

Филогения генов системы детоксикации тли *Aphis craccivora* Koch, 1854

Научный руководитель – Воронова Нина Владимировна

Грудько Алиса Юрьевна

Студент (бакалавр)

Белорусский государственный университет, Биологический факультет, Кафедра общей экологии и методики преподавания биологии, Минск, Беларусь

E-mail: alice.moon7@mail.ru

Введение. Интерес к системе детоксикации тли *Aphis craccivora* обусловлен ее способностью к метаболизму широкого спектра различных веществ вследствие полифагии. Филогенетический анализ генов этой системы позволяет раскрыть подробности ее формирования, а также проверить универсальность номенклатуры, принятой для данных генов.

Материалы и методы. Множественное выравнивание нуклеотидных последовательностей кодирующих участков генов производилось с помощью Clustal Omega (версия 1.2.4) [4], выбор модели осуществлялся в программе Modeltest-NG [2]. Для построения деревьев использовался программный пакет BEAST версии 2.6.3 [1].

Результаты. На основе глобальных выравниваний белок-кодирующих последовательностей генов системы детоксикации (ABC транспортеры, карбоксилэстеразы, цитохромы P450, глутатион-S-трансферазы, УДФ-глюкуронозилтрансферазы) тли вида *Aphis craccivora* было построено по филогенетическому дереву для каждой из 5 указанных выше групп. На филогенетическом дереве ABC транспортеров можно выделить 3 основных кластера, один из которых далее разделяется еще на 2. Интересно, что гены подсемейства G оказались в 2 самостоятельных кластерах. Отдельные кластеры сформировали также гены подсемейств С и F. Цитохромы P450 на филогенетическом дереве организуются в 2 крупных кластера. Один из них, помимо прочего, включает в себя большое разнообразие генов 4C1, распределенных между двумя кластерами, но имеющих, однако, одинаковое название. Второй кластер образован разнородными группами, кроме того, очевидно несоответствие номенклатуры разнообразию генов 6A13. Таким образом, в классификации цитохромов P450 необходима стандартизация и переход к более удачной номенклатуре (например, по Нельсону [3]). В генах карбоксилэстераз можно выделить 4 различных кластера: карбоксилэстеразы 1 (частичные последовательности), два кластера эстераз E4, в одном из которых присутствует ген *venom carboxylesterase-6* (EST6), и эстеразы FE4 с карбоксилэстеразами без групповой принадлежности (недавно разошедшиеся ветви). Разделение эстераз E4 на два кластера может говорить о неоднородности этой группы и необходимости совершенствования имеющейся номенклатуры. Что касается глутатион S-трансфераз, 6 последовательностей разделились на 3 номенклатурные группы: дельта, сигма и тета. По положению на филогенетическом дереве удалось определить принадлежность неназванного гена к классу сигма. Гены, кодирующие УДФ-глюкуронозилтрансферазы, разделились на 2 кластера, при этом более крупный так же образован двумя кластерами, содержащими, в основном, гены 2A и 2B групп. В последнем, однако, среди других встречаются гены 2C1, а одни и те же гены не кластеризуются вместе. Возвращаясь к более мелкому из двух первых кластеров, можно видеть, что он включает в себя гены сразу трех подсемейств: 2A, 2B и 2C. Все вышеуказанные несоответствия могут свидетельствовать о необходимости доработки системы классификации данной группы генов.

Заключение. Таким образом, в результате построения и описания филогенетических деревьев генов системы детоксикации тли *Aphis craccivora* было показано, что систематика генов цитохромов P450, карбоксилэстераз и УДФ-глюкуронозилтрансфераз требует уточнения в связи с неоднородностью сформированных кластеров.

Источники и литература

- 1) Bouckaert R. [et al.] BEAST 2.5: An advanced software platform for Bayesian evolutionary analysis // PloS computational biology. 2019. Vol. 15. No. 4. e1006650.
- 2) Darriba D. [et al.] ModelTest-NG: A New and Scalable Tool for the Selection of DNA and Protein Evolutionary Models // Molecular Biology and Evolution. 2020. Vol. 37. No 1. P. 291–294.
- 3) Nelson D.R. The Cytochrome P450 Homepage // Human Genomics. 2009. No. 4. P. 59-65.
- 4) Sievers F. [et al.] Fast, scalable generation of high-quality protein multiple sequence alignments using Clustal Omega // Molecular Systems Biology. 2011. No. 7:539.