

ХАРАКТЕРИСТИКА ГЕНЕТИЧЕСКОЙ СТРУКТУРЫ ЦИТОХРОМОВ P450 ТЛЯ *MACROSIPHUM ALBIFRONS*

В.Б. Степаненко, 4 курс, **С.С. Левыкина**, младший научный сотрудник
Научный руководитель — **Н.В. Воронова-Барте**, к.б.н., доцент
Белорусский государственный университет

Введение. Применение инсектицидов имеет существенные недостатки, так как они наносят ущерб экосистемам и окружающей среде, а также приводят к истреблению опылителей. У насекомых устойчивость к инсектицидам на молекулярном уровне проявляется через увеличение выработки метаболических ферментов. Эти ферменты могут либо расщеплять пестициды, либо связываться с ними, изолируя их от целевых мишеней. Среди ключевых белков, участвующих в процессе детоксикации ксенобиотиков, можно выделить цитохромы P450 [1].

Цитохромы P450 (CYPs) представляют собой суперсемейство ферментов, содержащих гем в качестве кофактора, которые функционируют как монооксигеназы. P450 филогенетически разделены на 4 клады: CYP2, CYP3, CYP4 и митохондриальная клада. В геномах насекомых многочисленны гены клады CYP3, которые предположительно обеспечивают устойчивость к инсектицидам, и CYP4, принимающие активное участие в метаболизме ксенобиотиков и феромонов [2].

Люпиновая тля (*Macrosiphum albifrons*) обитает на растениях рода *Lupinus*, из семейства бобовых. В Республике Беларусь люпин широко используется в сельскохозяйственной отрасли при пищевом и кормовом производстве [3].

Материалы и методы. Идентификация доменов P450 в полученных моделях генов системы детоксикации проводилась с помощью Interproscan и интерпретированного языка программирования Python. Каждый цитохром P450, связанный с системой детоксикации и обнаруженный в геноме *M. albifrons*, был также изучен в геномном браузере Apollo для точного определения границ экзонов, включая местоположение стартовых и стоп-кодона, а также канонических сайтов сплайсинга. Для дополнительной оценки функции последовательностей, содержащих домен P450, использовалась программа BLAST на базе данных NCBI. Анализ экзон-интронной структуры генов проведен с помощью интерпретируемого языка программирования Python.

Результаты. Всего в геноме *M. albifrons* было найдено 37 генов P450, участвующих в детоксикации ксенобиотиков.

Структурно-функциональное описание каждого найденного гена отдельных клад приведено в таблицах 1 и 2.

Таблица 1. – Экзон-интронная структура генов P450 4 клады тли *Macrosiphum albifrons*

Ген	Идентификационный номер	Локус (ориентация)	Длина гена, п.н.	Число экзонов	Сумма длин экзонов, п.н.
CYP4CJ1	MALB00017903	Scaffold_140347(-)	6365	8	1050
CYP4CJ10	MALB00029780	Scaffold_130869(+)	934	4	717
CYP4G51	MALB00002349	Scaffold_146731(-)	3552	9	1032
CYP4CK1	MALB00009039	Scaffold_147540(-)	19121	10	1308
CYP4CH3	MALB00008096	Scaffold_130515(-)	682	3	536
CYP4CH6	MALB00029395	Scaffold_139842(+)	801	3	555
CYP4CJ4	MALB00011556	Scaffold_145339(+)	28701	18	2171
CYP380C7	MALB00017453	Scaffold_147063(+)	3422	7	747
CYP380C35	MALB00013453	Scaffold_134438(-)	5174	8	867
CYP380B1	MALB00022839	Scaffold_141029(+)	4336	8	870
CYP380C35	MALB00020680	Scaffold_159251(+)	735	3	363
CYP380C9	MALB00029848	Scaffold_135815(+)	2457	4	489
CYP380C6	MALB00025809	Scaffold_157769(-)	2480	6	694
CYP380C34	MALB00025504	Scaffold_144231(+)	1018	4	591

Таблица 2. – Экзон-интронная структура генов P450 3 клады тли *Macrosiphum albifrons*

Ген	Идентификационный номер	Локус (ориентация)	Длина гена, п.н.	Число экзонов	Сумма длин экзонов, п.н.
CYP6CY37	MALB00012030	Scaffold_147266(+)	5186	6	603
CYP6CY35	MALB00020051	Scaffold_135362(+)	891	3	489
CYP6CY18	MALB00024414	Scaffold_138650(-)	15730	7	2016
CYP6CY7	MALB00015764	Scaffold_141351(+)	539	3	351
CYP6CY3	MALB00027434	Scaffold_147344(-)	15396	7	1683
CYP6CY15	MALB00019153	Scaffold_134246(+)	938	2	795
CYP6CZ1	MALB00023312	Scaffold_131108(+)	406	2	300
CYP6CY12	MALB00011987	Scaffold_136932(+)	5192	4	1368
CYP6CY12	MALB00011987	Scaffold_136932(+)	7146	8	1263
CYP6CY37	MALB00029639	Scaffold_128888(+)	715	2	613
CYP6DB1	MALB00010087	Scaffold_145495(+)	5079	6	1110
CYP6DA1	MALB00018501	Scaffold_143243(+)	2183	2	744
CYP6DD1	MALB00016899	Scaffold_147693(+)	6230	4	1080
CYP6CY16	MALB00015618	Scaffold_137577(+)	3353	3	1482
CYP6CY9	MALB00029910	Scaffold_128955(+)	3087	3	1383
CYP6CY6	MALB00029338	Scaffold_145110(-)	1859	3	1335
CYP6CY35	MALB00024373	Scaffold_135635(+)	1190	2	1086
CYP6CY4	MALB00029570	Scaffold_142566(-)	2286	4	903
CYP6CY14	MALB00027505	Scaffold_137992(+)	3771	2	1167
CYP6CY16	MALB00025521	Scaffold_128009(+)	11674	8	2924
CYP6CY4	MALB00023452	Scaffold_146987(+)	8297	6	1950
CYP6DA2	MALB00030157	Scaffold_137026(-)	2135	4	540
CYP6DA1	MALB00029541	Scaffold_142651(-)	2658	3	1161

В результате, в геноме *M. albifrons* было найдено 14 генов, относящихся к 4 кладе цитохромов P450, и 23 гена, относящихся к 3 кладе цитохромов P450. Средняя длина гена – 4915 нуклеотидов,

среднее число экзонов – 5, средняя длина экзона – 972 нуклеотида, средняя длина интронов – 2307 нуклеотидов.

Заключение. В ходе исследования были получены данные о генной структуре *M. albifrons*. Средняя длина гена, а также среднее число экзонов свидетельствует о сложной организации генов P450 и их высокой вариабельности. Такая сложность генетической структуры может быть связана с адаптивными механизмами, которые позволяют тле эффективно приспосабливаться к большому разнообразию алкалоидов, содержащихся в растениях рода *Lupinus*, тем самым снижая их воздействие на организм насекомого.

Список использованных источников

1. Oberemok V. V. [et al.] A short history of insecticides // Journal of Plant Protection Research. – 2015. – Vol. 55. – P. 221–226
2. Feyereisen, R. Insect cytochrome P450 / Feyereisen, R. // Comprehensive Molecular Insect Science. 2005. Vol. 4. P. 1–77.
3. Сизенко, Е.И. Пищевая ценность люпина и направления использования продуктов его переработки / Е.И. Сизенко, А.Б. Лисицын, Л.С. Кудряшов. – Все о мясе. – 2004. – № 4. – С.