

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

Аннотация к дипломной работе

СПАСЮК
ЕКАТЕРИНА АЛЕКСАНДРОВНА

**СКОРОСТЬ ЭВОЛЮЦИИ В БЕЛОК-КОДИРУЮЩИХ
УЧАСТКАХ МИТОХОНДРИАЛЬНЫХ ГЕНОМОВ
НАСЕКОМЫХ ИЗ ОТРЯДА ПОЛУЖЕСТКОКРЫЛЫЕ**

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

Минск, 2024

РЕФЕРАТ

Дипломная работа 51 с., 14 рис., 1 табл., 42 источника.

Ключевые слова: белок-кодирующие гены, митохондриальный геном, скорость эволюции, полужесткокрылые.

Объект исследования: белок-кодирующие участки митохондриальных геномов полужесткокрылых насекомых.

Цель: проведение анализа расчёта скорости эволюции белок-кодирующих участков в митохондриальном геноме полужесткокрылых насекомых.

Материалы и методы исследования: митохондриальные геномы 67 видов тлей, 15 видов белокрылок, 178 видов цикадок, 7 видов кокцид, 44 вида псиллид и 137 видов клопов из генетической базы данных GenBank. Методы: биоинформатические, компьютерные.

В результате исследовательской работы был проведён попарный расчёт dN/dS по кодонам между композитными последовательностями 462 видами полужесткокрылых в сравнении с внешней группой – *Adelges tsugae*, который показал, что на большинство видов рассматриваемой таксономической выборки действует отрицательный отбор. Средняя скорость эволюции для рассматриваемых таксонов составила: семейство Настоящие тли 0,16, семейства Aleyrodidae (белокрылки) 0,32, Cicadellidae (цикадки) 0,26, надсемейства Coccoidea (кокциды) 0,46, Psylloidea (псиллиды) 0,38 и подотряд Heteroptera (клопы) 0,4.

Также было показано, что в некоторых семействах, такие как Aphididae, Aleyrodidae, Cicadellidae и подотряде Heteroptera имеются виды, близкие к нейтральному отбору, а значит все изменения, происходящие в белок-кодирующих участках митохондриальных геномах будут случайны. В то же время, для трех видов из подотряда Heteroptera, а именно *Poecilocoris druriei*, *Eurygaster testudinaria*, *Trachypeplus jacobsoni*, значения dN/dS были значительно больше 1, а значит для них действует положительный отбор, что представляет интерес с научной точки зрения, ведь мутации, происходящие в их белок-кодирующих генах могут в будущем привести к закреплению новых признаков.

РЭФЕРАТ

Дыпломная работа 51 старонка, 14 малюнкаў, 1 табліца, 42 крыніцы.

Ключавыя словы: бялок-кадавальныя гены, мітахандрыяльны геном, хуткасць эвалюцыі, паўцвёрдакрылыя

Аб'екты даследвання: бялок-кадавальныя ўчасткі мітахандрыяльных геномаў паўцвёрдакрылых насякомых.

Мэта даследвання: правядзенне аналізу разліку хуткасці эвалюцыі бялок-кадавальных участкаў у мітахандрыяльным геноме паўцвёрдакрылых насякомых.

Матэрыялы і метады даследвання: мітахандрыяльныя геномы 67 відаў тлей, 15 відаў белакрылак, 178 відаў цыкадак, 7 відаў какцыд, 44 віды псілід і 137 відаў блашчыц з генетычнай базы дадзеных GenBank. Метады: біяінфарматычныя, камп'ютарныя.

У выніку даследчай працы быў праведзены папарны разлік dN / dS па кадонах паміж кампазітнымі паслядоўнасцямі 462 відамі паўцвёрдакрылых у параўнанні з знешняй групай - *Adelges tsugae*, які паказаў, што на большасць відаў разглядаанай таксанамічнай выбаркі дзейнічае адмоўны адбор. Сярэдняя хуткасць эвалюцыі для разгляданых таксонаў склала: сямейства Aphididae 0,16, сямейства Aleyrodidae (белакрылкі) 0,32, Cicadellidae (цыкадкі) 0,26, надсямейства Coccoidea (какцыды) 0,46, Psylloidea (псіліды) і падатрад Heteroptera (блашчыцы) 0,4.

Таксама было паказана, што ў некаторых сямействах, такія як Aphididae, Aleyrodidae, Cicadellidae і падатрад Heteroptera маюцца віды, блізкія да нейтральнага адбору, а значыць усе змены, якія адбываюцца ў бялок-кадавальных ўчастках мітахандрыяльных геномаў будуць выпадковыя. У той жа час, для трох відаў з падатрада Heteroptera, а менавіта *Poecilocoris drurarei*, *Eurygaster testudinaria*, *Trachypeplus jacobsoni*, значэнні dN/dS былі значна большыя за 1, а значыць для іх дзейнічае станоўчы адбор, што ўяўляе цікавасць з навуковага пункту гледжання, бо мутацыі, якія адбываюцца ў іх бялок-кадавальных генах могуць у будучыні прывесці да замацавання новых прыкмет.

ABSTRACT

Diploma project 51 p., 14 fig., 1 tables, 42 sources.

Key words: protein-coding genes, mitochondrial genome, rate of evolution, hemiptera.

Object of study: protein-coding regions of the mitochondrial genomes of hemipteran insects.

The aim of the research: analysis of the calculation of the rate of evolution of protein-coding sites in the mitochondrial genome of hemipteran insects.

The research methods: mitochondrial genomes of 67 species of aphids, 15 species of whiteflies, 178 species of cicadas, 7 species of coccids, 44 species of psyllids and 137 species of bedbugs from the GenBank genetic database. Methods: bioinformatic, computerized.

The research work resulted in pairwise calculation of dN/dS on codons between composite sequences of 462 species of hemipterans in comparison with an external group - *Adelges tsugae*, which showed that most species in the taxonomic sample under consideration are subject to negative selection. The average evolutionary rate for the considered taxa was the family Aphididae 0.16, families Aleyrodidae (whiteflies) 0.32, Cicadellidae (cicadas) 0.26, superfamilies Coccoidea (coccids) 0.46, Psylloidea (psyllids) 0.38 and suborder Heteroptera (bedbugs) 0.4.

It was also shown that some families such as Aphididae, Aleyrodidae, Cicadellidae and suborder Heteroptera have species close to neutral selection, which means that all changes occurring in protein-coding regions of mitochondrial genomes will be random. At the same time, for three species from the suborder Heteroptera, namely *Poecilocoris druriei*, *Eurygaster testudinaria*, *Trachypeplus jacobsoni*, the values of dN/dS were significantly greater than 1, which means that positive selection operates for them, which is of interest from the scientific point of view, because mutations occurring in their protein-coding genes can lead to the fixation of new traits in the future.