СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ ОРТОГРУПП ВНУТРИ КЛАССА НАСЕКОМЫЕ

С.С. Левыкина, М.Д. Ракова, Н.В. Воронова-Барте

Белорусский государственный университет, Минск, Беларусь E-mail: rkvmry@gmail.com

В данной работе содержатся актуальные данные по числу ортогрупп в следующих отрядах: Hemiptera, Hymenoptera, Diptera, Lepidoptera. Основной акцент работы направлен на изучение и анализ ортогрупп внутри семейства Aphidoidea (Настоящие тли) в виду их быстрого темпа развития адаптаций к ксенобиотикам и инсектицидам.

Ключевые слова: насекомые; тли; общие и уникальные ортогруппы.

ВВЕДЕНИЕ

Насекомые являются самой многочисленной группой живых организмов на Земле, играя ключевую роль в экосистемах и обладая высоким уровнем биологического разнообразия.

Тли — насекомые фитофаги, которых к настоящему времени известно более 5200 видов. Многие из них являются опасными вредителями растений, имеющих для человека сельскохозяйственную ценность [1]. Наличие у тлей множественных механизмов резистентности предполагает, что устойчивость может возникнуть к любому классу инсектицидов при наличии достаточного времени, постоянного давления отбора и достаточно большой популяции для проведения отбора [2].

Ортогруппа — это набор генов, произошедших от гена последнего общего предка всех рассматриваемых видов. Изучение ортогрупп проводится на ядерных геномах с целью получения кластеров по всем генам, что позволяет далее выделить и работать с кластерами, содержащими гены-интереса, например, гены системы детоксикации ксенобиотиков, изучение которых позволит разработать качественные меры по контролю численности насекомых.

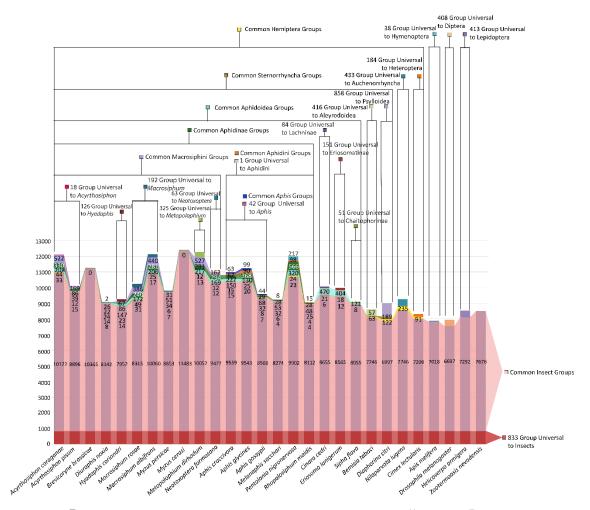
МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Был проведен анализ белковых последовательностей полных геномов представителей класса Insecta (Насекомые), извлечение которых было проведено из базы данных RefSeq (15 геномов), а также белковых последовательностей из полных геномов тлей, полученных в СНИЛ биоинформатики и молекулярной эволюции животных (13 геномов). Таким образом, выборка была сформирована суммарно из 28-ми ядерных геномов насекомых. С помощью скрипта, написанного с использованием команд-

ной оболочки Bash, была проведена процедура очистки скачанных последовательностей от изоформ. Поиск ортогрупп был проведен в программе OrthoFinder [3].

РЕЗУЛЬТАТЫ

Распределение уникальных и общих групп ортологов, найденных в результате проведенного анализа, отображено на графике, представленном ниже.



Результаты анализа ортогрупп для представителей класса Insecta

За уникальные группы принимали те, которые могли встречаться не у всех представителей таксона, но в других таксонах однозначно не встречались. За общие – последовательности, которые встречались у всех представителей таксона, но в других таксонах отсутствовали. Было установлено, что число уникальных ортогрупп для класса Insecta составляет 833,

а общее число групп ортологов варьируется в пределах от 6697 у D. melanogaster (Diptera) до 11483 у M. cerasi (Hemiptera), в среднем это значение составляет 8612 ортогрупп на вид.

На уровне отрядов уникальные ортогруппы в количестве 38, 408 и 413 были найдены в геномах Нутепорtera, Diptera, Lepidoptera соответственно, в то время как в отряде Hemiptera уникальных ортогрупп найдено не было. В свою очередь, отряд Hemiptera включает в себя несколько подотрядов: Sternorrhyncha (Грудохоботные), Auchenorrhyncha (Цикадовые), Heteroptera (Клопы); в последних двух подотрядах были найдены уникальные ортогруппы в количестве 433 и 184 соответственно. Наибольшее количество ортогрупп в подотряде Sternorrhyncha у *D. citri* (Hemiptera) — 189, а наименьшее число общих ортогрупп выявлено у *В. brassicae* (Hemiptera) и *М. cerasi* (Hemiptera) — 0. В целом, наибольшее число общих ортогрупп внутри отряда Hemiptera обнаружено в геноме *N. lugens* (подотряд Auchenorrhyncha) — 235 группы.

В семействе Aphidoidea, принадлежащего к подотряду Sternorrhyncha, наибольшим числом общих ортогрупп (470) обладает *С. cedri*, уникальных ортогрупп выявлено не было. Уникальные ортогруппы были найдены в семействах Aleyrodoidea (Белокрылки) в геноме *В. tabaci* – 416 ортогрупп и в семействе Psylloidea (Листоблошковые) в геноме *D. citri* – 858 ортогрупп. В подсемействе Aphidinae наибольшее количество общих ортогрупп найдено в геномах *P. nigronervosa* (566) и *A. glycines* (368), уникальные ортогруппы обнаружены не были. В других подсемействах присутствуют уникальные ортогруппы для Lachninae – 84 (*C. cedri*), в подсемействе Eriosomatinae – 151 (*E. lanigerum*), Chaitophorinae – 51 (*S. flava*).

В таблице ниже отдельно представлена численная характеристика уникальных ортогрупп для представителей триб подсемейства Aphidinae. Результаты показывают, что наибольшим числом уникальных и общих групп ортологов в трибе Macrosiphini обладает вид *M. dirhodum* – 325 и 527 ортогрупп соответственно. В трибе Aphidini наибольшее количество как уникальных, так и общих ортогрупп найдено у представителя *P. Nigronervosa* – 217 и 98, меньше всего уникальных и общих ортогрупп обнаружено в геноме *Melanaphis sacchari* – 8 и 28 соответственно. Аналогичное число общих ортогрупп отмечено также в геноме *R. maidis*. Таким образом, можно сделать вывод о том, что триба Macrosiphini является более вариативной и насыщенной по содержанию общих и уникальных ортогрупп, чем триба Aphidini.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

По результатам проведенного анализа, можно сделать вывод о том, что наибольшее количество уникальных ортогрупп было обнаружено в отрядах Diptera (408) и Lepidoptera (413), что может указывать на генетическое и функциональное разнообразие генов у представителей этих таксонов. Отряд Hemiptera выделяется отсутствием уникальных ортогрупп, что может быть связано с консервативностью генов внутри этого отряда. Однако внутри подсемейства Aphidinae представители трибы Macrosiphini имеют более высокий уровень генетической изменчивости и адаптивности, чем представители трибы Aphidini.

Количество уникальных ортогрупп у представителей подсемейства Aphidinae

Триба	Вид	Код доступа в RefSeq	Число уникальных групп генов	Число общих групп генов
Macrosiphini	Acyrthosiphon caraganae	Не депонирована	18	522
	Acyrthosiphon pisum	GCF_005508785.1	18	169
	Brevicoryne brassicae	Не депонирована	0	0
	Diuraphis noxia	GCF_001186385.1	2	26
	Hyadaphis coriandri	Не депонирована	126	67
	Macrosiphum rosae	Не депонирована	192	386
	Macrosiphum albifrons	Не депонирована	192	440
	Myzus persicae	GCF_001856785.1	0	31
	Myzus cerasi	Не депонирована	0	0
	Metopolophium dirhodum	Не депонирована	325	527
	Neotoxoptera formosana	Не депонирована	63	162
Aphidini	Aphis craccivora	Не депонирована	42	62
	Aphis glycines	Не депонирована	42	90
	Aphis gossypii	GCF_020184175.1	42	29
	Melanaphis sacchari	GCF_002803265.2	8	28
	Pentalonia nigronervosa	Не депонирована	217	98
	Rhopalosiphum maidis	GCF_003676215.2	15	28

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЕ ССЫЛКИ

- 1. Vilcinskas A. Biology and ecology of aphids. // Germany: CRC Press, 2016. P. 272.
- 2. *Nauen R., Elbert A.* European monitoring of resistance to insecticides in Myzus persicae and Aphis gossypii (Hemiptera: Aphididae) with special reference to imidacloprid. // Bull Entomol Res. 2003. Vol. 93. P. 47-54. DOI: 10.1079/BER2002215
- 3. *Emms D.M.*, *Kelly S.* OrthoFinder: solving fundamental biases in whole genome comparisons dramatically improves orthogroup inference accuracy. // Genome Biology. 2015. Vol. 16. P. 1-17.