

**Высокая консервативность структуры митохондриальных геномов тлей  
(Hemiptera, Aphididae)****Научный руководитель – Воронова Нина Владимировна****Левыкина Софья Сергеевна***Студент (магистр)*

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

*E-mail: s.lewykina@yandex.by*

Митохондриальные геномы насекомых представляют собой многокопийные двуцепочечные кольцевые молекулы, несущие в структуре безынтронные гены белков дыхательной цепи, тРНК, рРНК, а также небольшого по протяженности некодирующего участка, задействованного в процессе репликации [1]. Среда матрикса митохондрий содержит множество свободных радикалов, что характеризует ее как агрессивную по отношению к локализованным в ней митогеномам. Как следствие, митохондриальным геномам свойственно быстрое накопление нуклеотидных замен. С учетом того, что тлям свойственен малый эффективный размер популяции, состоящей преимущественно из партеногенетических самок, и высокая скорость генерации, можно ожидать, что у тлей будет наблюдаться широкая вариабельность нуклеотидного состава и структуры митохондриальных геномов, как в случае филогенетически наиболее близкой к ним группе - белокрылок [2].

В этой работе мы представляем данные о структуре митогеномов 9 видов тлей - вредителей культивируемых на территории Республики Беларусь сельскохозяйственных, декоративных и лекарственных растений. Нами была осуществлена сборка и аннотация полных митохондриальных геномов для следующих видов тлей: *Acyrtosiphon caraganae* (Cholodkovsky, 1908), *Aphis craccivora* (Koch, 1854), *Aph. fabae mordvilkoii* (Börner & Janisch, 1922), *Appendiseta robiniae* (Gillette, 1907), *Brevicoryne brassicae* (Linnaeus, 1758), *Macrosiphum albifrons* (Essig, 1911), *Ma. rosae* (Linnaeus, 1758), *Myzus persicae* (Sulzer, 1776), *Therioaphis tenera* (Aizenberg, 1956).

В результате структурной аннотации было установлено, что для 8 из 9 видов тлей характерна предковая структура митохондриального генома. В митохондриальном геноме *T. tenera* установлена делеция гена, кодирующего тРНК фенилаланина. При этом геном этого вида имеет наибольшую длину (19200 п.н.) среди митохондриальных геномов тлей, представленных в генетической базе данных Genbank NCBI. Такой размер митогенома обусловлен протяженным некодирующим регионом повторов.

Аналогичная картина наблюдается при рассмотрении нуклеотидного состава - для 8 митохондриальных геномов содержание аденин-тиминовых оснований лежит в диапазоне 81,7-84,1 %. В геноме *T. tenera* АТ-содержание нетипично низкое - 79,1 %. При этом, в тяжелой цепи предпочтительно используются адениновые и цитозиновые основания, тогда как в легкой - адениновые и гуаниновые.

Таким образом, несмотря на ожидаемую изменчивость как генной организации, так и нуклеотидной композиции митохондриального генома у тлей, особенностью их геномов является высокая консервативность, не поддерживаемая ни особенностями их биологии, ни данными, известными для родственных таксонов.

**Источники и литература**

- 1 Chen J. [et al.] The mitochondrial genome of *Greenidea psidii* van der Goot (Hemiptera: Aphididae: Greenideinae) and comparisons with other Aphididae aphids // International Journal of Biological Macromolecules, Vol. 122. 2019. P. 824-832.

- 2 Shao R. [et al.] Increased Rate of Gene Rearrangement in the Mitochondrial Genomes of Three Orders of Hemipteroid Insects // *Molecular Biology and Evolution*, Vol. 18. 2001. No 9. P. 1828-1832.