

ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ГЛОБАЛЬНЫХ БАЗ ДАННЫХ НУКЛЕОТИДНЫХ И АМИНОКИСЛОТНЫХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ ДЛЯ НАПИСАНИЯ НАУЧНЫХ СТАТЕЙ

Желенговская Е. Н. (УО МГПУ им. И. П. Шамякина, г. Мозырь)

Научный руководитель – М. М. Воробьева, ассистент

В последние годы развитие компьютерных технологий предоставило исследователям возможность использовать совершенно новые подходы для решения практических задач в биологии. Так, например, появление метода секвенирования ДНК (или отдельных участков ДНК) и компьютерного анализа последовательностей, а также расширенный доступ к сети Интернет позволили создать бесплатные Международные базы данных (GenBank, BOLD), содержащие информацию о нуклеотидных и аминокислотных последовательностях генов живых организмов.

Самой крупной Международной генетической базой данных является GenBank, созданный Американским национальным центром биотехнологической информации. К настоящему времени в GenBank депонированы последовательности более чем для 200000 видов живых организмов [1]. Второй крупнейшей базой данных последовательностей гена субъединицы 1 цитохромоксидазы *c* (COI) является система BOLD, созданная на базе Канадского института биоразнообразия и университета Онтарио. По последним данным в BOLD представлено 8124037 нуклеотидных последовательностей для 277074 видов протистов, грибов, растений и животных, которые находятся в открытом доступе и пополняются исследователями из различных стран мира [2]. Так, например, благодаря многолетним исследованиям научных сотрудников Белорусского государственного университета на сегодняшний день расшифрованы и депонированы в GenBank нуклеотидные последовательности генов субъединицы α фактора элонгации 1 (EF1 α) и COI для 28 видов тлей фауны Беларуси, принадлежащих к числу опасных вредителей сельскохозяйственных и иных возделываемых культур. Нуклеотидные и аминокислотные последовательности, расшифрованные для живых организмов, находятся в открытом доступе и могут быть использованы в качестве материала для проведения научных исследований и написания статей.

В рамках настоящего исследования мы рассмотрим гены, которые широко используются в геносистематических и филогенетических исследованиях насекомых. Митохондриальные гены (COI, COII и *cytb*) – обладают высокой консервативностью, в связи с чем могут быть использованы в качестве ДНК-штрихкода для корректной диагностики трудно дифференцируемых по морфологическим признакам видов и подвидов насекомых, для изучения генетической структуры вида и оценки внутривидового и межвидового генетического полиморфизма, а также для установления эволюционного родства. На сегодняшний день нуклеотидные последовательности митохондриальных генов, в частности, гена COI расшифрованы и депонированы в BOLD и GenBank. Так, например, в BOLD на сегодняшний день депонировано 4705271 нуклеотидных последовательностей гена COI для 232377 видов насекомых, в частности, наиболее хорошо представлены Coleoptera – 445311 последовательностей, Diptera – 2190897 последовательностей, Hemiptera – 310833 последовательности, Hymenoptera – 953660 последовательностей и Lepidoptera – 1530318 последовательностей [2]. Среди ядерных генов при работе с насекомыми наиболее перспективным является ген EF-1 α . Поскольку EF-1 α принадлежит к числу наиболее консервативных генов ядерного генома насекомых, его удобно использовать для диагностики видов тлей внутри одного рода, а также в качестве дополнительного маркера для идентификации трудно дифференцируемых, близкородственных видов насекомых. Нуклеотидные последовательности гена EF-1 α расшифрованы и депонированы в GenBank для некоторых таксонов насекомых. Среди ядерных генов огромный практический интерес представляют гены цитохромов *r450*, участвующие в трансформации вторичных метаболитов растений и инсектицидов. Нуклеотидные последовательности генов *CYP450* также находятся в открытом доступе для некоторых таксонов насекомых, в связи с чем могут быть использованы для оценки внутривидового и межвидового генетического полиморфизма у насекомых в зависимости от типа пищевой специализации.

Таким образом, можно заключить, что Международные базы данных, содержащие информацию о нуклеотидных и аминокислотных последовательностях живых организмов, в частности животных, предоставляют уникальную возможность реализации научных идей.

Литература

1. BOLD Systems v4 / BOLD Systems v4. – Ontario, 2017. – [Электронный ресурс]. – Режим доступа : http://www.barcodinglife.org/index.php/TaxBrowser_Home. – Дата доступа: 25.03.2018.
2. GenBank Overview / GenBank Overview. – USA, 2017 [Electronic resource]. – Mode of access: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>. – Data of access: 25.03.2018.