

БЕЛОРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ
БИОЛОГИЧЕСКИЙ ФАКУЛЬТЕТ
Кафедра общей экологии и методики преподавания биологии

Аннотация к дипломной работе
«Регион повторов как специфическая область в митохондриальных
геномах полужесткокрылых насекомых»

Александрович Полины Евгеньевны

Научный руководитель Левыкина С.С.

Минск, 2024

РЕФЕРАТ

Дипломная работа 61 страница, 2 рисунка, 3 таблицы, 54 источника литературы, 5 приложений.

КЛЮЧЕВЫЕ СЛОВА: ТЛИ, ПОЛУЖЕСТКОКРЫЛЫЕ НАСЕКОМЫЕ, МИТОХОНДРИАЛЬНЫЙ ГЕНОМ, НЕКОДИРУЮЩИЕ ОБЛАСТИ, РЕГИОН ПОВТОРОВ.

Объект исследования: регион повторов в митохондриальных геномах полужесткокрылых насекомых.

Целью дипломной работы является поиск и сравнительный анализ региона повторов в митохондриальных геномах полужесткокрылых насекомых (лат. Hemiptera).

Методы: биоинформатические.

В результате поиска региона повторов в митохондриальных геномах представителей отряда Hemiptera сделан вывод, что регион, насыщенный тандемными повторами нехарактерен для митохондриальных геномов семейства Cicadellidae, надсемейств Coccoidea и Psylloidea, а также подотряда Heteroptera. В то же время в митохондриальных геномах семейства Aphididae отмечено 43 региона повторов. В семействе Aleurodidae из 14 проанализированных митохондриальных геномов регион повторов найден в 3-х. В семействе Adelgidae митохондриальные геномы двух видов имеют регион повторов.

По результатам поиска копий предполагаемой шпильчатой структуры в 43-х регионах повторов митохондриальных геномов тлей, найдено 30 структурных шпилек. Доминирующим мотивом, фланкирующим структурную шпильку, является G(A)nT-мотив – отмечен в 23-х смоделированных шпильках из 30-и найденных.

Наличие структурной шпильки в регионе повторов предположительно не зависит от таксономической принадлежности тлей. В других таксонах Hemiptera копия функциональной шпильки в регионе повторов была обнаружена в 7 видах.

Результаты исследования могут быть применены в направлениях исследований в области молекулярной экологии, филогенетики и энтомологии.

РЭФЕРАТ

Дыпломная работа 61 старонкі, 2 малюнка, 3 табліцы, 54 крыніц літаратуры, 5 прыкладанний.

КЛЮЧАВЫЯ СЛОВЫ: тлі, полужесткакрылыя насякомые, мітахандрыяльны геном, некадируючыя вобласці, рэгіён паўтораў.

Аб'ект даследавання: рэгіён паўтораў у мітахандрыяльных геномах полужесткакрылых насякомых.

Мэтай дыпломнай працы з'яўляецца пошук і параўнальны аналіз рэгіёна паўтораў у мітахандрыяльных геномах полужесткакрылых насякомых (лац. Hemiptera).

Метады: біяінфарматычныя.

У выніку пошуку рэгіёна паўтораў у мітахандрыяльных геномах прадстаўнікоў атрада Hemiptera зроблена выснова, што рэгіён, насычаны тандэмнымі паўторамі нехарактэрны для мітахандрыяльных геномаў сямейства Cicadellidae, надсямействаў Coccoidea і Psylloidea, а таксама падатрада Heteroptera. У той жа час у мітахандрыяльных геномах сямейства Aphididae адзначана 43 рэгіёна паўтораў. У сямействе Aleurodidae з 14 прааналізаваных мітахандрыяльных геномаў рэгіён паўтораў знойдзены ў 3-х. У сямействе Adelgidae мітахандрыяльныя геномы двух відаў маюць рэгіён паўтораў.

Па выніках пошуку копій меркаванай шпілечной структуры ў 43-х рэгіёнах паўтораў мітахандрыяльных геномаў тлей, знойдзена 30 структурных шпілек. Дамінуючым матывам, фланкіруюшым структурную шпільку, з'яўляецца G(A)nT-матыў – адзначаны ў 23-х змадэляваных шпілках з 30-і знойдзеных.

Наяўнасць структурнай шпілкі ў рэгіёне паўтораў меркавана не залежыць ад таксанамічнай прыналежнасці тлей. У іншых таксонах Hemiptera копія функцыянальнай шпілкі ў рэгіёне паўтораў была знойдзена ў 7 відах.

Вынікі даследавання могуць быць ужытыя ў напрамках даследаванняў у галіне малекулярнай экалогіі, філагенетыкі і энтамалогіі.

ABSTRACT

The graduation project includes: pages 61, figures 2, tables 3, sources 54, supplements 5.

Key words: aphids, hemiptera insects, mitochondrial genome, non-coding regions, repeat region.

Object of study: Repeat region in the mitochondrial genomes of hemiptera insects.

The aim of the work is to search for and compare the repeat region in the mitochondrial genomes of Hemiptera.

Methods: bioinformatics.

As a result of the search for the repeat region in the mitochondrial genomes of representatives of the order Hemiptera, it was concluded that the region saturated with tandem repeats is uncharacteristic for the mitochondrial genomes of the family Cicadellidae, the superfamilies Coccoidea and Psylloidea, as well as the suborder Heteroptera. At the same time, 43 repeat regions were noted in the mitochondrial genomes of the Aphididae family. In the Aleurodidae family, of the 14 analyzed mitochondrial genomes, the repeat region was found in 3. In the Adelgidae family, the mitochondrial genomes of two species have a repeat region.

According to the results of the search for copies of the proposed hairpin structure in 43 repeat regions of the mitochondrial genomes of aphids, 30 structural hairpins were found. The dominant motif flanking the structural hairpin is the G(A)_nT motif - marked in 23 simulated hairpins out of 30 found.

The presence of a structural hairpin in the repeat region presumably does not depend on the taxonomic affiliation of aphids. In other Hemiptera taxa, a copy of the functional hairpin in the region of repeats was found in 7 species.

The results of the study can be applied in research areas in the field of molecular ecology, phylogenetics and entomology.