

Состав и изменчивость кишечной микробиоты в группе близких видов литоральных моллюсков рода *Littorina***Научный руководитель – Мальцева Арина Леонидовна****Гафарова Елизавета Рустамовна**

Студент (бакалавр)

Санкт-Петербургский государственный университет, Биологический факультет,
Санкт-Петербург, РоссияE-mail: orhidea-palma@yandex.ru

Бактерии-симбионты - часть экологии практически любого таксона многоклеточных. Наиболее детально в этом отношении изучены млекопитающие и насекомые, у них присутствие нормальной микробиоты необходимо для эффективного пищеварения, влияет на развитие ЖКТ, половой и иммунной систем. Описано влияние состава симбиотической микробиоты на репродуктивное и пищевое поведение. Литоральные гастроподы рода *Littorina* представлены на европейских побережьях морей Северной Атлантики 6 видами, в том числе филогенетически близкими из подрода *Neritrema* (*L.saxatilis*, *L.arcana*, *L.compressa*, *L.obtusata*, *L.fabalis*). Их экологические ниши до сих пор охарактеризованы не полно: данные о составе сообществ кишечных микроорганизмов могут оказаться существенными для понимания экологических особенностей видов литторин и факторов, определивших их дивергенцию. Проводимый анализ учитывает влияние следующих факторов: вид хозяина, географический регион, уровень литорали, особенности биотопа. Для первичной оценки разнообразия кишечного микробного сообщества была применена амплификация фрагмента 16S-рДНК с использованием материала передних и задних отделов кишечника *L.obtusata*, собранных в 2016 г. вблизи ББС Картеш, Белое море. Полученные ампликоны были секвенированы, последовательности использованы для установления систематического положения кишечных бактерий по алгоритму MOLE-BLAST по базе данных NCBI. Сейчас идентифицировано порядка 20 бактериальных линий, в частности, представители родов *Sphingomonas*, *Pseudomonas*, *Nitrobacter*, описанные в составе кишечных сообществ беспозвоночных или средовых микробиомов арктической и антарктической литорали. Также были получены высевы содержимого задних отделов кишки *L.obtusata* (Баренцево море, Тромсе, Норвегия) на твердых питательных средах. Идентификация штаммов культивируемых колоний производилась аналогичным способом. Для детальной характеристики состава и вариабельности микробиома были приготовлены 16S-рДНК-библиотеки из материала задних отделов кишки 5 видов подрода *Neritrema*, а также *L.littorea* и *Nucella lapillus*, собранных в двух точках на побережье Баренцева моря (Тромсе). В двух точках на побережье Северного моря вблизи биостанции кафедры морских наук Гетеборгского университета, Швеция, были отобраны образцы кишечника *L.fabalis*, трех морфотипов *L.saxatilis*, *L.littorea* и *Melarhaphes neritoides*, а также средовые образцы. Приготовленные библиотеки (3 биологические повторности для каждого образца, всего 120 библиотек) были просеквенированы с использованием технологии NGS на платформе Illumina MiSeq. Биоинформатический анализ включал формирование OTU с использованием алгоритма mothur MiSeq SOP. Последовательности, количество прочтений которых выявлялось на уровне таковых в негативном контроле, считались недостоверными.

При поддержке грантов KVA-фонда Шведской королевской академии наук и РФФИ 19-04-00392-а, ресурсными центрами Научного парка СПбГУ «Развитие молекулярных и клеточных технологий» и «Обсерватория экологической безопасности».