

■ РЕФЕРАТИ СТАТЕЙ, ОПУБЛІКОВАНИХ В «CYTOLOGY AND GENETICS», № 3, 2021 р.

COMPLETE MITOCHONDRIAL GENOME OF *BUBO BUBO* (AVES, STRIGIFORMES, STRIGIDAE), A NATIONAL PROTECTED WILDLIFE BIRD IN CHINA

Zh.-M. REN*, Y.-J. XU

School of Life Science, Shanxi University, Taiyuan, China

E-mail: zmren@sxu.edu.cn

We sequenced the complete mitochondrial genome (mitogenome) of *Bubo bubo* by the shotgun genome skimming methods. The mitogenome of *B. bubo* is 18,956 bp in length with a base composition of 29.6 % A, 22.5 % T, 33.8 % C and 14.1 % G, and consists of 13 protein-coding genes (PCGs), 22 tRNA genes, two rRNA genes, and two non-coding control regions (CRs). All the protein-coding genes begin with the typical ATG codon except ND3 and ND5, which initiate with ATA. Seven of the 13 PCGs terminate with the codon TAA, and three (ND2, ND4 and COX3) of the remainder end with a single T. Whereas, ND1 and COX1 terminate with a codon AGG and ND6 stops with a codon TAG. The ML phylogenetic trees based on 13 protein-coding genes indicated that *Bubo* species formed a monophyletic group which is sister to the genus *Strix* within the same family Strigidae.

Key words: *Bubo bubo*; Strigidae; Mitochondrial genome; Phylogeny.

ПОВНИЙ МІТОХОНДРІАЛЬНИЙ ГЕНОМ *BUBO BUBO* (ПТАХИ, СОВОПОДІБНІ, СОВОВІ), ДИКОГО ПТАХА З ПРИРОДООХОРОННИМ СТАТУСОМ У КИТАЇ

Повний мітохондріальний генوم (мітогеном) *Bubo bubo* було секвеновано за допомогою методу дробовика. Довжина мітогеному *B. bubo* становить 18 956 п.н., а склад основ – 29,6 % А, 22,5 % Т, 33,8 % і 14,1 % G. Він містить 13 білок-кодуєчих генів (PCG), 22 тРНК генів, два рРНК гени і дві некодуєчі контрольні області (CR). Всі білок-кодуєчі гени починаються з типового кодону АТG, окрім ND3 і ND5, які починаються з АТA. Сім з 13 PCG закінчуються на кодон ТAA, а три (ND2, ND4 і COX3) інші закінчуються на одну Т. В свою

чергу, ND1 і COX1 закінчуються кодоном АGГ, а ND6 закінчується кодоном ТAГ. Філогенетичні дерева максимальної імовірності на основі 13 білок-кодуєчих генів продемонстрували, що вид *Bubo* сформував монофілетичну групу, яка є сестринською до виду *Strix* в межах цієї ж родини Совових.

Ключові слова: *Bubo bubo*; Совові; мітохондріальний геном; філогенез.

REFERENCES

- Akbulut Y, Demiraslan Y, Aslan K et al. (2016) The Macroanatomy of the Sacral Plexus and Its Nerves in Eurasian Eagle Owls (*Bubo bubo*). *Anat Histol Embryol* 45(5):367–372
- Bankevich A, Nurk S, Antipov D et al. (2012) SPAdes: a new genome assembly algorithm and its applications to single-cell sequencing. *J Comput Biol* 19(5):455–477
- Barusic S, Tutis V, Cikovic D et al. (2016) The eagle owl *Bubo bubo* (Aves: Strigidae) in the Eastern Adriatic (Croatia): the study case of a high-density insular population. *Ital J Zool* 83(2):275–281
- Butchart S, Symes A, Ashpole J. (2017) *Bubo bubo*, The IUCN Red List of Threatened Species version 2017–3, International Union for Conservation of Nature
- Kang H, Ding P, Li B. (2016) COI Sequence Variations and Phylogenetic Relationships Among 27 Species of Strigidae Birds. *Chin J Wildl* 37(4):351–356
- Kang H, Li B, Ma X et al. (2018) Evolutionary progression of mitochondrial gene rearrangements and phylogenetic relationships in Strigidae (Strigiformes). *Gene* 674:8–14
- Katoh K, Standley DM. (2013) MAFFT multiple sequence alignment software version 7: improvements in performance and usability. *Mol Biol Evol* 30:772–780
- Leon-Ortega M, Delgado MM, Martinez JE et al. (2016) Factors affecting survival in Mediterranean populations of the Eurasian Eagle Owl. *Eur J Wildl Res* 62:343–351
- Lohse M, Drechsel O, Kahlau S et al. (2013) Organelle Genome DRAW—a suite of tools for generating physical maps of plastid and mitochondrial genomes and visualizing expression data sets. *Nucleic Acids Res* 41:W575–W581.
- Ortego J, Espada F. (2007) Ecological factors influencing

- disease risk in Eagle Owls *Bubo bubo*. IBIS 49:386–395
- Ortega ML, Franco MJ, Martinez JE et al. (2017) Factors influencing territorial occupancy and reproductive success in a Eurasian Eagle-owl (*Bubo bubo*) population. PLoS One 12(4):e0175597
- Stamatakis A. (2014) RAxML version 8: a tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. Bioinformatics 3(9):1312–1313
- Tian HJ, Ji JW, Yang S et al. (2014) Complete mitochondrial genome of Eagle Owl (*Bubo bubo*, Strigiformes; Strigidae) from China. Mitochondr DNA 27(2):1455–1456
- Voous KH. (1988) Owls of the Northern Hemisphere. Collins, London
- Zimmer EA, Wen J (2015) Using nuclear gene data for plant phylogenetics: progress and prospects II, Next-gen approaches. J Syst Evol 53:371–379

Received October 04, 2019

Received June 01, 2020

Accepted May 18, 2021