

АНАЛИЗ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ ГЕНА EF1 α ТЛЕЙ ФАУНЫ БЕЛАРУСИ

А.В. Корбут, М.М. Воробьёва

Белорусский государственный университет, Минск, Беларусь
alina.k.0698@gmail.com

Фактор элонгации (EF1 α) – один из наиболее перспективных ядерных маркеров, широко используемых в геносистематических исследованиях и при изучении филогении насекомых (в частности, тлей), что обусловлено чрезвычайно консервативной интрон-экзонной структурой. Расшифровка и анализ нуклеотидных последовательностей белок-кодирующих участков этого гена позволяет устанавливать эволюционную близость и отдалённость между отдельными видами или родами тлей, а так же между таксонами более высокого ранга [1].

В рамках настоящего исследования мы провели расшифровку нуклеотидных последовательностей гена EF1 α для некоторых тлей фауны Беларуси, а также оценили уровень сходства/различия между нуклеотидными последовательностями этого гена у тлей, коллектированных в Беларуси и на географически удаленных территориях.

В работе были использованы последовательности, полученные в результате секвенирования в 2015 г. для 7 видов тлей, типичных для фауны Беларуси: *Anoeciacorni* Fabricius, 1775, *Drepanosiphum platanooides* Schrank, 1801, *Hyalopterus pruni* Geoffroy, 1762, *Lachnusspp.*, *Periphyllus aceris* Linnaeus, 1761, *Siphamaydis* Passerini, 1860, *Uroleucon hypochoeridis* Fabricius, 1779, а также последовательности, представленные в GenBankNCBI для видов тлей, принадлежащих к тем же родам (41 нуклеотидная последовательность). Выравнивание последовательностей осуществили в программе MEGA7 с использованием метода ClustalW, а так же в этой программе производили построение филогенетических деревьев с использованием метода максимального правдоподобия.

Как оказалось, в GenBankNCBI почти отсутствуют последовательности EF1 α тлей родов *Anoecia*, *Drepanosiphum*, *Uroleucon*, *Periphyllus*. Для *A. corni*, *D. platanooides*, *U. hypochoeridis*, *P. aceris* последовательности EF1 α были получены впервые, в связи с чем

оценить вариабельности последовательности EF1 α у тлей этих родов не представлялось возможным.

При сравнении последовательностей EF1 α внутри вида у тлей *S. maydis* было отмечено вариабельных сайтов, в то время как у *H. pruni* были выявлены замены в 4 сайтах, в частности, 47C $\leftrightarrow$ A, 50T $\leftrightarrow$ A, 160A $\leftrightarrow$ G и 428T $\leftrightarrow$ C. Для тлей из родов *Uroleucon* и *Lachnus* были построены генные деревья, ввиду хорошей представленности последовательностей гена EF1 α в GenBank (21 и 14 последовательностей соответственно). Тли рода *Lachnus* на генном дереве образовали 4 кластера, причём *Lachnus* spp., коллектированные на территории Беларуси, вошли в общий кластер с частью образцов *L. quercihabitans*, коллектированных в Китае, что свидетельствует о высоком уровне сходства между этими видами. *U. hypochoeridis* из Беларуси попал в общий кластер с *U. obscurum* и *U. caligatum*, коллектированными в США, однако, в филогенетическом отношении он оказался ближе к *U. obscurum*.

1. Воронова, Н.В. Вариабельность структуры и нуклеотидного состава гена EF1 α у тлей (Hemiptera: Sternorrhyncha: Aphidoidea) / Н.В. Воронова [и др.] // Труды БГУ. – 2013. – Т.8, Ч.1. – С. 183–192.

ANALYSIS OF EF 1-ALPHA SEQUENCES OF APHIDS OF THE FAUNA OF BELARUS

A.V. Korbut, M.M. Varabyova

Belarusian State University, Minsk, Belarus

alina.k.0698@gmail.com

Within the framework of the present study, we deciphered the nucleotide sequences of the EF1 α gene for some aphids of Belarus, and estimated the similarity / difference between the nucleotide sequences of this gene in aphids collected in Belarus and in geographically remote areas.

Sequences obtained as a result of sequencing in 2015 for 7 species of aphids typical of the fauna of Belarus in 2015. We used in the work ef 1- α sequences of the following aphids: *Anoeciacorni* Fabricius, 1775, *Drepanosiphum platanoide* Schrank, 1801, *Hyalopterus pruni* Geoffroy, 1762, *Lachnus* spp., *Periphyllus aceris* Linnaeus, 1761, *Siphamaydis* Passerini, 1860, *Uroleucon hypochoeridis* Fabricius, 1779, as well as sequences presented in GenBank NCBI for aphid species belonging to the same genus.
