

Analiza zmian mikrobioty jelitowej myszy polnej, *Apodemus agrarius*, w zależności od stopnia zurbanizowania środowiska

Ewa Sajnaga¹, Rafał Łopucki¹, Agnieszka Kalwasińska², Ignacy Kitowski³, Daniel Klich⁴

¹ Katedra Biomedycyny i Badań Środowiskowych, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II; ² Katedra Mikrobiologii Środowiskowej i Biotechnologii, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu; ³ Państwowa Akademia Nauk Stosowanych w Chełmie; ⁴ Katedra Genetyki i Ochrony Zwierząt, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

Wprowadzenie

Szeroko rozpowszechniona w Polsce mysz polna (Fot. 1) dobrze zaadaptowała się do życia w środowisku przekształconym przez człowieka. Wcześniejsze analizy dowiodły, że urbanizacja silnie wpływa na mikrobiom dzikich zwierząt, zaś ukierunkowane zmiany jego składu mogą być jednym z decydujących czynników pozwalających na zaadaptowanie się do nowego środowiska życia.

Celem przeprowadzonych badań było określenie w jaki sposób mikrobiota jelitowa myszy polnej zmienia się w zależności od stopnia zurbanizowania otoczenia.

Metody

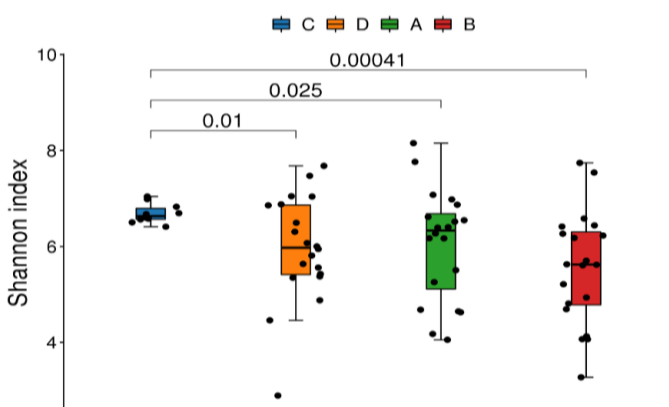
Próbki kału pobrano od myszy z terenów wiejskich oraz małego, średniego i dużego miasta (Rys. 1). DNA z próbek kału wyizolowano za pomocą PureLink Microbiome DNA purification Kit (Invitrogen). Skład mikrobioty bakteryjnej jelita myszy określono poprzez metabarkoding genu 16S rRNA (fragment V3-V4). NGS wykonano w technologii Illumina NovaSeq 6000 w firmie BMKgene. Analizę α i β bioróżnorodności mikrobioty przeprowadzono za pomocą programów: Qiime2, Metastats i Lefse. Analizę funkcjonalną i korelacji wykonano przy użyciu, odpowiednio, BagBase i R (pakiet Vegan i Hmisc).



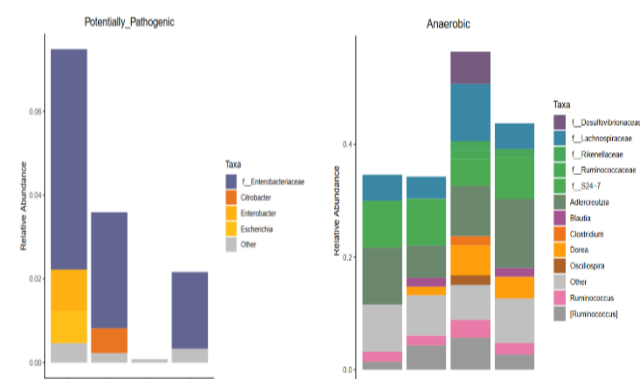
Fot. 1. Mysz polna, *Apodemus agrarius* (źródło: Wikipedia)



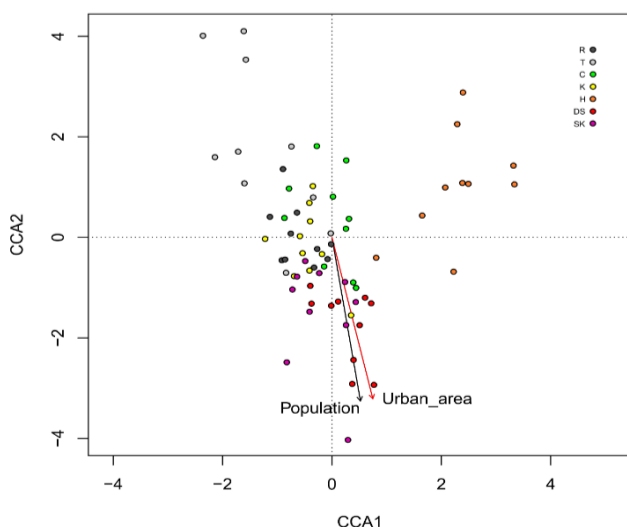
Rys. 1. Miejsca poboru próbek kału myszy



Rys. 3. Różnice we wskaźniku Shannona między grupami



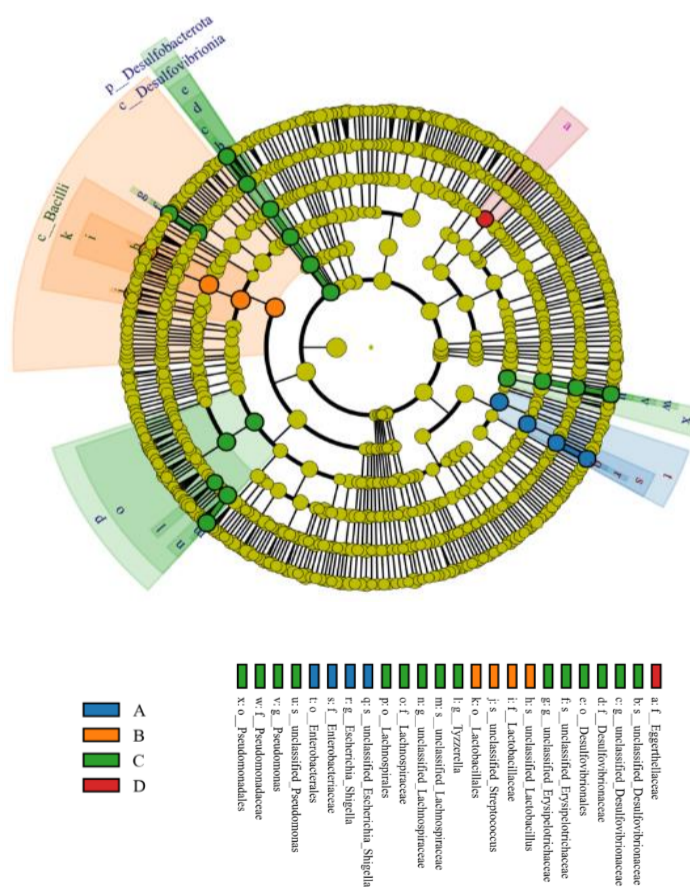
Rys 5. Analiza zawartości potencjalnie patogennych bakterii i beztlenowych (BugBase).



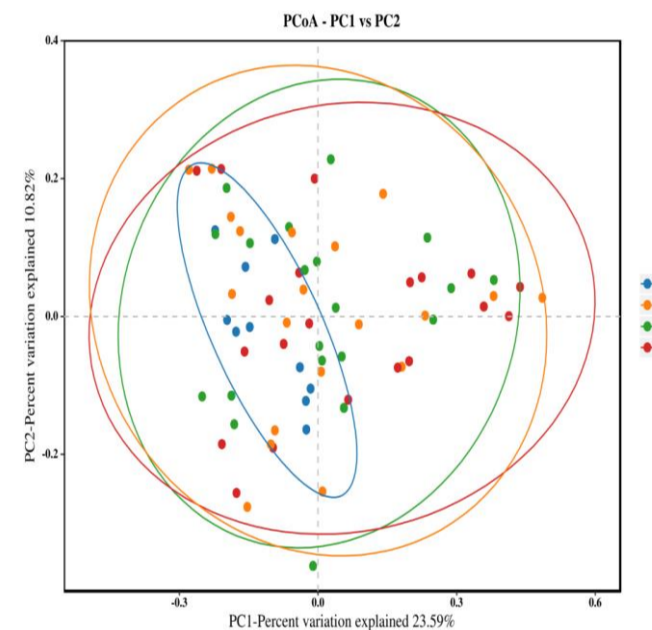
Rys 6. Analiza korelacji (CCA) między składem mikrobioty a wielkością populacji i powierzchnią miasta.

Wyniki

- Analiza uzyskanych danych wykazała, że skład mikrobioty jelitowej badanych populacji myszy wykazuje znaczne zróżnicowanie;
- Próbki ze średniego miasta (C) grupowały się razem na wykresie PCoA (Rys. 2) wykazując najwyższą liczbę różnic w składzie taksonów w stosunku do pozostałych grup (Rys. 3, 4);
- Próbki ze średniego miasta wykazywały znacząco mniejszą zawartość bakterii potencjalnie patogennych i większą ilość bakterii beztlenowych (Rys. 5);
- Analiza korelacji wykazała, że wielkość miasta była wskaźnikiem który istotnie wpływał na skład mikrobioty ($P=0,001$) (Rys. 6).



Rys 4. Analiza β -bioróżnorodności składu mikrobioty między grupami (Lefse)



Rys. 2. Analiza niepodobieństwa składu mikrobioty metodą PCoA

Wnioski

- Mikrobiota jelitowa badanych populacji myszy różni się znacząco, jednak różnice te były zdeterminowane głównie przez lokalne czynniki, a w mniejszym stopniu przez wielkość miasta, w którym bytowały;
- Bytowanie gryzoni w środowisku zurbanizowanym nie oznacza automatycznego wykształcenia u nich odmiennego mikrobiomu „miejskiego”;
- Zaobserwowana oporność mikrobioty myszy polnej na zmiany związane z urbanizacją może wynikać z roli jaką pełnią dla fauny miejskiej tereny zielone, zapewniające dostęp do nieantropogenicznych źródeł pożywienia.

Kontakt:

Ewa Sajnaga
Email: ewa.sajnaga@kul.pl

Rafał Łopucki
Email: rafal.lopucki@kul.pl



VIII Ogólnopolskie Sympozjum Mikrobiologiczne
„Metagenomy różnych środowisk”
Lublin, 17-18 czerwiec 2024 r.

