

СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ МОТИВОВ ШПИЛЕЧНЫХ СТРУКТУР В ОБЛАСТИ D-ПЕТЛИ У ПРЕДСТАВИТЕЛЕЙ НАДСЕМЕЙСТВ APHIDOIDEA И COCCOIDEA

С.С. Левыкина, П.Е. Александрович, А.А. Швед

Белорусский государственный университет, Минск, pauline.alexandrovich@gmail.com

Введение. Виды надсемейств кокцид (лат. Coccoidea) и настоящих тлей (лат. Aphidoidea) в Республике Беларусь распространены повсеместно, ежегодно они наносят ущерб экономически важным сельскохозяйственным культурам. Будучи агрессивными фитофагами, представители исследуемых таксонов способны вызывать колебания показателей урожайности из года в год.

Филогенетически надсемейства кокцид и настоящих тлей являются близкородственными таксонами, относящимися к отряду полужесткокрылых насекомых (лат. Hemiptera). Митохондриальный геном как тлей, так и кокцид имеет классическую структуру для насекомых: 13 белок-кодирующих генов, 22 гена тРНК, 2 гена рРНК и некодирующие регионы.

Область формирования D-петли – один из таких участков. В нем содержится регуляторный элемент, отвечающий за инициацию процесса репликации в митохондриальном геноме – структурную шпильку. Фермент полимеразы распознает шпильчатую структуру и закрепляется на ней вследствие взаимодействия с окружающими ее мотивами, поэтому идентификация структурной шпильки осуществляется посредством анализа именно её окружения.

Впервые мотивы структурной шпильки в D-петле насекомых описаны исследователями в 1995-1997-х годах [1, 2]. Авторы выделили 5 характерных структурных элементов: [TA(A)]n-мотив, поли-T-участок, ТАТА-мотив, G(A)nT-мотив и регион, насыщенный G+A нуклеотидами. В 2002 году был предложен ещё один мотив, не упоминавшийся ранее – регион, насыщенный G+C нуклеотидами, который следует после G(A)nT-мотива [3]. Как показали последующие исследования, наличие всех 6-ти структурных элементов в окружении шпильки D-петли не выполняется, а мотив, насыщенный G+A нуклеотидами, достаточно редко встречается, однако различные их комбинации помогают идентифицировать данную структуру в некодирующей области [4-6].

Материалы и методы исследования. В исследовании использовались 9 видов тлей, которые были собраны и аннотированы ранее сотрудниками СНИЛ биоинформатики и молекулярной эволюции животных БГУ. На сегодняшний день в базе данных GenBank NCBI находятся аннотации митохондриальных геномов всего 7-ми видов кокцид. В ходе исследования был выполнен поиск предполагаемых шпильчатых структур в областях формирования D-петли митохондриальных геномов представителей надсемейств Coccoidea и Aphidoidea с помощью онлайн-сервиса Quikfold [7].

Результаты и их обсуждение. Были получены результаты структурного анализа области формирования D-петли для тлей (таблица 1) и кокцид (таблица 2).

Таблица 1. – Мотивы, фланкирующие структурную шпильку в области формирования D-петли у представителей надсемейства Aphidoidea

№Genbank	Вид	Длина области формирования D-петли	Область локализации шпильчатой структуры*	[TA(A)]n-мотив	Поли-T-участок	ТАТА-мотив	G(A)nT-мотив	G+C насыщенный регион
MW724715	<i>Acyrtosiphon caraganae</i>	447	200-240	-	-	+	+	-
MT095075	<i>Aphis craccivora</i>	816	110-160	-	+	-	+	+
MG897128	<i>Aphis fabae mordvilkoii</i>	671	50-120	-	-	+	+	+
MN643884	<i>Appendiseta robiniae</i>	200	70-105	+	+	-	+	-
MW267824	<i>Brevicoryne brassicae</i>	675	410-440	-	-	+	+	-
MW659868	<i>Macrosiphum albifrons</i>	648	400-450	-	-	+	+	-
MW724716	<i>Macrosiphum rosae</i>	292	210-270	-	+	-	+	-
MN232006	<i>Myzus persicae</i>	1252	790-850	-	+	+	+	+
MN643885	<i>Therioaphis tenera</i>	1435	550-610	-	+	+	+	+

*Примечание – область локализации шпильчатой структуры указана относительно их расположения внутри области формирования D-петли.

G(A)nT-мотив является единственным структурным элементом, который фланкирует шпильчатую структуру каждого вида. ТАТА-мотив отсутствует в окружении структурных шпилек *A. craccivora*, *A. robiniae*, *M. rosae*, но в этом месте расположен поли-T-участок, который найден перед ТАТА-мотивом у *M. persicae* и *T. tenera*. Регион, насыщенный G+C нуклеотидами,

фланкирует шпилечную структуру в D-петлях 4-х видов: *A. craccivora*, *A. fabae mordvilkoii*, *M. persicae* и *T. tenera*. [TA(A)]n-мотив, встречается реже остальных и найден перед структурной шпилькой *A. robiniae*. Шпилечные структуры видов *M. persicae* и *T. tenera* содержат наибольшее количество мотивов.

Структурные элементы TATA-мотив и G(A)nT-мотив фланкируют шпилечные структуры всех исследуемых видов. Поли-T-участок отсутствует в окружении структурной шпильки лишь у *A. takahashii*, на его месте найден [TA(A)]n-мотив, который обнаружен ещё у трёх видов *P. nigra*, *M. matsumurae*, *P. manihoti*. Регион, насыщенный G+C нуклеотидами, встречается в окружении шпильки D-петли *A. takahashii* и *D. koreanus*.

Шпилечные структуры 5-ти видов из 7-ми имеют в окружении 4 мотива. Характерной особенностью окружения структурных шпилек для этого таксона является наличие поли-T-участка после TATA-мотива, что является отклонением от установленной последовательности мотивов, описанной ранее. Такая очерёдность структурных элементов выражена у представителей: *C. floridensis*, *C. japonicus*, *M. matsumurae* и *P. manihoti*.

Таблица 2. – Мотивы, фланкирующие структурную шпильку, в области формирования D-петли у представителей надсемейства Coccoidea

№Genbank	Вид	Длина области формирования D-петли	Область локализации шпилечной структуры*	[TA(A)] пмотив	Поли- T- участок	TATA - мотив	G(A)nT -мотив	G+C насыщенный регион
NC_063660	<i>Aclerda takahashii</i>	1310	800-860	+	-	+	+	+
NC_067791	<i>Ceroplastes floridensis</i>	1500	690-740	-	+	+	+	-
MK847519	<i>Ceroplastes japonicus</i>	1405	690-740	-	+	+	+	-
NC_057479	<i>Didesmococcus koreanus</i>	1350	505-570	-	+	+	+	+
NC_067790	<i>Parasaissetia nigra</i>	1995	920-985	+	+	+	+	-
NC_070232	<i>Matsucoccus matsumurae</i>	1404	155-205	+	+	+	+	-
NC_066716	<i>Phenacoccus manihoti</i>	255	55-140	+	+	+	+	-

*Примечание – область локализации шпилечной структуры указана относительно их расположения внутри области формирования D-петли.

При сравнении результатов для двух таксонов, можно предположить, что длина области формирования D-петли не оказывает влияние на количество мотивов, фланкирующих структурную шпильку. Локализация шпилечной структуры в некодирующей области преимущественно встречается во второй трети в обоих таксонах, однако четкого паттерна расположения выявлено не было. Для представителей надсемейства Coccoidea характерно наличие большего количества мотивов, окружающих шпильку D-петли, чем для представителей Aphidoidea. По результатам исследования редкий участок, высокого содержания G+A нуклеотидов, не был обнаружен ни у одного из таксонов. Для структурных шпилек двух таксонов наиболее частыми структурными элементами оказались TATA-мотив и G(A)nT-мотив, остальные встречаются реже.

Подготовлено при финансовой поддержке БРФФИ и МИРРУ

Список использованных источников

1. Zhang, D.-X. Evolution and structural conservation of the control region of insect mitochondrial DNA / D.-X. Zhang [et al.] // *Journal of Molecular Evolution*. – 1995. – Vol. 40. – P. 382-391.
2. Zhang, D.-X. Insect mitochondrial control region: A review of its structure, evolution and usefulness in evolutionary studies / D.-X. Zhang, G.M. Hewitt // *Biochemical Systematics and Ecology*. – 1997. – Vol. 25, № 2. – P. 99–120.
3. Schultheis, A.S. Arrangement and structural conservation of the mitochondrial control region of two species of Plecoptera: utility of tandem repeat-containing regions in studies of population genetics and evolutionary history / A.S. Schultheis [et al.] // *Insect Mol. Biol.* – 2002. – P. 605-610.
4. Cha S. Y. The complete nucleotide sequence and gene organization of the mitochondrial genome of the bumblebee, *Bombus ignitus* (Hymenoptera: Apidae) / S. Y. Cha [et al.] // *Gene*. – 2007. – Vol. 392, № 1-2. – P. 206-220.
5. Kim K. G. Complete mitochondrial genome sequence of the yellow-spotted long-horned beetle *Psacotha hilaris* (Coleoptera: Cerambycidae) and phylogenetic analysis among coleopteran insects / K. G. Kim [et al.] // *Molecules and Cells*. – 2009. – Vol. 27. – P. 429-441.
6. Li X. The first mitochondrial genome of the sepsid fly *Nemopoda mamaevi* Ozerov, 1997 (Diptera: Sciomyzoidea: Sepsidae), with mitochondrial genome phylogeny of *Cyclorrhapha* / Li X [et al.] // *PLoS One*. – 2015. – Vol. 10. – № 3.
7. Markham N. R., Zuker M. UNAFold: software for nucleic acid folding and hybridization / N. R. Markham, M. Zuker // *Bioinformatics: structure, function and applications*. – 2008. – P. 3-31.