

Митогеномика фитопаразитических арахнид: разнообразие и структура митохондриальных геномов клещей подсемейства Cecidophyinae**Научный руководитель – Четвериков Филипп Евгеньевич****Ганкевич Владимир Денисович**

Аспирант

Зоологический институт РАН, Saint Petersburg, Россия

E-mail: vd_gankevich@mail.ru

Галловые или четырехногие клещи (Acariformes, Eriophyoidea) – микроскопические гостально специфичные паразиты высших растений. Они имеют червеобразное тело, покрытое кольцевыми кутикулярными складками, и только две пары ходильных конечностей. Описано около 5000 видов галловых клещей, которые относятся к трем семействам: Eriophyidae, Diptilomiopidae и Phytoptidae. Попытки реконструировать филогенез этой группы, основываясь на морфологическом анализе, не увенчались успехом. Препятствием стало большое количество гомоплазий и отсутствие явных синапоморфий у представителей надсемейства. Не решает проблему и молекулярный анализ отдельных маркерных последовательностей (18S, 28S, 16S, Cox1). Возможно, эта проблема может быть решена с применением филогеномного подхода. В связи с этим, наша основная задача – получить данные о структуре и разнообразии митохондриальных геномов галловых клещей и реконструировать филогенез Eriophyoidea на основе анализа митогеномных данных.

Наиболее разнообразным и неудовлетворительно систематизированным макротаксоном галловых клещей является семейство Eriophyidae. Согласно последним данным, только три из семи подсемейства эриофиид считаются монофилетическими: Nothopodinae, Cecidophyinae и Diptilomiopinae. В ходе данной работы мы протестировали морфологическую гипотезу о монофилии подсемейства Cecidophyinae. Были собраны и проаннотированы полнокольцевые митохондриальные контиги 5 видов галловых клещей подсемейства Cecidophyinae из трёх родов: *Cecidophyopsis* (*C. ribis*, *C. vermiformis*, *C. hendersoni*), *Cecidopyes* (*C. fibigae*) и *Coptophylla* (*C. lamimani*). Все митогеномы имеют стандартный набор из 13 белок-кодирующих генов, 22 генов tRNA, 2 генов rRNA и контрольного региона. Длина геномов варьирует от 13363 bp до 14022 bp. Порядок генов близок к таковому у других представителей семейств Eriophyidae и Diptilomiopidae и содержит консервативные кластеры генов как на позитивной, так и на негативной цепях ДНК. При этом порядок генов в митогеномах родов *Cecidophyopsis* и *Cecidopyes* идентичен. В отличие от клещей из этих двух родов, в митогеноме *Coptophylla* ген trnC расположен перед 12s rRNA, а контрольный регион - между генами 12s и 16s рРНК. Размер контрольного региона у проанализированных видов цецидофиин варьирует в пределах от 161 bp у *C. lamimani* до 375 bp у *C. hendersoni*. Контрольные регионы клещей родов *Cecidophyopsis* и *Cecidopyes* включают D-петли и поли(АТ)-повторы. Митогеномный филогенетический ML-анализ матрицы, состоящей из последовательностей митохондриальных генов рРНК и 12 белок-кодирующих генов, показал 99%-ную поддержку клады Cecidophyinae. Таким образом на митогеномном материале монофилия подсемейства подтверждается, однако, для окончательного вывода требуется включение большего количества надвидовых таксонов цецидофиин. Работа выполнена при поддержке гранта РФФ 23-24-00063.