

ХАРАКТЕРИСТИКА UGT И GST ГЕНОВ В ГЕНОМЕ ТЛИ MACROSIPHUM ALBIFRONS

С.С. Левыкина, Д.С. Скамейко, А.Ю. Рабчун, А.М. Шульгович,
М.Д. Ракова, Н.В. Воронова-Барте

Белорусский государственный университет, Минск, Беларусь

E-mail: makarovaskam@gmail.com

Исследование суперсемейств генов UGT и GST представляет собой значимую область в изучении механизмов метаболизма ксенобиотиков у насекомых. В данной работе проводится анализ экзон-интронной структуры предсказанных UGT- и GST-генов тли *Macrosiphum albifrons*, а также сравнение полученных данных с другими видами тли.

Ключевые слова: экзон-интронная структура; тли; системы детоксикации; GST-гены; UGT-гены.

ВВЕДЕНИЕ

Macrosiphum albifrons является опасным вредителем и переносчиком инфекционных заболеваний люпина, широко используемого в качестве кормовой и декоративной культуры в Беларуси. Продолжительное питание этого вредителя приводит к снижению итогового количества и качества урожая. Для борьбы с тлей в сельском хозяйстве активно применяются различные инсектициды, однако в результате это зачастую приводит к загрязнению окружающей среды и гибели полезных насекомых-опылителей, в то время как тли способны к быстрому формированию устойчивости к применяющимся препаратам.

В рамках данного исследования было акцентировано внимание на генах UGT (уридиндифосфогликозилтрансфераза) и GST (глутатион S-трансфераза), поскольку они играют ключевую роль в системе метаболизма ксенобиотиков у насекомых [1].

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Была проведена функциональная аннотация с последующим редактированием для повышения точности полученных итоговых моделей UGT- и GST-генов, которые являются консенсусными последовательностями между предсказаниями скрытых марковских моделей, белковой и РНК-гомологией, что доказывает функциональность обнаруженных генов. Курирование аннотации генных моделей проводилось с использованием геномного браузера Apollo [2] и программы BLAST [3]. Экзон-интронная структура генов была сконструирована с использованием программы GSDS 2.0 [4]. Для проведения сравнительного анализа

количества генов системы детоксикации в геноме *M. albifrons* дополнительно были извлечены данные для близкородственных видов того же таксона: *Aphis gossypii* (GCF_020184175.1), *Acyrtosiphon pisum* (GCF_005508785.1), *Melanaphis sacchari* (GCF_002803265.2). Также в работе были использованы геномные данные, полученные сотрудниками СНИЛ биоинформатики и молекулярной эволюции животных, а именно геномы *M. albifrons*, *M. rosae* и *A. craccivora*.

РЕЗУЛЬТАТЫ

В таблицах 1 и 2 представлена сравнительная характеристика GST- и UGT-генов в геномах тлей. Гены, результаты по которым не являются уникальными, исключены из таблиц, однако общее их количество указано в последней строке.

Таблица 1

Количество генов GST в геномах тлей

GST ген	<i>Macrosiphum albifrons</i>	<i>Macrosiphum rosae</i>	<i>Aphis gossypii</i>	<i>Acyrtosiphon pisum</i>	<i>Melanaphis sacchari</i>	<i>Aphis craccivora</i>
N	14	9	10	23	8	6

Таблица 2

Количество генов UGT в геномах тлей

UGT ген	<i>Macrosiphum albifrons</i>	<i>Macrosiphum rosae</i>	<i>Aphis gossypii</i>	<i>Acyrtosiphon pisum</i>	<i>Melanaphis sacchari</i>	<i>Aphis craccivora</i>
UGT5	7	0	0	0	0	0
UGT4	9	0	0	0	0	0
2A1	0	1	0	0	1	1
1-7C	0	2	1	0	2	1
1_5	0	1	1	2	1	1
342B3	1	0	0	0	0	0
...	...	...	...	...	...	...
Total	79	70	66	54	44	65

Внутри рода *Macrosiphum* было отмечено, что в геноме *M. albifrons* в семействе UGT отсутствуют гены 2A1 и 1-7C. В сравнении с другими представителями в геноме *M. albifrons* присутствуют уникальные гены UGT4, UGT5 и 342B3. Также установлено, что в геноме тли *M. albifrons* отсутствует ген 1_5, который встречается у каждого другого анализируемого вида.

Для предсказанных GST-генов установлено, что их количество в геноме *M. albifrons* уступает только количеству в геноме *A. pisum*. Экзон-интронные структуры генов UGT и GST проиллюстрированы на рис. 1 и 2.

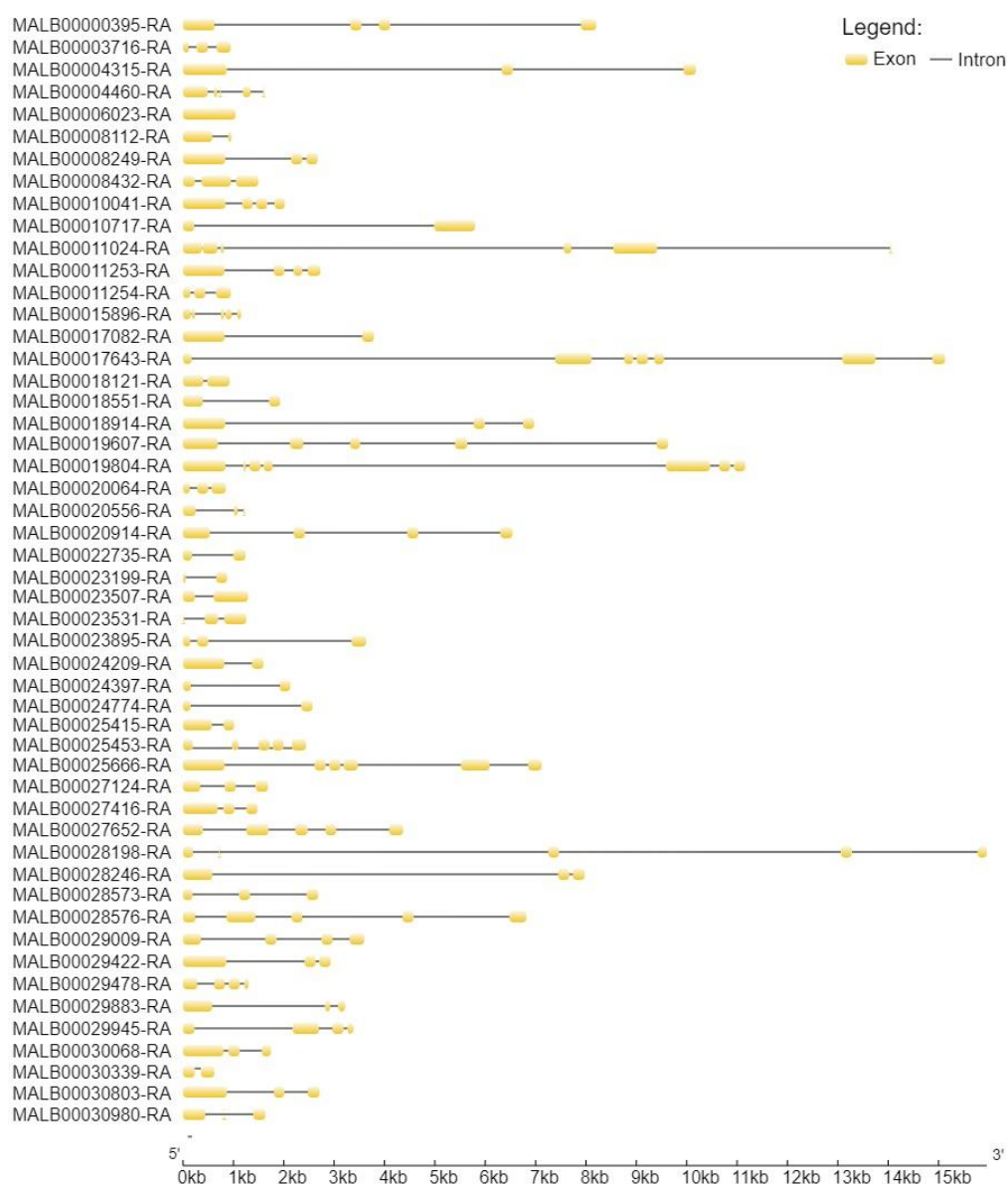


Рис. 1. Часть результатов по анализу экзон-интронной структуры генов UGT в геноме *Macrosiphum albifrons*

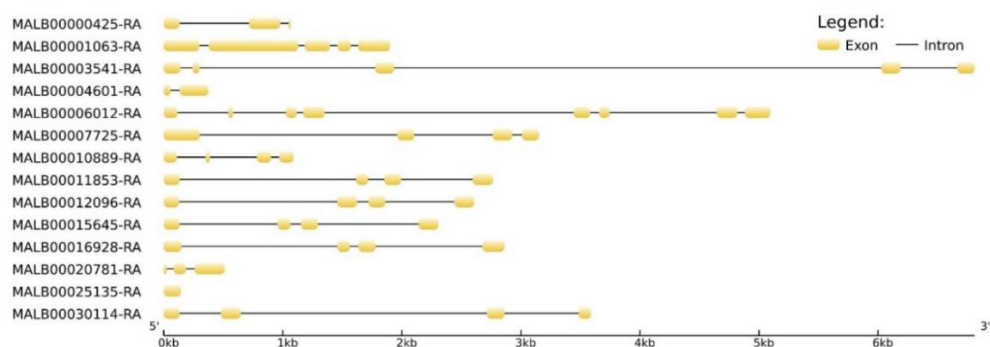


Рис. 2. Экзон-интронная структура генов GST в геноме *Macrosiphum albifrons*

Было установлено, что число интронов и экзонов сильно различается среди предсказанных UGT-генов в геноме тли *M. albifrons*. В среднем гены содержат от 1 до 4 экзонов, максимальное количество – 10. Средняя длина последовательностей составляет 3,3 кб (1 кб = 1000 нуклеотидов). Количество интронов – от 0 до 6.

В GST-генах наиболее часто встречается по 4 экзона, максимальное количество – 8, минимальное – 1; количество интронов – от 0 до 7. Последовательности имеют среднюю длину 2,5 кб.

Экзон-интронную структуру генов GST характеризуют как консервативную. Ранее в исследованиях в геномах тлей была обнаружена схожая экзон-интронная структура, выделенная в отдельное подсемейство Sigma [5]. Среди последовательностей *M. albifrons* было обнаружено, что последовательности с ID MALB00012096, MALB00015645, MALB00016929 и MALB00011853 имеют структуру, характерную для этого подсемейства, что было дополнительно подтверждено с использованием BLAST.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

В геноме *M. albifrons* идентифицировано суммарно 79 UGT и 14 GST предсказанных генов, охарактеризованы их экзон-интронные структуры. Анализ экзон-интронной структуры позволил идентифицировать часть GST-генов до уровня подсемейства. Установлено, что UGT-гены более вариабельны, поскольку схожих паттернов внутри генома *M. albifrons* и в геномах других видов тлей не обнаружено. Различия в геномном составе между видами могут быть связаны с функциональной дифференциацией генов на протяжении эволюционного пути генома и формированием у тлей адаптаций к окружающей среде и различным кормовым специализациям.

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЕ ССЫЛКИ

1. The role of UDP-glycosyltransferases in xenobiotic resistance. / Dimunová D. [et al.] // Drug Metabolism Reviews. 2022. Vol. 54. P. 282-298. DOI: 10.1080/03602532.2022.2083632
2. Apollo: democratizing genome annotation. / Dunn N.A. [et al.] // PLoS Computational Biology. 2019. Vol. 15. P. e1006790. DOI: 10.1371/journal.pcbi.1006790
3. BLAST+: architecture and applications. / Camacho C. [et al.] // BMC Bioinformatics. 2009. Vol. 10. P. 1-9. DOI: 10.1186/1471-2105-10-421
4. GSDS 2.0: an upgraded gene feature visualization server. / Hu B. [et al.] // Bioinformatics. 2015. Vol. 31. P. 1296-1297. DOI: 10.1093/bioinformatics/btu817
5. He H., Crabbe M.J.C., Ren Z. Detoxification gene families at the genome-wide level of rhus gall aphid *Schlechtendalia chinensis*. // Genes. 2022. Vol. 13. P. 1627. DOI: 10.3390/genes13091627