

## Митогеномика и молекулярная филогенетика попугаев рода *Aratinga* и *Psittacus*

Научный руководитель – Комиссаров Алексей Сергеевич

*Очкалова Софья Дмитриевна*

*Студент (магистр)*

Санкт-Петербургский национальный исследовательский университет информационных технологий, механики и оптики, Санкт-Петербург, Россия

*E-mail: so.ochkalova@gmail.com*

Развитие технологий секвенирования произвело революцию в филогенетике, результатом которой стало появление молекулярно-филогенетического анализа. Установление четкой филогении дает представление о размерах, происхождении и путях эволюции видов, открывая новые возможности в фундаментальных и прикладных исследованиях. Попугаи (*Psittaciformes*) являются интересными объектами для изучения видовой дивергенции. Эти птицы отличаются развитыми когнитивными, коммуникативными и поведенческими особенностями, а эволюционное развитие этих черт представляет большой интерес. Кроме того, среди попугаев больше видов, находящихся под угрозой исчезновения, чем в любой другой группе птиц, что делает их изучение еще более актуальным [1].

Объектом исследования данной работы являются митохондриальные ДНК (мтДНК) семи представителей рода *Aratinga* и девяти представителей рода *Psittacus*. По сравнению с ядерным геномом мтДНК характеризуется более высокой скоростью появления мутаций, что делает её удобным источником маркеров для проведения филогенетического анализа [2].

В работе было поставлено две задачи. Первой являлась сборка 16 мтДНК попугаев рода *Aratinga* и *Psittacus* из сырых данных секвенирования низкого покрытия Illumina. Сложность сборки исходной последовательности ДНК заключалась в большом тандемном повторе внутри контрольного региона длиной около 2 т.п.н. Попытка сборки с помощью инструмента NOVOPlasty не увенчалась успехом, поэтому риды были собраны с помощью разработанного нами пайплайна, а затем проаннотированы в MITOS Annotator. Другой задачей являлось выявление межвидовых генетических различий и создание филогенетического дерева. Для этого были использованы кодирующие гены участки мтДНК исследуемых попугаев, а также представителей других видов *Psittaciformes* и сапсана (*Falco peregrinus*) в качестве аутгруппы. После выравнивания и конкатенации, был произведен сравнительный анализ с помощью байесовского подхода и алгоритмов максимального правдоподобия в программах MrBayes и RAxML и сделаны выводы о видовой принадлежности исследуемых попугаев.

В заключение отметим, что новые данные, полученные по птицам рода *Aratinga* и *Psittacus*, внесут свой вклад в развитие представлений ученых о геномике и филогенетике попугаев, и в будущем будут полезны для анализа в области эволюционной и природоохранной биологии.

### Источники и литература

- 1) Provost K.L., Joseph L., Smith B.T. Resolving a phylogenetic hypothesis for parrots: Implications from systematics to conservation // *Emu*. 2017. № 1 (118). С. 7–21.
- 2) Eberhard J.R., Wright T.F. Rearrangement and evolution of mitochondrial genomes in parrots // *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 2016. № August (94). С. 34–46.