



## З м е с т

### **БІЯЛАГІЧНЫЯ НАВУКІ**

- Бодяковская Е. А., Кошевая К. О.* Вода из колодцев деревень Лельчицкого района по сезонам года ..... 3
- Валетов В. В., Гуминская Е. Ю., Букиневич Л. А., Камай Е. Н.* Видовое разнообразие травянистой растительности лесов сосновой формации юго-восточной части Центральноберезинской равнины ..... 9
- Воробьёва М. М.* Выявление гаплотипов COI методом ПИР-ПДРФ анализа у тлей-полифагов ..... 14
- Дегтярёва Е. И., Медведев М. А., Лазаренко Т. А., Губко А. Ю.* Эпидемиологические, патоморфологические и терапевтические аспекты рака шейки матки, ассоциированного с папилломавирусом человека ..... 20
- Качур Д. А.* Антропометрические особенности спортсменов-армрестлеров различного уровня спортивного мастерства ..... 26
- Котович И. В., Позывайло О. П., Баран В. П., Ярошевич Т. М.* Показатели липидного обмена, пероксидного окисления липидов и антиоксидантной системы крови коров-первотелок на начальном этапе лактации ..... 33
- Крикало И. Н., Луполова Т. А.* Соматотип и гармоничность физического развития школьников среднего и старшего возраста ..... 40

### **ПЕДАГОГІЧНЫЯ НАВУКІ**

- Блоцкий С. М., Горовой В. А.* Особенности прогнозирования подготовки бегунов на средние и длинные дистанции ..... 45
- Дубовец Е. Н.* Структурно-логический подход к обоснованию содержания представлений воспитанников детских домов и школ-интернатов о семейных ценностях ..... 51
- Карпинская Т. В.* К вопросу преподавания учебной дисциплины «Охрана труда» в процессе подготовки будущих педагогов-инженеров агропромышленного комплекса ..... 58
- Мартынова Е. И., Сучков А. К., Казимиров Е. П.* Интеграция средств оздоровительной аэробики в профессионально-прикладную физическую подготовку студентов специального учебного отделения ..... 63
- Новицкая Н. Г.* Пути формирования у обучающихся навыков коммуникативной самопрезентации в рамках межкультурной коммуникации ..... 69
- Сердюкова Е. Н.* Самооценка здоровья студентами экономического факультета УО «Гомельский государственный университет им. Ф. Скорины» ..... 74
- Усова Ю. Н., Журлова И. В.* Система управления учебной деятельностью студентов-инофонов в процессе изучения иностранного языка на основе организационной модели ..... 79
- Чечко Т. Н.* Ключевые компетенции студента-филолога на этапе ранней профессионализации ..... 85
- Шантарович В. В., Каллаур Е. Г.* Методология развития силовых характеристик спортсменов-гребцов на байдарках и каноэ ..... 91
- Щур Л. М.* Оценка эффективности методики подготовки студентов педагогических специальностей к осуществлению личностно-ориентированной образовательной деятельности ..... 96

**Галоўны рэдактар:**  
В. В. Валетаў

**Намеснік галоўнага рэдактара:**  
В. М. Наўныка

**Рэдакцыйная калегія:**  
В. В. Шур (адказны за рубрыку “Філалагічныя навукі”)  
І. У. Журлова (адказны за рубрыку “Педагогічныя навукі”)  
І. В. Катовіч (адказны за рубрыку “Біялагічныя навукі”)  
В. С. Болбас  
Н. У. Зайцава  
У. І. Коваль  
Г. У. Кулак  
С. Б. Кураш  
В. І. Парфёнаў  
В. Ф. Русецкі  
У. С. Савенка  
А. У. Сузько  
У. У. Усеня  
В. В. Шапялёвіч

**Заснавальнік Установа адукацыі “Мазырскі дзяржаўны педагогічны ўніверсітэт імя І. П. Шамякіна”**

Адрас рэдакцыі:  
вул. Студэнцкая, 28,  
247777, Мазыр,  
Гомельская вобл.  
Тэл.: +375 (236) 32-46-29  
E-mail:  
vesnik.mgpr@mail.ru

Карэктары:  
С. І. Жураўлёва,  
У. В. Кузьміч  
Камп'ютарная  
вёрстка  
А. В. Юніцкая

Падпісана да друку  
12.11.2018 г.  
Фармат 60 x 90 1/8.  
Папера афсетная.  
Рызграфія.  
Ум. друк. арк. 20,75.  
Тыраж 100 экз.  
Заказ № 294к.

Установа адукацыі  
“Мазырскі дзяржаўны  
педагагічны  
ўніверсітэт  
імя І. П. Шамякіна”.  
Вул. Студэнцкая, 28,  
247777, Мазыр,  
Гомельская вобл.

Пасведчанне  
аб дзяржаўнай  
рэгістрацыі сродку  
масавай інфармацыі  
№ 1233 ад 08.02.2010,  
выдадзенае  
Міністэрствам  
інфармацыі  
Рэспублікі Беларусь.

Установа адукацыі  
“Беларускі гандлёва-  
эканамічны ўніверсітэт  
спажывецкай  
кааперацыі”.  
Пр-т Кастрычніка, 50,  
246029, Гомель  
ЛП № 02330/463  
ад 23.03.2014 г.

Меркаванні,  
выказаныя  
аўтарамі, могуць  
не супадаць  
з пунктам погляду  
рэдакцыі

© УА МДПУ  
імя І. П. Шамякіна, 2018

## ФІЛАЛАГІЧНЫЯ НАВУКІ

Ван Цин. Частеречная трансформация при переводе текста художественного стиля с русского языка на китайский (на материале романа Ф. М. Достоевского «Идиот») .....	104
Гируцкий А. А., Трутько В. В. Дискурсивно-диалогическое пространство малой прозы Л. Улицкой в социокультурном аспекте .....	111
Гребень Т. Н. Парентетические конструкции в научном и медийном англоязычном дискурсе .....	117
Дорош Н. Л. Глаголы-отсубстантивы, соотносимые с отвлеченными именами существительными, в русском и белорусском языках .....	122
Ковалевич И. О. Игровое словообразование в разговорной речи детей и взрослых .....	126
Крыштоп І. С. Раслінныя і анімалістычныя вобразы ў паэзіі Канстанцыі Буйло і Эдны Мілей .....	131
Налётава Н. М. Мастацкая інтэрпрэтацыя асобы і дзейнасці К. М. Міцкевіча ў прозе С. Х. Александровіча .....	136
Скоробогатая Т. И. Производные глаголы в немецком языке с полупрефиксом <i>ab-</i> и их неоднословные соответствия .....	141
Суколен А. Г. Средства выражения оценочной характеристики ‘трусливый’ (на материале зоонимической лексики русского и китайского языков) .....	145
Тимошенко Е. И. Типология семантических связей в этимологических гнездах со значением созидания (на материале русского языка).....	151
Шаколо А. В. Сказочные онимы в репрезентации концептуальной оппозиции «свой – чужой» .....	156
Якушава А. М. Лексіка-граматычная спалучальнасць займеннікаў у творах мастацкай літаратуры (на прыкладзе твораў І. Шамякіна) .....	160
<b>РЭЦЭНЗІІ</b> .....	164

УДК 577.212:595.753

**М. М. Воробьева**

Кандидат биологических наук, старший преподаватель кафедры биолого-химического образования,  
УО «Мозырский государственный педагогический университет им. И. П. Шамякина»,  
г. Мозырь, Республика Беларусь

**ВЫЯВЛЕНИЕ ГАПЛОТИПОВ COI МЕТОДОМ ПЦР-ПДРФ АНАЛИЗА  
У ТЛЕЙ-ПОЛИФАГОВ**

Проанализировано 1779 нуклеотидных последовательностей гена субъединицы I цитохромоксидазы *c* (COI) тлей с широким перечнем кормовых растений (*Acyrtosiphon malvae* Kalt., *Aphis craccivora* Koch, *Aphis fabae* Scop., *Aphis gossypii* Glov., *Aphis spiraecola* Patch, *Aulacorthum solani* (Kalt.), *Brachycaudus helichrysi* Kalt., *Myzus persicae* (Sulz.) и *Macrosiphum euphorbia* Thorn.). Результаты анализа показали, что тли-полифаги обладают высоким внутривидовым полиморфизмом гена COI. На основе полученных данных построили рестрикционные карты и разработали ПЦР-ПДРФ ключи для идентификации конкретных гаплотипов COI у анализируемых видов тлей-полифагов.

Ключевые слова: тли-полифаги, рестрикционные карты, ПЦР-ПДРФ ключи, *A. malvae*, *A. craccivora*, *A. fabae*, *A. gossypii*, *A. spiraecola*, *A. solani*, *B. helichrysi*, *M. persicae*, и *M. euphorbia*.

**Введение**

Настоящие тли (Homoptera; Aphidoidea) – сравнительно небольшое надсемейство насекомых, включающее на сегодняшний день более 5000 видов, многие среди которых являются опасными вредителями сельскохозяйственных и иных возделываемых культур [1]. Благодаря таким особенностям биологии и экологии как гетерогония, морфологический полиморфизм, быстрая смена генераций, способность к эффективному расселению, высокий уровень адаптации к растениям-хозяевам, широкая экологическая валентность и др., эти насекомые успешно адаптировались к разнообразным условиям окружающей среды и освоили в качестве кормовых объектов практически все группы семенных растений [2].

Адаптации тлей к новым природно-климатическим условиям свидетельствует о высоком уровне экологической пластичности этого таксона насекомых, которая генетически детерминирована и поддерживается естественным отбором. Как известно, внутривидовая генетическая вариабельность, также как и морфологическая изменчивость, и экологическая пластичность является ключевым фактором, обеспечивающим выживание популяций в динамичных условиях окружающей среды и способствующим противостоянию давления естественного отбора [3], [4]. В связи с этим изучение внутривидового полиморфизма у тлей имеет важное научно-теоретическое и практическое значение для понимания механизмов, обеспечивающих высокую экологическую пластичность насекомых этого таксона и составления прогнозов оценки стабильности популяций и переносчиков заболеваний растений.

Особого внимания среди тлей заслуживают виды, обладающие способностью питаться более чем на 100 видах растений, принадлежащих к разным ботаническим семействам. Согласно литературным данным, к числу таких видов принадлежат *Acyrtosiphon malvae* Kalt., *Aphis craccivora* Koch, *Aphis fabae* Scop., *Aphis gossypii* Glov., *Aphis spiraecola* Patch, *Aulacorthum solani* (Kalt.), *Brachycaudus helichrysi* Kalt., *Myzus persicae* (Sulz.) и *Macrosiphum euphorbia* Thorn. [5]. Перечисленные выше тли являются рецетными видами фауны Беларуси и опасными вредителями сельскохозяйственных и иных хозяйственно ценных растений [2], в связи с чем были выбраны в качестве модельных объектов в рамках настоящего исследования.

Важными критериями, отражающими уровень внутривидового генетического полиморфизма, являются такие параметры, как, например, число и дивергенция гаплотипов, рассчитанные путем сравнения нуклеотидных последовательностей ортологических и паралогических генов. Результаты исследований показали, что у тлей конкретные гаплотипы генов субъединицы I цитохромоксидазы *c* (COI) и цитохром *b* (*cyt b*) ассоциированы с линиями тлей, питающимися на

разных кормовых растениях, что свидетельствует о приуроченности гаплотипов к конкретным растениям-хозяевам [6], [7], в связи с чем логично предположить, что тли-полифаги должны иметь большое число гаплотипов, а значит обладать высоким уровнем внутривидовой генетической вариабельности и, соответственно, высоким потенциалом выживаемости.

Поскольку генетическая вариабельность является залогом успешной адаптации видов к изменяющимся условиям окружающей среды и реализации их репродуктивного потенциала, как было сказано выше, в рамках настоящего исследования ставилась задача провести сравнительный анализ нуклеотидных последовательностей гена COI тлей-полифагов и разработать ПЦР-ПДРФ ключи для изучения гаплотипического разнообразия с целью оценки внутривидового генетического полиморфизма.

#### Методы исследования

В исследование включены собственные расшифрованные нуклеотидные последовательности гена COI, полученные в рамках проведения курсов Глобальной таксономической инициативы «Быстрая идентификация инвазивных видов для достижения целевой задачи Айти 9, используя техники и методы ДНК-штрихкодирования» при финансовой поддержке Секретариата Конвенции о биоразнообразии и Фонда биоразнообразия Японии, а также последовательности этого гена, представленные в Международных генетических базах данных NCBI (GenBank) и BOLDv.4 [8], [9] (рисунок 1).

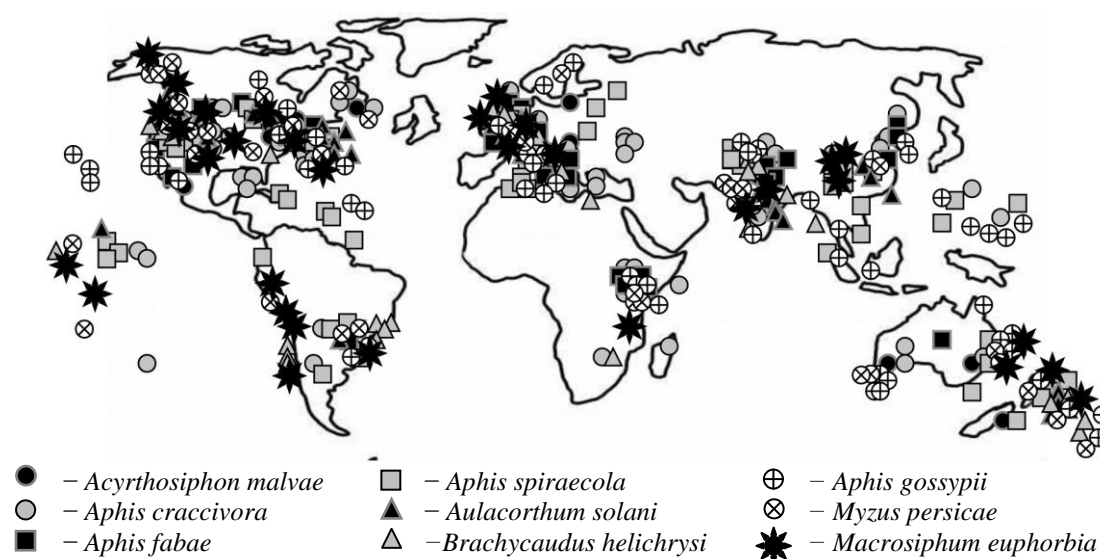


Рисунок 1. – Регионы происхождения нуклеотидных последовательностей гена COI тлей, используемых в рамках настоящего исследования

Общая выборка составила 1779 нуклеотидных последовательностей гена COI, среди которых 44 принадлежали *A. malvae*, 202 – *A. craccivora*, 402 – *A. fabae*, 419 – *A. gossypii*, 227 – *A. spiraeicola*, 77 – *A. solani*, 135 – *B. helichrysi*, 98 – *M. persicae* и 175 – *M. euphorbia*. Для каждого вида тлей в отдельности было проведено множественное выравнивание нуклеотидных последовательностей гена COI и рассчитаны парные внутривидовые генетические дистанции (GD) в программе MEGA8, а число (h) и дивергенцию (Hd) гаплотипов – в программе DNAsp. Поиск сайтов рестрикции осуществлен в программе BioEdit. Графические рестрикционные карты построены в программе pDRAW32 1.1.112 с использованием всех известных ферментов рестрикции и их изоизомеров. По результатам анализа рестрикционных карт разработаны ПЦР-ПДРФ ключи.

### Результаты исследования и их обсуждение

Анализ литературных данных [5], [10] показал, что в перечень кормовых растений *A. malvae* входит 109 видов растений, принадлежащих к 26 ботаническим семействам, *A. craccivora* – 804 вида растений, принадлежащих к 77 ботаническим семействам, *A. fabae* – 1433 видов растений, принадлежащих к 108 ботаническим семействам, *A. gossypii* – 1227 видов растений, принадлежащих к 119 ботаническим семействам, *A. spiraecola* – 511 видов растений, принадлежащих к 81 семейству, *A. solani* – 708 видов растений, принадлежащих к 80 ботаническим семействам, *B. helichrysi* – 647 видов растений, принадлежащих к 58 ботаническим семействам, *M. persicae* – 1327 видов растений, принадлежащих к 109 ботаническим семействам и *M. euphorbia* – 527 видов растений, принадлежащих к 74 ботаническим семействам. Как было сказано выше, конкретные гаплотипы COI у тлей в большей или меньшей степени соответствуют линиям тлей, ассоциированным с определенными растениями-хозяевами, в связи с чем анализируемые виды тлей должны обладать высоким уровнем внутривидового генетического полиморфизма.

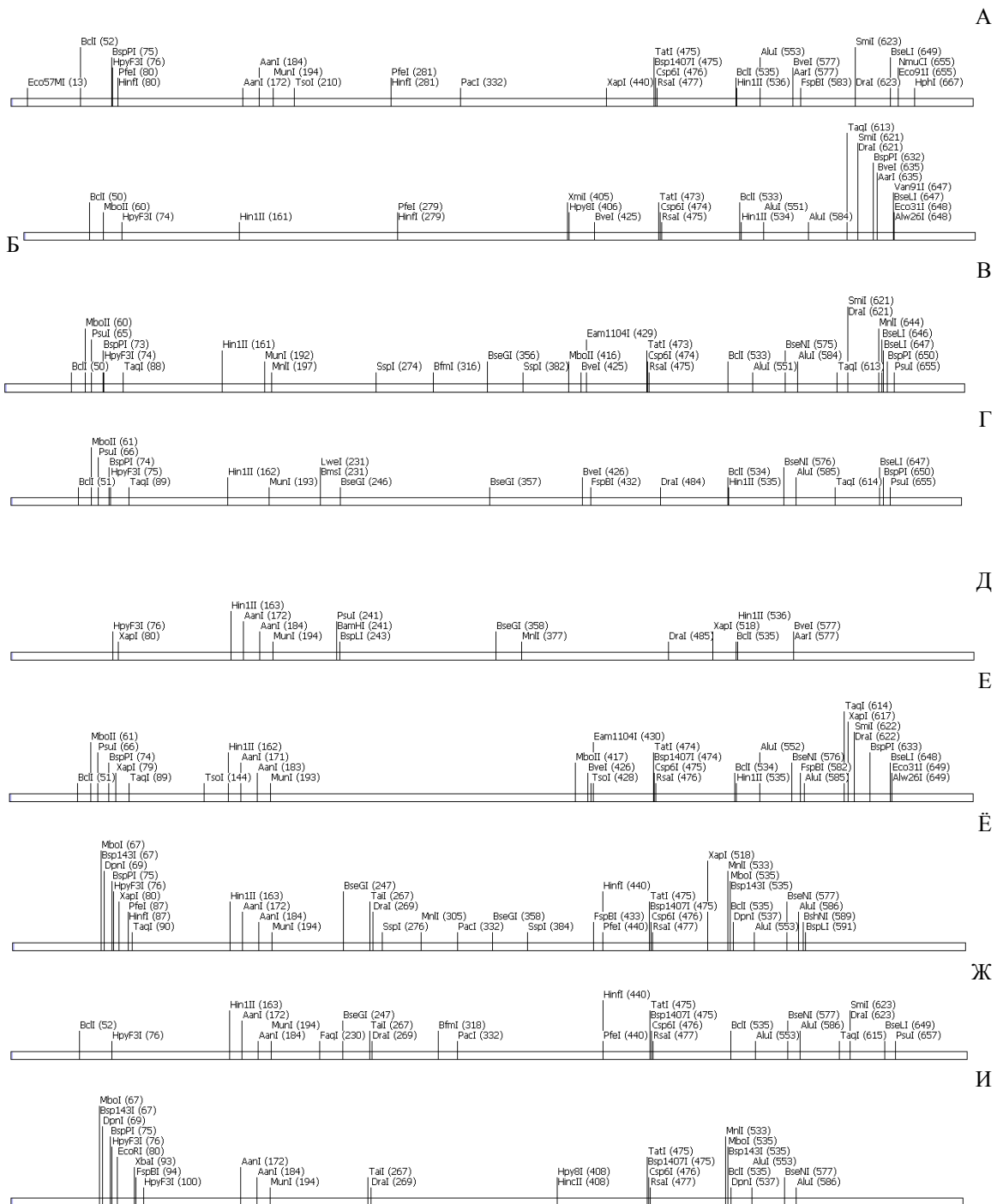
Для оценки внутривидового полиморфизма у видов тлей, охваченных настоящим исследованием, проведен сравнительный анализ нуклеотидных последовательностей гена COI в области с 17 по 722 нуклеотид полного гена. Оказалось, что значения парных внутривидовых генетических дистанций у тлей *A. craccivora* варьировали от 0,000 до 0,086 (со средним значением равным 0,004) и *M. persicae* (от 0,000 до 0,070, со средним значением равным 0,001) значительно различались со значениями, рассчитанными для *A. gossypii* (от 0,000 до 0,032, со средним значением равным 0,002), *A. fabae* (от 0,000 до 0,023, со средним значением равным 0,001), *B. helichrysi* (от 0,000 до 0,034, со средним значением равным 0,014), *A. spiraecola* (от 0,000 до 0,022, со средним значением равным 0,002), *M. euphorbia* (от 0,000 до 0,015, со средним значением равным 0,001) и в особенности со значениями, рассчитанными для *A. malvae* (от 0,000 до 0,004, со средним значением равным 0,001) и *A. solani* (от 0,000 до 0,009, со средним значением равным 0,002).

Число гаплотипов COI у анализируемых видов тлей значительно варьировало, в частности, у *A. craccivora* всего было выявлено 20 гаплотипов COI (со значением дивергенции равным 0,739), у *M. persicae* – 14 гаплотипов COI (со значением дивергенции равным 0,298), у *A. gossypii* – 58 гаплотипов COI (со значением дивергенции равным 0,488), у *A. fabae* – 21 гаплотипов COI (со значением дивергенции равным 0,596), у *B. helichrysi* – 12 гаплотипов COI (со значением дивергенции равным 0,789), у *A. spiraecola* – 18 гаплотипов COI (со значением дивергенции равным 0,433), у *M. euphorbia* – 20 гаплотипов COI (со значением дивергенции равным 0,662), у *A. malvae* – 2 гаплотипов COI (со значением дивергенции равным 0,206), а у *A. solani* – 9 гаплотипов COI (со значением дивергенции равным 0,266). Однако при пересчете на 100 нуклеотидных последовательностей число гаплотипов COI оказалось одинаковым у *M. euphorbia*, *A. solani* и *A. craccivora* (по 11 гаплотипов), у *A. malvae* и *A. fabae* (по 5 гаплотипов), у *M. persicae* и *A. gossypii* (по 3 гаплотипа), кроме того у *B. helichrysi* и *A. spiraecola* число гаплотипов COI на 100 последовательностей оказалось близким (у *B. helichrysi* 9 гаплотипов, а у *A. spiraecola* 8 гаплотипов). На основе полученных данных мы попробовали выявить, возможна ли разработка ПЦР-ПДРФ ключей для определения конкретных гаплотипов гена COI у рассматриваемых видов тлей.

Для каждого вида тлей в отдельности были построены рестрикционные карты с использованием всех известных ферментов рестрикции. Оказалось, что всего для последовательностей *A. craccivora* был обнаружен 31 сайт рестрикции, *M. persicae* – 30, *A. gossypii* – 26, *A. fabae* – 23, *B. helichrysi* – 17, *A. spiraecola* – 33, *M. euphorbia* – 39, *A. malvae* – 27, а у *A. solani* – 28 (рисунок 2).

По результатам анализа рестрикционных карт были выбраны ферменты рестрикции, позволяющие выявлять конкретные гаплотипы COI у каждого из анализируемых видов тлей в отдельности. В частности, для идентификации гаплотипов COI у тлей *A. craccivora* можно использовать четыре рестриктазы, *M. persicae* – четыре рестриктазы, *A. gossypii* – пять рестриктаз, *A. fabae* – две рестриктазы, *B. helichrysi* – четыре рестриктазы, *A. spiraecola* – семь рестриктаз, *M. euphorbia* – пять рестриктаз и *A. solani* – четыре рестриктазы. Для тлей *A. malvae* не было выявлено ферментов рестрикции, позволяющих выявлять конкретные гаплотипы COI.

На основе полученных данных были разработаны ПЦР-ПДРФ ключи, позволяющие выявлять конкретные гаплотипы COI у тлей *A. craccivora*, *M. persicae*, *A. gossypii*, *A. fabae*, *B. helichrysi*, *A. spiraecola*, *M. euphorbia* и *A. solani* (таблица 1).



А) *A. craccivora*; Б) *M. persicae*; В) *A. gossypii*; Г) *A. fabae*; Д) *B. helichrysi*;  
 Е) *A. spiraeicola*; Ё) *M. euphorbia*; Ж) *A. malvae*; И) *A. solani*

Рисунок 2. – Рестрикционные карты, построенные на основе анализа нуклеотидных последовательностей гена COI тлей-полифагов, содержащие информацию о наличии сайтов узнавания для всех ферментов рестрикции

Таблица 1. – ПЦР-ПДРФ таблица для диагностики конкретных гаплотипов у тлей-полифагов, построенная на основе анализа нуклеотидных последовательностей фрагмента гена COI

Вид	Идентифицируемые гаплотипы	Название фермента рестрикции	Сайт узнавания фермента рестрикции	Длины образующихся фрагментов
<i>Aphis craccivora</i>	2	Hpy188III	TC^NNGA	54+654 245+463
	1	MaeIII	^GTNAC	148+560
	2	BstII	CTCGAG	646+62 647+61
	1	AquIII	GAGGAG (20/18)	676+32
<i>Myzus persicae</i>	1	MunI	C^AATTG	192+516
	1	TatI	W^GTACW	473+235
	1	CviQI	G^TAC	474+234
	1	CviRI	TG^CA	318+390
<i>Aphis gossypii</i>	1	AbaI	T^GATCA	50+658
	1	HpyF3I	C^TNAG	74+634
	1	AgsI	TTS^AA	150+558
	1	CviRI	TG^CA	318+390
<i>Aphis fabae</i>	1	четырьParI	T^GATCA	553+155
	1	TaqI	T^CGA	614+94
<i>Brachycaudus helichrysi</i>	1	ParI	T^GATCA	51+657
	1	PsuI	R^GATCY	241+467
	1	BspLI	GGN^NCC	243+465
	1	MnlII	CCTC (7/6)	377+331
<i>Aphis spiraeicola</i>	1	XapI	R^AATTY	439+269
	1	PsuI	R^GATCY	66+642
	2	BspPI	GGATC	74+634 633+75
	1	XapI	R^AATTY	79+629
	1	TaqI	T^CGA	89+619
	2	TsoI	TARCCA (11/9)	144+564 428+280
	1	Eam1104I	CTCTTC (1/4)	430+278
<i>Macrosiphum euphorbia</i>	1	DraI	TTT^AAA	622+86
	1	PfeI	G^AWTC	87+621
	1	Hinfl	G^ANTC	440+268
	1	FspBI	C^TAG	433+275
	1	BshNI	G^GYRCC	589+119
<i>Aulacorthum solani</i>	1	BspLI	GGN^NCC	591+117
	1	EcoRI	G^AATTC	80+628
	1	HincII	GTY^RAC	408+300
	1	MnlII	CCTC (7/6)	533+175
	1	BclII	T^GATCA	535+173

Примечание – ^ – точка разрезания молекулы ДНК

### Выводы

Сравнительный анализ нуклеотидных последовательностей гена COI тлей-полифагов показал, что *A. craccivora*, *M. persicae*, *A. gossypii*, *A. fabae*, *B. helichrysi*, *A. spiraeicola*, *M. euphorbia*, *A. malvae* и *A. solani* характеризуются высоким внутривидовым генетическим полиморфизмом. На основе полученных данных были разработаны ПЦР-ПДРФ ключи для выявления конкретных гаплотипов COI у тлей *A. craccivora*, *M. persicae*, *A. gossypii*, *A. fabae*, *B. helichrysi*, *A. spiraeicola*, *M. euphorbia* и *A. solani*.

Исследования выполнены при финансовой поддержке Белорусского республиканского фонда фундаментальных исследований (договор № Б18МВ-008).

## Благодарность

Автор выражает огромную признательность заведующему кафедрой зоологии БГУ, доктору биологических наук, профессору С. В. Буге за предоставленный биологический материал, а также кандидату биологических наук ГНПО НПЦНАН Беларуси Т. П. Липинской за участие в получении результатов.

## СПИСОК ОСНОВНЫХ ИСТОЧНИКОВ

1. Species identification of aphids (Insecta : Hemiptera : Aphididae) through DNA barcodes / R. G. Foottit [et al.] // *Molecular Ecology Resources*. – 2008. – Vol. 8, iss. 6. – P. 1189–1201.
2. Буга, С. В. Дендрофильные тли Беларуси / С. В. Буга. – Минск : БГУ, 2001. – 98 с.
3. Insect morphology and phylogeny / R. Beutel [et al.]. – Berlin : Walter de Gruyter GmbH, 2013. – 533 p.
4. Vilcinskas, A. Biology and ecology of aphids / A. Vilcinskas. – London : Taylor & Francis Group, 2016. – 282 p.
5. Aphids on the World's Plants: An online identification and information guide [Electronic resource] / Ed. R. Blackman. – London : Natural History Museum, 2012. – Mode of access: <http://www.aphidsonworldsplants.info>. – Date of access: 25.03.2018.
6. Anstead, J. A. Mitochondrial DNA sequence divergence among *Schizaphis graminum* (Hemiptera: Aphididae) clones from cultivated and non-cultivated hosts: haplotype and host associations / J. A. Anstead, J. D. Burd, K. A. Shufran // *Bulletin of Entomological Research*. – 2002. – Vol. 92, № 1. – P. 17–24.
7. Large-scale phylogeographic study of the cosmopolitan aphid pest *Brachycaudus helichrysi* reveal shost plant associated lineages that evolved in allopatry / M. Popkin [et al.] // *Biological Journal of the Linnean Society*. – 2017. – Vol. 120, № 1. – P. 102–114.
8. BOLD Systems v4 [Электронный ресурс] / BOLD Systems v4. – Ontario, 2017. – Режим доступа: [http://www.barcodinglife.org/index.php/TaxBrowser\\_Home](http://www.barcodinglife.org/index.php/TaxBrowser_Home). – Дата доступа: 25.03.2018.
9. GenBank Overview [Electronic resource] / GenBank Overview. – USA, 2017. – Mode of access: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>. – Data of access: 25.03.2018.
10. Holman, J. Host plant catalog of aphids. Palearctic region / J. Holman. – Berlin : Springer Science, 2009. – 1216 p.

Поступила в редакцию 18.07.2018

E-mail: masch.89@mail.ru

M. M. Varabyova

DETECTION OF HAPLOTYPES POLYPHAGOUS SPECIES OF APHIDS  
OF PCR-RFLP ANALYSIS METHOD

The 1779 nucleotide sequences of the COI gene from *Acyrtosiphon malvae* Kalt., *Aphis craccivora* Koch, *Aphis fabae* Scop., *Aphis gossypii* Glov., *Aphis spiraecola* Patch, *Aulacorthum solani* (Kalt.), *Brachycaudus helichrysi* Kalt., *Myzus persicae* (Sulz.) and *Macrosiphum euphorbia* Thorn were analyzed. The results of the analysis indicated aphids-polyphagous possess a high captive polymorphism COI gene. On the basis of the obtained data the restriction maps were constructed and the PCR-RFLP keys were created to identify some haplotypes of COI genes the polyphagous species of aphids.

Keywords: polyphagous species, restriction maps, PCR-RFLP keys, *A. malvae*, *A. craccivora*, *A. fabae*, *A. gossypii*, *A. spiraecola*, *A. solani*, *B. helichrysi*, *M. persicae* and *M. euphorbia*.