

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

Аннотация к дипломной работе
«Амплификация региона повторов в митохондриальном геноме тли
***Therioaphis tenera*»**

Мохоровой Анны Сергеевны

Научный руководитель Левыкина С.С.

Минск, 2025

РЕФЕРАТ

Дипломная работа 57 страниц, 34 рисунка, 14 таблиц, 58 источника литературы, 6 приложений.

КЛЮЧЕВЫЕ СЛОВА: ТЛИ, МИТОХОНДРИАЛЬНЫЙ ГЕНОМ, НЕКОДИРУЮЩИЕ ОБЛАСТИ, РЕГИОН ПОВТОРОВ, *THERIOAPHIS TENERA*, ЭЛЕКТРОФОРЕЗ, ПЦР, СЕКВЕНИРОВАНИЕ.

Объект исследования: регион повторов в митохондриальном геноме тли *Therioaphis tenera*.

Целью дипломной работы является амплификация региона повторов в митохондриальном геноме тли *Therioaphis tenera*.

Методы: молекулярные, биоинформатические.

В результате проведенной работы была выделена ДНК тли *Therioaphis tenera*, видовая принадлежность была подтверждена классическими морфологическими и молекулярно-генетическими методами. ДНК-штрихкод *T. tenera* депонирован в базу данных NCBI под идентификационным номером PP723732.

Разработано восемь пар праймеров, из которых три предназначены для амплификации региона повторов целиком и пять пар праймеров для амплификации методом последовательной ПЦР, а также подобраны протоколы реакционных смесей и программ амплификации.

Получен сиквенс для участка региона повторов mp3, локализованного в центральной части региона повторов *T. tenera*. Из-за пониженного качества очистки амплифицированного участка, сиквенс содержал локусы, прочтенные неоднозначно. Результаты выравнивания сиквенса mp3 на митохондриальный геном *T. tenera* могут указывать как на наличие региона повторов определенной длины у всех представителей вида *T. tenera*, так и на внутривидовую вариабельность длины и нуклеотидного состава региона повторов, в связи с чем необходимы дальнейшие исследования в этом направлении.

Предполагается, что праймеры для амплификации региона повторов целиком могут обладать свойством универсальности. Это означает, что они смогут быть использованы не только для амплификации некодирующего участка митохондриального генома *T. tenera*, но и других видов, что в перспективе может оказаться альтернативным диагностическим инструментом при видовой идентификации тлей.

РЭФЕРАТ

Дыпломная работа 57 старонак, 34 малюнка, 14 табліц, 58 крыніц літаратуры, 6 прыкладанніў.

КЛЮЧАВЫЯ СЛОВЫ: тлі, мітахандрыяльны геном, некадавальныя вобласці, рэгіён паўтораў, *Therioaphis tenera*, электрафарэз, ПЛР, секвеніраванне.

Аб'ект даследавання: рэгіён паўтораў у мітахандрыяльным геноме тлі *Therioaphis tenera*.

Мэтай дыпломнай працы з'яўляецца ампліфікацыя рэгіёна паўтораў у мітахандрыяльным геноме *Therioaphis tenera*.

Метады: малекулярныя, біяінфарматычныя.

У выніку праведзенай працы была выдзелена ДНК тлі *Therioaphis tenera*, відавая прыналежнасць якой была пацверджана з выкарыстаннем класічных марфалагічных і малекулярна-генетычных метадаў. ДНК-штрыхкод *T. tenera* быў дэпаніраваны ў базу дадзеных NCBI пад ідэнтыфікацыйным нумарам PP723732.

Было распрацавана восем пар праймераў, з якіх тры прызначаны для ампліфікацыі рэгіёна паўтораў цалкам, а пяць пар — для паступовай ампліфікацыі з дапамогай метаду паслядоўнай ПЦР.

Атрыманы сіквенс фрагмента рэгіёна паўтораў mp3, лакалізаванага ў цэнтральнай частцы рэгіёна паўтораў *T. tenera*. У сувязі з недастатковай якасцю ачысткі ампліфікаванага ўчастка, сіквенс утрымліваў участкі з неадназначным счытваннем нуклеатыдаў. Вынікі выраўноўвання сіквенса mp3 з мітахандрыяльным геномам *T. tenera* могуць сведчыць як аб наяўнасці рэгіёна паўтораў пэўнай даўжыні, уласцівага ўсім прадстаўнікам віду *T. tenera*, так і аб унутрывідавай зменлівасці яго даўжыні і нуклеатыднага складу, што патрабуе далейшых даследаванняў у гэтым кірунку.

Мяркуюцца, што праймеры, распрацаваныя для ампліфікацыі ўсяго рэгіёна паўтораў, могуць валодаць уніфікаванасцю. Гэта значыць, яны могуць быць выкарыстаны не толькі для некодуючага ўчастка мітахандрыяльнага геному *T. tenera*, але і для іншых відаў, што ў перспектыве можа стаць альтэрнатыўным дыягнастычным інструментам для відавай ідэнтыфікацыі тлей.

ABSTRACT

The graduation project includes: pages 57, figures 34, tables 14, sources 58, supplements 6.

Key words: aphids, mitochondrial genome, non-coding regions, repeat region, *Therioaphis tenera*, electrophoresis, PCR, sequencing.

Object of study: repeat region in the mitochondrial genome of the aphid *Therioaphis tenera*.

The aim of the work is to amplify the repeat region in the mitochondrial genome of the aphid *Therioaphis tenera*.

Methods: molecular, bioinformatics.

As a result of the conducted work, DNA of the aphid *Therioaphis tenera* was extracted, and species identification was confirmed using classical morphological and molecular-genetic methods. The DNA barcode of *T. tenera* was deposited in the NCBI database under the accession number PP723732.

Eight pairs of primers were developed, of which three are intended for amplification of the entire repeat region and five pairs of primers for amplification by sequential PCR, and protocols for reaction mixtures and amplification programs were selected.

A sequence of the mp3 repeat region fragment, localized in the central part of the *T. tenera* repeat region, was obtained. Due to suboptimal purification of the amplified fragment, the sequence contained loci with ambiguous base calls. The obtained alignment results of the mp3 sequence with the mitochondrial genome of *T. tenera* may indicate the presence of a repeat region of a certain length common to all representatives of the species *T. tenera*, as well as intraspecific variability in the length and nucleotide composition of the repeat region, suggesting the need for further research in this area.

It is assumed that the primers designed for full-region amplification may possess universality, meaning that they could potentially be used not only for amplifying the non-coding region of the mitochondrial genome of *T. tenera*, but also of other species, which may serve as an alternative diagnostic tool for aphid species identification in the future.