

АКТУАЛЬНЫЕ ПРОБЛЕМЫ ЗООЛОГИЧЕСКОЙ НАУКИ В БЕЛАРУСИ

Том II

Сборник статей XI Зоологической Международной научно-практической конференции, приуроченной к десятилетию основания ГНПО «НПЦ НАН Беларуси по биоресурсам», г. Минск, 1–3 ноября 2017 г.

Минск, 2017

Национальная академия наук Беларуси
Государственное научно-производственное объединение
«Научно-практический центр НАН Беларуси по биоресурсам»

Министерство образования Республики Беларусь
Белорусский государственный университет

АКТУАЛЬНЫЕ ПРОБЛЕМЫ ЗООЛОГИЧЕСКОЙ НАУКИ В БЕЛАРУСИ

Материалы
XI Зоологической Международной научно-практической конференции,
приуроченной к десятилетию основания
ГНПО «НПЦ НАН Беларуси по биоресурсам»
(г. Минск, 1–3 ноября 2017 г.)
В двух томах
Том 2

Минск
Издатель А.Н. Вараксин
2017

УДК 59(476)(082)
ББК 28.6(4Бен)я43
А43

Редакционная коллегия:

, (. .), ;
, , ;
, ;
, , ;
, , .

Актуальные проблемы зоологической науки в Беларуси: Сборник статей XI Зоологической Международной научно-практической конференции, приуроченной к десятилетию основания ГНПО «НПЦ НАН Беларуси по биоресурсам», Беларусь, Минск, 1–3 ноября 2017 г. / редкол.: О.И. Бородин [и др.]. – Т. 2. / редкол.: О.И. Бородин [и др.]. – Минск : Издатель А.Н. Вараксин, 2017. – 542 с.

ISBN 978-985-7186-34-1.

УДК 59(476)(082)
ББК 28.6(4Бен)я43

ISBN 978-985-7186-34-1 (Т.2)
ISBN 978-985-7186-32-7

© ГНПО «НПЦ НАН Беларуси по биоресурсам», 2017
© Оформление.
Издатель А. Н. Вараксин, 2017

АНАЛИЗ БЕЛОК-КОДИРУЮЩИХ ОБЛАСТЕЙ ГЕНОВ CYP450 4-ГО И 6-ГО СЕМЕЙСТВ У ТЛЕЙ С РАЗНЫМ ПЕРЕЧНЕМ КОРМОВЫХ РАСТЕНИЙ

М.М. ВОРОБЬЕВА, Н.В. ВОРОНОВА

Белорусский государственный университет, г. Минск, Беларусь

e-mail: masch.89@mail.ru

*В работе изучен уровень изменчивости генов CYP450 – 4-м и 6-м у тлей с широким перечнем кормовых растений, на примере двух модельных видов – *Acyrtosiphon pisum* Harris и *Diuraphis noxia* (Kurdjumov, 1913).*

КЛЮЧЕВЫЕ СЛОВА: CYP450, ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ИЗМЕНЧИВОСТЬ, ТЛИ, ACYRTHOSIPHON PISUM, DIURAPHIS NOXIA

Введение. За биотрансформацию токсинов, попадающих в организм насекомого в процессе питания растительным соком, отвечают цитохромы р450 (CYP450), кодируемые двумя большими семействами генов: 4-м и 6-м [1–3]. Результаты полногеномного секвенирования нескольких видов тлей позволили установить, что количество генов CYP450 разных семейств у представителей разных видов тлей может значительно различаться. В частности, в геноме *Acyrtosiphon pisum* Harris, 1776 было отмечено 83 гена CYP450 [3], в то время как у *Myzus persicae* (Sulzer, 1776) – не менее 150 генов [4]. Оказалось, что большинство этих генов соответствуют кладе CYP3, которая, как известно, кодирует белки, участвующие в детоксикации многих вторичных метаболитов растений. Поскольку гены CYP450 4-го и 6-го семейства позволяют многоядным видам тлей адаптироваться к питанию на растениях с различным составом вторичных метаболитов, изучение этих генов имеет важное практическое значение. В рамках настоящего исследования мы провели сравнительный анализ нуклеотидных последовательностей (анализировали только белок-кодирующую область) и аминокислотных последовательностей CYP450, принадлежащих к 4 и 6 семействам, у тлей *A. pisum* и *Diuraphis noxia* (Kurdjumov, 1913) для оценки уровня генетической вариабельности последовательностей этих генов у тлей.

Материалы и методы. Нуклеотидные последовательности генов CYP450 4-го и 6-го семейства для видов тлей *A. pisum* были получены из базы данных IAGC с использованием утилиты Chado Search через ресурс BIRAA, а для *D. noxia* – из Международной генетической базы данных GenBank NCBI. Общая выборка составила 48 нуклеотидных последовательностей генов CYP450 4-го и 6-го семейства, в частности, 29 последовательностей гена CYP450 из 4 семейства и 19 – из 6 семейства (таблица 1).

Таблица 1

Сведения о нуклеотидных последовательностях генов CYP450 4-го и 6-го семейства, использованных в рамках настоящего исследования

Семейство генов	Название гена	Число последовательностей в открытом доступе	
		<i>Acyrtosiphon pisum</i>	<i>Diuraphis noxia</i>
P450 4-го семейства	CYP4C1	7	14
	CYP450G15	2	3
	CYP450V2	1	2
P450 6-го семейства	CYP6A13	1	9
	CYP6A14	3	4
	CYP6K1	1	1

Нуклеотидные последовательности белок-кодирующих областей генов транслировали в аминокислотную последовательность с использованием стандартного генетического кода в программе MEGA7. Последовательности выравнивали поочередным использованием алгоритмов Muscle и Clustal. Были рассчитаны парные внутривидовые и межвидовые генетические дистанции, на основе которых построили генные деревья и рассчитали индекс бутстрепа для 500 псевдореplik.

Результаты. Нуклеотидные последовательности белок-кодирующих областей генов CYP4 варьировали по длине как у тлей *A. pisum*, так и у *D. noxia*. В частности, у тлей *A. pisum* максимальная длина белок-кодирующей области гена CYP4C1 составила 1581 п.н., CYP4G15 – 1698 п.н., CYP4V2 – 1530 п.н. У тлей *D. noxia* белок-кодирующие области генов CYP4G15 и CYP4V2 имели такую же длину, как и у *A. pisum*, а CYP4C1 был несколько длиннее (1629 п.н.).

Для изучения уровня генетической изменчивости на основе анализа аминокислотных последовательностей по каждому гену в отдельности были рассчитаны парные внутривидовые и межвидовые генетические дистанции, (таблица 2).

Парные генетические дистанции, рассчитанные на основе анализа аминокислотных последовательностей генов CYP450 4-го и 6-го семейства

Название гена	Среднее значение парной внутривидовой генетической дистанции		Среднее значение парной межвидовой генетической дистанции
	<i>Acyrtosiphon pisum</i>	<i>Diuraphis noxia</i>	<i>Acyrtosiphon pisum</i> / <i>Diuraphis noxia</i>
CYP4C1	1,113	1,154	1,208
CYP4G15	0,986	1,019	0,818
CYP4V2	—*	0,348	0,313
CYP6A13	—	0,536	0,024
CYP6A14	0,701	0,534	0,638
CYP6K1	—	—	1,209

* – Была представлена одной последовательностью

Оказалось, что значения парных генетических дистанций варьировали как в пределах вида, так и между видами, в частности, более вариабельными для тлей *A. pisum* и *D. noxia* оказались гены CYP4C1, CYP6K1 и CYP4G15, в то время как гены CYP4V2 и CYP6A13 оказались менее вариабельными. Изучение внутривидовой и межвидовой генетической вариабельности между аминокислотными последовательностями генов CYP450 4-го и 6-го семейства показало, что гены CYP4 в целом характеризуются более высокой изменчивостью аминокислотных последовательностей даже внутри одного вида.

На основе рассчитанных парных межвидовых генетических дистанций были построены кладограммы, отражающие уровень сходства/различия между нуклеотидными последовательностями CYP450 на примере генов CYP4C1 из 4 семейства и CYP6A13 из 6 семейства (рисунок 1).

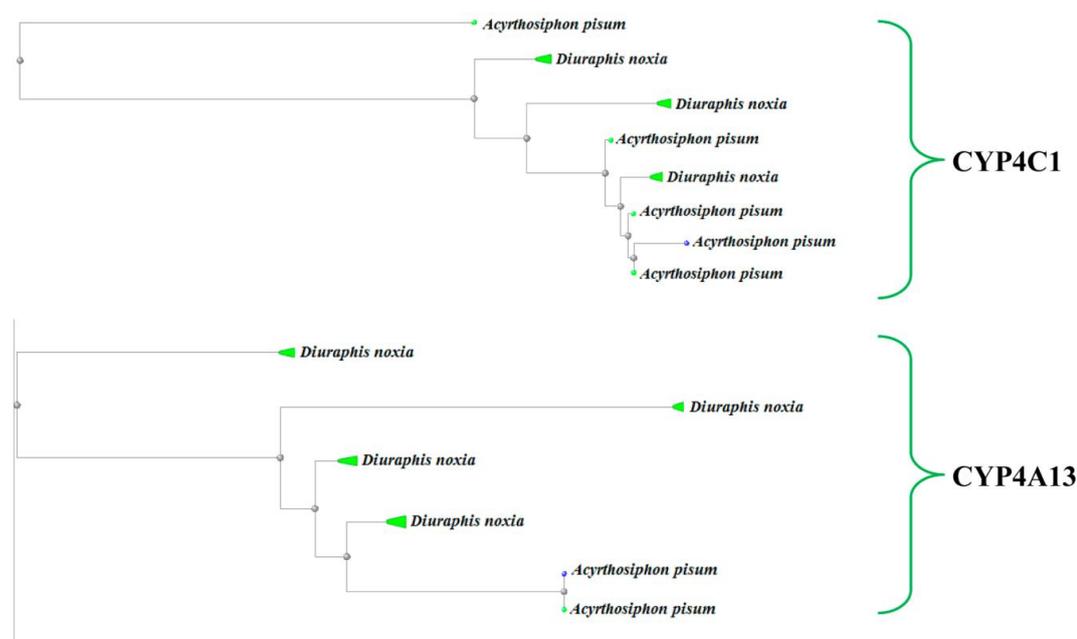


Рисунок 1 – Кладограмма, отражающая уровень сходства/различия между нуклеотидными последовательностями CYP450, на примере генов CYP4C1 и CYP6A13

При построении генных деревьев методом Minimum Evolution оказалось, что гены СУР4С1 тлей *A. pisum* и *D. noxia* образуют единый кластер, что свидетельствует о наличии сходства между последовательностями этого гена у тлей, а также высоком внутривидовом уровне генетической изменчивости. Гены СУР6А13 тлей *A. pisum* на генных деверьях также образуют единый, хорошо отделившийся кластер от генов СУР6А13 тлей *D. noxia*, в то время как гены СУР6А13 тлей *D. noxia* формируют группу разрозненных ветвей, что указывает на высокий уровень изменчивости этих генов у тлей.

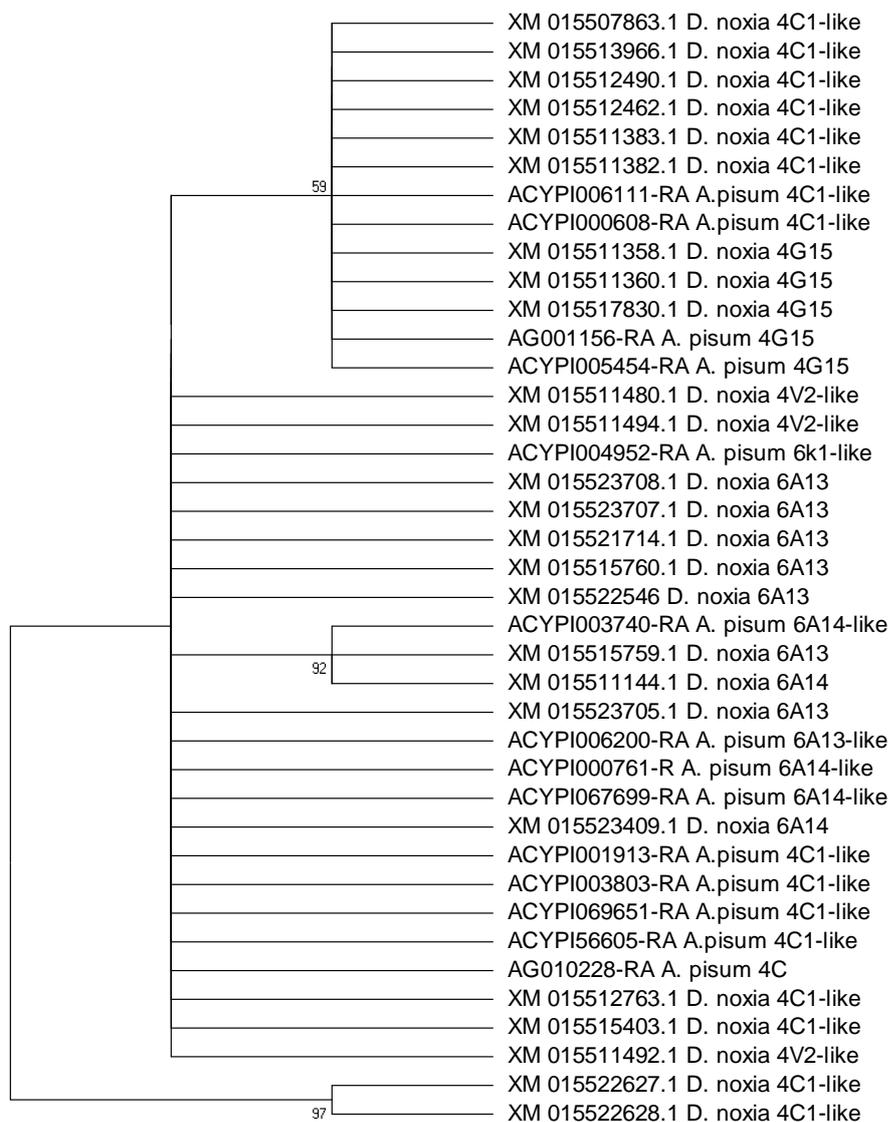


Рисунок 2 – Кладogramма, отражающая уровень сходства/различия между аминокислотными последовательностями СУР450 тлей

При построении дерева по выборкам аминокислотных последовательностей методом Maximum Parsimony с оценкой достоверности топологии ветвей методом бутстреп-анализа с использованием 500 псевдореплик оказалось, что часть аминокислотных последовательностей подсемейства СУР4С1 и последовательности подсемейства СУР4G15 образуют единый кластер, в то время как остальные последовательности из-за высокой вариабельности не объединяются в группы (рисунок 2).

Среди последовательностей CYP6A13 и CYP6A14 ситуация была аналогичной, причем в одном случае последовательности CYP6A14 *A. pisum* и *D. noxia* и последовательности CYP6A13 *D. noxia* объединились в единый кластер с высокой степенью достоверности топологии. Оценивая дерево в целом, можно заключить, что последовательности CYP4 и CYP6 тлей не группируются ни по видовой принадлежности организма, ни по подсемейству, ни даже по семейству CYP450.

Таким образом, можно заключить, что гены CYP450 4-го и 6-го семейства у тлей характеризуются крайне высоким уровнем генетической вариабельности, причем гены, принадлежащие к 4 семейству, имеют более высокую внутривидовую и межвидовую изменчивость, как нуклеотидных, так и аминокислотных последовательностей в сравнении с генами из 6 семейства.

Список использованных источников:

- 1) Воронова Н.В. Цитохромы P450 у тлей: роль коэволюции с растениями в формировании устойчивости насекомых к инсектицидам / Н.В. Воронова // Труды БГУ. – 2016. – Т. 11, ч. 2. – С. 92–110.
- 2) Feyereisen, R. Insect CYP Genes and P450 Enzymes / R. Feyereisen // Insect molecular biology and biochemistry / ed. L. I. Gilbert. – Elsevier, 2012, Ch. 8. – P. 236–295.
- 3) P450 superfamily: update on new sequences, gene mapping, accession numbers and nomenclature / D.R. Nelson [et al.] // Pharmacogenetics. –1996. – Vol.6. – P. 1–42.
- 4) The International Aphid Genomics Consortium. Genome Sequence of the Pea Aphid *Acyrtosiphon pisum* / PLoS Biol. – 2010. – Vol. 8, N. 2. – P. 1–24.
- 5) Comparative analysis of detoxification enzymes in *Acyrtosiphon pisum* and *Myzus persicae* / J. S. Ramsey [et al.] // Insect Mol. Biol. – 2010. – Vol.19. – P. 155–164.

Analysis of protein coding regions of CYP4 and CYP6 genes in aphids, which differ in host-plant repertoire

M.M. Varabyova, N.V. Voronova

KEY WORDS: CYP450, GENETIC VARIABILITY, APHIDS, ACYRTHOSIPHON PISUM, DIURAPHIS NOXIA

The article presents the results of studying the level of variability of CYP450 gene from 4 and 6 subfamily in the aphids with a different spectrum of host plants: *Acyrtosiphon pisum* Harris и *Diuraphis noxia* (Kurdjumov, 1913).

ОГЛАВЛЕНИЕ

Barševskis A., Valainis U., Nitcis M. <i>OSMODERMA BARNABITA</i> MOTSCHULSKY, 1845 (COLEOPTERA: SCARABAEIDAE): DISTRIBUTION AND PROTECTION IN LATVIA.....	10
S.K. Ryndevich CONTRIBUTION TO FAUNA OF HYDROPHILIDAE AND DYTISCIDAE (INSECTA: COLEOPTERA) OF BELARUS AND UKRAINE	16
Акимова Л.Н., Ерман Е.Ю., Тарасенок Е.Н., Жукова Т.В. ФАКТОРЫ, ВЛИЯЮЩИЕ НА РАСПРОСТРАНЕНИЕ ЦЕРКАРИАЛЬНЫХ ДЕРМАТИТОВ СРЕДИ ЛЮДЕЙ В КУРОРТНОЙ ЗОНЕ ОЗЕРА НАРОЧЬ, БЕЛАРУСЬ	20
Акимова Л.Н., Шибекин Р.А., Каштальян А.П. ИССЛЕДОВАНИЕ ГАСТРОПОД ДЛЯ ВЫЯВЛЕНИЯ ПРИРОДНЫХ ОЧАГОВ ТРЕМАТОДОЗОВ КОПЫТНЫХ ЖИВОТНЫХ В ОХОТХОЗЯЙСТВЕ «КРАСНЫЙ БОР», БЕЛАРУСЬ	28
Анисимова Е.И., Лобановская П.Ю., Полоз С.В., Вербицкая О.Э., Скуратович Е.Г. НАПРАВЛЕНИЯ ИССЛЕДОВАНИЙ И РЕЗУЛЬТАТЫ ПАРАЗИТОЛОГИЧЕСКОЙ ТЕРИОЛОГИИ В БЕЛАРУСИ	37
Белова Ю.Н., Колесова Н.С., Шабунев А.А. ОХРАНЯЕМЫЕ НАСЕКОМЫЕ НА ТЕРРИТОРИИ НАЦИОНАЛЬНОГО ПАРКА «РУССКИЙ СЕВЕР».....	48
Беспятова Л.А., Бычкова Е.И., Якович М.М., Бугмырин С.В. РАСПРОСТРАНЕНИЕ И ЧИСЛЕННОСТЬ <i>IXODES PERSULCATUS</i> SCHULZE, 1930 И <i>IXODES RICINUS</i> (LINNAEUS, 1758) НА ТЕРРИТОРИИ КАРЕЛИИ (РОССИЯ) И РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ	54
Богданова Е.Н. СИНАНТРОПНЫЕ КОМАРЫ (DIPTERA : CULICIDAE) РОССИИ И СТРАН БЛИЖНЕГО ЗАРУБЕЖЬЯ – ПЕРЕНОСЧИКИ ЗАБОЛЕВАНИЙ ЧЕЛОВЕКА.....	59
Бойко С.В., Трешко Л.И. ХЛЕБНАЯ ЖУЖЕЛИЦА ОБЫКНОВЕННАЯ (<i>ZABRUS TENEBRIOIDES</i> GOEZE) В БЕЛАРУСИ.....	70
Вавилов Д.Н., Мухаметнабиев Т.Р., Суходольская Р.А. ФАУНА И СТРУКТУРА НАСЕЛЕНИЯ ЖУЖЕЛИЦ (COLEOPTERA, CARABIDAE) ВОЛЖСКО-КАМСКОГО ЗАПОВЕДНИКА	81
Вежновец В.В., Лукашанец Д.А. РЕВИЗИЯ ТАКСОНОМИИ ТИПА КОЛОВРАТКИ (ROTIFERA) ФАУНЫ БЕЛАРУСИ.....	88
Волкова Ю.С. АНАЛИЗ СТАТУСА ПОЛИФИЛЕТИЧЕСКИХ ТАКСОНОВ СЕМЕЙСТВА MEGALOPYGIDAE (LEPIDOPTERA) НА ПРИМЕРЕ РОДА <i>TROSIA</i> HÜBNER, 1820.....	95

Волкова Ю.С. ОБЗОР ФАУНЫ СКОЛОПЕНДРОВЫХ МНОГОНОЖЕК РОССИИ	101
Воробьева М.М., Воронова Н.В. АНАЛИЗ БЕЛОК-КОДИРУЮЩИХ ОБЛАСТЕЙ ГЕНОВ СУР450 4-ГО И 6-ГО СЕМЕЙСТВ У ТЛЕЙ С РАЗНЫМ ПЕРЕЧНЕМ КОРМОВЫХ РАСТЕНИЙ.....	104
Воронова Н.В., Бондаренко Ю.В., Мазуркевич О.Ю., Масловская А.В. НОВОЕ ПРОГРАММНОЕ СРЕДСТВО, ПРЕДНАЗНАЧЕННОЕ ДЛЯ ПРИМЕНЕНИЯ В ПРОЦЕССЕ ИДЕНТИФИКАЦИИ ВИДОВ НА ОСНОВЕ ПЦР-ПДРФ АНАЛИЗА	109
Гигиняк Ю.Г., Байчоров В.М., Гигиняк И.Ю. ОПРЕДЕЛЕНИЕ РЕПРОДУКТИВНОГО ТЕРМОПРЕФЕРЕНДУМА БРЮХОНОГОГО МОЛЛЮСКА <i>LUMNAEA HADUTKAЕ</i> KRUGLOV ET STAROVOGATOV, 1989 ИЗ ГОРЯЧИХ ИСТОЧНИКОВ КАМЧАТКИ.....	115
Гляковская Е.И. МИНИРУЮЩИЕ МОЛИ-ПЕСТРЯНКИ LEPIDOPTERA: GRACILLARIIDAE ГРОДНЕНСКОГО ПОНЕМАНЬЯ.....	122
Дерунков А.В. К ПОЗНАНИЮ ТАКСОНОМИЧЕСКОГО СОСТАВА ЖУКОВ СТАФИЛИНИД (COLEOPTERA: STARHYLIDAE) НА ОСОБО ОХРАНЯЕМЫХ ПРИРОДНЫХ ТЕРРИТОРИЯХ СЕВЕРНОГО ВЬЕТНАМА.....	127
Довнар Д.В. МЕСТА ВЫПЛОДА КРОВОСОСУЩИХ МОШЕК (DIPTERA: SIMULIIDAE) НА ТЕРРИТОРИИ ВИТЕБСКОЙ ОБЛАСТИ БЕЛАРУСИ.....	133
Жоров Д.Г., Буга С.В. <i>UROLEUCON (LAMBERSIUS) ERIGERONENSE</i> (THOMAS, 1878) – ЧУЖЕРОДНЫЙ ДЛЯ ЕВРОПЫ ГЕРБОФИЛЬНЫЙ ВИД ТЛЕЙ (ARHIDOIDEA) В УСЛОВИЯХ БЕЛАРУСИ	138
Земоглядчук К.В. СТАЦИОНАЛЬНОЕ РАСПРЕДЕЛЕНИЕ ОСОБЕЙ <i>ARIANTA ARBUSTORUM</i> В Г. БАРАНОВИЧИ.....	144
Каплич В.М., Довнар Д.В. О КРОВОСОСУЩИХ МОШКАХ (DIPTERA: SIMULIIDAE) БЕЛАРУСИ.....	153
Кветко П.Ю., Бондаренко Ю.В., Воронова Н.В., Буга С.В. МАППИНГ ПРОЧТЕНИЙ ГЕНОМА <i>ARHIS FABAE</i> SSP. ПО ДОСТУПНЫМ РЕФЕРЕНСНЫМ ГЕНОМАМ ТЛЕЙ ДРУГИХ ВИДОВ.....	158