

ГОСУДАРСТВЕННОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ
ВЫСШЕГО ПРОФЕССИОНАЛЬНОГО ОБРАЗОВАНИЯ
«ТОМСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ»

**ФУНДАМЕНТАЛЬНЫЕ
И ПРИКЛАДНЫЕ АСПЕКТЫ
СОВРЕМЕННОЙ БИОЛОГИИ**

**Первая Всероссийская
молодежная научная конференция, посвященная
125-летию биологических исследований
в Томском государственном
университете**

(Томск, 6–9 октября 2010 г.)



Издательство Томского университета

2010

**МОЛЕКУЛЯРНАЯ ФИЛОГЕНИЯ ТАРАКАНОВ
РОДА *BLABERUS SERVILLE*, 1831
(DICTYOPTERA, BLATTINA)¹**

В.А. Мавропуло, С.В. Лукьянцев, Л.Н. Анисюткин, Д.В. Муха

*На основании исследования ядерных и митохондриальных маркеров предложена гипотеза о филогенетических отношениях ряда представителей рода *Blaberus*.*

**MOLECULAR PHYLOGENY
OF THE GENUS *BLABERUS SERVILLE*, 1831
(DICTYOPTERA, BLATTINA)**

V.A. Mavropulo, S.V. Lukyantsev, L.N. Anisyutkin, D.V. Mukha

*On the basis of several nuclear and mitochondrial markers analysis the hypothesis of relationships of several *Blaberus* species is suggested.*

Тараканы являются одной из древнейших групп насекомых; среди них известны синантропные виды, имеющие хозяйственное значение как вредители пищевых продуктов и растений, так и переносчики возбудителей инфекционных болезней и паразитов. Изучение представителей данной группы насекомых может обогатить науку ценными данными теоретического значения, а также имеет определенный практический интерес.

Современные представления об эволюции тараканов базируются главным образом на сравнительно-морфологическом анализе и являются во многом дискуссионными. Сравнительные молекулярно-генетические исследования проводились лишь на очень небольшой выборке видов.

Известно, что кластер рибосомных генов имеет сходное строение у всех эукариот. Он состоит из генов 18S, 5,8S, 28S, которые разделены транскрибируемыми спейсерами (ITS1, ITS2), повторяющиеся единицы разделены нетранскрибируемым спейсером (NTS) (рис. 1). Ранее нами было показано, что данный фрагмент является высокоинформативным для филогении данной группы насекомых [1]. На первом этапе данной работы был проведен сравнительный анализ фрагмента рДНК длиной около 2000 пар нуклеотидов (пн), локализованного между универсальными праймерами DAMS-18-DAMS-28, 6 видов тараканов рода *Blaberus* Serville, 1831 (*B. atropos* (Stoll, 1813), *B. discoidalis* Serville, 1839, *B. boliviensis* Princis, 1946, *B. parabolicus* Walker, 1868, *B. craniifer* Burmeister, 1838, *B. giganteus* Linnaeus, 1758) и *Archimandrita tessellata* Rehn, 1903, используемого в качестве «внешней группы».

¹ Работа выполнена при финансовой поддержке грантов РФФИ (проекты № 09-04-01113-а и № 08-04-01402-а) и Программы фундаментальных исследований РАН «Биологическое разнообразие» (подпрограмма «Генофонды и генетическое разнообразие»).

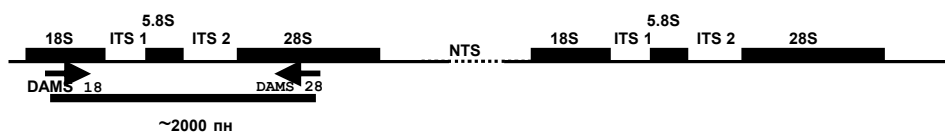


Рис. 1. Схема кластера рДНК эукариот (цит. по [2])

Показано, что 3 вида рода *Blaberus* (*B. atropos*, *B. discoidalis* и *B. parabolicus*) имеют идентичную последовательность ДНК в данном районе. Еще один вид этого рода, *B. boliviensis*, отличается от трех предыдущих видов лишь одной заменой. В то же время различия по этому району генома между другими близкородственными видами, например *B. craniifer*, *B. giganteus*, составляет 26 нуклеотидных замен, а количество замен между более далекими частями дерева (*B. giganteus* и *A. tessellata*) составляет 82 нуклеотидных замены (рис. 2).

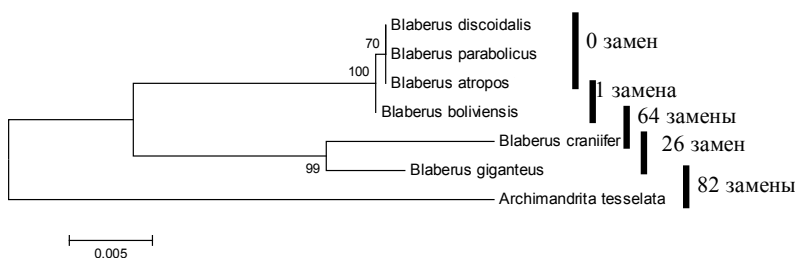


Рис. 2. Филогенетическое дерево, построенное на основе анализа последовательности рДНК методом присоединения соседей (neighbor-joining method)

Филогенетический анализ исследуемых видов с использованием другого участка ядерной ДНК, а именно гена гистона H3 (~300 пн), выявляет сходную топологию филогенетического дерева (рис. 3). Отметим, что между четырьмя видами рода *Blaberus*, группируемых при сравнении протяженного участка рДНК в одну кладу (см. рис. 2), в пределах гена гистона H3 не выявлено ни одной замены (см. рис. 3).

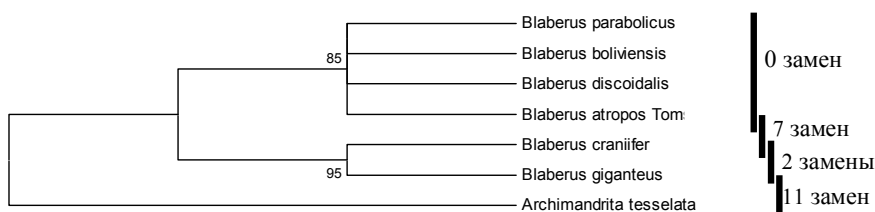


Рис. 3. Филогенетическое дерево, построенное на основе анализа последовательности гистона 3 методом присоединения соседей (neighbor-joining method)

На следующем этапе данной работы был проведен анализ исследуемых видов на основе сравнения последовательностей нуклеотидов фрагментов митохондриального генома, а именно, генов цитохромоксидазы I (~1000 пн) и цитохромоксидазы II (~700 пн). Известно, что одной из особенностей митохондриальной ДНК является очень высокая скорость замен нуклеотидов в процессе эволюции. Время фиксации мутаций в митохондриальном геноме примерно в 10–20 раз больше, чем в аналогичных по размеру последовательностях ядерных генов.

В ходе данного анализа было показано, что 4 вида рода *Blaberus*, выделяемые вышеописанными подходами в одну кладу, разделяются на 2 подгруппы: *B. atropos* – *B. parabolicus* и *B. discoidalis* – *boliviensis*, причем виды каждой из подгрупп имеют идентичную последовательность анализируемой ДНК, но подгруппы сильно отличаются между собой по количеству замен. Отметим, что результаты анализа генов цитохромоксидазы I и цитохромоксидазы II фактически совпадают (рис. 4, 5).

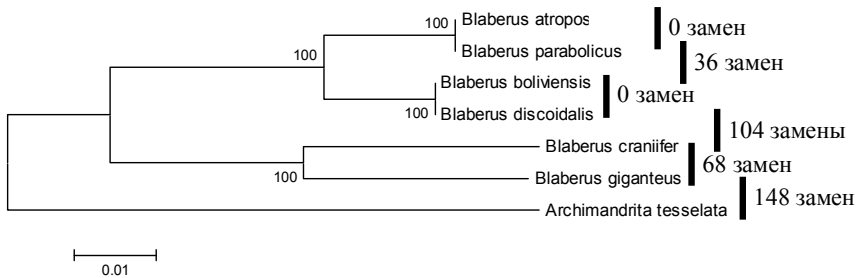


Рис. 4. Филогенетическое древо, построенное на основе анализа последовательности цитохромоксидазы I методом присоединения соседей (neighbor-joining method)

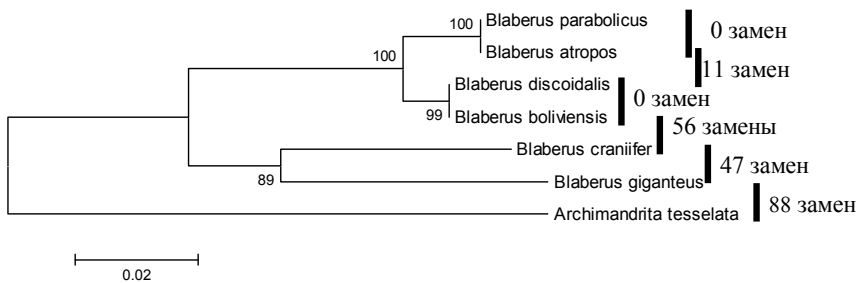


Рис. 5. Филогенетическое древо, построенное на основе анализа последовательности цитохромоксидазы II методом присоединения соседей (neighbor-joining method)

Таким образом, нами был проведен анализ нескольких видов рода *Blaberus* на основе ряда маркеров ядерных и митохондриальных геномов. Отметим, что данный подход широко используется в современных филогенетических исследованиях [2–4]. Нами показано, что 4 вида рода *Blaberus* фактически не отличаются между собой по двум ядерным маркерам, но по митохондриальным маркерам они четко разделяются на две филогенетически отличающиеся группы.

Полученные результаты подтверждают выделение в пределах рода *Blaberus* группы видов *atropos*, включавшей *B. atropos*, *B. parabolicus*, *B. discoidalis*, *B. boliviensis* и *B. anisitsi*, предложенное ранее на основе изучения строения гениталий самцов [5]. В ходе дальнейших исследований предполагается проведение сравнительно-морфологического и кариотипического анализа с привлечением дополнительного материала, что, с нашей точки зрения, позволит сделать окончательные выводы относительно филогенетического статуса исследуемых видов рода *Blaberus*.

Литература

1. *Mukha D., Wiegmann B.M., Schal C.* Evolution and phylogenetic information content of the ribosomal DNA repeat unit in the Blattodea (Insecta) // *Insect Biochemistry and Molecular Biology*. 2002. №32. P. 951–960.
2. *Gerbi S.A.* Evolution of ribosomal DNA. In: *MacIntyre RJ (ed) The Molecular evolutionary genetics*. New York: Plenum Press, 1985. P. 419–517.
3. *Inward D., Beccaloni G., Eggleton P.* Death of an order: a comprehensive molecular phylogenetic study confirms that termites are eusocial cockroaches // *Biology letters*. 2007. №3. P. 331–335.
4. *Legendre F., Whiting M.F., Bordereau C. et al.* The phylogeny of termites (Dictyoptera: Isoptera) based on mitochondrial and nuclear markers: Implications for the evolution of the worker and pseudergate castes, and foraging behaviors // *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 2008. №48. P. 615–627.
5. *Roth L.M.* The male genitalia of Blattaria. I. *Blaberus* spp. (Blaberidae: Blaberinae) // *Psyche*. 1969. №76 (3). P. 217–250.