Секция «Молекулярная биология»

Сборка митохондриального генома Appendiseta robiniae

Научный руководитель – Воронова Нина Владимировна

Шулинский Роман Сергеевич

Студент (специалист)

Белорусский государственный университет, Биологический факультет, Кафедра зоологии, Минск, Беларусь

E-mail: shulinsky@mail.ru

Широкое применение митохондриальной ДНК в качестве молекулярного маркера в популяционной генетике, эволюционной биологии, а также в филогеографических и филогенетических исследованиях животных обусловлено высокой частотой мутаций, отсутствием рекомбинации, наследованием по материнской линии и высоким количеством копий на клетку. Изоляция митохондрий для последующего секвенирования их генома - достаточно отработанный метод, однако, при использовании секвенаторов нового поколения возможны различные сложности, обычно связанные с недостаточной концентрацией матричной ДНК (особенно при работе с мелкими беспозвоночными) [1]. В то же время, очевидно, что данные полногеномного секвенирования макроорганизма содержат прочтения его митохондриальной ДНК, что делает возможным их извлечение из общего набора прочтений и дальнейшую *de novo* сборку. Мы использовали этот подход для сборки и анализа митоходриального генома тли *Appendiseta robiniae*, полногеномное секвенирование которой мы провели в Центре ДНК-секвенирования и геномики Университета штата Юта (США).

При работе с данными полногеномного секвенирования *Appendiseta robiniae* отбор митохондриальных прочтений проводился путем выравнивания данных полногеномного секвенирования по митохондриальному геному *Myzus persicae* [KU236024.1] при помощи программы Bowtie2. Отбор выравненных прочтений проводили в программе Samtools и Bedtools (работа с форматами нуклеотидных данных). Отфильтрованные прочтения митохондриальной ДНК использовались для дальнейшей *de novo* сборки в программе MITObim версии 1.9 [2]. Сборку проводили вокруг последовательностей генов COI и *cyt b*. В результате проведенной сборки получили несколько контиг, наиболее протяженные из которых имели длину 6205 и 8880 нуклеотидов. Поиск интервалов перекрытия контиг провели в программе MEGA7 и установили, что две контиги максимальной длины перекрываются с обеих сторон на 22 и 18 нуклеотидов соответственно, идентичность в зонах перекрытия - 100 %.

Таким образом, была осуществлена сборка и циркуляризация полного митохондриального генома *A. robiniae,* размер которого составил 15045 нуклеотидов. Полученные данные будут использоваться для дальнейшего поиска генов и регуляторных областей, а также сравнительного анализа митогеномов тлей.

Источники и литература

1) 1. An integrated pipeline for next-generation sequencing and annotation of mitochondrial genomes / A.R. Jex [et al.] // Nucleic Acids Research. – 2010. – Vol. 38, № 2. – P. 522*egeg*–533.
2) 2. Hahn, C. Reconstructing mitochondrial genomes directly from genomic next-generation sequencing reads–a baiting and iterative mapping approach / C. Hahn, L. Bachmann, B. Chevreux // Nucleic Acids Research. – 2013. – Vol. 41, № 13. – P. e129–e129.