

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.

## АНАЛИЗ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ ГЕНА EF1 $\alpha$ ТЛЕЙ ФАУНЫ БЕЛАРУСИ

**А.В. Корбут, М.М. Воробьёва**

*Белорусский государственный университет, Минск, Беларусь*  
*alina.k.0698@gmail.com*

Фактор элонгации (EF1 $\alpha$ ) – один из наиболее перспективных ядерных маркеров, широко используемых в геносистематических исследованиях и при изучении филогении насекомых (в частности, тлей), что обусловлено чрезвычайно консервативной интрон-экзонной структурой. Расшифровка и анализ нуклеотидных последовательностей белок-кодирующих участков этого гена позволяет устанавливать эволюционную близость и отдалённость между отдельными видами или родами тлей, а так же между таксонами более высокого ранга [1].

В рамках настоящего исследования мы провели расшифровку нуклеотидных последовательностей гена EF1 $\alpha$  для некоторых тлей фауны Беларуси, а также оценили уровень сходства/различия между нуклеотидными последовательностями этого гена у тлей, коллектированных в Беларуси и на географически удаленных территориях.

В работе были использованы последовательности, полученные в результате секвенирования в 2015 г. для 7 видов тлей, типичных для фауны Беларуси: *Anoeciacorni* Fabricius, 1775, *Drepanosiphum platanoides* Schrank, 1801, *Hyalopterus spruni* Geoffroy, 1762, *Lachnusspp.*, *Periphyllus aceris* Linnaeus, 1761, *Siphamaydis* Passerini, 1860, *Uroleucon hypochoeridis* Fabricius, 1779, а также последовательности, представленные в GenBankNCBI для видов тлей, принадлежащих к тем же родам (41 нуклеотидная последовательность). Выравнивание последовательностей осуществили в программе MEGA7 с использованием метода ClustalW, а так же в этой программе производили построение филогенетических деревьев с использованием метода максимального правдоподобия.

Как оказалось, в GenBankNCBI почти отсутствуют последовательности EF1 $\alpha$  тлей родов *Anoecia*, *Drepanosiphum*, *Uroleucon*, *Periphyllus*. Для *A. corni*, *D. platanoides*, *U. hypochoeridis*, *P. aceris* последовательности EF1 $\alpha$  были получены впервые, в связи с чем

оценить вариабельности последовательности EF1 $\alpha$  у тлей этих родов не представлялось возможным.

При сравнении последовательностей EF1 $\alpha$  внутри вида у тлей *S. maydis* не было отмечено вариабельных сайтов, в то время как у *H. pruni* были выявлены замены в 4 сайтах, в частности, 47C $\leftrightarrow$ A, 50T $\leftrightarrow$ A, 160A $\leftrightarrow$ G и 428T $\leftrightarrow$ C. Для тлей из родов *Uroleucon* и *Lachnus* были построены генные деревья, ввиду хорошей представленности последовательностей гена EF1 $\alpha$  в GenBank (21 и 14 последовательностей соответственно). Тли рода *Lachnus* на генном дереве образовали 4 кластера, причём *Lachnus* spp., коллектированные на территории Беларуси, вошли в общий кластер с частью образцов *L. quercihabitans*, коллектированных в Китае, что свидетельствует о высоком уровне сходства между этими видами. *U. hypochoeridis* из Беларуси попал в общий кластер с *U. obscurum* и *U. caligatum*, коллектированными в США, однако, в филогенетическом отношении он оказался ближе к *U. obscurum*.

1. Воронова, Н.В. Вариабельность структуры и нуклеотидного состава гена EF1 $\alpha$  у тлей (Hemiptera: Sternorrhyncha: Aphidoidea) / Н.В. Воронова [и др.] // Труды БГУ. – 2013. – Т.8, Ч.1. – С. 183–192.

## ANALYSIS OF EF 1-ALPHA SEQUENCES OF APHIDS OF THE FAUNA OF BELARUS

A.V. Korbut, M.M. Varabyova

*Belarusian State University, Minsk, Belarus*

*alina.k.0698@gmail.com*

Within the framework of the present study, we deciphered the nucleotide sequences of the EF1 $\alpha$  gene for some aphids of Belarus, and estimated the similarity / difference between the nucleotide sequences of this gene in aphids collected in Belarus and in geographically remote areas.

Sequences obtained as a result of sequencing in 2015 for 7 species of aphids typical of the fauna of Belarus in 2015. We used in the work ef 1- $\alpha$  sequences of the following aphids: *Anoeciacorni* Fabricius, 1775, *Drepanosiphum platanooides* Schrank, 1801, *Hyalopterus pruni* Geoffroy, 1762, *Lachnus* spp., *Periphyllus aceris* Linnaeus, 1761, *Siphamaydis* Passerini, 1860, *Uroleucon hypochoeridis* Fabricius, 1779, as well as sequences presented in GenBank NCBI for aphid species belonging to the same genus.

---

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 $\alpha$  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