

Влияние стресса на микробиом кишечника двух линий крыс с высоким и низким порогом возбудимости нервной системы

А.Ю. Шевченко, И.Г. Шалагинова, Л.В. Мацкова, Д.С. Кацеров
 Балтийский федеральный университет им. И. Канта, Калининград, Россия
 E-mail: shevch2009@yahoo.com

Изучение влияния стресса на микробиоту кишечника является актуальным направлением в настоящий момент. Известно, что хронический стресс приводит к изменениям в составе и функциях микробиоты кишечника. Новые данные позволят усовершенствовать применение терапии стресса с фокусом на микробиоту кишечника. Целью работы было проанализировать различия в микробном разнообразии в фекальных образцах после воздействия стресса на крыс как модельных организмов.

В данной работе использовались две селективные линии крыс с высоким и низким порогом возбудимости по 12 животных в каждой линии, разделенные на 2 группы: контроль (6 крыс) и экспериментальная группа (6 животных), которая подвергалась воздействию хронического стресса. Применялся протокол длительного эмоционально-болевого воздействия по Гехту. Образцы стула собирались в трех временных точках – день до воздействия стресса, 7-й и 24-й день после стресса. Бактериальная ДНК выделялась из образцов фекальных масс согласно рекомендациям проекта «International Human Microbiome» и СОПу «IHMS_SOP 006 V2», использовался набор «QIAamp DNA Stool Mini kit» (51504, QIAGEN). Библиотеки бактериальных генов, кодирующих 16S рНК, получали в ходе полимеразной цепной реакции с кастомными праймерами F515 (5'-GTGBCAGCMGCCGCGGT-3') и R806 (5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3'). Секвенирование ампликонов проводилось на платформе Illumina Miseq. Были получены данные в формате Fastq.

Анализ данных включал в себя проверку контроля качества прочтений с помощью FastQC программы и Fastp алгоритмом, демультиплексирование с помощью алгоритма deML. Дальнейший анализ полученных прочтений был проведен с помощью программного пакета Quantitative Insights Into Microbial Ecology (QIIME2) версии 2021.4. Таксономический анализ проводился с использованием классификатора Greengenes. Для визуализации полученных результатов использовалась программа GraphPad Prism 9.

Выявлено значимое снижение двух индексов альфа разнообразия Shannon и Chao1 в микробиоме у группы с низким порогом возбудимости по сравнению с группой с высоким порогом. Отмечено значимое снижение относительного разнообразия в микробиоме для обеих линий крыс представителей рода *Lactobacillus* на 24-й день после воздействия стресса. Отмечено увеличение представителей *Prevotella* и *Faecalibacterium* в линии с высоким порогом возбудимости в ответ на стресс. Выявлено увеличение представителей *Collinsella*, *Methanobrevibacter* и *Blautia* и уменьшение *Prevotella* и *Enterococcus* в группе с низким порогом.

Возьмите на заметку:

- 1) Выявлено значимое снижение двух индексов альфа разнообразия Shannon и Chao1 в микробиоме у группы с высоким порогом возбудимости по сравнению с группой с низким порогом;
- 2) Выявлена динамика относительного разнообразия следующих представителей *Lactobacillus*, *Prevotella*, *Faecalibacterium*, *Collinsella*, *Methanobrevibacter*, *Blautia* и *Enterococcus*.

