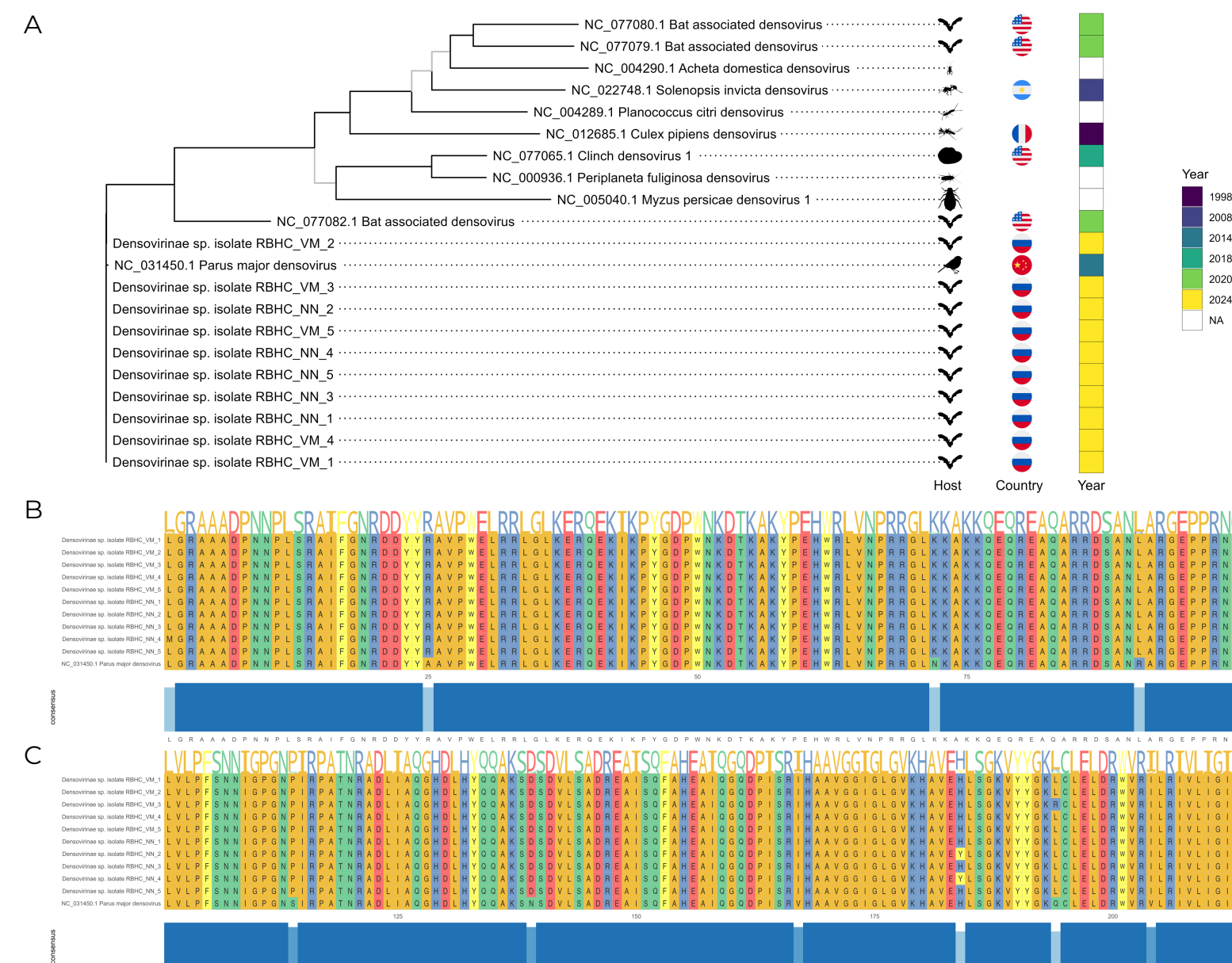
А – alpha-diversity; В – beta-diversity
Различий нет, однако, видно
главное ограничение
исследования – малая выборка

Относительное изобилие метаболических путей (HUMAN23)



Высокая активность пути peptidoglycan maturation –
значительное присутствие активно растущих бактерий с
клеточной стенкой, что может отражать их адаптацию к условиям
среды или активную роль в микробных взаимодействиях

Филогеномика



А – филогеномное дерево (SP1 + NSP)
В – MSA (SP2; 0-100 aa);
С – MSA (SP2; 101-213 aa)

Выводы

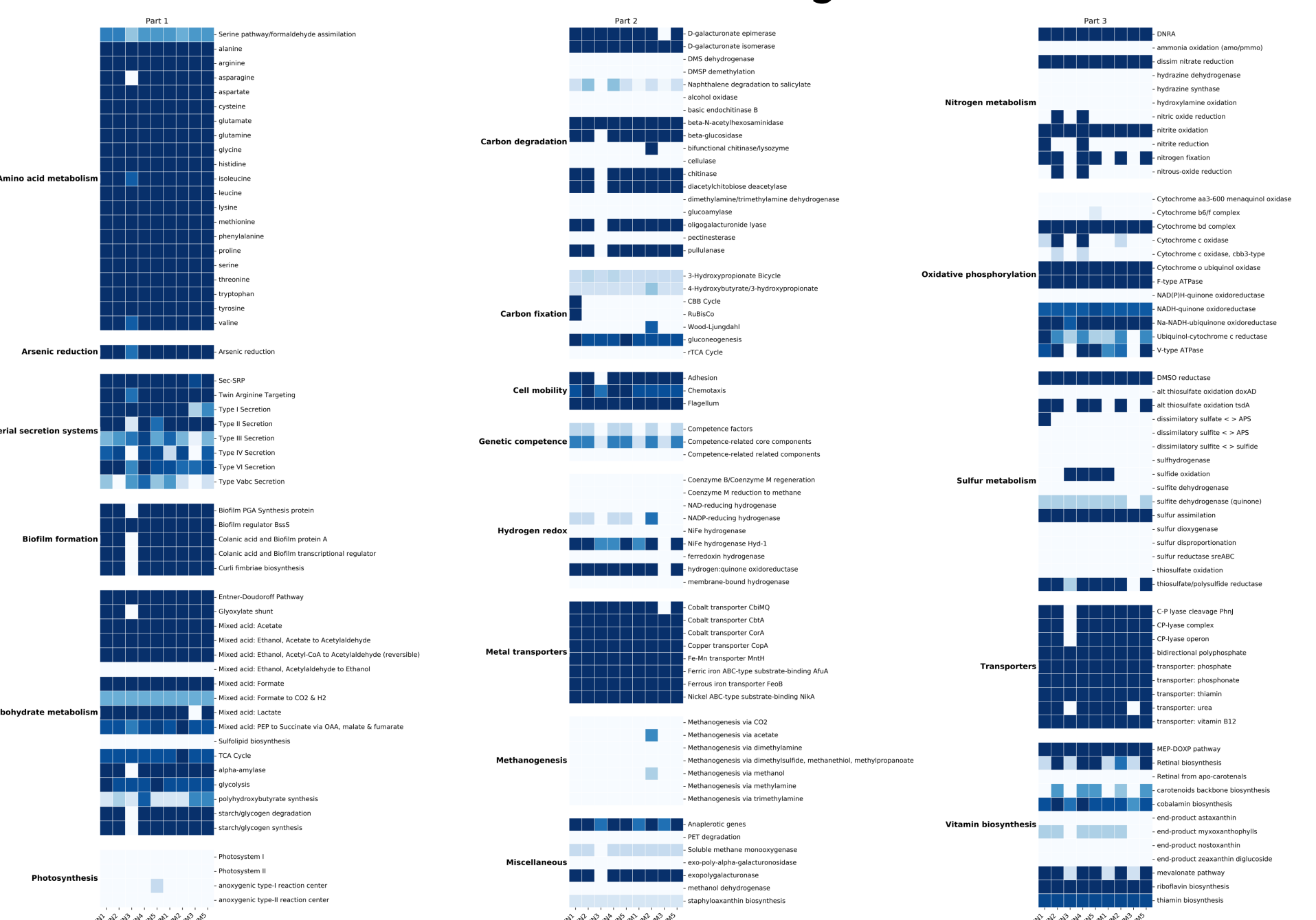
- Первоначальная цель исследования – сравнительный анализ метагеномов двух видов летучих мышей – оказалась ограничена из-за малого размера выборки
- Во всех образцах обнаружены вирусы подсемейства *Densovirinae* в большом изобилии, что стало неожиданным результатом
- Геномный анализ показал высокую степень сходства этих вирусов между собой
- Филогеномный анализ подтвердил эволюционную близость обнаруженных вирусов с *Parus major densovirus* (хозяин: синица, Китай, 2014)
- Эти результаты указывают на возможные экологические или эволюционные связи между летучими мышами и другими резервуарами вирусов, требующие дальнейшего изучения
- Помимо этого, синантропные рукокрылые являются резервуарами большого количества генов антибиотикорезистентности

Финансирование: Работа выполнена в рамках гранта РФФИ № 23-14-00316

Количество генов по образцам
Всего: 512 генов АБР (CARD + ResFinder) и
888 генов ФВ (VFDB)

АБР – антибиотикорезистентность;
ФВ – факторы вирулентности

Присутствие/полнота метаболических путей KEGG



Пути с высокой полнотой и их значение:

- Метаболизм аминокислот:** участие микробных сообществ в аминокислотном обмене
- Дегградация углевода:** эффективная переработка органического вещества
- Метаболизм азота и серы:** участие микробов в биогеохимических циклах этих элементов
- Окислительное фосфорилирование:** способность микробов эффективно производить энергию через аэробное дыхание
- Бактериальные секреторные системы:** активное межклеточное взаимодействие и потенциальные механизмы патогенности или симбиоза
- Формирование биопленок:** склонность микробов к формированию устойчивых сообществ

Для анализа разработана утилита –
KEGGaNOG
(бесплатная альтернатива DRAM)

Дополнительные материалы



GitHub
Лабораторный журнал



GitHub
KEGGaNOG



Контакты
Открыт к коллаборациям