

## География как ведущий фактор формирования микробиома клещей семейства Ixodidae

Научный руководитель – Сальницкая Мария Алексеевна

*Тальдаев Амир Халилович*

*Сотрудник*

Тюменский государственный университет, Институт экологической и сельскохозяйственной биологии (Х-БИО), Тюмень, Россия

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

Клещи являются переносчиками широкого спектра патогенов, включая бактерии родов *Borrelia*, *Rickettsia*, *Ehrlichia*, что определяет их эпидемиологическую значимость [1, 3]. Современные исследования показывают высокую вариабельность микробиома клещей, обусловленную видом хозяина, стадией развития и географией [2, 3]. Однако вклад пространственных факторов остаётся дискуссионным.

**Методы.** Проведён анализ полного гена 16S rRNA (PacBio CCS) у 49 пулов (по 3 особи) клещей родов *Ixodes* и *Dermacentor*, собранных в трёх удалённых, но сходных по климату регионах России. Обработка данных выполнена в DADA2 с получением 1845 ASV. Альфа-разнообразие оценивали по индексам Observed, Chao1, ACE, Shannon, Simpson и Pielou; бета-разнообразие — по Bray–Curtis с PERMANOVA и NMDS (Callahan et al., 2016; Oksanen et al., 2022). Для оценки распространённости патогенов применена специально разработанная байесовская модель с поправкой на пуллинг.

**Результаты.** Географическое положение (широта × долгота) статистически значимо объясняло вариацию всех показателей альфа-разнообразия:  $R^2 = 0,09–0,27$  в зависимости от индекса,  $p \leq 0,036$  во всех случаях. Вклад рода хозяина был существенно ниже и значим только для ACE ( $R^2 = 0,10$ ;  $p = 0,024$ ). В бета-разнообразии география также демонстрировала более сильный эффект ( $R^2 = 0,23$ ;  $p = 0,001$ ), чем род клеща ( $R^2 = 0,16$ ;  $p = 0,001$ ). NMDS подтвердил доминирование регионального фактора ( $R^2 = 0,469$ ;  $p = 0,001$ ) по сравнению с родом ( $R^2 = 0,375$ ) и стадией/полом ( $R^2 = 0,296$ ). Технические параметры секвенирования оказывали слабое влияние. Среди потенциальных патогенов выявлены *Rickettsia* (39% пулов), *Candidatus Midichloria* (32%), *Ehrlichia* (5%); коинфекция *Borrelia* и *Coxiella* обнаружена в 3% пулов. Полученные оценки согласуются с данными о широкой циркуляции риккетсий в популяциях клещей [1, 3].

**Заключение.** Полученные данные свидетельствуют о том, что пространственная удалённость регионов оказывает более выраженное влияние на структуру микробиома клещей, чем их родовая принадлежность. Даже при сходных климатических условиях региональный фактор объясняет большую долю дисперсии сообществ, что указывает на роль локальных микробных пулов и пространственной структурированности. Результаты расширяют представления об экологии клещевых микробиомов и важны для эпидемиологического мониторинга [1–4].

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

### Источники и литература

- 1) Верзутская И.С., Успенский И.Г. Клещи (Ixodidae) европейской части России. М., 2020.
- 2) Narasimhan S., Fikrig E. Tick microbiome: The force within // Trends in Parasitology. 2015. Vol. 31. No. 7. P. 315–323.

- 3) Bonnet S.I. et al. Tick microbiome diversity and pathogen interactions // Front. Cell. Infect. Microbiol. 2017. Vol. 7. P. 236.
- 4) Van Treuren W., Ponnusamy L., Brinkerhoff R.J. et al. Variation in the microbiota of Ixodes ticks with regard to geography, species, and sex // Applied and Environmental Microbiology. 2015. Vol. 81. No. 18. P. 6200–6209.