

МОЛЕКУЛЯРНАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ПЯТИ ГЕНОМОВ *BUCHNERA APHIDICOLA* – ОБЛИГАТНОГО СИМБИОНТА ТЛЕЙ ФАУНЫ БЕЛАРУСИ

Я. П. КОНОНОВИЧ¹⁾, Р. С. ШУЛИНСКИЙ¹⁾, В. Ю. БОНДАРЕНКО¹⁾,
Д. Г. ЖОРОВ¹⁾, Н. В. ВОРОНОВА-БАРТЕ¹⁾

¹⁾Белорусский государственный университет,
пр. Независимости, 4, 220030, г. Минск, Беларусь

В исследовании представлены результаты сборки и аннотации геномов облигатных симбиотических бактерий *Buchnera aphidicola*, ассоциированных с пятью видами тлей (*Acyrtosiphon caraganae*, *Aphis craccivora*, *Brevicoryne brassicae*, *Macrosiphum albifrons* и *Myzus persicae*), распространенных на территории Беларуси. Они являются вредителями пищевых и технических сельскохозяйственных растений, а также растений, выполняющих орнаментальную функцию, что обуславливает актуальность изучения бактерий, обеспечивающих жизнеспособность насекомых. Цель исследования – получение полногеномных последовательностей бактерий и проведение их сравнительного анализа для выявления структурных особенностей, степени сохранности генома и функциональных отклонений, способных повлиять на симбиотические отношения между *B. aphidicola* и хозяином-тлей. В результате анализа выявлено, что исследованные штаммы *B. aphidicola* обладают типичным «полным» геномом, однако, несмотря на общую консервативность геномов, анализ ортологов выявляет наличие различий в составе и целостности ряда генов между штаммами. Кроме того, показано, что ген *trpE* триптофановой плазмиды *B. aphidicola* из *M. persicae* и *trpG* в плазмиде штамма из *A. craccivora* имеют нарушения в рамке считывания, что требует дальнейшего изучения, поскольку синтез триптофана является одной из важнейших функций *B. aphidicola* как симбионта тлей. При наличии такого нарушения можно предположить, что эту функцию берет на себя один из вторичных симбионтов, что возможно, учитывая взаимодополняющее действие вторичных и первичных симбионтов в видах тлей, *B. aphidicola* которых имеет «малый» геном. Таким образом, проведенное исследование расширяет существующие представления о геномной вариабельности и адаптациях *B. aphidicola* у различных видов тлей и подчеркивает важность комплексного подхода к изучению симбиотических систем, включающего не только аннотирование геномов, но и анализ потенциальных функциональных взаимодействий между микробными симбионтами. Это в перспективе позволит выявить механизмы устойчивости и адаптации фитофагов к различным экологическим условиям.

Ключевые слова: симбионт тли; *Buchnera aphidicola*; сборка генома; анализ ортологов; биоинформатика.

Образец цитирования:

Кононович ЯП, Шулинский РС, Бондаренко ВЮ, Жоров ДГ, Воронова-Барте НВ. Молекулярная характеристика пяти геномов *Buchnera aphidicola* – облигатного симбионта тлей фауны Беларуси. Журнал Белорусского государственного университета. Экология. 2025;3:34–41.
<https://doi.org/10.46646/2521-683X/2025-3-34-41>

For citation:

Kananovich YaP, Shulinski RS, Bandarenka UYu, Zhorov DG, Voronova-Barte NV. Molecular characteristics of five genomes of *Buchnera aphidicola* – an obligate symbiont of aphids in the fauna of Belarus. Journal of the Belarusian State University. Ecology. 2025;3:34–41. Russian.
<https://doi.org/10.46646/2521-683X/2025-3-34-41>

Авторы:

Яна Павловна Кононович – ассистент младшего научного сотрудника биоинформатики и молекулярной эволюции животных, биологический факультет.

Роман Сергеевич Шулинский – аспирант кафедры общей экологии и методики преподавания биологии, биологический факультет.

Владислав Юрьевич Бондаренко – младший научный сотрудник НИЛ физиологии и биотехнологии растений; старший преподаватель кафедры клеточной биологии и биоинженерии растений, биологический факультет.

Дмитрий Георгиевич Жоров – кандидат биологических наук, доцент кафедры зоологии, биологический факультет.

Нина Владимировна Воронова-Барте – кандидат биологических наук, доцент; научный руководитель СНИЛ биоинформатики и молекулярной эволюции животных, биологический факультет.

Authors:

Yana P. Kananovich, assistant of junior researcher at the laboratory of bioinformatics and molecular evolution of animals, faculty of biology.

yana.kananovich@gmail.com

Raman S. Shulinski, postgraduate student at the department of general ecology and methods of teaching biology, faculty of biology.

shulinsky@mail.ru

Uladsislav Yu. Bandarenka, junior researcher; senior lecturer at the department of cell biology and plant bioengineering, faculty of biology.

BandarenkaVY@bsu.by

Dmitrii G. Zhorov, PhD (biology); docent of the department of zoology, faculty of biology.

ZhorovDG@bsu.by

Nina Vladimirovna Voronova-Barte, PhD (biology), docent; head of the laboratory of bioinformatics and molecular evolution of animals, faculty of biology.

nvoronova@bsu.by

MOLECULAR CHARACTERISTICS OF FIVE GENOMES OF *BUCHNERA APHIDICOLA* – AN OBLIGATE SYMBIONT OF APHIDS IN THE FAUNA OF BELARUS

Ya. P. KANANOVICH^a, R. S. SHULINSKI^a, U. Yu. BANDARENKA^a, D. G. ZHOROV^a, N. V. VORONOVA-BARTE^a

^aBelarusian State University,
4 Niezaliežnasci Avenue, Minsk 220030, Belarus
Corresponding author: Y. P. Kananovich (yana.kananovich@gmail.com)

This paper presents the results of genome assembly and annotation of the obligate symbiotic bacteria *Buchnera aphidicola* associated with five aphid species, namely *Acyrtosiphon caraganae*, *Aphis craccivora*, *Brevicoryne brassicae*, *Macrosiphum albifrons* and *Myzus persicae*, common in Belarus. These aphid species are pests of food and industrial agricultural plants, and plants that perform an ornamental function, which determines the relevance of studying the bacteria that ensure the viability of insects. The aim of the study was to obtain whole-genome sequences of bacteria and conduct comparative analysis to identify the structural features, degree of genome preservation, and functional deviations that can affect the symbiotic relationship between *B. aphidicola* and the aphid host. The analysis revealed that the studied *B. aphidicola* strains have a typical «complete» genome, however, despite the general conservation of genomes, the analysis of orthologs revealed differences in the composition and integrity of a number of genes between the strains. In addition, it was shown that the *trpE* gene of the *B. aphidicola* tryptophan plasmid from *M. persicae* and *trpG* in the plasmid of the strain from *A. craccivora* have disturbances in the reading frame, which requires further careful study, since tryptophan synthesis is one of the most important functions of *B. aphidicola* as an aphid symbiont. In the presence of such a violation, it can be assumed that this function is taken over by one of the secondary symbionts, which is possible given the complementary action of secondary and primary symbionts in the aphid species *B. aphidicola*, which has a «small» genome. Thus, the study expands the existing understanding of the genomic variability and adaptations of *B. aphidicola* in various aphid species and emphasizes the importance of an integrated approach to the study of symbiotic systems, including not only genome annotation but also the analysis of potential functional interactions between microbial symbionts, which in the future will allow us to identify the mechanisms of resistance and adaptation of phytophages to various environmental conditions.

Keywords: aphid symbiont; *Buchnera aphidicola*; genome assembly; ortholog analysis; bioinformatics.

Введение

Симбиотические микроорганизмы играют важную роль в обеспечении жизнедеятельности животных, в том числе – насекомых. Многие из таких симбионтов существенно влияют на физиологию своих хозяев и могут придавать им новые свойства, позволяющие адаптироваться к изменяющимся условиям окружающей среды, расширять ареал, заселять различные биотопы и изменять трофическую специализацию [1]. Настоящие тли (Aphididae) представляют собой один из наиболее ярких примеров организмов, сильно зависящих от своих симбионтов. Известны две группы симбионтов: первичные облигатные – это *Buchnera aphidicola* Munson et al. 1991 (Gammaproteobacteria: Enterobacterales: Erwiniaceae), заселяющая бактериоциты и поставляющая насекомому-хозяину дополнительные аминокислоты, а также вторичные факультативные, которые могут быть тканевыми, гемоцельными или кишечными, обеспечивающими разнообразными селективными преимуществами насекомым, в которых они обитают, в том числе термотолерантность, устойчивость к некоторым инсектицидам, патогенами или паразитам [2; 3].

До недавнего времени считалось, что единственная функция *B. aphidicola* в организме тлей – синтез аминокислот, отсутствующих или крайне мало представленных во флоэмном соке растений. Однако в последние годы появилась информация, позволяющая поставить это утверждение под вопрос. *B. aphidicola* участвует в формировании устойчивости тлей к абиотическим и биотическим стресс-факторам. В частности, стало известно, что наиболее активная продукция СУР6СУ3 – основного фермента тлей, обеспечивающего нейтрализацию неоникотиноидов – осуществляется именно в бактериоцитах, заселенных *B. aphidicola* [4]. Более того, установлено, что устойчивость тлей к авермектину не связана с усилением экспрессии каких-либо генов системы детоксикации тлей, но положительно коррелирует с плотностью *B. aphidicola* в их тканях. В этом же исследовании было показано, что после снижения количества *B. aphidicola* с помощью микроинъекций антибиотиков, тли восстанавливают чувствительность к имидаклоприду и сульфоксафлору [5]. В частности, продемонстрирована ее роль в адаптации к тепловому шоку, сопротивлению грибным инфекциям, а также в способности осваивать новые кормовые растения и ареалы обитания [6–8]. Все это делает *B. aphidicola* не только важным объектом фундаментальных исследований в области эволюционной биологии и симбиоза, но и потенциальной мишенью в разработке новых стратегий биологического контроля вредителей.

За миллионы лет симбиоза с тлями *B. aphidicola* подверглась значительной редукции генома и потеряла способность к автономному существованию вне организма хозяина. В процессе этой эволюционной трансформации *B. aphidicola* утратила многочисленные гены, включая ответственные за репарацию ДНК, регуляцию экспрессии генов, клеточное деление и синтез компонентов клеточной стенки. Совокупно, по оценкам, бактерия утратила около 70 % от предполагаемого количества генов, имеющихся у свободноживущих предков, что сделало ее геном одним из самых маленьких, среди всех известных клеточных организмов [9].

Редуцированный геном *B. aphidicola* отличается крайней стабильностью, характеризуется высоким уровнем минимализма и отсутствием горизонтального переноса генов, что обусловлено как изоляцией в клетке хозяина, так и утратой систем, ответственных за рекомбинацию. При этом, несмотря на значительное сокращение, в геноме сохраняются кластеры, обеспечивающие синтез незаменимых аминокислот, в частности триптофана, лейцина, изолейцина, валина и гистидина, что указывает на его специализированную метаболическую направленность. Такая консервация функционально значимых путей свидетельствует о глубокой коэволюционной зависимости между тлей и ее эндосимбионтом.

Внимание исследователей привлекают плазмидные локусы в геноме *B. aphidicola*, которые в разных штаммах могут сохранять функциональность, подвергаться мутациям или даже исчезать. Эти различия имеют важное значение для оценки степени метаболической зависимости между симбионтом и хозяином, а также позволяют судить о наличии или отсутствии компенсаторных функций со стороны вторичных симбионтов.

В работе мы представляем результаты сборки и сравнительного анализа геномов *B. aphidicola* из 5 видов тлей фауны Беларуси, которые являются известными вредителями сельскохозяйственных культур растений. Эти виды включают: *Brevicoryne brassicae* Linnaeus, 1758 – поражает растения семейства Капустные, *Macrosiphum albifrons* Essig, 1911 – поражает растения рода люпин, *Acyrtosiphon caraganae* Cholodkovsky, 1908 – олигофаг, поражающий растения семейства Бобовые, *Aphis craccivora* Koch, 1854 – полифаг, преимущественно поражающий растения семейства Бобовые и представляющий наибольшую угрозу среди данных видов тлей, полифаг *Myzus persicae* Sulzer, 1776, который в различные периоды жизненного цикла поражает плодовые древесные растения рода слива, овощные культуры семейств Пасленовые, Маревые, Астровые, Капустные и Тыквенные.

Материалы и методы исследования

Имаго тлей собраны в следующих регионах Беларуси: *M. persicae*, *B. brassicae* и *M. albifrons* – г. Минск, *A. caraganae* – на берегу оз. Нарочь, *A. craccivora* – г. Логойск. Более подробная информация доступна в базе данных BioSample по кодам доступа (табл. 1). Видовая принадлежность коллектированных образцов была определена по морфологическим ключам и подтверждена результатами ДНК-штрихкодирования.

После сбора образцы тлей помещали в микропробирки с 96 % раствором этанола и хранили в морозильной камере при температуре -20 °C. Метагеномную ДНК выделяли набором «Blood-Animal-Plant DNA Preparation Kit» (Jena Bioscience, Германия) согласно рекомендациями производителя. Выделенную ДНК хранили при температуре -20 °C до транспортировки в лабораторию Macrogen (Южная Корея), где на ее основе были сконструированы библиотеки ДНК для секвенирования. Оно производилось на секвенаторах MiSeq (Иллюмина) в лаборатории Macrogen. В результате были получены необработанные данные секвенирования формата FASTQ, представляющие собой парные прочтения ДНК длиной 151 п. н. Количество прочтений для образцов составило: *M. persicae* – 172 099 440, *M. albifrons* – 134 396 409, *A. craccivora* – 150 614 057, *A. caraganae* – 144 682 122, *B. brassicae* – 149 291 825.

Полногеномные данные секвенирования были выгружены в базу данных SRA (Sequence Read Archive) под номерами SRR9903619, SRR9925340, SRR9925395, SRR9901306, SRR9925396. Парные прочтения картировались на референсные геномы *B. aphidicola*, доступные в базе данных GenBank по состоянию на ноябрь 2022 г. Локальное картирование осуществлялось в программе Bowtie2 [10]. Сборка картированных прочтений *de novo* осуществлялась программой SPAdes 3.14.0 [11]. Структурная и функциональная аннотация геномов *B. aphidicola*, а также генерация файлов нуклеотидных и аминокислотных последовательностей для дальнейшего анализа, проводилась с помощью программы NCBI Prokaryotic Genome Annotation Pipeline (PGAP Software revision:6.3a). Дополнительно полученные данные аннотации сверялись с результатами программы RAST Server и Prokka [12; 13].

Функциональный анализ генов проводился в программе COGclassifier [14]. Поиск ортологичных кластеров генов, визуализация количества общих кластеров и уникальных кластеров в виде диаграмм Венна осуществлялись с помощью веб-сервиса OrthoVenn2 [15]. Для поиска ортологичных кластеров выбиралось пороговое значение ошибки 10^{-15} , значение инфляции 1,5. Представление плазмидных последовательностей в виде кольцевых карт проводилось в программах Proksee [16] и UGENE [17].

Результаты исследования и их обсуждение

Итак, было собрано 5 геномов *B. aphidicola* тлей видов *M. persicae*, *M. albifrons*, *A. craccivora*, *A. caraganae*, *B. brassicae*. Каждый полученный геном представлен консенсусными последовательностями ДНК – 1 хромосомой и 2 кольцевыми плазмидами. Исходные данные секвенирования, метаданные с характеристиками образцов тлей и непосредственно полученные сборки были депонированы в базу данных *GenBank* (табл. 1).

Таблица 1

Коды доступа (КД) к исходным данным секвенирования, сборкам геномов *B. aphidicola* и характеристике образцов тлей

Table 1

Access codes for sequencing data, *B. aphidicola* genome assemblies, and characterization of aphid samples

Вид тлей-хозяев	КД SRA	GenBank КД сборки	BioSample КД
<i>Acyrtosiphon caraganae</i>	SRR9925395	GCA_026684235.1	SAMN31681969
<i>Aphis craccivora</i>	SRR9901306	GCA_026684215.1	SAMN31677943
<i>Brevicoryne brassicae</i>	SRR9903619	GCA_026684255.1	SAMN31681002
<i>Macrosiphum albifrons</i>	SRR9925340	GCA_026684195.1	SAMN31681061
<i>Myzus persicae</i>	SRR9925396	GCA_026684135.1	SAMN31681949

На данный момент род *Buchnera* условно разделяют на две ветви в соответствии с размером генома: «большие» геномы, размером более 600 тыс. п. н., и «малые», с размером немногим более 400 тыс. п. н. [18]. Все 5 исследуемых *B. aphidicola* следует отнести к ветви с «большими» или полными геномами, так как длины их нуклеотидных последовательностей превышают 600 тыс. п. н. Структура генома, количество кодирующих генов, псевдогенов, последовательностей РНК у *B. aphidicola* из тлей, коллектированных в Беларуси, незначительно отличалась от ранее опубликованных данных аннотаций *B. aphidicola* тлей соответствующих родов. Сравнительная таблица размеров хромосом *B. aphidicola* и их GC-состава для геномов белорусских штаммов и штаммов близкородственных видов тлей других регионов представлена в табл. 2.

В геномах *B. aphidicola* наблюдалась характерная для этих симбионтов высокая плотность генов. В среднем она составила 1,02–1,03 на тысячу пар нуклеотидных оснований для исследованных штаммов. Единственная область, обладающая вариабельностью среди различных филогенетических линий *B. aphidicola*, – это область генов, локализующихся в хромосоме *ygfZ-prfB-lysS-lysA-lgt-thyA* и *lipA-pyrF-ribA*, порядок следования которых у различных штаммов может отличаться [19]. Все 5 изучаемых геномов *B. aphidicola* показывают указанный порядок генов в этих двух регионах.

Как отмечалось ранее, в отношении используемых кодонов в геноме *B. aphidicola* есть склонность к использованию С-оканчивающихся триплетов для генов с высокой экспрессией и А/Т-оканчивающихся триплетов для генов с низкой экспрессией [20]. Это, предположительно, вызвано давлением эволюционного отбора по признаку эффективности трансляции мРНК генов и разной доступностью отдельных нуклеотидов в геномах облигатных симбионтов, к которым относится *B. aphidicola*. Предпочтение кодонов в высокоэкспрессируемых генах зачастую коррелирует с повышенной продукцией белков и, в целом, с увеличением приспособленности организмов к изменяющимся условиям окружающей среды [21]. Данное явление наблюдается и в анализируемых геномах, что продемонстрировано на графике использования синонимичных кодонов у *B. aphidicola* (*M. albifrons*) для 20 аминокислот (рис. 1). Распределение концевых нуклеотидов: А – 37 %, С – 5, G – 13, Т – 45 %. Такая тенденция наблюдается у всех исследованных штаммов *B. aphidicola* без каких-либо значительных отличий.

В результате поиска ортологических групп было выявлено, что 542 кластера генов, являющихся общими для всех 5 штаммов, то есть примерно 95 % генов различных *B. aphidicola* являются идентичными в своем функциональном значении и содержат гены, критически важные для поддержания жизнеспособности бактерий (рис. 2). В состав кластеров, не попавших в список общих для всех 5 геномов, вошли гены, отвечающие за репарацию, биосинтез триптофана, регуляцию транскрипции и трансляции, синтез клеточной стенки, синтез липидов, гены металлорегуляторных белков. При этом ни один исследуемый штамм *B. aphidicola* не обладал уникальными генами.

Таблица 2

Длины ДНК последовательностей и GC-состав геномов *B. aphidicola*
изучаемых штаммов и штаммов других регионов

Table 2

Lengths of DNA sequences and their GC composition of genomes of *B. aphidicola*
of the studied strains and strains from other regions

Образец	GenBank КД	Длина последовательно-сти, п. н.	GC содержание, %	GenBank КД (плазмиды)	Длина последовательности (плазмиды), п. н.
<i>Myzus persicae</i>	CP113412.1 (Беларусь)	643 511	25	CP113413.1 CP113414.1	7 802 2 907
	CP002697.1 (США)	643 504	25	CP002698.1 —	7 802 —
<i>Aphis craccivora</i>	CP113403.1 (Беларусь)	632 746	24	CP113404.1 CP113405.1	7 657 2 970
	CP043999.1 (США)	632 731	24	CP044000.1 CP044001.1	7 658 2 970
<i>Acyrtosiphon caraganae</i>	CP113415.1 (Беларусь)	642 370	25,5	CP113416.1 CP113417.1	7 912 3 771
<i>Acyrtosiphon lactucae</i>	CP034891.1 (США)	642 335	24	CP034892.1 CP034893.1	7 888 3 264
<i>Brevicoryne brassicae</i>	CP113406.1 (Беларусь)	643 005	25	CP113407.1 CP113408.1	7 873 2 977
	CP034882.1 (США)	645 850	25	CP034883.1 CP034884.1	7 866 2 913
<i>Macrosiphum albifrons</i>	CP113409.1 (Беларусь)	644 375	25,5	CP113410.1 CP113411.1	7 794 3 200
<i>Macrosiphum euphorbiae</i>	CP033006.1 (США)	645 334	25,5	—	—

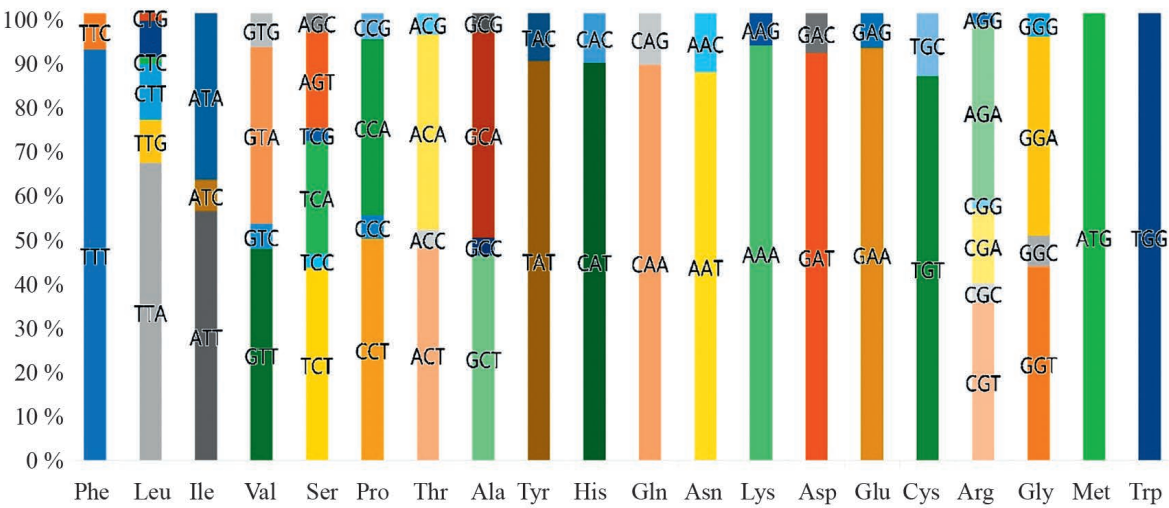


Рис. 1. Предпочтение кодонов в кодирующих последовательностях генома *B. aphidicola* (*M. albifrons*)

Fig. 1. Codon bias in *B. aphidicola* (*M. albifrons*) genome coding sequences

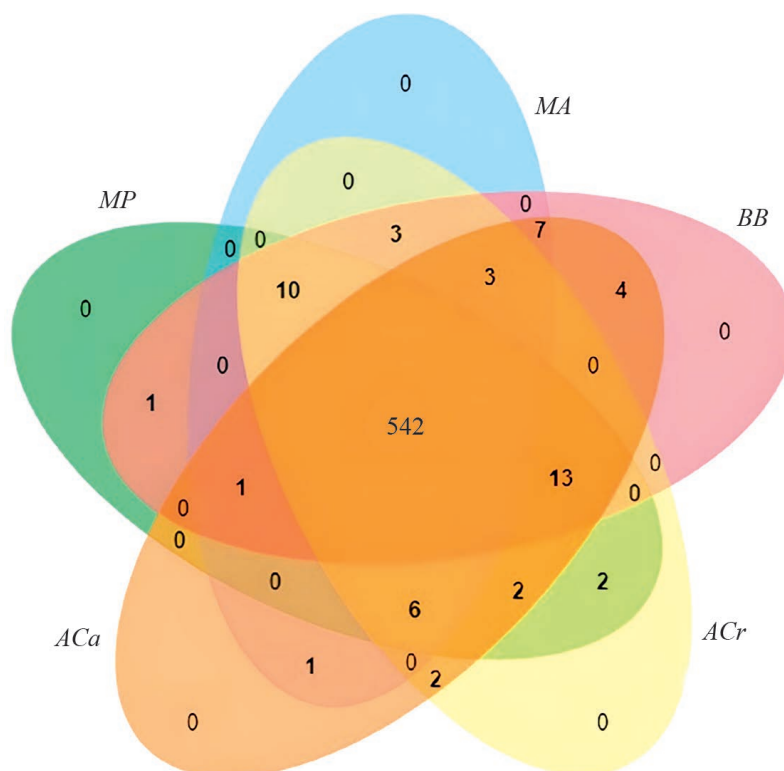


Рис. 2. Диаграмма Венна, отражающая количество общих кластеров ортологов у *B. aphidicola* из 5 видов тлей.

Fig. 2. Venn diagram showing the number of shared clusters of orthologs in *B. aphidicola* of 5 aphid species

Функциональная аннотация генов *B. aphidicola* показала, что 10 % всего количества генов бактерии приходится на гены, отвечающие за метаболизм аминокислот. Это связано с симбиотической функцией *B. aphidicola* и характерно для всех ее штаммов. Примерно треть всех генов отвечает за метаболические пути синтеза и деградации веществ, с которыми *B. aphidicola* обменивается со своим хозяином тлей. Как и у других *B. aphidicola*, анализируемые бактерии утратили практически все гены регуляции генома (более 90 % при сравнении последнего реконструированного симбиотического предка всех современных *B. aphidicola* и *Escherichia coli*) и сейчас их общее количество составляет не более 3 % от всего количества генов [22]. Различия состоят в наличии/отсутствии у одних штаммов дополнительных генов, отвечающих за процессы репарации, репликации, регуляции генома, пиримидинового метаболизма и синтеза пептидогликана. Предположительно, данные категории генов подвергаются негативному селективному отбору у *B. aphidicola* и в дальнейшем будут утрачены во всех линиях.

Генный состав и само наличие плазмид у *B. aphidicola* является пластичным признаком [23]. В случае же анализируемых штаммов *B. aphidicola* у всех бактерий были выявлены по две плазмиды, условно называемые «лейциновой» *pLeu* и «триптофановой» *pTrp* (рис. 3). Лейциновые плазмиды всех штаммов имеют одинаковый состав: два гена, ответственных за репликацию – *repA*, гены синтеза лейцина, дополняющие соответствующие гены из хромосомной ДНК – *leuABCD* и ген, гомологичный гену *yqhA* *E. coli* синтеза интегрального мембранного белка. Триптофановые плазмиды предсказуемо содержат гены биосинтеза триптофана *trpEG*, но только у *B. aphidicola* (*A. caraganae*) присутствует ген контроля репликации плазмиды. Кроме того, согласно полученной аннотации, гены *trpE* у штамма *M. persicae* и *trpG* у штамма *A. craccivora* могут быть дефектными, исходя из наличия сдвига рамки считывания в случае со штаммом из *M. persicae* и потеря участка С-терминала у штамма из *A. craccivora*, при этом не обнаружено аналогов этих генов в хромосомной ДНК.

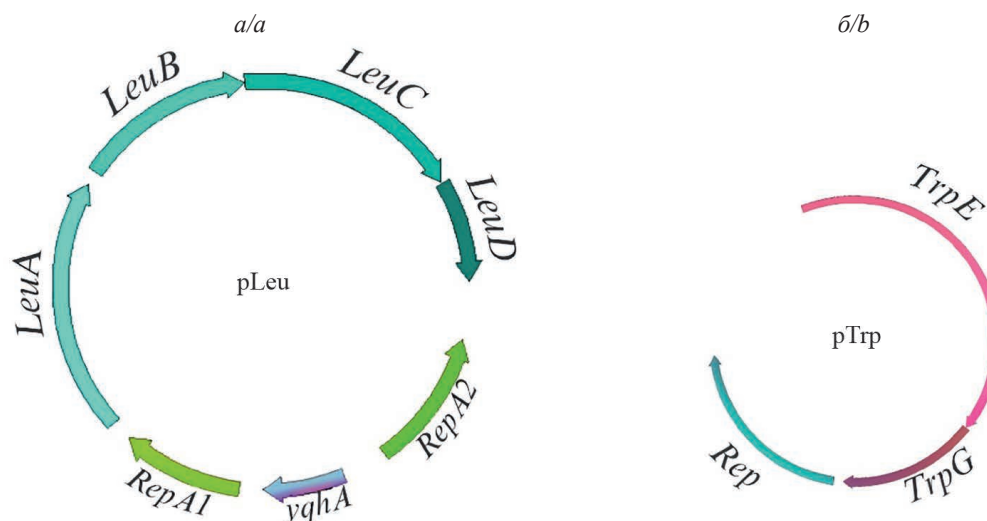


Рис. 3. Генетические карты плазмид *B. aphidicola*, содержащих гены синтеза лейцина (а) и триптофана (б)

Fig. 3. Genetic maps of *B. aphidicola* plasmids containing genes for leucine (a) and tryptophan (b) synthesis

Заключение

Геномы *B. aphidicola* из пяти видов тлей (*M. persicae*, *M. albifrons*, *A. craccivora*, *A. caraganae* и *B. brassicae*) были собраны в 15 нуклеотидных последовательностей (5 хромосомных и 10 плазмидных). Последовательности представляют полные геномы *B. aphidicola* данных видов тлей и доступны по следующим кодам доступа GenBank: GCA_026684135.1, GCA_026684195.1, GCA_026684215.1, GCA_026684235.1, GCA_026684255.1.

Размеры геномов и общее количество генов *B. aphidicola* составили: 654 220 п. н., 632 гена (*M. persicae*); 643 373 п. н., 628 генов (*A. craccivora*); 654 053 п. н., 630 генов (*A. caraganae*); 653 855 п. н., 637 генов (*B. brassicae*); 655 369 п. н., 631 ген (*M. albifrons*).

Проведенная структурная и функциональная аннотация выявила отсутствие значительных генетических различий между геномами *B. aphidicola* из тлей, собранных на территории Беларуси, и геномами *B. aphidicola* из тлей близкородственных видов, ранее представленных в GenBank. У штаммов симбионта *M. persicae* и *A. craccivora* обнаружена псевдогенизация последовательностей, отвечающих за промежуточные этапы синтеза триптофана. Подтверждение способности или неспособности к синтезу этой аминокислоты может быть в дальнейшем достигнуто экспериментальными методами.

Библиографические ссылки / References

1. Provorov NA, Onishchuk OP. Microbial symbionts of insects: genetic organization, adaptive role, and evolution. *Microbiology*. 2018;87(2):151–163. DOI: 10.1134/s002626171802011x.
2. Douglas AE. Nutritional interactions in insect-microbial symbioses: aphids and their symbiotic bacteria *Buchnera*. *Annual Review of Entomology*. 1998;43(1):17–37. DOI: 10.1146/annurev.ento.43.1.17.
3. Zytynska SE, Weisser WW. The natural occurrence of secondary bacterial symbionts in aphids. *Ecological Entomology*. 2016;41(1):13–26. DOI: 10.1111/een.12281.
4. Singh KS, Troczka BJ, Duarte A, et al. The genetic architecture of a host shift: an adaptive walk protected an aphid and its endosymbiont from plant chemical defenses. *Science Advances*. 2020;6(19):eaba1070. DOI: 10.1126/sciadv.aba1070.
5. Guo SK, Gong YJ, Chen JC, et al. Increased density of endosymbiotic *Buchnera* related to pesticide resistance in yellow morph of melon aphid. *Journal of Pest Science*. 2020;93(4):1281–1294. DOI: 10.1007/s10340-020-01248-0.
6. Tougeron K, Iltis C. Impact of heat stress on the fitness outcomes of symbiotic infection in aphids: a meta-analysis. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*. 2022;289:2660. DOI: 10.1098/rspb.2021.2660.
7. Gao Y, Ren Y, Chen J, et al. Effects of fungicides on fitness and *Buchnera* endosymbiont density in *Aphis gossypii*. *Pest Management Science*. 2023;79(11):4282–4289. DOI: 10.1002/ps.7625.
8. Zhang YC, Cao WJ, Zhong LR, Godfray H CJ, Liu XD. Host plant determines the population size of an obligate symbiont (*Buchnera aphidicola*) in aphids. *Applied and Environmental Microbiology*. 2016;82(8):2336–2346. DOI: 10.1128/aem.04131-15.
9. Gómez-Valero L, Silva FJ, Christophe Simon J, Latorre A. Genome reduction of the aphid endosymbiont *Buchnera aphidicola* in a recent evolutionary time scale. *Gene*. 2007;389(1):87–95. DOI: 10.1016/j.gene.2006.10.001.
10. Langmead B, Salzberg SL. Fast gapped-read alignment with Bowtie 2. *Nature Methods*. 2012;9(4):357–359. DOI: 10.1038/nmeth.1923.
11. Pribelski A, Antipov D, Meleshko D, Lapidus A, Korobeynikov A. Using SPAdes *de novo* assembler. *Current Protocols in Bioinformatics*. 2020;70(1):e102. DOI: 10.1002/cpbi.102.

12. Aziz RK, Bartels D, Best AA, et al. The RAST server: rapid annotations using subsystems technology. *BMC Genomics*. 2008;9(1):75. DOI: 10.1186/1471-2164-9-75.
13. Seemann, T. Prokka: rapid prokaryotic genome annotation. *Bioinformatics*. 2014;30(14):2068–2069. DOI: 10.1093/bioinformatics/btu153.
14. Tatusov RL, Galperin MY, Natale DA, Koonin EV. The COG database: a tool for genome-scale analysis of protein functions and evolution. *Nucleic Acids Research*. 2000;28(1):33–36. DOI: 10.1093/nar/28.1.33.
15. Xu L, Dong Z, Fang L, et al. OrthoVenn2: a web server for whole-genome comparison and annotation of orthologous clusters across multiple species. *Nucleic Acids Research*. 2019;47(W1):W52–W58. DOI: 10.1093/nar/gkz333.
16. Grant JR, Enns E, Marinier E, et al. Proksee: in-depth characterization and visualization of bacterial genomes. *Nucleic Acids Research*. 2023;51(W1):W484–W492. DOI: 10.1093/nar/gkad326.
17. Okonechnikov K, Golosova O, Fursov M. Unipro UGENE: a unified bioinformatics toolkit. *Bioinformatics*. 2012;28(8):1166–1167. DOI: 10.1093/bioinformatics/bts091.
18. Lu C, Zou T, Liu Q, Huang X. Twenty-nine newly sequenced genomes and a comprehensive genome dataset for the insect endosymbiont *Buchnera*. *Scientific Data*. 2024;11(1):673. DOI: 10.1038/s41597-024-03537-0.
19. Van Ham RCHJ, Kamerbeek J, Palacios C, et al. A reductive genome evolution in *Buchnera aphidicola*. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 2003;100(2):581–586. DOI: 10.1073/pnas.0235981100.
20. Parvathy ST, Udayasuriyan V, Bhadana V. Codon usage bias. *Molecular Biology Reports*. 2022;49(1):539–565. DOI: 10.1007/s11033-021-06749-4.
21. Iriarte A, Lamolle G, Musto H. Codon usage bias: an endless tale. *Journal of Molecular Evolution*. 2021;89(9–10):589–593. DOI: 10.1007/s00239-021-10027-z.
22. Chong RA, Park H, Moran NA. Genome evolution of the obligate endosymbiont *Buchnera aphidicola*. *Molecular Biology and Evolution*. 2019;36(7):1481–1489. DOI: 10.1093/molbev/msz082.
23. Latorre A, Gil R, Silva FJ, Moya A. Chromosomal stasis versus plasmid plasticity in aphid endosymbiont *Buchnera aphidicola*. *Heredity*. 2005;95(5):339–347. DOI: 10.1038/sj.hdy.6800716.

Статья поступила в редколлегию 17.07.2025.
Received by editorial board 17.07.2025.