

МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ  
МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ И НАУКИ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ  
БЕЛОРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ  
СЕВЕРО-КАВКАЗСКИЙ ФЕДЕРАЛЬНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ  
СЕВЕРНЫЙ (АРКТИЧЕСКИЙ) ФЕДЕРАЛЬНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ



**«МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ И  
БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКИЕ  
ОСНОВЫ ПОЛУЧЕНИЯ И ПРИМЕНЕНИЯ  
СИНТЕТИЧЕСКИХ  
И ПРИРОДНЫХ БИОЛОГИЧЕСКИ  
АКТИВНЫХ ВЕЩЕСТВ»  
(НАРОЧАНСКИЕ ЧТЕНИЯ - 11)**

**Материалы  
Международной научно-практической конференции  
20–23 сентября 2017 г.**

Минск – Ставрополь 2017

УДК 001.11: 57.08  
ББК 30.16  
М 75

Рекомендовано Советом биологического факультета  
18 октября 2017 г., протокол №2

Составители:

Курченко В.П. – заведующий НИЛ прикладных проблем биологии БГУ  
Лодыгин А.Д. – заведующий кафедрой прикладной биотехнологии  
Института живых систем СКФУ

Рецензенты:

доктор биологических наук, профессор *В.М. Юрин*;  
кандидат биологических наук *С.В. Ризевский*

**М 75 Молекулярно-генетические и биотехнологические основы получения и применения синтетических и природных биологически активных веществ (Нарочанские чтения - 11): материалы Международной научно-практической конференции (20–23 сентября 2017 г.). / БГУ, СКФУ, САФУ; составители: В.П. Курченко, А.Д. Лодыгин. – Минск – Ставрополь : Белорусский государственный университет, Северо-Кавказский федеральный университет, 2017. – 317 с.**

Сборник включает материалы научных исследований в области получения и применения синтетических и природных биологически активных веществ и других приоритетных направлений.

ISBN 978-5-9596-1348-8

УДК 001.11: 57.08  
ББК 30.16

© ФГАОУ ВО «Северо-Кавказский федеральный университет», 2017  
Белорусский государственный университет, 2017

ДНК-ШТРИХКОДИРОВАНИЕ РЕЦЕНТНЫХ ВИДОВ ТЛЕЙ  
ФАУНЫ БЕЛАРУСИ

Воробьева М.М., Воронова Н.В., Буга С.В.

Белорусский государственный университет, г. Минск

masch.89@mail.ru

*В результате выполненных исследований были расшифрованы и депонированы в GenBank нуклеотидные последовательности гена субъединицы I цитохромоксидазы с (COI) и гена субъединицы  $\alpha$  фактора элонгации I (EF1 $\alpha$ ) 15 видов тлей фауны Беларуси.*

**Введение.** Тли (Sternorrhyncha: Aphidoidea) – таксон гемиптероидных насекомых (Insecta: Hemipteroidea), объединяющий в своем составе около 5000 рецентных видов, имеющих как локальное, так и субкосмополитное распространение [1]. Поскольку многие виды тлей принадлежат к числу вредителей и переносчиков вирусов сельскохозяйственных и иных культур, необходимо осуществлять постоянный мониторинг их состава и численности в культурфитоценозах.

К настоящему времени корректная видовая диагностика является одним из важнейших аспектов контроля численности и распространения насекомых-вредителей. Безусловно, определение по морфологическим ключам было и остается основным методом идентификации большинства видов насекомых, однако, в связи с наличием у тлей большого числа морфологически сходных видов и форм, применимость классических методов морфологической диагностики внутри этого таксона во многих случаях ограничена. В этой связи возникает необходимость в поиске новых методов и подходов, позволяющих решать такого рода задачи.

На сегодняшний день наиболее точным методом, позволяющим проводить корректную диагностику труднодифференцируемых видов и подвидов насекомых и, в частности, тлей, признана ДНК-идентификация. Наиболее известным и широко применяемым среди методов ДНК-идентификации видов является ДНК-штрихкодирование (ДНК-баркодинг), концепция которого основывается на том, что каждый биологический вид может быть идентифицирован на основе коротких стандартизированных фрагментов ДНК [2]. В результате длительных и многочисленных исследований у тлей, как и у всех животных, в качестве ДНК-штрихкода было принято использовать последовательность гена субъединицы 1 цитохромоксидазы *c* (COI) [3, 4].

К настоящему времени в научные исследования в области ДНК-штрихкодирования вовлечено более сотни научных центров из многих стран мира. Как известно, разработчиком концепции и крупнейшим мировым лидером в области ДНК-штрихкодирования живых организмов выступает Институт биоразнообразия в Онтарио (Канада). Международный консорциум по ДНК-штрихкодированию жизни, который был организован в 2007 г., к настоящему времени включает крупные научные центры из 28 стран [5]. На базе Института биоразнообразия в Онтарио была создана и постоянно пополняется Глобальная база данных ДНК-штрихкодов живых организмов (BOLD), содержащая нуклеотидные последовательности для более чем 250000 видов живых организмов из всех регионах мира. По последним данным в BOLD представлено 39824 расшифрованных нуклеотидных последовательностей для 1264 видов тлей, коллектированных в 54 странах, что составляет, к сожалению, только 24,3 % от общего количества описанных видов [6].

Поскольку ДНК-идентификация, основанная на ДНК-штрихкодировании, как это было сказано выше, представляет собой наиболее эффективный способ проведения исследований, связанных с установлением таксономической принадлежности, очевидна необходимость получения ДНК-штрихкодов для тлей, характеризующихся высокой степенью вредоносности и до сих пор не представленных в Международных генетических базах данных (BOLD, GenBank и др.). В этой связи в рамках настоящего исследования нами были расшифрованы и депонированы в GenBank нуклеотидные последовательности гена субъединицы 1 цитохромоксидазы *c* (COI) и гена субъединицы  $\alpha$  фактора элонгации 1 (EF1 $\alpha$ ) 15 видов тлей фауны Беларуси из числа вредителей сельскохозяйственных, лесных и декоративных культур, дополняющих ранее выполненные нами работы по ДНК-штрихкодированию животных организмов фауны Беларуси.

#### Методы исследования

Сбор энтомологического материала был выполнен на территории регионов Беларуси. Таксономическое положение охваченных исследованиями видов в соответствии с системой G. Remaudiere и M. Remaudiere [7] (для унификации с данными GenBank), представлено в таблице 1.

Таблица 1 – Таксономическое положение охваченных исследованиями видов тлей фауны Беларуси в соответствии с системой G. Remaudiere и M. Remaudiere [7]

Aphidinae	Macrosiphini	<i>Trichosiphonaphis corticis</i> (Aizenberg, 1935)
Aphidinae	Aphidini	<i>Aphis euphorbiae</i> Kaltenbach, 1843
Aphidinae	Aphidini	<i>Hyalopterus pruni</i> (Geoffroy, 1762)
Aphidinae	Aphidini	<i>Longicaudus thirhodus</i> (Walker, 1849)
Aphidinae	Macrosiphini	<i>Uroleucon hypochoeridis</i> (Fabricius, 1779)
Phyllaphidinae	Phyllaphidini	<i>Therioaphis tenera</i> Aizenberg, 1956
Calaphidinae	Calaphidini	<i>Monaphis antennata</i> (Kaltenbach, 1843)
Calaphidinae	Panaphidini	<i>Panaphis juglandis</i> (Goeze, 1778)
Chaitophorinae	Siphini	<i>Sipha maydis</i> Passerini, 1860
Chaitophorinae	Chaitophorini	<i>Periphyllus aceris</i> (Linnaeus, 1761)
Drepanosiphinae	Drepanosiphini	<i>Drepanosiphum platanoidis</i> (Schrank, 1801)
Cinarinae	Schizolachnini	<i>Schizolachmus pineti</i> (Fabricius, 1781)
Eriosomatinae	Eriosomatini	<i>Colopha compressa</i> (Koch, 1856)
Thelaxinae	Thelaxini	<i>Glyphina jacutensis</i> Mordvilko, 1931
Anoeciinae	Anoeciini	<i>Anoecia corni</i> (Hartig, 1841)

ДНК выделяли из единичных особей с использованием коммерческого набора DNA Purification Kit (Thermo scientific), внося необходимые изменения в протокол производителя. Для получения целевых фрагментов COI и EF1 $\alpha$  использовали праймеры, представленные в таблице 2.

Реакционная смесь для ПЦР содержала в 25 мкл: 3 мМ dNTP, 1 мМ каждого праймера, 2,5 мМ MgCl<sub>2</sub>, 1×Taq Buffer, 1U Taq-полимеразы, 0,5 мкг ДНК-матрицы.

Таблица 2 – Праймеры, использованные для получения целевых фрагментов ДНК тлей

Ген	Праймер	Последовательность, 5'-3'	T <sub>a</sub> °C	Размер получаемого фрагмента, п.н.
COI	HCO2198 LCO1490	TAAACTTCAGGGTGACCAAAAATCA GGTCAACAAATCATAAAGATATTGG	50	708
EF1α	EF2 EF3	ATGTGAGCAGTGTGGCAATCCAA GAACGTGAACGTGGTATCAC	54	1100

Примечание: T<sub>a</sub> – температура отжига праймера

ПЦР проводили с использованием амплификатора Agilent Technologies Sure Cycler 8800 в режимах: 94 °C – 3 мин; 35 циклов по 94 °C – 20 с, отжиг праймера – 40 с, 72 °C – 1 мин 30 с; 72 °C – 5 мин (при работе с праймерами LCO/HCO) и 94 °C – 3 мин; 35 циклов по 94 °C – 20 с, отжиг праймера – 30 с, 72 °C – 90 с; 75 °C – 5 мин (при работе с праймерами EF3/EF2).

Электрофорез фрагментов COI и EF1α проводили в 1,5 % агарозном геле в TAE-буфере и окрашивали 10000×ZUBRGreen-1 (Праймтех, Беларусь). Для оценки длин полученных фрагментов использовали маркер молекулярного веса MP1bp DNALadder (Thermo Scientific, Литва). Секвенирование ПЦР-продуктов выполнено компанией Macrogen (Нидерланды) с использованием праймеров LCO и EF3.

Множественное выравнивание нуклеотидных последовательностей провели по референсным генам модельного вида *Acyrtosiphon pisum* (Harris 1776) в программе MEGA8 с использованием алгоритма MUSCLE. Для визуализации последовательностей использовали программу BioEdit. Филогенетические деревья построены в системе BOLD с использованием приложения Identification. При этом помимо собственных сиквентов использовали нуклеотидные последовательности, представленные в Международных генетических базах данных (информация об использованных последовательностях приведена на соответствующих рисунках).

### Результаты и обсуждение

В Международных базах нуклеотидных последовательностей к настоящему времени содержатся записи, касающиеся 12 из 15 видов тлей, охваченных настоящим исследованием. В частности, наиболее хорошо представлены последовательности гена COI (таблица 3). Нуклеотидные последовательности остальных трех видов тлей, а именно *T. corticis* C. *compressa* и *G. jacutensis*, в генетических базах данных отсутствовали.

Таблица 3 – Представленность в Международных генетических базах данных нуклеотидных последовательностей генов COI и EF1 $\alpha$  тлей, вовлеченных в настоящее исследование

Вид тлей	Маркер	Количество сиквенсов в базах данных	Страна происхождения
<i>T. corticis</i>	COI	–	–
	EF1 $\alpha$	–	–
<i>A. euphorbiae</i>	COI	1	Франция
	EF1 $\alpha$	–	–
<i>H. pruni</i>	COI	61	Канада, Германия, Франция, США, Болгария, Китай, Индия, Пакистан, Греция, Великобритания, Южная Корея и Дания
	EF1 $\alpha$	2	США, Корея
<i>L. thirhodus</i>	COI	8	Канада, Беларусь
	EF1 $\alpha$	–	–
<i>U. hypochoeridis</i>	COI	17	Франция, Греция и Италия
	EF1 $\alpha$	–	–
<i>A. corni</i>	COI	3	Нидерланды
	EF1 $\alpha$	–	–
<i>M. antennata</i>	COI	2	Канада
	EF1 $\alpha$	–	–
<i>S. maydis</i>	COI	27	США, Франция, Бразилия, Болгария
	EF1 $\alpha$	1	Польша
<i>P. juglandis</i>	COI	5	Франция, Греция, США и Италия
	EF1 $\alpha$	1	Испания
<i>P. aceris</i>	COI	2	Беларусь
	EF1 $\alpha$	–	–
<i>D. platanoidis</i>	COI	213	Канада, Новая Зеландия, Беларусь, Норвегия и США
	EF1 $\alpha$	–	–
<i>C. compressa</i>	COI	–	–
	EF1 $\alpha$	–	–
<i>S. pineti</i>	COI	56	Канада, Норвегия, США, Гондурас
	EF1 $\alpha$	–	–
<i>T. tenera</i>	COI	29	Беларусь и Канада
	EF1 $\alpha$	–	–
<i>G. jacutensis</i>	COI	–	–
	EF1 $\alpha$	–	–

Примечание: при отсутствии сиквенсов в Международных генетических базах данных в столбце ставили прочерк

В общей сложности нами было расшифровано 18 нуклеотидных последовательностей для 15 видов тлей. Для *C. compressa* ДНК-штрихкод был получен впервые в рамках настоящего исследования. Кроме того,

впервые были расшифрованы нуклеотидные последовательности гена EF1 $\alpha$  для 12 видов тлей (*T. corticis*, *A. euphorbiae*, *L. thirrhodus*, *U. hypochoeridis*, *A. corni*, *M. antennata*, *P. aceris*, *D. platanoidis*, *C. compressa*, *S. pineti*, *T. tenera* и *G. jacutensis*) фауны Беларуси.

При сравнительном анализе полученных нами нуклеотидных последовательностей гена EF1 $\alpha$  с последовательностями, представленными в Международных генетических базах данных другими исследователями, оказалось, что у тлей *H. pruni*, коллектированных в Беларуси и Корее [EU358930.1], отмечены замены в пяти сайтах (301A $\leftrightarrow$ C, 304A $\leftrightarrow$ T, 414G $\leftrightarrow$ A, 681C $\leftrightarrow$ T, 1040T $\leftrightarrow$ C при определении позиции замены по полноразмерному гену), в то время как у тлей из Беларуси и США [DQ005160], а также из Кореи [EU358930.1], – в трех сайтах (414G $\leftrightarrow$ A, 681C $\leftrightarrow$ T, 1040T $\leftrightarrow$ C) (рисунок 1). В результате сравнительного анализа нуклеотидных последовательностей гена EF1 $\alpha$  тлей *S. maydis*, коллектированных в Европе и Беларуси, нуклеотидных замен отмечено не было.

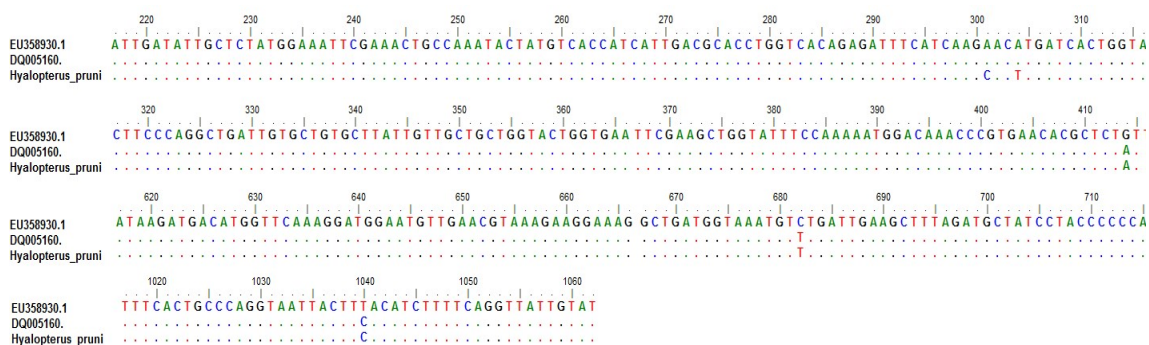


Рисунок 1 – Содержащий нуклеотидные замены участок последовательности EF1 $\alpha$  тлей *Hyalopterus pruni*, коллектированных в Корее, США и Беларуси

В рамках данной работы мы провели сравнительный анализ нуклеотидных последовательностей гена COI образцов тлей *U. hypochoeridis*, коллектированных в географически удаленных регионах, – в частности было использовано 38 последовательностей из BOLD и 1 собственная последовательность, полученная для тлей данного вида. Для оценки сходства нуклеотидных последовательностей гена COI *U. hypochoeridis*, коллектированных на географически отдаленных территориях, построили дендрограмму (рисунок 2).

Всего у *U. hypochoeridis* было выявлено четыре гаплотипа COI. Эти гаплотипы не имели приуроченности к конкретной части ареала вида. У образцов тлей данного вида, коллектированных на территории Беларуси, был отмечен тот же гаплотип, что и у тлей из Италии и Франция, образовавших на филогенетическом дереве общий кластер (H3).



Аналогичным образом мы сравнили нуклеотидные последовательности гена COI тлей *P. juglandis* из географически удаленных регионов. Всего использовали 12 нуклеотидных последовательностей COI данного вида тлей (11 последовательностей из генетических баз данных, 1 – собственная).

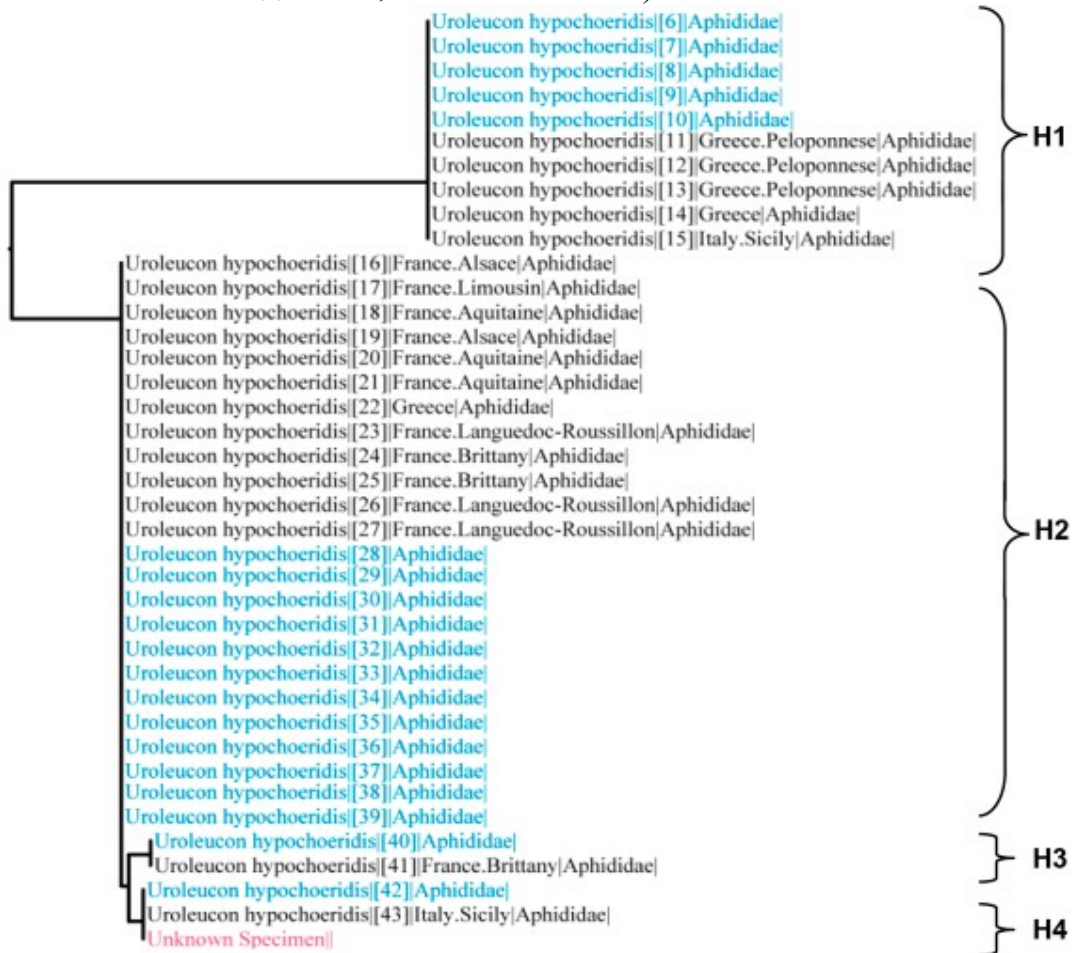


Рисунок 2 – Дендрограмма сходства нуклеотидных последовательностей COI тлей *Uroleucon hypochoeridis*, коллектированных на разных территориях

Для визуализации сходства нуклеотидных последовательностей гена COI *P. juglandis*, коллектированных на географически отдаленных территориях, построили дендрограмму (рисунок 3).

У тлей *P. juglandis* было выявлено три гаплотипа COI, причем у «белорусских» образцов был выявлен уникальный гаплотип (H3). Также как и у *U. hypochoeridis*, у тлей *P. juglandis* географической приуроченности конкретных гаплотипов не наблюдалось.



Рисунок 3 – Дендрограмма сходства нуклеотидных последовательностей COI тлей *Panaphis juglandis*, коллектированных на разных территориях

### Выводы

Исходя из вышесказанного, можно заключить, что наполняемость Международных баз данных нуклеотидных последовательностей тлей недостаточна и требует доработки. В этой связи в рамках настоящего исследования нами впервые был получен ДНК-штрихкод для тлей *S. compressa*, а также расшифрованы нуклеотидные последовательности EF1 $\alpha$  12 видов тлей фауны Беларуси, которые в настоящее время депонированы в GenBank и находятся в открытом доступе.

*Исследования выполнены при частичной финансовой поддержке Белорусского республиканского фонда фундаментальных исследований (проекты Б17МС-025, Б17-081).*

### Список литературы:

1. 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: 25.08.2017.
2. Biological identifications through DNA barcodes / P.D.N. Hebert [et al.] // Proc. R. Soc. Lond., B. Biol. Sci. – 2003. – Vol. 270. – P. 313–321.
3. DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates / O. Folmer [et al.] // Mol. Mar. Biol. Biotechnol. – 1994. – Vol. 3, n. 5. – P. 294–299.
4. Voronova, N.V. Subspecies identification in aphids (Homoptera: Aphididae) by application of partial sequence of cytochrome c oxidase subunit I (COI) gene: a view on the potential of method / N.V. Voronova // American International Journal of Research in Formal, Applied & Natural Sciences. – 2014. – Vol. 6, n. 1. – P. 1–6.
5. Воронова, Н.В. Barcoding of life: Беларусь – участник глобальной инициативы по ДНК-штрихкодированию / Н.В. Воронова [и др.] // Труды БГУ. – 2014. – Т. 9, ч. 1. – С. 167–171.
6. 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:  
02.09.2017.

7. Remaudere, G. Catalogue of the world's Aphididae / G. Remaudiere, M. Remaudiere. – Paris: INRA, 1997. – 474 p.

## ОГЛАВЛЕНИЕ

<b>РАЗДЕЛ 1 ФУНДАМЕНТАЛЬНЫЕ АСПЕКТЫ ИССЛЕДОВАНИЯ БИОЛОГИЧЕСКИ АКТИВНЫХ ВЕЩЕСТВ ЖИВОТНОГО, РАСТИТЕЛЬНОГО И ГРИБНОГО ПРОИСХОЖДЕНИЯ</b>	<b>4</b>
<b>Evteev A., Pankin K., Larionova O., Bannikova A. RATIONALIZATION OF FISH OIL KINETICS TRANSPORT FROM ALGINATE CAPSULES</b>	<b>5</b>
<b>Gorbunova N., Evteev A., Larionova O., Evdokimov I., Bannikova A. EFFECT OF ULTRASOUND ON THE EXTRACTION AND CHARACTERISATION OF BIOACTIVES FROM PLANTS</b>	<b>8</b>
<b>Актуганов Г.Э., Мелентьев А.И., Галимзянова Н.Ф., Сафина В.Р. ОСОБЕННОСТИ БИОДЕГРАДАЦИИ ХИТИНА И ХИТОЗАНА ПОЧВЕННЫМ МИКРОМИЦЕТОМ <i>PENICILLIUM GLABRUM</i> IB-37-2</b>	<b>12</b>
<b>Буткевич Т.В., Сушинская Н.В., Курченко В.П. СОРБЦИЯ ТЯЖЕЛЫХ МЕТАЛЛОВ ХИТОЗАН-ГЛЮКАНОВЫМ КОМПЛЕКСОМ ИЗ <i>ASPERGILLUS NIGER</i></b>	<b>17</b>
<b>Воробьева М.М., Н.В. Воронова, С.В. Буга ДНК-ШТРИХКОДИРОВАНИЕ РЕЦЕНТНЫХ ВИДОВ ТЛЕЙ ФАУНЫ БЕЛАРУСИ</b>	<b>22</b>
<b>Галимзянова Н.Ф., Бойко Т.Ф., Кузьмина Л.Ю., Мелентьев А.И., Актуганов Г.Э. СИНТЕЗ ХИТИНАЗ И ЦЕЛЛЮЛАЗ ГРИБАМИ РОДА <i>TRICHODERMA</i> – ДЕСТРУКТОРАМИ РАСТИТЕЛЬНОГО СЫРЬЯ, ВЫДЕЛЕННЫМИ ИЗ РАЗЛИЧНЫХ ИСТОЧНИКОВ</b>	<b>30</b>
<b>Железнова С.Н., Геворгиз Р.Г., Кравченко В.А, Рябушко В.И., Нехорошев М.В., Бобко Н.И. ДИАТОМОВАЯ ВОДОРΟΣЛЬ <i>CYLINDROTHECA CLOSTERIUM</i> (EHRENB.) REIMANN ET LEWIN — ПЕРСПЕКТИВНЫЙ ИСТОЧНИК ЭЙКОЗАПЕНТАЕНОВОЙ КИСЛОТЫ И КАРОТИНОИДОВ.</b>	<b>35</b>
<b>Иванов О.А., Домаш В.И. ФУНГИСТАТИЧЕСКИЕ ЭФФЕКТЫ ЭКСТРАКТОВ РАЗЛИЧНЫХ ЧАСТЕЙ ИНВАЗИВНЫХ ВИДОВ РОДА <i>SOLIDAGO</i> В ОТНОШЕНИИ НЕКОТОРЫХ ЗНАЧИМЫХ ФИТОПАТОГЕННЫХ ГРИБОВ</b>	<b>39</b>
<b>Куликова И.К., Анисимов Г.С., Карасева А.В., Евдокимов И.А. ИССЛЕДОВАНИЕ КАТАЛИТИЧЕСКОЙ АКТИВНОСТИ β-ГАЛАКТОЗИДАЗЫ В ПРОЦЕССЕ ЭЛЕКТРОДИАЛИЗА ПЕРМЕАТА МОЛОЧНОГО СЫРЬЯ</b>	<b>42</b>
<b>Курченко В.П., Ризевский С.В., Эсауленко М.А., Цыганков В.Г., Бондарук А.М., Филонюк В.А., Спиридович Е.В. БИОЛОГИЧЕСКИ АКТИВНЫЕ ВЕЩЕСТВА В КОРЕ РАЗЛИЧНЫХ ВИДОВ СИРЕНИ</b>	<b>46</b>
<b>Леонтьев В.Н., Феськова Е.В., Игнатовец О.С., Титок В.В. ВЫДЕЛЕНИЕ И АНАЛИЗ ФЛАВОНОИДОВ ЛЕКАРСТВЕННЫХ РАСТЕНИЙ КОЛЛЕКЦИИ ЦЕНТРАЛЬНОГО БОТАНИЧЕСКОГО САДА НАН БЕЛАРУСИ</b>	<b>53</b>
<b>Мелентьев А.И., Логинов О.Н., Бойко Т.Ф., Актуганов Г.Э. УНИКАЛЬНЫЙ ПРИРОДНЫЙ ШТАММ <i>PAENIBACILLUS ENIMENSIS</i> IB-739</b>	<b>58</b>
<b>Молчан О.В., Петринчик В.О., Запрудская Е.В., Шабуня П.С., Фатыхова С.А., Лешина Л.Г., Булко О.В. LED-ОСВЕЩЕНИЕ ДЛЯ УПРАВЛЕНИЯ ПРОЦЕССАМИ БИОСИНТЕЗА И МОРФОГЕНЕЗА ЛЕКАРСТВЕННЫХ РАСТЕНИЙ <i>INVIVO</i> и <i>INVITRO</i></b>	<b>63</b>
<b>Молчан О.В. , Ханько А.В. , Джус М.А., Скуратович Т.А. БОТАНИКО-БИОХИМИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ЧЕРЕДЫ СРОСТНОЙ (<i>BIDENSONNATUSWILLD., ASTERACEAE</i>) – ИНВАЗИОННОГО ВИДА ФЛОРЫ БЕЛАРУСИ</b>	<b>68</b>
<b>Молчан О.В., Шабуня П.С., Фатыхова С.А., Юрин В.М., ПОЛУЧЕНИЕ</b>	

ВЫСОКОПРОДУКТИВНЫХ ЛИНИЙ КУЛЬТУР IN VITRO ЛЕКАРСТВЕННЫХ РАСТЕНИЙ – ОДНО ИЗ НАПРАВЛЕНИЙ РАЗВИТИЯ ФАРМАЦЕВТИЧЕСКОЙ БИОЭКОНОМИКИ	73
<b>Острикова К.В., Потапович М.И.</b> ТЕХНОЛОГИЯ ПОЛУЧЕНИЯ ФАРМАЦЕВТИЧЕСКИХ СУБСТАНЦИЙ ОВЕЧЬИХ РЕКОМБИНАНТНЫХ $\alpha$ - И $\gamma$ -ИНТЕРФЕРОНОВ	79
<b>Попов Е.Г., Кручонок А.В., Титок В.В.</b> ВИДОСПЕЦИФИЧНОСТЬ СОДЕРЖАНИЯ БИОЛОГИЧЕСКИ АКТИВНЫХ ВЕЩЕСТВ В ЛИСТЯХ <i>ESCHINACEA</i>	81
<b>Пушкина Н.В., Максимов С.И., Карпович В.А.</b> ФЕНОМЕНОЛОГИЧЕСКАЯ МОДЕЛЬ ВЛИЯНИЯ ПРЕДПОСЕВНОЙ СТИМУЛЯЦИИ СЕМЯН КУКУРУЗЫ ЭМП СВЧ НА НАЧАЛЬНЫХ ЭТАПАХ ОНТОГЕНЕЗА	87
<b>Ржепаковский И.В., Тимченко Л.Д., Писков С.И., Аванесян С.С., Сизоненко М.Н., Привалова К.А., Арешидзе Д.А.</b> ЭФФЕКТИВНАЯ МИКРОТОМОГРАФИЧЕСКАЯ ВИЗУАЛИЗАЦИЯ КУРИНОГО ЭМБРИОНА НА РАННИХ ЭТАПАХ ЭМБРИОГЕНЕЗА И ПЕРСПЕКТИВЫ МЕТОДА	91
<b>Ризевский С.В., Hoang Ngoc Cuong, Huynh Thanh Tung</b> ГРИБЫ РОДА GANODERMA - ПЕРСПЕКТИВНЫЙ ИСТОЧНИК БИОЛОГИЧЕСКИ АКТИВНЫХ СОЕДИНЕНИЙ	96
<b>Рогинский А.С., Бугакова А.В., Буга С.В.</b> ТЕКУЩЕЕ СОСТОЯНИЕ И ПЕРСПЕКТИВЫ ДНК-ШТРИХКОДИРОВАНИЯ КОМАРОВ-ГАЛЛИЦ (SECIDOMYIINAE) ФАУНЫ БЕЛАРУСИ	101
<b>Сироткина Д.П., Н.В. Воронова.</b> ВАРИАБЕЛЬНОСТЬ ПЕРЕЧНЯ СИМБИОТИЧЕСКИХ МИКРООРГАНИЗМОВ У ТЛЕЙ MACROSIPHUM GEI KOSCH, 1855, КОЛЛЕКТИРОВАННЫХ С ЧЕТЫРЕХ ВИДОВ КОРМОВЫХ РАСТЕНИЙ	105
<b>Скурагович Т.А., Молчан О.В., Голенченко С.Г.</b> БИОЛОГИЧЕСКАЯ АКТИВНОСТЬ ВТОРИЧНЫХ МЕТАБОЛИТОВ РАСТЕНИЙ VIDENSFRONDOSUS L.- ИНВАЗИВНОГО ВИДА ВО ФЛОРЕ БЕЛАРУСИ	109
<b>Совгир Н. В., Бусленко А. В., Прокулевич В. А.</b> КОНСТРУИРОВАНИЕ ГИБРИДНОГО ГЕНА, КОДИРУЮЩЕГО РЕКОМБИНАНТНЫЙ ФЬОЖН-БЕЛОК СВМТ-ESC-B(1–20)	114
<b>Тарасова Ю.В., Лодыгина С.В, Лодыгин А.Д., Капустин М.А., Ризевский С.В., Буткевич Т.В., Цыганков В.Г., Бондарук А.М., Филонюк В.А., Курченко В.П.</b> ПОЛУЧЕНИЕ И СВОЙСТВА КЛАТРАТОВ ЦИКЛОДЕКСТРИНА С ЭФИРНЫМ МАСЛОМ БУТОНОВ ГВОЗДИКИ	119
<b>Тарасова Ю.В., Лодыгина С.В., Лодыгин А.Д., Капустин М.А., Ризевский С.В., Буткевич Т.В., Цыганков В.Г., Бондарук А.М., Филонюк В.А., Курченко В.П.</b> ПОЛУЧЕНИЕ И СВОЙСТВА КЛАТРАТОВ ЦИКЛОДЕКСТРИНА С ЭФИРНЫМ МАСЛОМ КАРДАМОНА	125
<b>Тарасова Ю.В., Лодыгина С.В., Лодыгин А.Д., Капустин М.А., Ризевский С.В., Буткевич Т.В., Цыганков В.Г., Бондарук А.М., Филонюк В.А., Курченко В.П.</b> ПОЛУЧЕНИЕ И СВОЙСТВА КЛАТРАТОВ ЦИКЛОДЕКСТРИНА С ЭФИРНЫМ МАСЛОМ МУСКАТНОГО ОРЕХА	132
<b>Чубарова А.С., Капустин М.А., Якимович Е.А., Курченко В.П.</b> ОСОБЕННОСТИ АГРОТЕХНОЛОГИИ ВЫРАЩИВАНИЯ РАСТОРОПШИ ПЯТНИСТОЙ В УСЛОВИЯХ БЕЛАРУСИ И ВОЗМОЖНОСТИ ПРИМЕНЕНИЯ СИЛИМАРИНА В КАЧЕСТВЕ ХЕЛАТОРА ТЯЖЕЛЫХ МЕТАЛЛОВ	138
<b>Чухчин Д.Г., Е.В.Новожилов, К.С.Болотова, И.В.Тышкунцова, А.В.Малков, Л.В. Майер, Гурьянова А.А.</b> НАДМОЛЕКУЛЯРНАЯ СТРУКТУРА ЦЕЛЛЮЛОЗЫ	

РАСТИТЕЛЬНОГО И БАКТЕРИАЛЬНОГО ПРОИСХОЖДЕНИЯ	147
<b>Шабунин С.В., Востроилова Г.А.</b> КРИОФАРМАКОЛОГИЯ: ПРОДУКТЫ И ПЕРСПЕКТИВЫ	152
<b>Элькаиб Х.М., Феськова Е.В., Леонтьев В.Н., Игнатовец О.С.</b> ИДЕНТИФИКАЦИЯ ФЛАВОНОИДОВ В ЭКСТРАКТАХ ЛЕКАРСТВЕННЫХ РАСТЕНИЙ МЕТОДОМ ВЭЖХ-МС	156
<i>РАЗДЕЛ 2 ИННОВАЦИОННЫЕ BIOTEХНОЛОГИИ В МЕДИЦИНЕ, ВЕТЕРИНАРИИ, СЕЛЬСКОМ ХОЗЯЙСТВЕ И ДРУГИХ ОТРАСЛЯХ</i>	161
<b>Храмцов А. Г.</b> BIOTEХНОЛОГИЧЕСКИЕ ОСНОВЫ ПОЛУЧЕНИЯ И ПРИМЕНЕНИЯ ПРИРОДНЫХ БАВ НА ОСНОВЕ УНИВЕРСАЛЬНОГО СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННОГО СЫРЬЯ ЖИВОТНОГО ПРОИСХОЖДЕНИЯ – МОЛОЧНОЙ СЫВОРОТКИ	162
<b>Албулов А.И., Фролова М.А., Мельник Н.В., Еремец В.И., Мурадян Ж.Ю., Гринь А.В.</b> ЭФФЕКТИВНОСТЬ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ ХИТОЗАНА В СОСТАВЕ ВАКЦИНЫ ПРОТИВ НЕКРОБАКТЕРИОЗА ЖИВОТНЫХ	165
<b>Алиева Л.Р., Евдокимов И.А., Буткевич Т.В., Курченко В.П.</b> ТЕХНОЛОГИЯ ПОЛУЧЕНИЯ КАЗЕИНА С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ХИТОЗАНА	169
<b>Баранов С.А., Евдокимов И.А.</b> НОВЫЕ ВОЗМОЖНОСТИ МИКРОПАРТИКУЛЯЦИИ В ПЕРЕРАБОТКЕ ТВОРОЖНОЙ СЫВОРОТКИ	178
<b>Богданова Е.В., Мельникова Е.И., Пономарева Н.В.</b> ПОЛУЧЕНИЕ ГИДРОЛИЗАТА $\beta$ -ЛАКТОГЛОБУЛИНА С ЗАДАННЫМ ХИМИЧЕСКИМ СОСТАВОМ И СВОЙСТВАМИ	181
<b>Будкевич Р.О., Мартак А.А., Будкевич Е.В., Еремина А.И.</b> АНТИОКСИДАНТНАЯ АКТИВНОСТЬ ГИДРОЛИЗАТОВ БЕЛКОВ МОЛОЧНОЙ СЫВОРОТКИ В ПРОЦЕССЕ ВОЗДЕЙСТВИЯ ФЕРМЕНТОВ	185
<b>Варламов В.П.</b> ПРОИЗВОДНЫЕ ХИТИНА И ХИТОЗАНА В BIOTEХНОЛОГИИ	188
<b>Гершончик К.Н., Кондратова И.И., Лодыгина С.В., Лодыгин А.Д., Курченко В.П.</b> ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ФЕРМЕНТОВ В ТЕХНОЛОГИИ ПОЛУЧЕНИЯ РАСТВОРИМОГО ПЕЧЕНЬЯ ДЛЯ ДЕТЕЙ РАННЕГО ВОЗРАСТА	191
<b>Гершончик К.Н., Кондратова И.И., Лодыгина С.В., Лодыгин А.Д., Курченко В.П.</b> ВЛИЯНИЕ САХАРА И ЖИРА НА ПРОЦЕСС ФЕРМЕНТАЦИИ КЛЕЙКОВИНЫ В ТЕХНОЛОГИИ ПОЛУЧЕНИЯ РАСТВОРИМОГО ПЕЧЕНЬЯ ДЛЯ ДЕТЕЙ РАННЕГО ВОЗРАСТА.	197
<b>Головач Т.Н., Жабанос Н.К., Фурик Н.Н., Катович В.Е., Емельянов С.А., Лодыгин А.Д., Курченко В.П.</b> ФЕРМЕНТАЦИЯ БЕЛКОВ МОЛОКА МЕЗОФИЛЬНЫМИ ЛАКТОКОККАМИ И ТЕРМОФИЛЬНЫМИ СТРЕПТОКОККАМИ	203
<b>Евдокимов И.А., Анисимов Г.С., Шрамко М.И.</b> ТЕОРЕТИЧЕСКИЕ И ПРАКТИЧЕСКИЕ АСПЕКТЫ СОЗДАНИЯ ТЕХНОЛОГИИ ПИЩЕВОЙ И ФАРМАЦЕВТИЧЕСКОЙ ЛАКТОЗЫ	213
<b>Заерко В.И., Абакин С.С., Потапович М.И., Прокулевич В.А.</b> АНТИГЕННАЯ АКТИВНОСТЬ ВАКЦИНЫ ПРОТИВ ЛИСТЕРИОЗА СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫХ ЖИВОТНЫХ ИЗ ШТАММА «АУФ» ЖИВОЙ, СУХОЙ «ЛИСТЕКС» С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ В КАЧЕСТВЕ ИММУНОСТИМУЛЯТОРА БИОПРЕПАРАТА «БИФЕРОН-Б» ПРОИЗВОДСТВА ООО «НПЦ «ПРОБИОТЕХ»» (РЕСПУБЛИКА БЕЛАРУСЬ)	217
<b>Капустин М.А., Чубарова А.С., Курченко В.П., Лодыгин А.Д., Ржепаковский И.В.</b> ИСПОЛЬЗОВАНИЕ МЕТОДА ЭЛЕКТРОСПИННИНГА ДЛЯ ПОЛУЧЕНИЯ 3D-СКАФФОЛДОВ С БИОЛОГИЧЕСКИ АКТИВНЫМИ ВЕЩЕСТВАМИ КУРКУМЫ	221