

## ОРГАНІЗАЦІЯ МІЖГЕННОГО СПЕЙСЕРА 5S РИБОСОМНОЇ ДНК *ARAMEA MONOGLYPHA* (LEPIDOPTERA)

Н. М. РОШКА

Кафедра молекулярної генетики та біотехнології,  
Чернівецький національний університет імені Юрія Федьковича,  
вул. Коцюбинського 2, м. Чернівці, 58012  
e-mail: [n.roshka@chnu.edu.ua](mailto:n.roshka@chnu.edu.ua)

Значна частина метеликів - представників надродина *Noctuoidea*, які поширені на території України, є шкідниками сільськогосподарських культур, що привертає до них особливу увагу дослідників. Зокрема, кормовими рослинами для личинок метеликів роду *Aramea* є злакові культури. Коректне визначення метеликів-шкідників вимагає проведення молекулярно-генетичних досліджень для створення молекулярних паспортів (баркодингу). Одним із зручних молекулярних маркерів, які застосовуються для порівняння таксонів низького рангу є ділянки 5S рДНК. Ці послідовності тандемно організовані в кластери, де кожна повторювана одиниця (повтор) складається з висококонсервативної кодувальної ділянки та варіабельного міжгенного спейсера (*intergenic spacer* – IGS). Зважаючи на те, що молекулярна організація 5S рДНК у метеликів є все ще недостатньо дослідженою, метою нашої роботи було проаналізувати IGS 5S рДНК представника роду *Aramea* – *A. monoglypha*. Для цього повтори 5S рДНК ампліфікували за допомогою ПЛР, а отримані продукти лігували у плазмідний вектор *pJet1.2*. Вставки трьох рекомбінантних плазмід, *ArMon1-1*, *ArMon1-2* та *ArMon1-8*, які мали очікуваний розмір, сиквенували. Виявлено, що в геномі *A. monoglypha* присутні декілька структурних варіантів IGS, які відрізняються між собою як за довжиною, так і за нуклеотидною послідовністю. Відсотки ідентичності порівнюваних IGS 5S рДНК варіювали в межах 38,0-76,2%, що свідчить про високий рівень внутрішньогеномного поліморфізму цієї ділянки. В якості потенційних зовнішніх елементів промотору, що можуть брати участь в ініціації та термінації транскрипції, було охарактеризовано АТ-багату ділянку, динуклеотид GC та залишок цитозину, які передують кодувальній ділянці. Водночас *oligo-T* мотив, який знаходиться безпосередньо після кодувальної ділянки імовірно забезпечує термінацію транскрипції.

**Ключові слова:** генетичний поліморфізм, ДНК-баркодинг, молекулярні маркери, молекулярна еволюція, повторювані послідовності, міжгенний спейсер 5S рДНК, *Aramea monoglypha*, *Lepidoptera*

**Вступ.** Надродина совкоподібних метеликів (*Noctuoidea*) за кількістю видів становить найчисельнішу групу серед всіх Лускокрилих (Kergoat et al., 2021; Zheng et al., 2022). Важливість проведення молекулярно-генетичних досліджень представників цієї родини зумовлена тим, що значна їх частина є розповсюдженими шкідниками сільськогосподарських культур (Idrees et al., 2022; Van de Berg and Plessis, 2022). Результати таких досліджень можуть бути успішно використані задля паспортизації комах-шкідників, що, в свою чергу, значно полегшить їх ідентифікацію та подальшу боротьбу з ними.

Переважає більшість робіт, присвячених молекулярному баркодингу метеликів, стосуються досліджень їх мітогеному (мтДНК) (Dey et al., 2021; Jiang et al., 2021; Shah et al., 2022; Zhao et al., 2022). Ділянки мтДНК, а саме - гени, які кодують субодиниці цитохромоксидази, на сьогоднішній день являють собою найпоширеніший інструмент для ДНК-баркодингу еукаріот (Hebert et al., 2003; Cherevatov et al., 2019; Kannan et al., 2020; Dong et

al., 2021). Проте, особливості ядерного геному, зокрема організація та еволюція генів рибосомних РНК у метеликів все ще залишаються майже невивченими.

Ділянки, які кодують 5S рРНК широко застосовуються для вивчення закономірностей еволюції повторюваних послідовностей у багатьох еукаріот (Rebordinos et al., 2013; Senderowicz et al., 2022). Гени 5S рРНК організовані тандемно, в кластери, кожен з яких може містити від декількох десятків до тисяч копій (Sochorova et al., 2018; Provazníková et al., 2021; Ding et al., 2022). Одна повторювана одиниця 5S рДНК, як правило, складається з кодувальної ділянки розміром 117-120 пн та міжгенного спейсера (*intergenic spacer* - IGS), розмір якого може варіювати в дуже широких межах (Ishikawa and Kawata, 1982; Xian-Rong et al., 1982; Ribeiro et al., 2004; Bardella et al., 2018). На відміну від висококонсервативної кодувальної ділянки, послідовності IGS є надзвичайно мінливими та можуть демонструвати поліморфізм навіть в межах одного індивідууму

(José López- Piñón et al., 2008; Ubeda-Manzanaro et al., 2010; Rebordinos et al., 2013).

У попередніх дослідженнях було описано особливості організації 5S рДНК для декількох видів денних метеликів з надродин *Papilionoidea* (Cherevatov and Volkov, 2011a; Cherevatov and Volkov, 2011b; Cherevatov et al., 2012) та *Bombycoidea* (Statna et al., 2013). Для представників родини *Noctuidae* молекулярна будова генів 5S рДНК була описана нами для метелика-шкідника *Thyatira batis* (родина *Drepanidae*) (Roshka et al., 2020). У даній статті ми наводимо характеристики IGS 5S рДНК іншого шкідника - мармурівки польової великої, *Aranea monoglypha* (Kljuchko, 2006).

**Матеріали та методи.** В якості матеріалу для дослідження був використаний екземпляр нічного метелика *A. monoglypha*, відловлений в околицях міста Чернівці. Загальна ДНК з тіла метелика була виділена згідно стандартного протоколу; в якості детергенту використовували цетавлон (Panchuk and Volkov, 2007; Schiebelhut et al., 2017). Для ампліфікації досліджуваної ділянки методом полімеразної ланцюгової реакції (ПЛР) застосовували праймери RV0803 (5'-CAT AGC GGC CGC GTG GTC AGT ACT TGG ATG GGT GA-3') та RV0902 (5'-GAT CGC GGC CGC CGT GTT TTT AAT GTG GTA TGG ACG TTG-3'), комплементарні до кодувальної ділянки 5S рДНК. Місця гібридизації праймерів було обрано так, щоб досягти ампліфікації повного IGS та суміжних фрагментів кодувальної ділянки. Отримані ПЛР-продукти лігували в плазмідний вектор pJET 1.2, використовуючи набір реактивів CloneJET PCR Cloning Kit, (Thermo Fisher

Scientific, США). Трансформацію компетентних клітин *Escherichia coli* (штам XL1-blue) здійснювали методом електропорації. Колонії із рекомбінантними плазмідами виявляли методом прямої селекції. Отримані плазміди, які містили вставки 5S рДНК потрібного розміру, сиквенували на фірмі LGS Genomics (Німеччина). Первинну обробку розшифрованих послідовностей проводили за допомогою комп'ютерних програм Chromas та DNASTAR. Вирівнювання послідовностей здійснювали методом Clustal V (Higgins et al., 1992).

**Результати та їх обговорення.** Електрофоретичне розділення ПЛР-ампліфікатів 5S рДНК *A. monoglypha* в 2% агарозному гелі дозволило виявити фрагменти, розмір яких коливається в межах 250-300 нп. Різниця в розмірах утворених продуктів дозволила припустити існування в геномі *A. monoglypha* кількох варіантів IGS. Подібна картина спостерігалась і для інших видів метеликів, що узгоджується з уявленням про присутність в геномах Лускокрилих декількох структурних класів 5S рДНК.

Отримані продукти ампліфікації клонували у вектор pJET 1.2, після чого вставки відібраних рекомбінантних плазмід сиквенували. Аналіз розшифрованих послідовностей показав, що отримані клони містять повний IGS з обох боків фланкований фрагментами кодувальних ділянок та використаними для ампліфікації праймерами. Загальна характеристика сиквенованих послідовностей IGS 5S рДНК наведена нижче в таблиці (табл. 1).

Таблиця 1.

*Характеристика IGS 5S рДНК Aranea monoglypha.*  
*Characteristics of the 5S rDNA IGS of Aranea nomoglypha.*

Table 1.

Назва клону	IGS	
	Довжина, нп	Вміст GC пар, %
ApMon1-1	150	24,7
ApMon1-2	193	23,3
ApMon1-8	194	23,7

Довжина кодувальних ділянок, сумарно складених з просиквенованих фрагментів,

включаючи послідовності праймерів, у всіх трьох клонів становлять 106 нп. Зважаючи на те, що

центральна частина гена розміром 14 нп залишається неампліфікованою, можна припустити, що розміри кодувальних ділянок у 5S рДНК *A. monoglypha* не відрізняються від інших еукаріот, тобто дорівнюють 120 нп.

Встановлення меж фрагментів кодувальної частини 5S рДНК дало змогу визначити довжини IGS у сиквенованих нами клонів (табл. 1). Порівняльний аналіз з отриманими раніше результатами показав подібність розмірів IGS *A. monoglypha* до описаних для представників родин Nymphalidae та Lycaenidae, довжини спейсерів яких коливались в межах 75-237 нп (Cherevatov and Volkov, 2010; Cherevatov and Volkov, 2011a). У нічного метелика *T. batis* розміри IGS становили 75 та 120 нп (Roshka et al., 2020).

Вирівнювання сиквенованих послідовностей дозволило розрахувати рівень їх подібності (рис.1). Так, відсотки ідентичності IGS 5S рДНК *A. monoglypha* варіювали в межах 38,0-76,2%, а саме - подібність між ApMon1-1 та ApMon1-2 склала – 44,7%, ApMon1-1 та ApMon1-8 – 38%, ApMon1-2 та ApMon1-8 – 76,2%. Отже, на відміну від фрагментів кодувальних ділянок, які виявились практично ідентичними для всіх аналізованих нами клонів, IGS демонструють високий рівень поліморфізму. Така різниця між досліджуваними послідовностями зумовлена численними одонуклеотидними поліморфізмами та інделами (інсерціями/делеціями) (рис. 1).

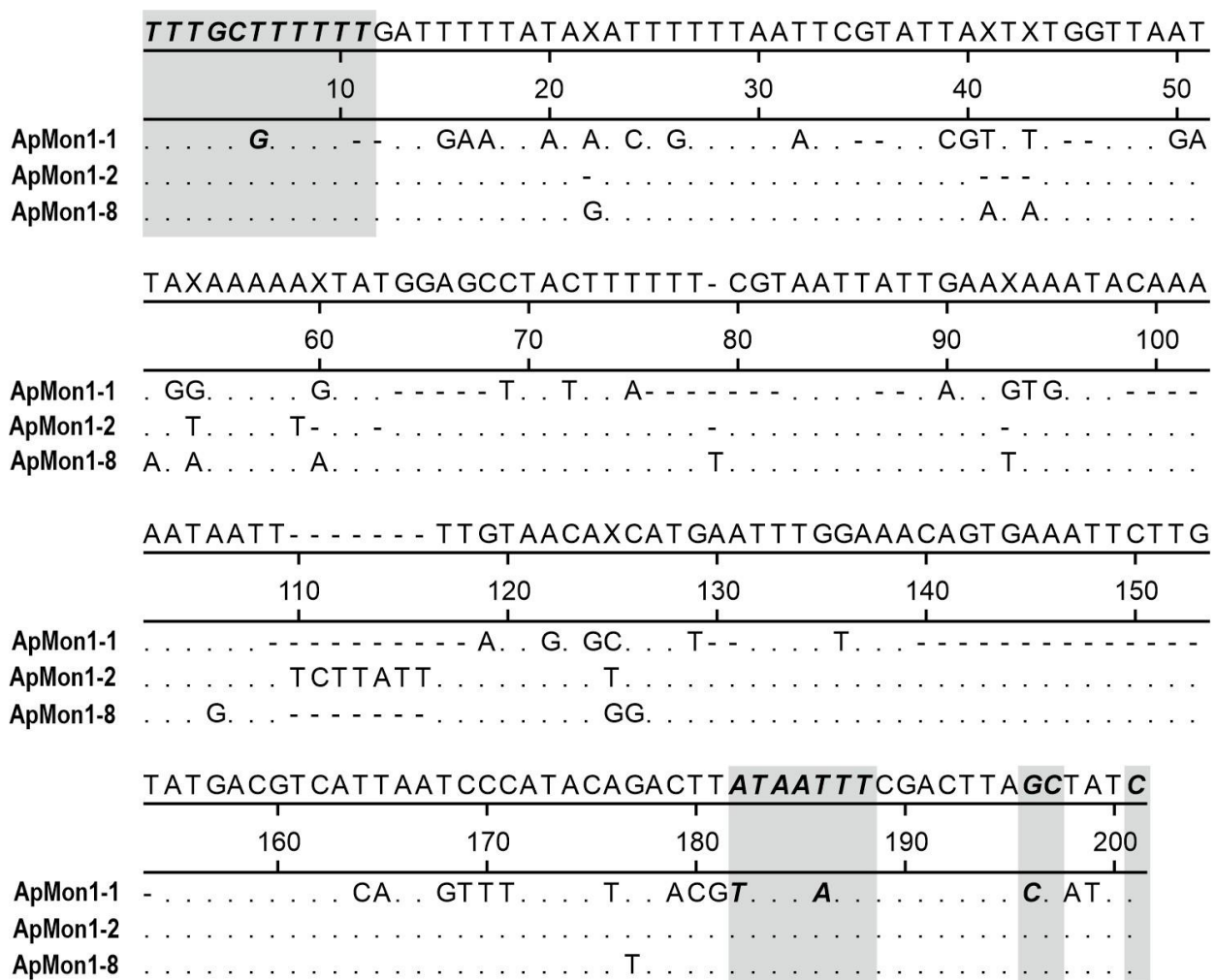


Рис. 1. Структурна організація IGS 5S рДНК *Aranea monoglypha*. Курсивом позначені ймовірні регуляторні елементи. Характеристики клонів наведено у табл.1.

Fig. 1. Structural organization of the 5S rDNA IGS of *Aranea monoglypha*. Putative regulatory elements are marked in italics. Their characteristics are shown in the table 1.

Експресія гена 5S рДНК забезпечується взаємодією РНК-полімерази III як із зовнішніми елементами промотору, так і внутрішніми. До

внутрішніх елементів відносять А-бокс, ІЕ (intermediate element) та С-бокс, в той час як до зовнішніх – консервативні ділянки на 5'- та 3'- Biological systems. Vol.15. Is.1. 2023

кінці IGS (Layat et al., 2012; Orioli et al., 2012; Fernández-Pérez et al., 2018; Tynkevich et al., 2019; Ishchenko et al., 2020; Bueno et al., 2021). Детальний аналіз сиквенованих клонів дозволив виявити схожі елементи і в межах послідовностей IGS 5S рДНК *A. monoglypha* (рис.1). Зокрема, було ідентифіковано шестинуклеотидну АТ-багату ділянку на відстані від -20 до -14 нп, яка, ймовірно, може виконувати роль ТАТА-боксу в ініціації транскрипції. Проте, в межах АТ-багатої ділянки одного з клонів, а саме АрМон1-1, було знайдено дві трансверсії.

Також, перед початком кодувальної ділянки для всіх аналізованих нами послідовностей було виявлено динуклеотид GC (-6 нп) та цитозин (-1 нп). З літератури відомо, що ці сигнали разом з ТАТА-боксом задіяні в ініціації транскрипції генів 5S рРНК (Willis, 1993; Layat et al., 2012). Цікаво, що на відміну від інших клонів, АрМон1-1 в позиції -6 нп замість динуклеотиду GC містить подвійний цитозин.

Окрім того, після 3'-кінця кодувальної ділянки на початку IGS було виявлено Т-багатий мотив (oligo-T). Його роль в якості регуляторного елемента полягає в термінації роботи РНК-полімерази III (Layat et al., 2012; Orioli et al., 2021). Як і у випадку з зовнішніми елементами промотору, певну відмінність за структурою

oligo-T демонструє АрМон1-1: в межах цієї ділянки у послідовності АрМон1-1 спостерігається трансверсія тиміну на гуанін та одонуклеотидна делеція. На загал, отримані результати вказують на те, що регуляторні елементи, які містяться в IGS *A. monoglypha*, можуть відрізнятися між різними структурними класами 5S рДНК в межах одного геному.

**Висновки.** В межах геному метелика *A. monoglypha* виявлено декілька варіантів IGS 5S рДНК, які відрізняються між собою як за довжиною, так і за нуклеотидною послідовністю. Розміри отриманих IGS становлять 150, 193 та 194 нп, а відсотки їх ідентичності – від 38 до 76,2%. В якості потенційних елементів, що беруть участь в регуляції транскрипції, було виявлено АТ-багату ділянку, динуклеотид GC, цитозин та oligo-T мотив. Їх специфічне розташування відносно кодувальної ділянки дозволяє припустити, що саме ці ділянки можуть брати участь у ініціації та термінації транскрипції 5S рДНК.

**Подяки.** Авторка висловлює щирі подяки професору Роману Анатолійовичу Волкову (Чернівецький національний університет імені Юрія Федьковича) за участь в обговоренні отриманих результатів.

#### Список літератури / References:

- Bardella VB, Cabral-de-Mello DC. Uncovering the molecular organization of unusual highly scattered 5S rDNA: The case of *Chariesterus armatus* (Heteroptera). *Gene*. 2018; 646: 153-158. <https://doi.org/10.1016/j.gene.2017.12.030>
- Bueno GD, Gatto KP, Gazolla CB, et al. Cytogenetic characterization and mapping of the repetitive DNAs in *Cycloramphus bolitoglossus* (Werner, 1897): More clues for the chromosome evolution in the genus *Cycloramphus* (Anura, Cycloramphidae). *Plos One*. 2021; 16(1): e0245128. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0245128>
- Cherevatov OV, Panchuk II, Kerek SS, et al. Molecular diversity of the *CoI-CoII* spacer region in the mitochondrial genome and the origin of the Carpathian bee. *Cytol. Genet.* 2019; 53: 276–281. <https://doi.org/10.3103/S0095452719040030>
- Cherevatov OV, Statna AP, Volkov RA. Novel structural subclass of *Lycaena tityrus* 5S ribosomal DNA. *Visnik ukrains'kogo tovaristva genetikiv i selekcioneriv*. 2012; 10(2): 202-207.
- Cherevatov OV, Volkov RA. Molecular organization of 5S rDNA of *Satyrus drias* (Lepidoptera). *Rep. Natl. Acad. Sci. Ukr.* 2011b; 1: 140-145.
- Cherevatov OV, Volkov RA. Molecular organization of 5S ribosomal DNA of *Polyommatus icarus*. *Visnik ukrains'kogo tovaristva genetikiv i selekcioneriv*. 2010; 8(2): 271-278.
- Cherevatov OV, Volkov RA. Organization of 5S ribosomal DNA of *Melitaea trivia*. *Cytology and Genetics*. 2011a; 45(2): 115-120. <https://doi.org/10.3103/S0095452711020034>
- Dey A, Shashank PR, Meshram NM, et al. Molecular diversity of *Sesamia inferens* (Walker, 1856) (Lepidoptera: Noctuidae) from India. *3 Biotech*. 2021; 11: 1-10. <https://doi.org/10.1007/s13205-021-02678-y>
- Ding Q, Li R, Ren X, et al. Genomic architecture of 5S rDNA cluster and its variations within and between species. *BMC genomics*. 2022; 23(1), 1-20. <https://doi.org/10.1186/s12864-022-08476-x>
- Dong Z, Wang Y, Li C, et al. Mitochondrial DNA as a molecular marker in insect ecology: Current status and future prospects. *Annals of the Entomological Society of America*. 2021; 114(4): 470-476. <https://doi.org/10.1093/aesa/saab020>
- Fernández-Pérez J, Nantón A, Méndez J. Sequence characterization of the 5S ribosomal DNA and the internal transcribed spacer (ITS) region in four European *Donax* species (Bivalvia: Donacidae). *BMC genetics*. 2018; 19(1): 1-13. <https://doi.org/10.1186/s12863-018-0684-x>

12. Filip E, Strzala T, Stępień E, et al. Universal mtDNA fragment for Cervidae barcoding species identification using phylogeny and preliminary analysis of machine learning approach. *Scientific Reports*. 2023; 13(1): 9133. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-35637-z>
13. Hebert PD, Cywinska A, Ball SL, et al. Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*. 2003; 270(1512): 313-321. <https://doi.org/10.1098/rspb.2002.2218>
14. Higgins DG, Bleasby AJ, Fuchs R. CLUSTAL V: improved software for multiple sequence alignment. *Bioinformatics*. 1992; 8(2): 189-191. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/8.2.189>
15. Idrees A, Qadir ZA, Afzal A, et al. Laboratory efficacy of selected synthetic insecticides against second instar invasive fall armyworm, *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) larvae. *Plos one*. 2022; 17(5): e0265265. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0265265>
16. Ishchenko OO, Mel'nyk VM, Parnikoza IY, et al. Molecular organization of 5S ribosomal DNA and taxonomic status of *Avenella flexuosa* (L.) Drejer (Poaceae). *Cytol. Genet.* 2020; 54: 505–513. <https://doi.org/10.3103/S0095452720060055>
17. Jiang Y, Li HX, Yu XF, et al. Characterization of two complete mitochondrial genomes of *Atkinsoniella* (Hemiptera: Cicadellidae: Cicadellinae) and the phylogenetic implications. *Insects*. 2021; 12(4): 338. <https://doi.org/10.3390/insects12040338>
18. José López-Piñón M, Freire R, Insua A, et al. Sequence characterization and phylogenetic analysis of the 5S ribosomal DNA in some scallops (Bivalvia: Pectinidae). *Hereditas*. 2008; 145(1): 9-19. <https://doi.org/10.1111/j.0018-0661.2008.2034.x>
19. Kannan A, Rao SR, Ratnayake S, et al. The efficiency of universal mitochondrial DNA barcodes for species discrimination of *Pomacea canaliculata* and *Pomacea maculata*. *PeerJ*. 2020; 8: e8755. <https://doi.org/10.7717/peerj.8755>
20. Kergoat GJ, Goldstein PZ, Le Ru B, et al. A novel reference dated phylogeny for the genus *Spodoptera* Guenée (Lepidoptera: Noctuidae: Noctuinae): new insights into the evolution of a pest-rich genus. *Molecular phylogenetics and evolution*. 2021; 161: 107161. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2021.107161>
21. Kljuchko Z. The Noctuids of Ukraine. Kyiv: Rayevsky scientific publishers; 2006
22. Layat E, Sáez-Vásquez J, Tourmente S, et al. (2012). Regulation of Pol I-transcribed 45S rDNA and Pol III-transcribed 5S rDNA in Arabidopsis. *Plant and Cell Physiology*. 2012; 53(2): 267-276. <https://doi.org/10.1093/pcp/pcr177>
23. Orioli A, Pascali C, Pagano A, et al. RNA polymerase III transcription control elements: themes and variations. *Gene*. 2012; 493(2): 185-194. <https://doi.org/10.1016/j.gene.2011.06.015>
24. Panchuk II, Volkov RA. A practical course in molecular genetics. Chernivtsi: Ruta, 2007.
25. Provazníková I, Hejníčková M, Visser S, et al. Large-scale comparative analysis of cytogenetic markers across Lepidoptera. *Scientific Reports*. 2021; 11(1): 12214. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-91665-7>
26. Rebordinos L, Cross I, Merlo A. High evolutionary dynamism in 5S rDNA of fish: state of the art. *Cytogenetic and Genome Research*. 2013; 141(2-3): 103-113. <https://doi.org/10.1159/000354871>
27. Ribeiro FL, Fernandez MA. Molecular characterization of the 5S ribosomal gene of the *Bradysia hygida* (Diptera: Sciaridae). *Genetica*. 2004; 122: 253-260. <https://doi.org/10.1007/s10709-004-1704-5>
28. Roshka NM, Cherevatov OV, Volkov RA. 5S ribosomal DNA of peach blossom *Thyatira batis* L. *Scientific Herald of Chernivtsi University. Biology (Biological Systems)*. 2020; 12(1): 20-25. <https://doi.org/10.31861/biosystems2020.01.020>
29. Schiebelhut LM, Abboud SS, Gómez Daglio LE, et al. A comparison of DNA extraction methods for high-throughput DNA analyses. *Molecular Ecology Resources*. 2017; 17(4): 721-729. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12620>
30. Senderowicz M, Nowak T, Weiss-Schneeweiss H, et al. Molecular and cytogenetic analysis of rDNA evolution in *Crepis sensu lato*. *International Journal of Molecular Sciences*. 2022; 23(7): 3643. <https://doi.org/10.3390/ijms23073643>
31. Shah RA, Riyaz M, Ignacimuthu S, et al. Characterization of four mitochondrial genomes from superfamilies Noctuoidea and Hyblaeoidea with their phylogenetic implications. *Scientific Reports*. 2022; 12(1): 18926. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-21502-y>
32. Sochorová J, Garcia S, Gálvez F, et al. Evolutionary trends in animal ribosomal DNA loci: introduction to a new online database. *Chromosoma*. 2018; 127: 141-150. <https://doi.org/10.1007/s00412-017-0651-8>
33. Statna AP, Cherevatov OV, Volkov RA. Molecular organization and evolution of 5S ribosomal DNA of *Sphinx ligustri*. *Visnik ukrains'kogo tovaristva genetikiv i selekcioneriv*. 2013; 11(2): 276-282.
34. Tynkevich YO, Volkov RA. 5S Ribosomal DNA of distantly related *Quercus* species: molecular organization and taxonomic application. *Cytol. Genet.* 2019; 53: 459–466. <https://doi.org/10.3103/S0095452719060100>
35. Ubeda-Manzanaro M, Merlo MA, Palazon JL, et al. Sequence characterization and phylogenetic analysis of

- the 5S ribosomal DNA in species of the family Batrachoididae. *Genome*. 2010; 53(9): 723-730. <https://doi.org/10.1139/G10-048>
36. Van den Berg J, Plessis H. Chemical control and insecticide resistance in *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae). *Journal of Economic Entomology*. 2022; 115(6): 1761-1771. [doi.org/10.1093/jee/toac108](https://doi.org/10.1093/jee/toac108)
37. Willis IM. RNA polymerase III: genes, factors and transcriptional specificity. *European Journal of Biochemistry*. 1993; 212(1): 1-11. <https://doi.org/10.1111/j.1432-1033.1993.tb17626.x>
38. Xian-Rong G, Nicoghosian K, Cedergren RJ. 5S RNA sequence from the *Philosamia silkworm*: evidence for variable evolutionary rates in insect 5S RNA. *Nucleic Acids Research*. 1982; 10(18): 5711-5716. <https://doi.org/10.1093/nar/10.18.5711>
39. Zhao JR, Zhang SP, Tang YY, et al. Comparative mitochondrial genome analysis of *Mamestra configurata* (Lepidoptera: Noctuoidea: Noctuidae) and other Noctuid insects reveals conserved genome organization and phylogeny. *Annals of the Entomological Society of America*. 2022; 115(3): 304-313. <https://doi.org/10.1093/aesa/saab055>
40. Zheng X, Zhang R, Yue B, et al. Enhanced resolution of evolution and phylogeny of the moths inferred from nineteen mitochondrial genomes. *Genes*. 2022; 13(9): 1634. <https://doi.org/10.3390/genes13091634>

## **ORGANIZATION OF THE 5S RIBOSOMAL DNA INTERGENIC SPACER OF *APAMEA MONOGLYPHA* (LEPIDOPTERA)**

**N. M. Roshka**

*A significant part of the moth species, representatives of the superfamily Noctuoidea distributed on the territory of Ukraine, are pests of crops, which attracts special attention of researchers. In particular, host plants for the larvae of the Apamea species are cereals. For the correct identification of the pest moth species it is necessary to conduct molecular genetic studies to create molecular passports (barcoding). One of the convenient molecular markers used to compare low-ranking taxa is the 5S rDNA region represented by tandemly arranged clusters, where each repeat unit consists of a highly conserved coding region and a variable intergenic spacer (IGS). Since the molecular organization of 5S rDNA in moth species is still insufficiently studied, the aim of our work was to analyze the 5S rDNA IGS of A. monoglypha, a representative of the Apamea genus. For this, 5S rDNA repeats were amplified by PCR, and the obtained products were ligated into the pJet1.2 plasmid vector. The inserts of the three recombinant plasmids, ApMon1-1, ApMon1-2, and ApMon1-8, which were of the expected size, were sequenced. It was found that the A. monoglypha genome contains several structural IGS variants that differ both in length and nucleotide sequence. The level of similarity of the compared IGS sequences varied from 38.0 to 76.2%, indicating a high level of intragenomic polymorphism in this region. An AT-rich motif, a GC dinucleotide, and a cytosine residue up-stream of the coding region were identified as putative external promoter elements, which can be involved in the initiation of transcription. Furthermore, the oligo-T motif located immediately down-stream of the coding region is probably involved in the transcription termination.*

*Keywords: genetic polymorphism, DNA-barcoding, molecular markers, molecular evolution, repeated sequences, 5S rDNA intergenic spacer, Apamea monoglypha, Lepidoptera*

*Отримано редколегією 26.05.2023 р.*