

МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ
БЕЛОРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ
БИОЛОГИЧЕСКИЙ ФАКУЛЬТЕТ
Кафедра молекулярной биологии

Аннотация к дипломной работе

РАКОВА
Мария Денисовна

МЕЖВИДОВАЯ ВАРИАБЕЛЬНОСТЬ В ГЕНОМАХ НАСЕКОМЫХ

Научный руководитель:
кандидат биологических наук,
доцент Н.В. Воронова-Барте
кандидат биологических наук,
доцент Е.А. Николайчик

Минск, 2024

РЕФЕРАТ

Дипломная работа 47 с., 7 рис., 5 табл., 66 источника.

КЛЮЧЕВЫЕ СЛОВА: *ACYRTHOSIPHON CARAGANAE*, НАСЕКОМЫЕ, ТЛИ, СИСТЕМА ДЕТОКСИКАЦИИ, ФИЛОГЕНИЯ, ОТРОГРУППЫ, АВС-ТРАНСПОРТЕРЫ, CSE, GST, P450, UGT.

Объект исследования: Данные полногеномного секвенирования 28 видов насекомых.

Предмет исследования: Эволюция и вариабельность последовательностей генов системы детоксикации, хеморецепции и генов иммунной системы в исследуемой таксономической выборке из 28 геномов насекомых.

Цель работы: Изучение вариабельности между геномами 28 видов насекомых из отрядов Hemiptera, Hymenoptera, Diptera, Lepidoptera и Blattodea.

Материалы и методы исследования: Полногеномные данные 28 видов насекомых, собственноручно собранный и проаннотированный, в рамках курсовой работы, геном *Acyrtosiphon caraganae*. Методы: компьютерные, биоинформатические.

Наибольшее число уникальных ортогрупп в исследуемых геномах насекомых было обнаружено в отрядах Diptera (408) и Lepidoptera (413). Отряд Hemiptera выделяется отсутствием уникальных ортогрупп. Внутри подсемейства Aphidinae представители трибы Macrosiphini имеют более высокий уровень генетической изменчивости и адаптивности, чем представители трибы Aphidini. Больше всего геномы тлей обогащены доменами: цинковые пальцы C2H2 типа, hAT family C-terminal dimerization region и обратной транскриптазы.

Acyrtosiphon pisum, *Apis gossypii*, *Rhopalosiphum maidis* и *Bemisia tabaci* — отряд Hemiptera и Hymenoptera — *Apis mellifera*, имеют большее количество генов иммунной системы, по сравнению с другими видами. А *Hyadaphis coriandri* и *Cinara cedri* (Hemiptera) содержат их меньше всего.

Наибольшее число генов P450 найдено в геноме *B. tabaci* (128). У *A. mellifera* больше всего обнаружено обонятельных рецепторов (85). Среди тлей наиболее всего генов системы детоксикации обнаружено у *Macrosiphum albifrons* – 24 CSE-гена и 80 UGT-гена соответственно. Прямой зависимости между числом генов систем детоксикации и хеморецепции и особенностями питания насекомых выявлено не было.

Филогенетические деревья отражают более частую дивергенцию генов системы детоксикации внутри надсемейства Aphidoidea по сравнению с насекомыми других таксонов. Число уникальных ортологов цитохромов в трибе Macrosiphini преобладает над числом уникальных ортологов в трибе Aphidinae.

РЭФЕРАТ

Дыпломная работа 47 с., 7 мал., 5 табл., 66 крыніцы.

КЛЮЧАВЫЯ СЛОВЫ: *ACYRTHOSIPHON CARAGANAE*, НАСЕКОМЫЯ, ТЛІ, СІСТЭМА ДЭТАКСІКАЦЫІ, ФІЛАГЕНІЯ, АРТАГРУПЫ, АВС-ТРАНСПАРЦЁРЫ, CSE, GST, P450, UGT.

Аб'ект даследавання: Дадзеныя полногеномнаго секвеніравання 28 відаў насякомых.

Прадмет даследавання: Эвалюцыя і варыябельнасць паслядоўнасцяў генаў сістэмы дэтаксікацыі, хемарэцэпцыі і генаў імуннай сістэмы ў доследнай таксанамічных выбарцы з 28 геномаў насякомых.

Мэта працы: вывучэнне варыябельнасці паміж геномамі 28 відаў насякомых з атрадаў Hemiptera, Hymenoptera, Diptera, Lepidoptera і Blattodea.

Матэрыялы і метады даследавання: Полногеномныя дадзеныя 28 відаў насякомых, ўласнаручна сабраны і проаннотированный, у рамках курсавой работы, геном *Acyrtosiphon caraganae*. Метады: кампутарныя, біяінфарматычныя.

Найбольшая колькасць унікальных артагруп у доследных геномах насякомых было выяўлена ў атрадах Diptera (408) і Lepidoptera (413). Атрад Hemiptera вылучаецца адсутнасцю унікальных артагруп. Ўнутры подсемейства Aphidinae прадстаўнікі трыбы Macrosiphini маюць больш высокі ўзровень генетычнай зменлівасці і адаптыўнасць, чым прадстаўнікі трыбы Aphidini. Больш за ўсё геномы тлей абагачаны даменамі: цынкавыя пальцы C2H2 тыпу, hAT family C-terminal dimerization region і зваротнай транскриптазы.

Acyrtosiphon pisum, *Apis gossypii*, *Rhopalosiphum maidis* і *Bemisia tabaci* — атрад Hemiptera і Hymenoptera — *Apis mellifera*, маюць большую колькасць генаў імуннай сістэмы, у параўнанні з іншымі відамі. А *Hyadaphis coriandri* і *Cinara cedri* (Hemiptera) ўтрымліваюць іх менш за ўсё.

Найбольшая колькасць генаў P450 знойдзена ў геноме *B. tabaci* (128). У *A. mellifera* больш за ўсё выяўлена нюхальных рэцэптараў (85). Сярод тлей найбольшыя за ўсё генаў сістэмы детоксікацыі выяўлена ў *Macrosiphum albifrons*-24 CSE-гена і 80 UGT-гена адпаведна. Прамой залежнасці паміж лікам генаў сістэм детоксікацыі і хеморецэпцыі і асаблівасцямі харчавання насякомых выяўлена не было.

Філагенетычныя дрэвы адлюстроўваюць больш частую дывергенцыю генаў сістэмы детоксікацыі ўнутры надсемейства Aphidoidea у параўнанні з казуркамі іншых таксонаў. Лік унікальных ортологов цытахром ў трыб Macrosiphini пераважае над лікам унікальных ортологов ў трыб Aphidinae.

ABSTRACT

Thesis 47 p., 7 figures, 5 tables, 66 sources.

KEYWORDS: *ACYRTHOSIPHON CARAGANAE*, INSECTS, APHIDS, DETOXIFICATION SYSTEM, PHYLOGENY, OTROGROUPS, ABC TRANSPORTERS, CCE, GST, P450, UGT.

The object of the study: Data from genome-wide sequencing of 28 insect species.

Subject of research: Evolution and sequence variability of detoxification system genes, chemoreception and immune system genes in the studied taxonomic sample of 28 insect genomes.

The aim of the work was to study the variability between the genomes of 28 insect species from the orders Hemiptera, Hymenoptera, Diptera, Lepidoptera and Blattodea.

Materials and methods of research: Genome-wide data of 28 insect species, personally collected and annotated, as part of the course work, the genome of *Acyrtosiphon caraganae*. Methods: computer, bioinformatics.

The largest number of unique orthogroups in the studied insect genomes was found in the orders Diptera (408) and Lepidoptera (413). The Hemiptera order is distinguished by the lack of unique orthogroups. Within the Aphidinae subfamily, representatives of the Macrosiphini tribe have a higher level of genetic variability and adaptability than representatives of the Aphidini tribe. Most of the aphid genomes are enriched with domains: zinc fingers of the C2H2 type, hAT family C-terminal dimerization region and reverse transcriptase.

Acyrtosiphon pisum, *Apis gossypii*, *Rhopalosiphum maidis* and *Bemisia tabaci* — the order Hemiptera and Hymenoptera — *Apis mellifera*, have a larger number of genes of the immune system, compared with other species. And *Hyadaphis coriandri* and *Cinara cedri* (Hemiptera) contain the least of them.

The largest number of P450 genes is found in the genome of *B. tabaci* (128). *A. mellifera* has the most olfactory receptors found (85). Among aphids, the most detoxification system genes were found in *Macrosiphum albifrons* – 24 CCE genes and 80 UGT genes, respectively. There was no direct relationship between the number of genes of detoxification and chemoreception systems and the characteristics of insect nutrition.

Phylogenetic trees reflect a more frequent divergence of detoxification system genes within the superfamily Aphidoidea compared to insects of other taxa. The number of unique cytochromes orthologs in the Macrosiphini tribe prevails over the number of unique orthologs in the Aphidinae tribe.