

## ПРОЦЕССИРОВАННЫЕ ПСЕВДОГЕНЫ EF1a У ТЛЕЙ

Кулешова О.С.

студентка 2 курса БГУ, г. Минск, Республика Беларусь

Научный руководитель – Воронова Н.В.

Ретрогены, это участки ДНК, которые образовались в результате обратной транскрипции мРНК. Такие процессированные псевдогены представляют собой научный интерес, т.к. об их функциональной активности и происхождении мало что известно.

Тли, это вредители растений, которые представляют собой интересный объект для изучения [1]. Эти насекомые способны быстро приспосабливаться к изменяющимся условиям среды, и, благодаря способности к партеногенезу, одна самка может стать началом нескольких поколений, в которых будет насчитываться несколько сотен тысяч насекомых [2].

Ретрогены в большей или меньшей степени изучены у разных организмов: млекопитающих, насекомых и растений. Однако, о ретрогенах насекомых известно меньше всего.

Цель исследования – выяснить, насколько часто встречаются процессированные псевдогены у тлей. Для этого мы использовали данные GenBank NCBI, а именно, депонированные исследователями в разные годы последовательности EF1a.

**Материал и методы.** Последовательности для анализа были получены из GenBank NCBI [3], а также расшифрованы сотрудниками и студентами кафедры зоологии БГУ. Выравнивание последовательностей провели в программе MEGA7 по полной белок-кодирующей области мРНК с использованием алгоритма Muscle. Всего было проанализировано 1846 последовательностей EF1a тлей в области с 215 по 1103 нуклеотид белок-кодирующей области [4], что соответствует 2–5 экзону и 2–4 интронам. Наличие или отсутствие в последовательностях соответствующих интронов оценивали визуально. Последовательности без интронов считали ретрогенами.

**Результаты и их обсуждение.** Проанализировав все 1846 последовательностей EF1a тлей, мы обнаружили 23 последовательности, которые могут быть отнесены к процессированным псевдогенам EF1a. При этом оказалось, что в разных последовательностях могли отсутствовать все или некоторые интроны. Только интрон-2 отсутствовал у *Tuberaphis styraci* Matsumura; только интрон-3 отсутствовал у *Dysaphis newskyi* Wagner, интрон-4 отсутствовал у *Myzus nicotianae* Blackman, *Cinara wahtolca* Hottes, *Schlechtendalia peitan* Bell, *Ceratovacuna silvestrii* Takahashi, *Pemphigus borealis* Tullgren; интроны 2 и 3 отсутствовали у *Meitanaphis elongallis* Tsai, Tang, *Schlechtendalia chinensis* Bell, *Eriosoma lanigerum* Hausmann, *Ceratoglyphina bambusae* Van der Goot, *Hormaphis similibetulae* Qiao, Zhang, *Ktenopteryx eosocallis* Qiao, Zhang, *Phloeomyzus passerinii* Signoret, *Mindarus keteleerifoliae* Zhang, *Epipemphigus yunnanensis* Zhang, *Prociphilus ligustrifoliae* Tseng, Tau. Все 3 интрона, которые должны располагаться в анализируемой области гена EF1a, отсутствовали у *Megoura crassicauda* Mordvilko, *Pemphigus populist* Courchet, *Eulachnus rileyi* Williams, *Eriosoma lanuginosum* Hartig, *Pseudoregma koshuensis* Takahashi, *Eriosoma ulmi* L.

Исходя из анализа последовательностей, представленных в GenBank, нельзя заключить, что появление ретрогенов EF1a имеет приуроченность к какому-то конкретному таксону тлей. Однако наибольшая встречаемость ретрогенов была обнаружена у тлей семейства Pemphigidae, к которому принадлежало 45,8% процентов последовательностей лишенных интронов; к семейству Hormaphididae – 25% последовательностей; семейству Aphididae – 12,5%; семейству Lachnidae – 8,3%; Phloeomyzidae – 4,2%, Mindaridae – 4,2%.

**Заключение.** Таким образом, в проанализированной выборке гена EF1a из 1846 последовательностей тлей было найдено 1,2% последовательностей не содержащих интронов. Большинство таких последовательностей было обнаружено у тлей, принадлежащих семейству Pemphigidae.

1. Вариабельность структуры и нуклеотидного состава гена EF1a у тлей (Hemiptera: Sternorrhyncha: Aphidoidea) / Н.В. Воронова, В.И. Головенчик, С.В. Буга, В.П. Курченко // Труды БГУ. – 2013. – Т. 8, Ч. 1. – С. 183–192.
2. Тля – экскурсия в жизнь мелкого паразита [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://beetlestop.ru/tlya-ekskursiya-v-zhizn>. – Дата доступа: 09.09.2017.
3. GenBank NCBI [Electronic resource]: The National Center for Biotechnology Information – Mode of access: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov> – Date of access: 09.09.2017.
4. Разработка ПЦР-ПДРФ таблиц на основе последовательности гена EF1a для идентификации видов тлей – вредителей сельскохозяйственных растений / Н.В. Воронова, В.И. Головенчик // Молекулярная и прикладная генетика: сб. науч. тр. – Минск, 2015. – Том 19. – С.100–109.