

МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ
БЕЛОРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ
БИОЛОГИЧЕСКИЙ ФАКУЛЬТЕТ
Кафедра микробиологии

НЕСТЕРОВИЧ
Мария Сергеевна

БАКТЕРИАЛЬНАЯ МИКРОБИОТА ПИЩЕВАРИТЕЛЬНОЙ
СИСТЕМЫ ЖЕСТКОКРЫЛЫХ (COLEOPTERA, INSECTA)

Аннотация к дипломной работе

Научный руководитель:
кандидат биологических наук,
доцент О.Л. Нестерова

Минск, 2025

АННОТАЦИЯ

Дипломная работа содержит 60 страниц, 12 рисунков, 17 таблиц, 81 источник литературы, 2 приложения.

МИКРОБИОТА, *CHRYSOMELIDAE*, *COCCINELLIDAE*, ЖУКИ-ФИТОФАГИ, ЛИСТОЕДЫ, ФИЗИОЛОГО-БИОХИМИЧЕСКИЕ ТЕСТЫ, АКТИВНОСТЬ.

Объекты исследования: бактерии, выделенные из представителей двух семейств жесткокрылых – *Chrysomelidae* и *Coccinellidae* в период двух этапов сбора материала, которые проходили с 19.06.2023 по 14.10.2023 в городе Минске и с 20.05.2024 по 24.06.2024 в городе Минске, Минской и Брестской области.

Цель: анализ бактериальной микробиоты пищеварительной системы насекомых на примере жуков семейства листоеды (*Coleoptera*, *Chrysomelidae*) и коровки (*Coleoptera*, *Coccinellidae*).

Методы исследования: энтомологические (кошение, ручной сбор), микробиологические (культивирование микроорганизмов, микроскопия, изучение метаболических свойств), молекулярно-генетические (выделение ДНК, полимеразная цепная реакция, MALDI-TOF масс-спектрометрия, секвенирование).

Полученные результаты: из представителей семейства *Coccinellidae* были выделены культуры, предположительно относящиеся к родам *Micrococcus* (культура №7) и *Klebsiella* (культура №30). Микробиота жуков семейства *Chrysomelidae* включала в себя культуры, идентифицированные как род *Xanthomonas* (культура №1), *Bacillus* (культура №2, №4.2, №17), *Enterobacter* (культура №5), *Lactobacillus* (культура №6) и *Escherichia* (культура №19). До вида были идентифицированы 6 культур. С помощью MALDI-TOF масс-спектрометрии было выяснено, что культура №7.2 с высокой долей вероятности принадлежит к виду *Bacillus pumilus*, у культуры №8 удалось получить уверенную идентификацию рода и возможную идентификацию вида *Bacillus altitudinis*. Секвенирование позволило определить, что культура №1.2 с вероятностью 97.19% принадлежат к виду *Bacillus velezensis*. Культура №3 была идентифицирована как *Bacillus thuringiensis* с вероятностью 94.67%. Культура №9 отнесена к виду *Paenibacillus sinopodophylli*. Культура №10 с вероятностью 97.60% является *Paenibacillus maysiensis*.

Практическая значимость исследования: полученные результаты могут быть использованы в области микробиологии, энтомологии и экологии для дальнейшего изучения состава и функций микробиоты кишечника жесткокрылых насекомых.

АНАТАЦЫЯ

Дыпломная праца змяшчае 60 старонак, 12 малюнкаў, 17 табліц, 81 крыніц літаратуры, 2 прыкладанні.

МИКРОБИОТА, *CHRYSOMELIDAE*, *COCCINELLIDAE*, ЖУКИ-ФИТАФАГИ, ЛІСТАЕДЫ, ФІЗІЁЛАГА-БІЯХІМІЧНЫЯ ТЭСТЫ, АКТЫЎНАСЦЬ.

Аб'екты даследавання: бактэрыі, выдзеленыя з прадстаўнікоў двух сямействаў цвёрдакрылых – *Chrysomelidae* і *Coccinellidae* ў перыяд двух этапаў збору матэрыялу, якія праходзілі з 19.06.2023 па 14.10.2023 у горадзе Мінску і з 20.05.2024 па 24.06.2024 у горадзе Мінску, Мінскай і Брэсцкай вобласці.

Мэта: аналіз бактэрыяльнай мікробіёты стрававальнай сістэмы насякомых на прыкладзе жукоў сямейства лістаедамі (*Coleoptera*, *Chrysomelidae*) і кароўкі (*Coleoptera*, *Coccinellidae*).

Метады даследавання: Энтамалагічны (касьба, ручны збор), мікрабіялагічны (культываванне мікраарганізмаў, мікраскапія, вученне метабалічных уласцівасцяў), малекулярна-генетычныя (вылучэнне ДНК, палімеразнай ланцуговая рэакцыя, MALDI-TOF мас-спектраметрыя, секвеніро-ванне).

Атрыманыя вынікі: з прадстаўнікоў сямейства *Coccinellidae* былі вылучаныя культуры, якія меркавана адносяцца да радоў *Micrococcus* (культура №7) і *Klebsiella* (культура №30). Мікрабіёта жукоў сямейства *Chrysomelidae* уключала ў сябе культуры, ідэнтыфікаваныя як род *Xanthomonas* (культура №1), *Bacillus* (культура №2, №4.2, №17), *Enterobacter* (культура №5), *Lactobacillus* (культура №6) і *Escherichia* (культура №19). Да віду былі ідэнтыфікаваныя 6 культур. З дапамогай MALDI-TOF мас-спектраметрыі было высветлена, што культура №7.2 з высокай доляй верагоднасці належыць да віду *Bacillus pumilus*, у культуры №8 атрымалася атрымаць упэўненую ідэнтыфікацыю роду і магчымую ідэнтыфікацыю віду *Bacillus altitudinis*. Секвеніраванне дазволіла вызначыць, што культура №1.2 з верагоднасцю 97.19% належыць да віду *Bacillus velezensis*. Культура №3 была ідэнтыфікавана як *Bacillus thuringiensis* з верагоднасцю 94.67%. Культура №9 аднесена да віду *Paenibacillus sinopodophylli*. Культура №10 з верагоднасцю 97.60% з'яўляецца *Paenibacillus maysiensis*.

Практычная значнасць даследавання: атрыманыя вынікі могуць быць выкарыстаны ў вобласці мікрабіялогіі, энтамалогіі і экалогіі для далейшага вывучэння складу і функцый мікробіёты кішачніка цвёрдакрылых насякомых.

ABSTRACT

The diploma thesis contains 60 pages, 12 figures, 17 tables, 81 references, 2 appendices.

MICROBIOTA, *CHRYSOMELIDAE*, *COCCINELLIDAE*,
PHYTOPHAGOUS BEETLES, LEAFHOPPERS, PHYSIOLOGICAL AND
BIOCHEMICAL TESTS, ACTIVITY.

Objects of research: bacteria isolated from representatives of two families of hard-winged beetles - *Chrysomelidae* and *Coccinellidae* during two stages of material collection, which took place from 19.06.2023 to 14.10.2023 in the city of Minsk and from 20.05.2024 to 24.06.2024 in the city of Minsk, Minsk and Brest regions.

Objective: to analyse the bacterial microbiota of the digestive system of insects on the example of beetles of the family of leaf beetles (*Coleoptera*, *Chrysomelidae*) and ladybugs (*Coleoptera*, *Coccinellidae*).

Research methods: entomological (mowing, manual collection), microbiological (cultivation of microorganisms, microscopy, study of metabolic properties), molecular-genetic (DNA isolation, polymerase chain reaction, MALDI-TOF mass spectrometry, sequencing).

Results obtained: cultures were isolated from representatives of the family *Coccinellidae*, presumably belonging to the genus *Micrococcus* (culture №7) and *Klebsiella* (culture №30). The microbiota of beetles of the family *Chrysomelidae* included cultures identified as genus *Xanthomonas* (culture №1), *Bacillus* (culture №2, №4.2, №17), *Enterobacter* (culture №5), *Lactobacillus* (culture №6) and *Escherichia* (culture №19). Six cultures were identified to species. MALDI-TOF mass spectrometry revealed that culture №7.2 was highly likely to belong to the species *Bacillus pumilus*, culture №8 was confidently identified as the genus and possible identification of the species *Bacillus altitudinis*. Sequencing allowed to determine that cultures №1.2 with 97.19% probability belong to the species *Bacillus velezensis*. Culture №3 was identified as *Bacillus thuringiensis* with 94.67% probability. Culture №9 was assigned to the species *Paenibacillus sinopodophylli*. Culture №10 was identified as *Paenibacillus maysiensis* with 97.60% probability.

Practical significance of the study: the results obtained can be used in the field of microbiology, entomology and ecology for further study of the composition and functions of the gut microbiota of hard-winged insects.