

В.Б. Степаненко, Р.С. Шулинский, Н.В. Воронова-Барте

Белорусский государственный университет, Минск, vikastepanenko97@gmail.com

Анализ генных семейств стал значимым инструментом в понимании молекулярной эволюции и механизмов диверсификации генов и их функций. В этом процессе ортологический анализ играет одну из важнейших ролей, позволяя идентифицировать ортологичные гены в различных организмах и выявлять их структурные и функциональные изменения в процессе эволюции. Среди множества организмов тли занимают особое место в научных исследованиях. Изучение их генетической природы и эволюционных траекторий играет важную роль. Тли не только представляют собой ключевые элементы в агроэкосистемах, оказывая существенное негативное влияние на урожай и продуктивность сельского хозяйства [1], но также представляют собой модельные организмы для изучения эволюционных параметров. Они обладают уникальными механизмами адаптации и диверсификации, что помогает им выживать в самых разнообразных и сложных условиях окружающей среды.

В настоящее время исследования в области детоксикации насекомых являются одним из приоритетных направлений. Изучение генного семейства цитохромов P450 у тлей (Aphididae) представляет собой ключевой аспект в области научных исследований, особенно в контексте детоксикации насекомых и их способности адаптироваться к разнообразным химическим соединениям, включая инсектициды. Цитохромы P450 представляют собой большое и многозадачное семейство ферментов, играющих важную роль в биохимических процессах организмов. Они участвуют в метаболизме широкого спектра химических соединений, включая яды, пестициды, и другие ядовитые вещества, обеспечивая тем самым насекомым способность выживать в средах, насыщенных потенциально токсичными соединениями [2].

Исследование ортологов генного семейства P450 тлей позволяет определить, какие гены остались неизменными в течение миллионов лет, и какие подвергались эволюционным изменениям в ответ на переменчивость окружающей среды. Ортологичные гены, которые прошли через значительные трансформации, могут служить ключевыми индикаторами адаптации тлей к новым средовым условиям, включая приспособление к химическим соединениям, используемым для борьбы с вредителями.

Для анализа использовали геномы из RefSeq NCBI (таблица), программные инструменты OrthoFinder [3] и Blast [4].

Геномные последовательности тлей из базы данных RefSeq (таблица 1), предварительно очищенные от изоформ, были отправлены в OrthoFinder для выявления ортологических генов между различными видами тлей. Учитывается схожесть последовательностей и с помощью методологии кластеризации гены были объединены в ортологичные группы (рисунок). Этот этап позволил определить гены, которые сохранялись в различных видовых группах исследуемых тлей.

Таблица – Геномы, взятые из базы данных RefSeq

Условное сокращение	Вид	Код доступа в RefSeq
Agos	<i>Aphis gossypii</i>	GCF_004010815.1
Rmai	<i>Rhopalosiphum maidis</i>	GCF_003676215.2
Msac	<i>Melanaphis sachari</i>	GCF_002803265.2
Mper	<i>Myzus persicae</i>	GCF_001856785.1
Apis	<i>Acyrtosiphon pisum</i>	GCF_005508785.1
Dnox	<i>Diuraphis noxia</i>	GCF_001186385.1
Sfla	<i>Sipha flava</i>	GCF_003268045.1

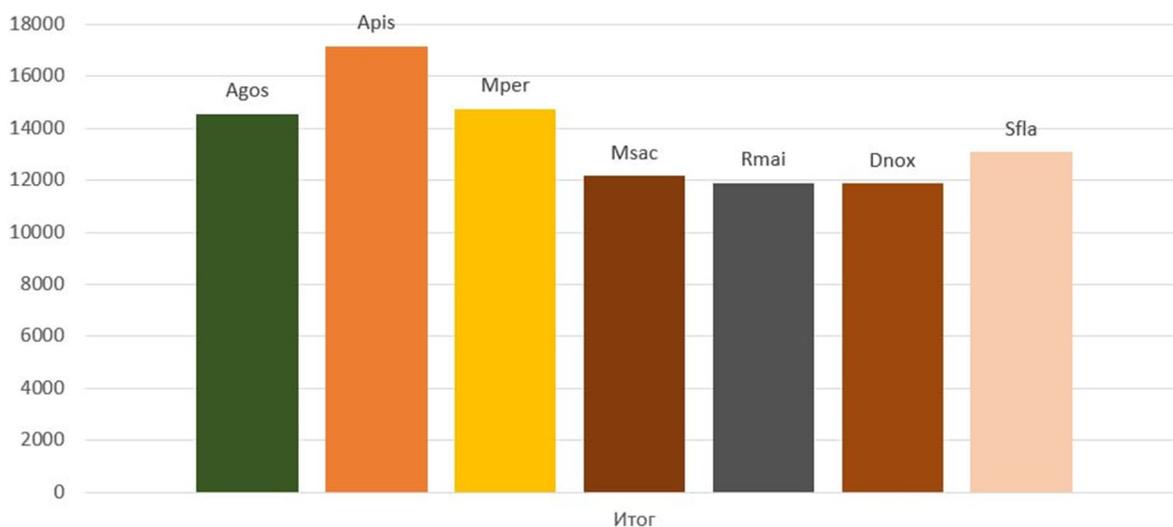


Рисунок – Количество найденных ортологов цитохромов P450

Количество ортологичных генов у разных видов тлей служит важным показателем генетической сложности и разнообразия вида. На рисунке показано, что у *Acyrtosiphon pisum* выявлено наибольшее количество ортологов, что может указывать на более сложные или разнообразные генетические особенности этого вида. Более низкое количество ортологов найдено у видов *Rhopalosiphum maidis* и *Diuraphis noxia*.

Полученные сиквенсы ортологов были отправлены в BLAST для сравнения с базой данных, содержащей геномные сиквенсы тлей, для последующей оценки степени их схожести с уже известными геномами тлей и выявления уникальных или консервативных участков в ортологичных генах. После сравнения ортологов с геномами тлей, файл с результатами был отправлен в скрипт, написанный при помощи языка Python. Данный скрипт парсит каждую строку с целью извлечения название гена, его значения идентичности и подобия, и создает соответствующую запись в словаре. Затем путем поиска по этому словарю рассчитывается средняя и минимальная идентичность, а также среднее и минимальное подобие для итоговых данных с выводением результатов на консоль.

В процессе анализа были получены следующие результаты: средняя степень идентичности составила 23.35, минимальное значение идентичности составило 16.50. Средний уровень подобия оказался равным 4.58, в то время как минимальное подобие составило 0.00. Разброс идентичности составил 20.10, а разброс подобия – 10.00.

Различия в средних значениях идентичности и подобия между генами могут указывать на долгую дивергенцию в эволюции данных генов и свидетельствовать о воздействии естественного отбора на сохранение определенных аминокислотных последовательностей. В целом, низкие значения идентичности и подобия могут быть обусловлены накопленными мутациями. Помимо мутаций, генетические последовательности могут подвергаться структурным изменениям, таким как инверсии, дупликации, делеции и транспозиции, которые могут изменить порядок генов или их структуру. Минимальное значение подобия указывает на наличие аминокислотных остатков, существенно отличающихся между ортологами в рассматриваемых генах.

Список использованных источников

1. Simon, J.-C. Rapid evolution of aphid pests in agricultural environments / J.-C. Simon, J. Peccoud // *Current Opinion in Insect Science*. – 2018. – Vol. 26. – P. 17–24.
2. Schuler, M.A. Insect P450s: mounted for battle in their war against toxins / M.A. Schuler // *Mol. Ecology*. – 2012. – Vol. 21, Iss. 17. – P. 4157–4159.
3. Emms DM, Kelly S. OrthoFinder: phylogenetic orthology inference for comparative genomics. // *Genome Biol*. – 2019. – Vol. 28. – P. 238.
4. Altschul S, Gish W, Miller W, Myers E, Lipman D. Basic local alignment search tool. // *Mol Biol*. – 1990. – Vol. 215. – P. 403-410.