

МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ

БЕЛОРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ

БИОЛОГИЧЕСКИЙ ФАКУЛЬТЕТ

Кафедра общей экологии и методики преподавания биологии

Аннотация к дипломной работе
**«РАЗРЕШИМОСТЬ КОДИРУЮЩИХ И НЕКОДИРУЮЩИХ
МИТОХОНДРИАЛЬНЫХ МАРКЁРОВ ДЛЯ ФИЛОГЕНИИ ЖУКОВ
СЕМЕЙСТВА ЛИСТОЕДЫ (CHRYSOMELIDAE)»**

Каскевич Анастасии Евгеньевны

Научный руководитель Левыкина С.С.

Минск, 2025

РЕФЕРАТ

Дипломная работа: 25 страниц, 4 рисунка, 66 источников.

Ключевые слова: *Chrysomelidae*, митохондриальный геном, митохондриальные маркеры, филогенетические деревья, композиторные последовательности.

Объект исследования: митохондриальные маркеры семейства листоеды (*Chrysomelidae*).

Цель работы: Исследование разрешимости митохондриальных маркеров семейства листоеды (*Chrysomelidae*).

Методы исследования: составление композиторных последовательностей и их выравнивание в MEGA X. Построение филогенетических деревьев методами UPGMA, neighbour-joining, minimum evolution.

Результаты проведенных исследований: в ходе работы были получены 40 последовательностей митохондриального генома жуков семейства *Chrysomelidae*. После создания композиционных цепей и их выравнивания в приложении MEGA, можно сделать следующие выводы: гены, кодирующие белок в митогеномах сравнительно консервативны в стартовых и стоп-кодонах. Митохондриальные кодирующие белки гены большинства видов семейства *Chrysomelidae*, изученных в данной работе, преимущественно используют стандартный стартовый кодон ATG или другие варианты ATN. Терминирующие кодоны, как правило, TAA или TAG, с некоторыми неполными стоп-кодонами (T или TA). Наиболее частым стартовым кодоном в гене COX1 является ATT, за которым следует ATC. Использование ACC в качестве стартового кодона для гена CO1 у *B. siliquastri* в высшей степени специфично для вида. Длины пяти генов CO3, ND1, ND3, ATP8 и CYTB относительно консервативны среди 40 видов *Chrysomelidae*. Напротив, оставшиеся восемь генов показывают большее разнообразие длин. Двадцать два типичных гена транспортной РНК также были идентифицированы. Самая длинная транспортная РНК — trnK у *Altica* sp. и *Euphitrea* sp., тогда как самая короткая тРНК — trnR у *O. maculatus*. Как незаменимый некодирующий фрагмент, Д-петля митогенома инициирует транскрипцию и репликацию. Она расположена между srRNA и trnI. Д-петля митогеномов насекомых включают несколько структурных элементов (последовательности tandemных повторов, области поли-Т, области, богатые GA, и последовательности начала репликации и т. д.), которые не имеют очевидных закономерностей сохранения. Tandемные повторы были обнаружены

у большинства видов. Два типа областей tandemных повторов присутствовали в *Altica sp.*, с длиной 314 п. н. и 77 п. н., и три области поли-Т были обнаружены между этими областями tandemных повторов. У *Euphitrea sp.* были идентифицированы три области tandemных повторов, также как и у *O. bowringii*. У *O. maculatus* было обнаружено четыре tandemных повтора. Изменчивость числа и длины структурных элементов, особенно tandemных повторов, приводит к значительным различиям в Д-петле среди видов. Эти характеристики могут быть предложены в качестве надежных маркеров для исследований в области филогенетики и эволюции. Для анализа филогенетических деревьев наилучшим оказался метод связывания ближайших соседей (neighbour-joining).

РЭФЕРАТ

Дыпломная праца: 25 старонак, 4 малюнкi, 66 крыніц.

Ключавыя словы: *Chrysomelidae*, мітахандрыяльны геном, мітахандрыяльныя маркеры, філагенетычныя дрэвы, кампазітарныя паслядоўнасці.

Аб'ект даследавання: мітахандрыяльныя маркеры сямейства лістаеды (*Chrysomelidae*).

Мэта працы: Даследаванне адрознасці мітахандрыяльнай маркераў сямейства лістаеды (*Chrysomelidae*).

Метады даследавання: складанне кампазітарных паслядоўнасцяў і іх выраўноўванне ў MEGA X. Пабудова філагенетычных дрэў метадамі UPGMA, neighbour-joining, minimum evolution.

Вынікі праведзеных даследаванняў: у ходзе работы былі атрыманы 40 паслядоўнасцяў мітахандрыяльных геномаў жукоў сямейства *Chrysomelidae*. Большасць відаў сямейства *Chrysomelidae* у дадзенай працы пераважна выкарыстоўваюць стандартны стартавы кодон ATG ці іншыя варыянты ATN. В. *siliquastri* ў вышэйшай ступені спецыфічна для выгляду Даўжыні пяці генаў CO3, ND1, ND3, ATP8 і CYTB адносна кансерватыўныя сярод 40 відаў *Chrysomelidae*. sp. і *Euphitrea* sp., Тады як самая кароткая тРНК - trnR ў *O. maculatus*. вобласці, багатыя GA, і паслядоўнасці пачатку рэплікацыі і т. д.), якія не маюць відавочных заканамернасцяў захавання. *Euphitrea* sp. былі ідэнтыфікаваны тры вобласці тандэмных паўтораў, таксама як і ў *O. bowringii*. У *O. maculatus* было выяўлена чатыры тандэмных паўтору. Для аналізу філагенетычных дрэў найлепшым аказаўся метада звязвання бліжэйшых суседзяў (neighbour-joining).

ABSTRACT

Thesis: 25 pages, 4 figures, 66 sources.

Keywords: *Chrysomelidae*, mitochondrial genome, mitochondrial markers, phylogenetic trees, composite sequences.

Object of the study: mitochondrial markers of the *Chrysomelidae*.

Objective of the work: Study of the resolvability of mitochondrial markers of the *Chrysomelidae*.

Research methods: compilation of composite sequences and their alignment in MEGA X. Construction of phylogenetic trees using UPGMA, neighbour-joining, minimum evolution methods.

Results of the conducted research: during the work, 40 sequences of the mitochondrial genome of beetles of the *Chrysomelidae* were obtained. After generating the composite strands and aligning them in MEGA, the following conclusions can be drawn: Protein-coding genes in mitogenomes are relatively conserved in start and stop codons. Mitochondrial protein-coding genes of most *Chrysomelidae* species studied here predominantly use the standard ATG start codon or other ATN variants. Stop codons are usually TAA or TAG, with some incomplete stop codons (T or TA). The most frequent start codon in the COX1 gene is ATT, followed by ATC. The use of ACC as a start codon for the CO1 gene in *B. siliquastri* is highly species-specific. The lengths of five genes CO3, ND1, ND3, ATP8 and CYTB are relatively conserved among 40 *Chrysomelidae* species. In contrast, the remaining eight genes show greater length diversity. Twenty-two typical transfer RNA genes were also identified. The longest transfer RNA is trnK in *Altica* sp. and *Euphitrea* sp., while the shortest tRNA is trnR in *O. maculatus*. As an essential noncoding fragment, the D-loop of the mitogenome initiates transcription and replication. It is located between srRNA and trnI. The D-loop of insect mitogenomes includes several structural elements (tandem repeat sequences, poly-T regions, GA-rich regions, and replication origin sequences, etc.), which have no obvious conservation patterns. Tandem repeats were found in most species. Two types of tandem repeat regions were present in *Altica* sp., with lengths of 314 bp and 77 bp, and three poly-T regions were found between these tandem repeat regions. In *Euphitrea* sp. Three tandem repeat regions were identified, as in *O. bowringii*. In *O. maculatus*, four tandem repeats were found. Variability in the number and length of structural elements, especially tandem repeats, leads to significant differences in the D-loop

among species. These characteristics can be proposed as reliable markers for phylogenetic and evolutionary studies. Neighbour-joining proved to be the best method for the analysis of phylogenetic trees.