

МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ
БЕЛОРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ
БИОЛОГИЧЕСКИЙ ФАКУЛЬТЕТ
Кафедра зоологии

МАХОНЬ
Андрей Сергеевич

СБОРКА, АННОТАЦИЯ И СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ ГЕНОМОВ
***BUCHNERA ARAHIDICOLA* ДВУХ НЕРОДСТВЕННЫХ ВИДОВ ТЛЕЙ**
ФАУНЫ БУЛАРУСИ

Аннотация к дипломной работе

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

Минск, 2021

РЕФЕРАТ

Дипломная работа, 46 страниц, 16 рисунков, 13 таблиц, 40 источников.

КЛЮЧЕВЫЕ СЛОВА: BUCHNERA APHIDICOLA, СИМБИОНТЫ, СРАВНИТЕЛЬНАЯ ГЕНОМИКА.

Объект исследования: Геномные ассамблеи *Buchnera aphidicola*

Целью дипломной работы является сборка и аннотация геномов *B. aphidicola* из тлей *Macrosiphum rosae* и *Brevicoryne brassicae*, а также сравнительный анализ всех доступных геномов *B. aphidicola*.

Материалы и методы исследования: Полногеномные прочтения геномов *B. aphidicola*, собственноручно собранные, с последующей аннотацией. Доступные геномы *B. aphidicola* из геномной базы данных RefSeq. Методы: компьютерные, биоинформатические.

Были собраны и аннотированы геномы *B. aphidicola* штаммы из тлей *Macrosiphum rosae* и *Brevicoryne brassicae*.

Сборка ВМг представлена 2 контигами размером 480658 п.н и 163615 п.н. Данная сборка имеет 41 пробел, общим размером 4031 п.н. В ходе структурной аннотации был обнаружен 631 ген, ГЦ-состав составил 25,7 %. Была установлена функция 94,46 % белок кодирующих генов. Геном ВВб представлен в виде цельной хромосомы размером 643005 п.н. Обнаружен 621 ген, ГЦ-состав равен 25,03 %. Была установлена функция 94,75 % белок кодирующих генов. Вместе с этим, для данных штаммов были выяснены частоты встречаемости аминокислот и кодонов, а также установлен нуклеотидный состав геномов.

Сравнение геномов ВМг и ВВб не было выявлено структурных перестроек. Было обнаружено 533 общих генов, и 2 псевдогена. В результате сравнения белорусского и американского штаммов *B. aphidicola* из тли *Brevicoryne brassicae* также не было найдено структурных перестроек в геноме. Количество общих генов составило 567. Плазмиды присутствующие у американского штамма не были обнаружены у белорусского.

Максимальное количество белок-кодирующих последовательностей (586) обнаружено у *B. aphidicola* штамм из тли *Myzus persicae*. Минимальное количество генов (350) имеет *B. aphidicola* штамм из тли *Stegophylla sp.* Также было обнаружено 202 гена, копии которых присутствуют у всех изученных штаммов. У половины штаммов ген *murF* встречается в виде псевдогена.

РЭФЕРАТ

Дыпломная праца, 46 старонак, 16 малюнкаў, 13 табліц, 40 крыніц.

КЛЮЧАВЫЯ СЛОВЫ: BUCHNERA APHIDICOLA, СІМБІЁНТЫ, ПАРАЎНАЛЬНАЯ ГЕНОМІКА.

Аб'ект даследавання: геномныя асамблеі *Buchnera aphidicola*

Мэтай дыпломнай работы з'яўляецца зборка і анатацыя геномаў *B. aphidicola* з тлей *Macrosiphum rosae* і *Brevicoryne brassicae*, а таксама параўнальны аналіз усіх даступных геномаў *B. aphidicola*.

Матэрыялы і метады даследавання: поўнагеномныя чытанні геномаў *B. aphidicola*, уласнаручна сабраныя, з наступнай анатацыяй. Даступныя геномы *B. aphidicola* з геномнай базы дадзеных RefSeq. Метады: камп'ютарныя, біяінфарматычныя.

Былі сабраны і анатаваны геномы *B. aphidicola* штамы з тлей *Macrosiphum rosae* і *Brevicoryne brassicae*.

Зборка VMr прадстаўлена 2 кантыгамі памерамі 480658 п.н і 163.615 п.н. Дадзеная зборка мае 41 прабел, агульным памерам 4031 п.н. У ходзе структурнай анатацыі быў знойдзены 631 ген, ГЦ-склад склаў 25,7%. Была ўстаноўлена функцыя 94,46% бялок кадавальных генаў. Геном VVb прадстаўлены ў выглядзе суцэльнай храмасомы памерам 643005 п.н. Знойдзены 621 ген, ГЦ-склад роўны 25,03%. Была ўстаноўлена функцыя 94,75% бялок кадавальных генаў. Разам з гэтым, для дадзеных штамаў былі высветлены частоты сустракаймасці амінакіслот і кадонаў, а таксама ўстаноўлены нуклеатыдны склад геномаў.

Параўнанне геномаў VMr і VVb не выявіла структурных перабудоў. Была выяўлена 533 агульных генаў, і 2 псеўдагена. У выніку параўнання беларускага і амерыканскага штамаў *B. aphidicola* з тлі *Brevicoryne brassicae* таксама не было знойдзена структурных перабудоў у геноме. Колькасць агульных генаў склала 567. Плазміды прысутныя ў амерыканскага штаму не былі выяўленыя ў беларускага.

Максімальная колькасць бялок-кадавальных паслядоўнасцяў (586) выяўлена ў *B. aphidicola* штама з тлі *Myzus persicae*. Мінімальную колькасць генаў (350) мае *B. aphidicola* штама з тлі *Stegophylla sp.* Таксама была выяўлена 202 гены, копіі якіх прысутнічаюць ва ўсіх вывучаных штамаў. У паловы штамаў ген *mirF* сустракаецца ў выглядзе псеўдагена.

ABSTRACT

Thesis, 46 pages, 16 figures, 13 tables, 40 sources.

KEY WORDS: BUCHNERA APHIDICOLA, SYMBIONS, COMPARATIVE GENOMICS.

Subject of research: Genomic assemblies of *Buchnera aphidicola*

The aim of the thesis is the assembly and annotation of the genomes of *B. aphidicola* of the aphids *Macrosiphum rosae* and *Brevicoryne brassicae*, as well as a comparative analysis of all available genomes of *B. aphidicola*.

Materials and research methods: Full-genomic readings of *B. aphidicola* genomes, personally assembled, with subsequent annotation. Available genomes of *B. aphidicola* from the RefSeq genomic database. Methods: computer, bioinformatics.

The genomes of *B. aphidicola* strains from the aphids *Macrosiphum rosae* and *Brevicoryne brassicae* were assembled and annotated.

The BMr assembly is represented by 2 contigs of 480658 bp and 163615 bp in size. This assembly has 41 gaps, with a total size of 4031 bp. During the structural annotation, 631 genes were found, the GC-content is 25.7%. The function of 94.46% of the protein coding genes were established. The BBb genome is presented as a whole chromosome with a size of 643005 bp. 621 genes were found, the GC-content is 25.03%. The function of 94.75% of the protein coding genes were established. At the same time, for these strains, the frequencies of occurrence of amino acids and codons were clarified, and the nucleotide composition of the genomes was also established.

Comparison of the BMr and BBb genomes revealed no structural rearrangements. 533 common genes and 2 pseudogenes were found. As a result of a comparison of the Belarusian and American strains of *B. aphidicola* from the aphid *Brevicoryne brassicae*, no structural rearrangements were found in the genome either. The number of common genes was 567. Plasmids present in the American strain were not found in the Belarusian one.

The maximum number of protein-coding sequences (586) was found in the *B. aphidicola* strain from the aphid *Myzus persicae*. The minimum number of genes (350) has a *B. aphidicola* strain from the aphid *Stegophylla sp.* 202 genes were also found, copies of which are presented in all studied strains. Half of the strains have *murF* as a pseudogene