

Министерство образования Республики Беларусь
Белорусский государственный университет
Биологический факультет
Совет молодых ученых

Биологическая осень 2017
(к Году науки в Беларуси)

Тезисы докладов
Международной научной конференции
молодых ученых
9 ноября 2017 г, Минск, Беларусь

Минск
2017

УДК 57(06)
Б 633

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

Редакционная коллегия:

А. И. Соколик, К. М. Люзина, Н. В. Совгир,
С. В. Ризевский, О. В. Дзюбан, В. С. Мацкевич, Е. А. Козлов,
В. В. Лысак (главный редактор).

Рецензенты:

доктор биологических наук, профессор *А. Г. Чумак*;
доктор биологических наук, профессор, член-корреспондент НАНБ
Е. И. Слобожанина.

Биологическая осень 2017 : к Году науки в Беларуси : тезисы докладов Международной научной конференции молодых ученых, 9 ноября 2017 г, Минск, Беларусь / БГУ, Биологический фак., Совет молодых ученых ; редкол.: В. В. Лысак (гл. ред.) [и др.]. – Минск : БГУ, 2017. – 317 с. – Библиогр. в тексте.

В издании представлены тезисы докладов участников Международной научной конференции «Биологическая осень 2017» (9 ноября 2017 г.).

Предназначено для широкого круга специалистов-биологов.

ДНК-ШТРИХКОДИРОВАНИЕ И ПОСТРОЕНИЕ ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИХ ДЕРЕВЬЕВ НА ОСНОВЕ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТИ COI НЕКОТОРЫХ ВИДОВ ТЛЕЙ ФАУНЫ БЕЛАРУСИ

С.С. Левыкина, М.М. Воробьёва

Белорусский государственный университет, Минск, Беларусь
s.lewykina@yandex.by

ДНК-штрихкодирование (DNA barcoding) – метод таксономии, который позволяет идентифицировать виды с помощью фрагмента ДНК небольшой длины. В качестве универсального ДНК-штрихкода для всех групп животных используется участок митохондриального белок-кодирующего гена субъединицы 1 цитохром *c* оксидазы (COI), размер которого составляет около 650 пар нуклеотидов. На сегодняшний день существует генетическая база данных BOLD (Barcode of Life Database) [1], в которой представлена информация о ДНК-штрихкодах живых организмов из различных таксономических групп, пополняющаяся исследователями из разных регионов мира. Система BOLD также предоставляет возможность построения филогенетических деревьев с учетом последовательностей, имеющихся в базе [2]. С помощью построения филогенетических деревьев можно оценить степень сходства между представителями одного вида, что значительно упрощает оценку вариабельности последовательности COI.

Нами был проведен сравнительный анализ последовательностей COI некоторых видов тлей. Общая выборка составила 700 нуклеотидных последовательностей, среди них 693 последовательности было получено из BOLD и 7 – сотрудниками кафедры зоологи в результате секвенирования COI тлей фауны Беларуси: *Aphis craccivora* Koch, 1854, *Aphis fabae* s. l., *Aphis gossypii* Glover, 1877, *Therioaphis tenera tenera* Aizenberg, 1956,

Drepanosiphum platanoidis Schrank, 1801, *Aphis ruborum* Börner, 1931, *Myzus cerasi* Fabricius, 1775. С использованием всех доступных последовательностей для каждого вида были построены филогенетические деревья в системе BOLD.

ДНК-штрихкод *D. platanoidis* представлен в BOLD только образцами из Канады, с которыми наш образец образовал единый кластер, что свидетельствует о высоком уровне сходства наших последовательностей с последовательностями, коллектированными на территории Канады. Нуклеотидные последовательности *A. gossypii* и *A. craccivora* из Беларуси на филогенетических деревьях образовывали общий кластер только с образцами из Пакистана, *A. fabae* – из Австралии, *T. tenera tenera* и *M. cerasi* – из Канады, несмотря на присутствие в базе ДНК-штрихкодов из разных регионов Европы. При анализе филогенетических деревьев, построенных для тлей *A. ruborum*, наблюдалась обратная тенденция, в частности, образцы из Беларуси сформировали общий кластер с образцами из Европы (Греция) и не образовали общего кластера с образцами из географически удаленных регионов.

1. Ratnasingham, S. BARCODING: bold: The Barcode of Life Data System (<http://www.barcodinglife.org>): BARCODING / S. Ratnasingham, P.D.N. Hebert // Molecular Ecology Notes. – 2007. – Vol. 7, No 3. – P. 355–364.

2. Воронова, Н.В, Воробьева, М.М. Идентификация видов и построение филогений. – Минск: БГУ – 15 с., 2015.

DNA BARCODING AND BUILDING PHYLOGENETIC TREES USING COI SEQUENCES OF SOME APHIDS SPECIES OF FAUNA OF BELARUS

S.S. Levykina

Belarusian State University, Minsk, Belarus

s.lewykina@yandex.by

We conducted a comparative analysis of the sequences of COI of some species of aphids. The total sample consisted of 700 nucleotide sequences, among them 693 sequences were obtained from BOLD and 7 by the staff of the department of zoology as a result of COI sequencing following aphids of Belarus: *Aphis craccivora* Koch, 1854, *Aphis fabae* s. l., *Aphis gossypii* Glover, 1877, *Therioaphis tenera tenera* Aizenberg, 1956, *Drepanosiphum platanoidis* Schrank, 1801, *Aphis ruborum* Börner, 1931, *Myzus cerasi* Fabricius, 1775.

Using all available sequences, phylogenetic trees were built for each species in the BOLD system.

ЛАБОРАТОРНОЕ РАЗВЕДЕНИЕ МУРАВЬЕВ *LASIUS NIGER* L. (HYMENOPTERA: FORMICIDAE) – ЭТАП ИНКУБАТОРНОГО СОДЕРЖАНИЯ ОПЛОДОТВОРЕННЫХ САМОК

Е.В. Бузун, О.В. Синчук, Ю.С. Тимофеев 240

АНТРОПОГЕННЫЙ МАТЕРИАЛ В ГНЕЗДАХ ЧЕРНОГО (*TURDUS MERULA*) И ПЕВЧЕГО (*T. PHILOMELOS*) ДРОЗДОВ В УСЛОВИЯХ ГОРОДОВ БЕЛАРУСИ

Е.А. Бучилко, Е.А. Лягович, В.В. Сахвон 242

К ФАУНЕ МУХ-ЖУРЧАЛОК (DIPTERA, SYRPHIDAE) ВОЛОЖИНСКОГО РАЙОНА МИНСКОЙ ОБЛАСТИ

М.В. Волосач 244

ПОЛИМОРФИЗМ ЗНАЧЕНИЙ МОРФОМЕТРИЧЕСКИХ И ГЕНЕТИЧЕСКИХ ХАРАКТЕРИСТИК АЛЫЧОВОЙ ТЛИ (*BRACHYCAUDUS DIVARICATAE* SHAR.) ФАУНЫ БЕЛАРУСИ

М.М. Воробьёва 246

ОЦЕНКА СТАБИЛЬНОСТИ РАЗВИТИЯ АМФИБИЙ ВОДОЕМОВ ЩУЧИНСКОГО РАЙОНА ГРОДНЕНСКОЙ ОБЛАСТИ

Н.М. Голонская, Ю.И. Осипович 248

ЗАСЕЛЕННОСТЬ ЛИПОВОЙ МОЛЮ-ПЕСТРЯНКОЙ (*PHYLLONORYCTER ISSIKII*) ЛИПЫ МЕЛКОЛИСТНОЙ НА ПЕРВОЙ ГЕНЕРАЦИИ В УСЛОВИЯХ Г. МИНСКА

Д.А. Гончаров 250

АНАЛИЗ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ ГЕНА EF1 α ТЛЕЙ ФАУНЫ БЕЛАРУСИ

А.В. Корбут, М.М. Воробьёва 252

НАСЕКОМЫЕ-ПОСЕТИТЕЛИ СОЦВЕТИЙ ШИПОВНИКА МОРЩИНИСТОГО (*ROSA* \square *RUGOSATHUNB.*) В УСЛОВИЯХ Г. МИНСКА

Д.О. Коротеева 254

ЗАВИСИМОСТЬ АКТИВНОСТИ ПЧЕЛИНЫХ ОТ ЭКОЛОГИЧЕСКИХ ФАКТОРОВ НА ТЕРРИТОРИИ ГРОДНЕНСКОЙ ОБЛАСТИ (БЕЛАРУСЬ)

К.Ю. Костюк, А.В. Рыжая 256

БЕЛКОВЫЙ СОСТАВ ЯДОВ НЕКОТОРЫХ ПРЕДСТАВИТЕЛЕЙ ПЕРЕПОНЧАТОКРЫЛЫХ

Д.И. Лавриеня, Т.В. Буткевич 257

К МЕТОДАМ ПОЛУЧЕНИЯ ЯДА НЕКОТОРЫХ ПРЕДСТАВИТЕЛЕЙ ACULEATA

Д.И. Лавриеня, Е.В. Супрунюк 259

ДНК-ШТРИХКОДИРОВАНИЕ И ПОСТРОЕНИЕ ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИХ ДЕРЕВЬЕВ НА ОСНОВЕ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТИ COI НЕКОТОРЫХ ВИДОВ ТЛЕЙ ФАУНЫ БЕЛАРУСИ

С.С. Левыкина, М.М. Воробьёва 261