

**МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ
БЕЛОРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ
БИОЛОГИЧЕСКИЙ ФАКУЛЬТЕТ
Кафедра зоологии**

ЗМУШКО
Елизавета Николаевна

**ХАРАКТЕРИСТИКА ГЕНОМА *BUCHNERA APHIDICOLA* ИЗ *APHIS*
FABAE MORDYIKOI ФАУНЫ БЕЛАРУСИ**

Аннотация к дипломной работе

Научный руководитель:
кандидат биологических наук
доцент Н.В. Воронова

Допущена к защите

«___» _____ 2020 г.

Зав. кафедрой зоологии
доктор биологических наук, профессор С.В. Буга

Минск, 2020

РЕФЕРАТ

Дипломная работа 23 с, 6 рис., 3 табл., 40 источников.

ХАРАКТЕРИСТИКА ГЕНОМА *BUCHNERA* *APHIDICOLA* ИЗ *APHIS* *FABAE* *MORDYIKOI* ФАУНЫ БЕЛАРУСИ

Ключевые слова: аннотация, тли, вредители сельскохозяйственных растений.

Объекты исследования: нуклеотидная последовательность *Buchnera Aphidicola* из *Aphis fabae mordyikoi* фауны Беларуси.

Цель: сборка и аннотирование генома, анализ полученных данных (установление функций генов, построение геномных и метаболических карт, филогенетического дерева).

Методы исследования: статистические, молекулярно-генетические.

Актуальность исследования заключается в том, что в настоящее время одной из экологических проблем глобального уровня является проникновение в региональные фауны инвазивных видов животных. Наиболее опасными среди инвазивных видов насекомых являются вредители культивируемых и других хозяйственно ценных растений. Вызываемые фитофагами разного типа повреждения, тератотрансформация и, как результат, снижение урожайности или декоративных качеств растений могут приводить к серьезным экономическим потерям. Данная работа может помочь в понимании функционирования механизма хозяин – симбионт, а также сыграть роль в борьбе с вредителями сельскохозяйственных культур.

В результате сборки и аннотации генома *Buchnera aphidicola* из *Aphis fabae*, представленного 640836 п.н., найдено 747 генов и установлена роль более 96 % белков. Были построены генетическая, метаболическая карта генома, графики встречаемости аминокислот и кодонов. Самая часто встречаемая аминокислота – изолейцин. Кодон ААА является самым используемым в геноме. Самый встречаемый нуклеотид – аденозин. Самый ближайший родственник изучаемой бактерии – *B. aphidicola* из *Aphis craccivora*.

РЭФЕРАТ

Дыпломная работа 23 с, 6 мал., 3 табл., 40 крыніц.

ХАРАКТАРЫСТЫКА ГЕНОМУ *BUCHNERA APHIDICOLA* З *APHIS FABAE MORDYIKOI* ФАЎНЫ БЕЛАРУСІ

Ключавыя словы: анатацыя, тлі, шкоднікі сельскагаспадарчых раслін.

Аб'екты даследавання: нуклеатыдная паслядоўнасць *Buchnera Aphidicola* з *Aphis fabae mordyikoi* фауны Беларусі.

Мэта: зборка і анатавання геному, аналіз атрыманых дадзеных (усталяванне функцый генаў, пабудова геномных і метабалічных карт, філагенетычнага дрэва).

Метады даследавання: статыстычныя, малекулярна-генетычныя.

Актуальнасць даследавання заключаецца ў тым, што ў цяперашні час адной з экалагічных праблем глабальнага ўзроўню з'яўляецца пранікненне ў рэгіянальныя фауны інвазійных відаў жывёл. Найбольш небяспечнымі сярод інвазійных відаў насякомых з'яўляюцца шкоднікі культывуюцца і іншых гаспадарча каштоўных раслін. Выкліканыя фітафагамі рознага тыпу пашкоджанні, терататрансфармацыя і, як вынік, зніжэнне ўраджайнасці або дэкаратыўных якасцяў раслін могуць прыводзіць да сур'ёзных эканамічных страт. Дадзеная праца можа дапамагчы ў разуменні функцыянавання механізму гаспадар – сімбіёнтах, а таксама згуляць ролю ў барацьбе з шкоднікамі сельскагаспадарчых культур.

У выніку зборкі і анатацыі геному *Buchnera aphidicola* з *Aphis Fabae*, прадстаўленага 640836 п.н., знойдзена 747 генаў і ўстаноўлена ролю больш за 96% бялкоў. Былі пабудаваны генетычная, метабалічная карта геному, графікі сустрэкаемасці амінакіслот і кадонаў. Самая часта сустрэкаемая амінакіслата – ізалейцын. Кадон ААА з'яўляецца самым выкарыстоўваным у геноме. Самы сустрэкаемы нуклеатыд – адэназін. Самы бліжэйшы сваяк вывучаемай бактэрыі – *B. aphidicola* з *Aphis craccivora*.

ABSTRACT

Graduate work 23 p., 6 pict., 3 tabl., 40 references.

CHARACTERISTICS OF THE *BUCHNERA APHIDICOLA* GENOM FROM *APHIS FABAE MORDYIKOI* FROM THE FAUNA OF BELARUS

Key words: annotation, aphids, pests of agricultural plants.

Objects of study: nucleotide sequence of *Buchnera Aphidicola* from *Aphis Fabae mordyikoi* from the fauna of Belarus.

Purpose: assembly and annotation of the genome, analysis of obtained data (establishing the functions of genes, building genomic and metabolic maps, phylogenetic tree).

Research methods: statistical, molecular genetic.

The relevance of the study lies in the fact that currently one of the environmental problems at the global level is the penetration of invasive animal species into regional faunas. The most dangerous among invasive species of insects are pests of cultivated and other economically valuable plants. Damage caused by phytophages of different types, teratotransformation, and, as a result, a decrease in yield or decorative qualities of plants can lead to serious economic losses. This work can help in understanding the functioning of the host – symbiont mechanism, and also play a role in the control of crop pests.

As a result of assembly and annotation of the genome of *Buchnera aphidicola* from *Aphis Fabae*, represented by 640 836 bp, 747 genes were found and the role of more than 96% of proteins was established. A genetic, metabolic map of the genome, and graphs of the occurrence of amino acids and codons were constructed. The most common amino acid is isoleucine. The AAA codon is the most used in the genome. The most common nucleotide is adenosine. The closest relative of the studied bacteria is *B. aphidicola* from *Aphis craccivora*.