

СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ МИТОХОНДРИАЛЬНЫХ ГЕНОМОВ *MACROSIPHUM ALBIFRONS* И *MACROSIPHUM ROSAE*

С.С. Левыкина, младший научный сотрудник, А.Ю. Рабчун, 3 курс
 Научный руководитель – Н.В. Воронова-Барте, к.б.н., доцент
 Белорусский государственный университет

Введение. Тли – серьезные вредители многих сельскохозяйственных и декоративных культур, распространенных на территории Республики Беларусь. Способность этих насекомых к быстрому размножению и переносу вирусных заболеваний растений, а также стремительное развитие устойчивости к применяемым в агропромышленном секторе инсектицидам делают их значимым объектом исследований.

Использование даже простых молекулярных инструментов позволяет не только получить информацию о ключевых аспектах биологии тлей, связанных с жизненным циклом и миграцией по воздуху, но и использовать эти данные при разработке стратегии борьбы с насекомыми. Было показано, что актуальным молекулярным маркером являются митохондриальные геномы насекомых, как в виде отдельных генов, так и последовательность полного митохондриального генома [1].

В рамках данного исследования был проведен сравнительный анализ структуры митохондриальных геномов двух видов тлей: *Macrosiphum albifrons* и *Macrosiphum rosae*, с целью выявления структурных особенностей и общих характеристик, присущих роду *Macrosiphum*.

Материалы и методы. Извлечение, сборка и аннотация митохондриального генома тлей *M. albifrons* и *M. rosae* проведены авторами и сотрудниками СНИЛ биоинформатики и молекулярной эволюции животных, итоговые аннотации были депонированы в Genbank, где им был присвоен следующий код доступа: MW659868 и MW724716 соответственно.

Структуру митохондриального генома визуализировали при помощи онлайн-сервера CGView, с соблюдением порядка и пропорций генов по отношению друг к другу [2]. Нуклеотидную композицию рассчитывали в программе MEGAX [3].

Результаты и их обсуждение. Размер полного митохондриального генома *M. albifrons* составил 15967 п.н.; митохондриальный геном *M. rosae* немного короче – 15873 п.н. Вариативность длин митохондриальных геномов сравниваемых видов обусловлена различиями в длине некодирующих областей (рисунки 1 и 2).

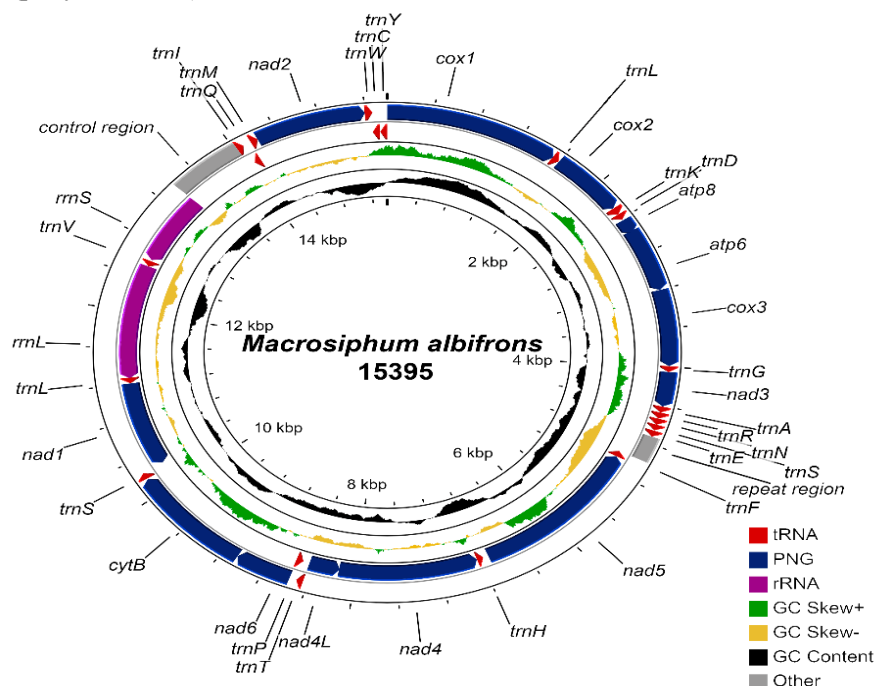


Рисунок 1. – Структура митохондриального генома *Macrosiphum albifrons*

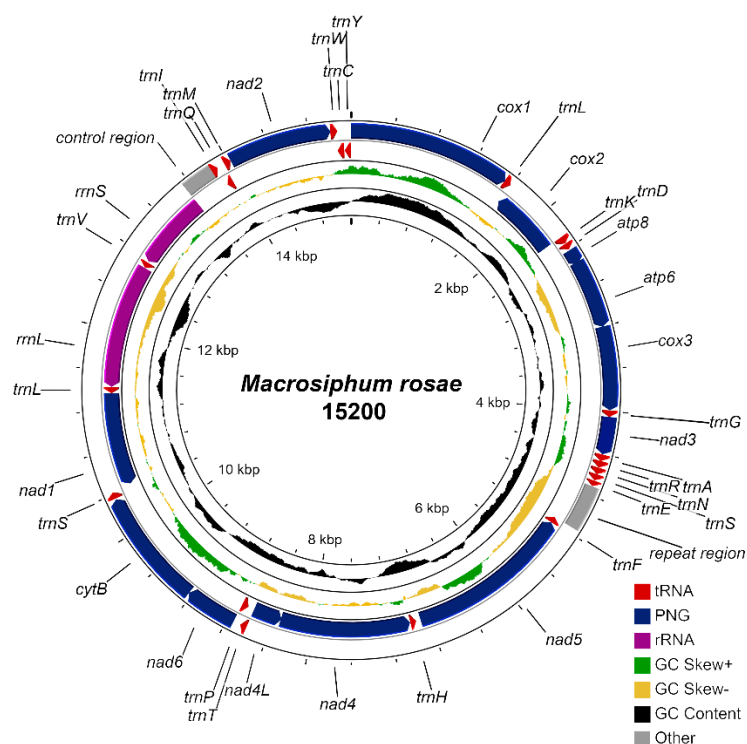


Рисунок 2. – Структура митохондриального генома *Macrosiphum rosae*

Суммарное содержание аденина и тимина в составе митохондриальных геномов *M. albifrons* и *M. rosae* довольно высокое, что характерно для большинства беспозвоночных животных, и составляет 84,1 % для обоих видов.

Несмотря на разницу в длине некодирующих участков, насыщенность аденином и тиминном в обоих митохондриальных геномах крайне близка. Регион D-петли в геномах *M. albifrons* и *M. rosae* имеет длину 648 и 286 п.н. соответственно, при этом содержание А+Т колеблется в пределах 2 % – 85,3 у *M. albifrons* и 83,6 у *M. rosae*. Однако в случае второй некодирующей области – региона повторов – разница в длине участка (257 и 425 у *M. albifrons* и *M. rosae* соответственно) не отразилась в содержании аденин-тиминовых оснований и насыщенность этими основаниями составила 88,7 %. Все гены в обоих митохондриальных геномах характеризуются стабильным высоким содержанием аденин-тиминовых оснований на протяжении всей мтДНК.

Митохондриальный геном как *M. albifrons*, так и *M. rosae* имеет преимущественное смещение в пользу цитозиновых оснований, за исключением участка, соответствующего первой трети кодонов в белок-кодирующих генах, где отмечается отклонение в сторону гуаниновых оснований. В целом по митохондриальному геному обоих видов преимущество отдается в сторону адениновых оснований, кроме областей РНК-кодирующих генов и региона повторов. Вариабельность содержания оснований в митохондриальных геномах обоих видов практически отсутствует: разница в АТ-отклонении и ГЦ-отклонении составляет 0,001 и 0,005 соответственно.

Для белок-кодирующих генов митохондриальных геномов *M. albifrons*, так и *M. rosae* характерны типичные для членистоногих старт- и стоп-кодоны: АТН и ТАА соответственно.

Самый длинный межгенный спейсер находится между генами *nad5* и *trnH* – 49 и 43 п.н. для *M. albifrons* и *M. rosae* соответственно. Нетипичным является отсутствие крупного спейсера между генами *trnT* и *trnP*, который в митохондриальных геномах других видов тлей составляет обычно около 85 п.н., а у представителей рода *Macrosiphum* этот спейсер составляет 1 нуклеотид. Вариабельность в локализации границ межгенных спейсеров обнаружена только для спейсера между *trnP* и *nad6* генами: у *M. albifrons* гены перекрываются на 9 нуклеотидов, тогда как у *M. rosae* следуют ровно друг за другом.

Закключение. Результаты исследования показали, что все гены в митохондриальных геномах обоих видов рода *Macrosiphum* имеют стабильное и высокое содержание аденин-тиминовых оснований. Митохондриальный геном как *M. albifrons*, так и *M. rosae* сохраняет предпочтение к цито-

зиновым основаниям. Необычным является отсутствие ожидаемого большого спейсера между генами *trnT* и *trnP*, который обычно составляет около 85 пар нуклеотидов в митохондриальных геномах других видов тлей; возможно, именно в случае рода *Macrosiphum* этот спейсер составляет всего 1 нуклеотид.

Подготовлено при финансовой поддержке БРФФИ-Минобразование

Список использованных источников

1. Elyasigorji Z., Izadpanah M., Hadi F., Zare M. Mitochondrial genes as strong molecular markers for species identification // The Nucleus. – 2023. – Vol. 66, n. 1. – P. 81–93.
2. Grant, J.R. The CGView Server: a comparative genomics tool for circular genomes / J.R. Grant, P. Stothard // Nucleic Acids Research. – 2008. – V. 36, n. 2. – P. 181–184.
3. MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across Computing Platforms / S. Kumar [et al.] // Molecular Biology and Evolution. – 2018. – Vol. 35, n. 6. – P. 1547–1549.