Секция «Энтомология»

Структура митохондриального генома Aphis fabae mordvilkoi Börner & Janisch, 1922 (Hemiptera: Aphidoidea)

Научный руководитель – Воронова Нина Владимировна

Левыкина Софья Сергеевна
Студент (специалист)
Белорусский государственный университет, Биологический факультет, Кафедра зоологии, Минск, Беларусь
E-mail: s.lewykina@yandex.by

Надсемейство настоящие тли (Hemiptera: Aphidoidea) - группа насекомых, насчитывающая не менее 5000 рецентных видов, представители которой являются вредителями сельскохозяйственных культур и иных растений. Репродуктивные и экологические особенности тлей, а именно то, что для них характерна строгая, в большинстве случаев, специализация в отношении кормовых растений, наличие двудомного цикла, чередование обоеполого и партеногенетического размножения, полифения, позволяют рассматривать представителей данного таксона как организмы, способные служить уникальными моделями для изучения эволюционных процессов [1].

В последнее время митохондриальные геномы все чаще используются при решении молекулярно-эволюционных и филогенетических задач. Очередность генов, входящих в структуру митохондриального генома, служит дополнительным маркером при филогенетических исследованиях, так как данные о количестве, делециях и дупликациях отдельных генов митохондриального генома являются дополнительным источником информации при установлении филогенетической взаимосвязи между близкородственными видами. У насекомых митохондриальный геном состоит из небольшого числа генов, его размер редко превышает 17000 пар нуклеотидов. В частности, митохондриальный геном тлей содержит область D-петли и 37 генов, 13 из которых кодируют белки, 22 - тРНК, 2 - рРНК.

В ходе исследования были использованы данные полногеномного секвенирования *Aphis fabae mordvilkoi* Börner & Janisch, 1922. Извлечение из пула прочтений, сборка и аннотация митохондриального генома были осуществлены сотрудниками СНИЛ «Биоинформатики и молекулярной эволюции животных» Белорусского Государственного Университета. В настоящее время в свободном доступе в GenBank находится 2 полных митохондриальных генома тлей, принадлежащих к роду *Aphis*: *A. gossypii* Glover, 1877 [NC_024581.1], *A. craccivora* Koch, 1854 [KX447142.1], которые были использованы для сравнительного анализа структуры генома *A. fabae mordvilkoi*. Гены во всех митохондриальных геномах расположили последовательно, начиная с белок-кодирующего гена COI, первый нуклеотид которого приняли за первый нуклеотид митохондриального генома.

В результате проведенного анализа в митохондриальном геноме *A. fabae mordvilkoi* был обнаружен ген *tRNA-Ser*, в позиции с 4610 по 4672 нуклеотид, тогда как у *A. gossypii* примерно в этой же области расположен ген *tRNA-Leu* (4633-4708). При сравнении митохондриальных геномов *A. fabae mordvilkoi* и *A. craccivora* было отмечено различие в расположении гена, кодирующего *tRNA-Tyr*, который у *A. fabae mordvilkoi* занимает позицию с 15279 по 15346 нуклеотид, а у *A. craccivora* данный ген расположен после региона D-петли, в позиции с 13632 по 13697 нуклеотид.

Источники и литература

1) Chen J. Mitochondrial genome sequences effectively reveal deep branching events in aphids (Insecta: Hemiptera: Aphididae) // Zoologica Scripta. 2017. Vol. 46. No. 6. P. 706-717.