

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 α фактора элонгации I (EF1 α) 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 видовой диагностики 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-баркодирование), 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 α фактора элонгации 1 (EF1 α) 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 α использовали праймеры, представленные в таблице 2.

Реакционная смесь для ПЦР содержала в 25 мкл: 3 мМ dNTP, 1 мМ каждого праймера, 2,5 мМ MgCl₂, 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 _a °C	Размер получаемого фрагмента, п.н.
COI	HCO2198 LCO1490	TAAACTTCAGGGTGACCAAAAATCA GGTCAACAAATCATAAAGATATTGG	50	708
EF1 α	EF2 EF3	ATGTGAGCAGTGTGGCAATCCAA GAACGTGAACGTGGTATCAC	54	1100

Примечание: T_a – 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 EF1 α 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 α тлей, вовлеченных в настоящее исследование

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

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 α 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 α 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 α тлей *S. maydis*, коллектированных в Европе и Беларуси, нуклеотидных замен отмечено не было.



Рисунок 1 – Содержащий нуклеотидные замены участок последовательности EF1 α 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).

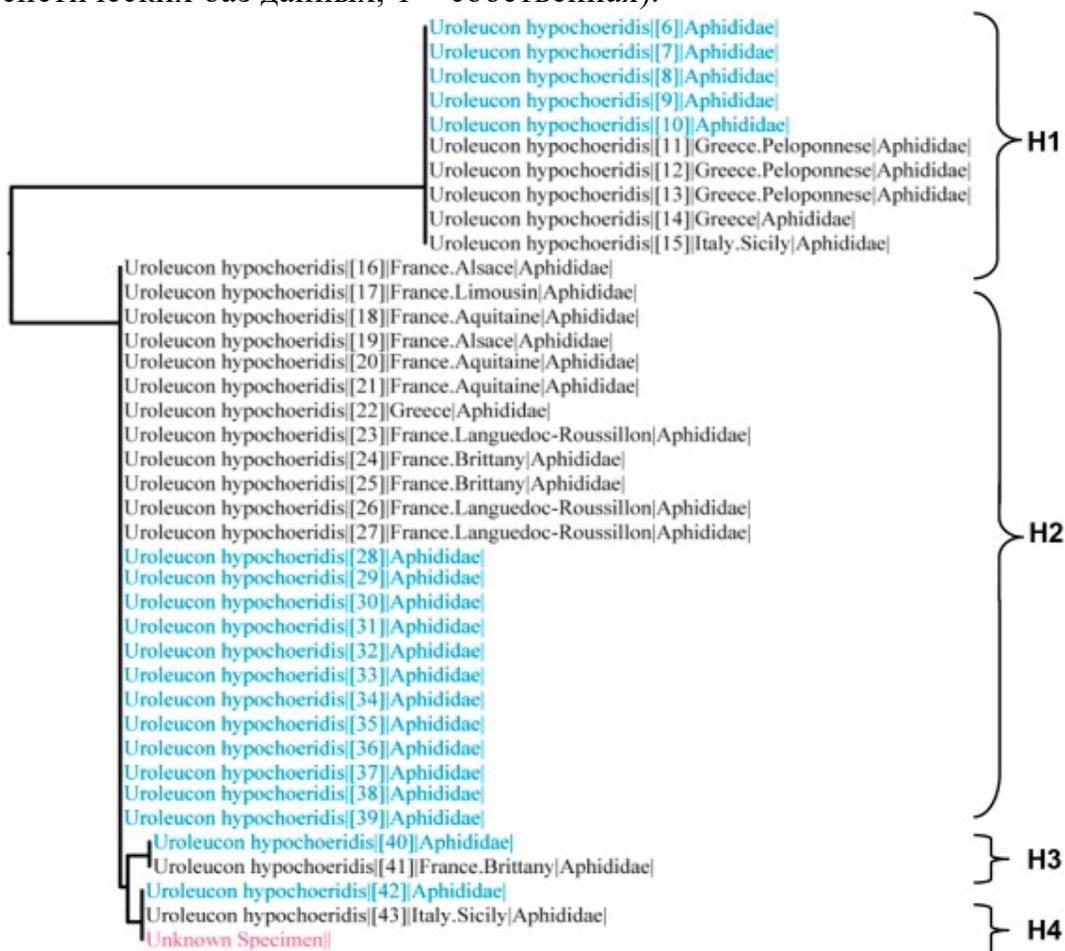


Рисунок 2 – Дендрограмма сходства нуклеотидных последовательностей COI тлей *Uroleucon hypochoeridis*, коллектированных на разных территориях

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.

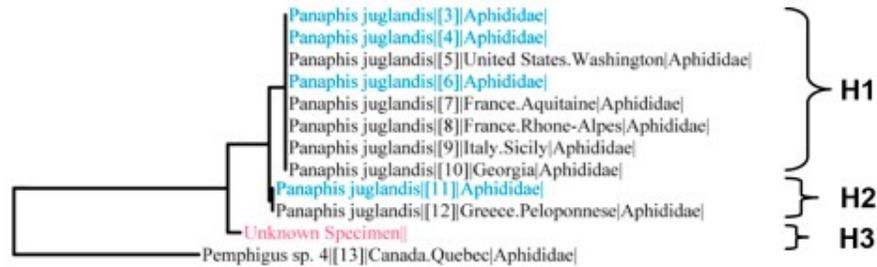


Рисунок 3 – Дендрограмма сходства нуклеотидных последовательностей COI тлей *Panaphis juglandis*, коллектированных на разных территориях

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 α 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. – Дата доступа:
02.09.2017.

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

ОГЛАВЛЕНИЕ

РАЗДЕЛ 1 ФУНДАМЕНТАЛЬНЫЕ АСПЕКТЫ ИССЛЕДОВАНИЯ БИОЛОГИЧЕСКИ АКТИВНЫХ ВЕЩЕСТВ ЖИВОТНОГО, РАСТИТЕЛЬНОГО И ГРИБНОГО ПРОИСХОЖДЕНИЯ	4
Evteev A., Pankin K., Larionova O., Bannikova A. RATIONALIZATION OF FISH OIL KINETICS TRANSPORT FROM ALGINATE CAPSULES	5
Gorbunova N., Evteev A., Larionova O., Evdokimov I., Bannikova A. EFFECT OF ULTRASOUND ON THE EXTRACTION AND CHARACTERISATION OF BIOACTIVES FROM PLANTS	8
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	12
Буткевич Т.В., Сушинская Н.В., Курченко В.П. СОРБЦИЯ ТЯЖЕЛЫХ МЕТАЛЛОВ ХИТОЗАН-ГЛЮКАНОВЫМ КОМПЛЕКСОМ ИЗ <i>ASPERGILLUS NIGER</i>	17
Воробьева М.М., Н.В. Воронова, С.В. Буга ДНК-ШТРИХКОДИРОВАНИЕ РЕЦЕНТНЫХ ВИДОВ ТЛЕЙ ФАУНЫ БЕЛАРУСИ	22
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	30
Железнова С.Н., Геворгиз Р.Г., Кравченко В.А, Рябушко В.И., Нехорошев М.В., Бобко Н.И. ДИАТОМОВАЯ ВОДОРОСЛЬ <i>CYLINDROTHECA CLOSTERIUM</i> (EHRENB.) REIMANN ET LEWIN — ПЕРСПЕКТИВНЫЙ ИСТОЧНИК ЭЙКОЗАПЕНТАЕНОВОЙ КИСЛОТЫ И КАРОТИНОИДОВ.	35
Иванов О.А., Домаш В.И. ФУНГИСТАТИЧЕСКИЕ ЭФФЕКТЫ ЭКСТРАКТОВ РАЗЛИЧНЫХ ЧАСТЕЙ ИНВАЗИВНЫХ ВИДОВ РОДА <i>SOLIDAGO</i> В ОТНОШЕНИИ НЕКОТОРЫХ ЗНАЧИМЫХ ФИТОПАТОГЕННЫХ ГРИБОВ	39
Куликова И.К., Анисимов Г.С., Карасева А.В., Евдокимов И.А. ИССЛЕДОВАНИЕ КАТАЛИТИЧЕСКОЙ АКТИВНОСТИ β-ГАЛАКТОЗИДАЗЫ В ПРОЦЕССЕ ЭЛЕКТРОДИАЛИЗА ПЕРМЕАТА МОЛОЧНОГО СЫРЬЯ	42
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	46
Леонтьев В.Н., Феськова Е.В., Игнатовец О.С., Титок В.В. ВЫДЕЛЕНИЕ И АНАЛИЗ ФЛАВОНОИДОВ ЛЕКАРСТВЕННЫХ РАСТЕНИЙ КОЛЛЕКЦИИ ЦЕНТРАЛЬНОГО БОТАНИЧЕСКОГО САДА НАН БЕЛАРУСИ	53
Мелентьев А.И., Логинов О.Н., Бойко Т.Ф., Актуганов Г.Э. УНИКАЛЬНЫЙ ПРИРОДНЫЙ ШТАММ <i>PAENIBACILLUS ENIMENSIS</i> IB-739	58
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>	63
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	68
Молчан О.В., Шабуня П.С., Фатыхова С.А., Юрин В.М., ПОЛУЧЕНИЕ	

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

РАСТИТЕЛЬНОГО И БАКТЕРИАЛЬНОГО ПРОИСХОЖДЕНИЯ	147
Шабунин С.В., Востроилова Г.А. КРИОФАРМАКОЛОГИЯ: ПРОДУКТЫ И ПЕРСПЕКТИВЫ	152
Элькаиб Х.М., Феськова Е.В., Леонтьев В.Н., Игнатовец О.С. 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
Храмцов А. Г. BIOTEХНОЛОГИЧЕСКИЕ ОСНОВЫ ПОЛУЧЕНИЯ И ПРИМЕНЕНИЯ ПРИРОДНЫХ БАВ НА ОСНОВЕ УНИВЕРСАЛЬНОГО СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННОГО СЫРЬЯ ЖИВОТНОГО ПРОИСХОЖДЕНИЯ – МОЛОЧНОЙ СЫВОРОТКИ	162
Албулов А.И., Фролова М.А., Мельник Н.В., Еремец В.И., Мурадян Ж.Ю., Гринь А.В. ЭФФЕКТИВНОСТЬ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ ХИТОЗАНА В СОСТАВЕ ВАКЦИНЫ ПРОТИВ НЕКРОБАКТЕРИОЗА ЖИВОТНЫХ	165
Алиева Л.Р., Евдокимов И.А., Буткевич Т.В., Курченко В.П. ТЕХНОЛОГИЯ ПОЛУЧЕНИЯ КАЗЕИНА С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ХИТОЗАНА	169
Баранов С.А., Евдокимов И.А. НОВЫЕ ВОЗМОЖНОСТИ МИКРОПАРТИКУЛЯЦИИ В ПЕРЕРАБОТКЕ ТВОРОЖНОЙ СЫВОРОТКИ	178
Богданова Е.В., Мельникова Е.И., Пономарева Н.В. ПОЛУЧЕНИЕ ГИДРОЛИЗАТА β -ЛАКТОГЛОБУЛИНА С ЗАДАННЫМ ХИМИЧЕСКИМ СОСТАВОМ И СВОЙСТВАМИ	181
Будкевич Р.О., Мартак А.А., Будкевич Е.В., Еремина А.И. АНТИОКСИДАНТНАЯ АКТИВНОСТЬ ГИДРОЛИЗАТОВ БЕЛКОВ МОЛОЧНОЙ СЫВОРОТКИ В ПРОЦЕССЕ ВОЗДЕЙСТВИЯ ФЕРМЕНТОВ	185
Варламов В.П. ПРОИЗВОДНЫЕ ХИТИНА И ХИТОЗАНА В BIOTEХНОЛОГИИ	188
Гершончик К.Н., Кондратова И.И., Лодыгина С.В., Лодыгин А.Д., Курченко В.П. ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ФЕРМЕНТОВ В ТЕХНОЛОГИИ ПОЛУЧЕНИЯ РАСТВОРИМОГО ПЕЧЕНЬЯ ДЛЯ ДЕТЕЙ РАННЕГО ВОЗРАСТА	191
Гершончик К.Н., Кондратова И.И., Лодыгина С.В., Лодыгин А.Д., Курченко В.П. ВЛИЯНИЕ САХАРА И ЖИРА НА ПРОЦЕСС ФЕРМЕНТАЦИИ КЛЕЙКОВИНЫ В ТЕХНОЛОГИИ ПОЛУЧЕНИЯ РАСТВОРИМОГО ПЕЧЕНЬЯ ДЛЯ ДЕТЕЙ РАННЕГО ВОЗРАСТА.	197
Головач Т.Н., Жабанос Н.К., Фурик Н.Н., Катович В.Е., Емельянов С.А., Лодыгин А.Д., Курченко В.П. ФЕРМЕНТАЦИЯ БЕЛКОВ МОЛОКА МЕЗОФИЛЬНЫМИ ЛАКТОКОККАМИ И ТЕРМОФИЛЬНЫМИ СТРЕПТОКОККАМИ	203
Евдокимов И.А., Анисимов Г.С., Шрамко М.И. ТЕОРЕТИЧЕСКИЕ И ПРАКТИЧЕСКИЕ АСПЕКТЫ СОЗДАНИЯ ТЕХНОЛОГИИ ПИЩЕВОЙ И ФАРМАЦЕВТИЧЕСКОЙ ЛАКТОЗЫ	213
Заерко В.И., Абакин С.С., Потапович М.И., Прокулевич В.А. 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
Капустин М.А., Чубарова А.С., Курченко В.П., Лодыгин А.Д., Ржепаковский И.В. ИСПОЛЬЗОВАНИЕ МЕТОДА ЭЛЕКТРОСПИННИНГА ДЛЯ ПОЛУЧЕНИЯ 3D-СКАФФОЛДОВ С БИОЛОГИЧЕСКИ АКТИВНЫМИ ВЕЩЕСТВАМИ КУРКУМЫ	221