

- 5 Ёршик, О. А. Антиоксидантная активность сабельника болотного *Comarum palustre* L. / О. А. Ёршик, Г. Н. Бузук // Вестник фармации. – 2013. – №. 3 (61). – С. 81–85.
- 6 Ёршик, О. А. Противовирусная активность проантоцианидинов сабельника болотного и туи западной / О. А. Ёршик, Г. Н. Бузук // Вестник Витебского государственного медицинского университета. – 2015. – Т. 14. – №. 2. – С. 107–112.
- 7 Махлаюк, В. П. Лекарственные растения в народной медицине / В. П. Махлаюк – Саратов: Приволожское книжное издательство, 1993. – 544 с.
- 8 Определитель высших растений Беларуси / под ред. В. И. Парфёнова. – Минск : Дизайн ПРО, 1999. – 472 с..
- 9 Скляревская, Н. В. Фармакогностическое изучение надземной части сабельника болотного (*Comarum palustre* L.), произрастающего на северо-западе России: автореф. дис. ... канд. фарм. наук: 15. 00. 02. / Н. В. Скляревская; ГОУ ВПО Санкт-Петербургской гос. хим.-фарм. акад. – Санкт-Петербург, 2009. – 25 с.
- 10 Стругар, Й. Фитохимическое изучение травы и корней сабельника болотного (*Comarum palustre* L.): дис. ... канд. фарм. наук: 3. 4. 2. / Й. Стругар. – СПб, 2022. – 124 с.
- 11 Стругар, Й. Химические компоненты *Comarum palustre* L. и их биологическая активность / Й. Стругар, М. Н. Повыдыш // Здоровье и образование в XXI веке. – 2020. – №. 12. – С. 126–140.

Eu. G. Buško, A. S. Georgieva, E. V. Akshevskaya

BIOCHEMICAL, ECOLOGICAL AND PHARMOLOGICAL ASSESSMENT OF THE BOLONY SAUCE (*COMARUM PALUSTRE* L.)

*Sakharov International State Ecological Institute of Belarusian State University,
Minsk, Republic of Belarus,
alenageorgieva834@gmail.com*

Abstract. The biochemical, ecological and pharmacological significance of the aboveground and root parts of the marsh saber is considered. A study of the geoclimatic features of the growth of the species, as well as its biochemical composition and prospects for use in medicine and pharmacology.

Key words: Comarum palustre, biochemical composition, biologically active substances, medicine, pharmacology, ecology.

УДК 595. 752. 2

М. М. ВОРОБЬЁВА

ВЛИЯНИЕ БИОЛОГИИ И ЭКОЛОГИИ У ИНВАЗИВНЫХ ВИДОВ ТЛЕЙ НА ВАРИАБЕЛЬНОСТЬ ГЕНА COI

*Полесский государственный университет,
г. Пинск, Республика Беларусь,
vorobjeva.m@polessu.by*

В работе представлены результаты сравнительного анализа изменчивости нуклеотидных последовательностей гена COI у видов тлей, осуществивших экспансии на территории Беларуси, и принадлежащих к категории чужеродных инвазивных. Показано, что полифаги из Азии демонстрируют наибольший уровень вариабельности последовательностей COI в сравнении с тлями из других эколого-биологических групп.

Ключевые слова: чужеродные инвазивные виды, субъединица I цитохромоксидазы с (COI), тли, изменчивость, биология, экология.

Изменчивость нуклеотидных последовательностей гена субъединицы I цитохромоксидазы с (COI) не связана с давлением отбора на популяции или вид в целом. Функции белков, кодируемых данным геном, у животных консервативны, в связи с чем у гемиптероидных насекомых на изменчивость гена COI влияют фундаментальные биологические признаки, характеризующие таксон в целом. Это делает ген COI чрезвычайно удобной моделью для изучения особенностей молекулярной эволюции гемиптероидных насекомых, в том числе тлей, в связи с их эволюционной историей, экологическими и биологическими особенностями [1, 2].

Учитывая, что общая изменчивость генома лежит в основе способности популяций выживать в динамичных условиях окружающей среды и противостоять давлению естественного отбора, получение знаний о механизмах, определяющих эту изменчивость, позволит строить прогнозы об успешности освоения тлей новых условий и расширению территорий, что крайне важно учитывать при работе с чужеродными инвазивными видами [3]. Цель – установить наличие (отсутствие) влияния особенностей биоэкологических адаптаций на изменчивость нуклеотидных последовательностей гена COI у тлей, принадлежащих к числу инвазивных Беларуси.

Таблица 1 – Виды гемиптероидных насекомых, используемые в настоящем исследовании [4]

Вид	Русское название вида	Категория	Происхождение	Дата вселения/Находки
<i>Panaphis juglandis</i> (Goeze, 1778)	Тля большая ореховая (пестрая)	A2	Средиземноморье	2000–2010 гг.
<i>Drepanosiphum platanoidis</i> (Schrank, 1801)	Тля большая Яворовая	A2	Западная и Южная Европа	не известна
<i>Phyllaphis fagi</i> Linnaeus, 1767	Тля буковая	A1	Западная и Южная Европа	50–60-е годы XX в.
<i>Hyadaphis tataricae</i> Aizenberg, 1935	Тля верхушечная жимолостная	A3	Центральная Азия	середина XX в.
<i>Aphis spiraecola</i> Patch, 1914	Тля зеленая Цитрусовая	A2	Регионы Южной Европы	первое десятилетие XXI
<i>Brevicoryne brassicae</i> (Linnaeus, 1758)	Тля капустная	A3	Европейское Средиземноморье	не известна
<i>Cryptomyzus ribis</i> Linnaeus, 1758	Тля красногалловая Смородинная	A3	Северная Америка	не известна
<i>Aphis craccivora</i> Koch, 1854	Тля люцерновая	A3	Северная Америка	не известна

В работе использовали 48583 нуклеотидные последовательности гена COI 8 видов тлей [4]. Нуклеотидные последовательности гена COI нужной длины для *Brachycaudus divaricatae* Shaposhnikov, 1956 отсутствовали в GenBank, в связи с чем данный вид был исключен из исследования (таблица 1).

Нуклеотидные последовательности COI были получены как из базы данных GenBank NCBI, так и расшифрованы автором.

Насекомые, нуклеотидные последовательности которых использованы в работе, на основании литературных данных разделены на группы в зависимости от типа пищевой специализации (монофаги, олигофаги и полифаги) и географической принадлежности (Америка, Азия, Европа, Австралия и Африка)..

Выравнивание последовательностей COI осуществляли в программе MEGA7. В этой же программе провели выбор лучшей модели нуклеотидных замещений, рассчитали внутривидовые генетические дистанции методом максимального правдоподобия (Maximum likelihood) с использованием трехпараметрической модели Тамуры (T92).

Сравнение внутривидовых генетических дистанций у насекомых из разных групп провели методом многофакторного дисперсионного анализа (ANOVA) в программе Statistica. Статистически значимыми считали результаты, для которых $p \leq 0,01$.

Среднее значение внутривидовой генетической дистанции у полифагов было равным $0,0042 \pm 0,002$, при $p < 0,00$ (здесь и далее по тексту первый показатель – среднее значение, второй – стандартная ошибка). У олигофагов и монофагов этот показатель оказался несколько ниже: $0,0009 \pm 0,002$ и $0,0002 \pm 0,002$, при $p < 0,00$. При разбиении общей выборки на географические регионы оказалось, что у образцов из Азии среднее значение парной внутривидовой генетической дистанции равно $0,008 \pm 0,014$, в то время как у образцов из Австралии, Америки и Африке $0,000 \pm 0,000$ и Европы $0,002 \pm 0,003$ при $p \leq 0,01$.

Для того, чтобы установить какие из анализируемых показателей вносят вклад в дисперсию значений внутривидовой генетической дистанции, был проведен дисперсионный анализ.

Оказалось, что спектр кормовых растений ($p = 0,0000$; $F = 1389,5383$ между монофагами, олигофагами и полифагами) и географическая принадлежность ($p = 0,0000$; $F = 962,0052$ между образцами из Азии и Европы, а также Америки, Австралии и Африки) вносят вклад в формирование внутривидового полиморфизма COI у тлей, способных к инвазиям на новые территории (рисунок 1).

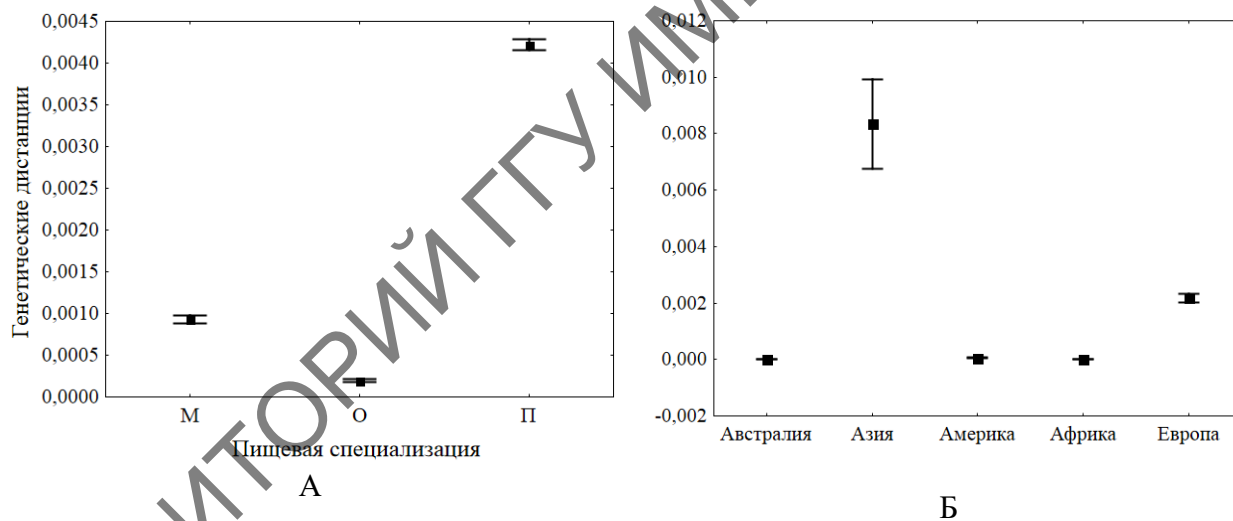


Рисунок 1 – Средневзвешенные значения парных внутривидовых генетических дистанций, рассчитанные на основе анализа последовательностей гена COI,

у тлей с разными спектрами кормовых растений (А) и географическими регионами (Б)

Исследования показали, что существенный вклад в формирование уровня внутривидового генетического полиморфизма последовательностей гена COI у инвазивных видов тлей вносят такие особенности биологии и экологии как широта круга кормовых растений и географическая принадлежность. Сравнительный анализ парных внутривидовых генетических дистанций позволил заключить, что полифаги из Азии демонстрируют наибольший уровень вариабельности последовательностей COI в сравнении с тлями из других эколого-биологических групп.

Исследования выполнены при финансовой поддержке Белорусского республиканского фонда фундаментальных исследований (договор №. Б22МВ-013).

Список литературы

- 1 Species identification of aphids (Insecta: Hemiptera: Aphididae) through DNA barcodes / R. G. Footitt [et al.] // *Molecular Ecology Resources*. – 2008. – Vol. 8, iss. 6. – P. 1189–1201.
- 2 Evolutionary and genetic aspects of aphid biology: A review / D. F. Hales [et al.] // *Eur. J. Entomol.* – 1997. – Vol. 94, n. 1. – P. 474–487.
- 3 Vilcinskis, A. *Biology and ecology of aphids* / A. Vilcinskis. – Germany: CRC Press Taylor & Francis Group, 2016. – 282 pp.
- 4 Черная книга инвазивных видов животных Беларуси / В. П. Семенченко [и др.]; под общ. ред. В. П. Семенченко, С. В. Буга; Нац. акад. Наук Беларуси, Науч. -практ. центр по биоресурсам. – Минск : Бел. навука, 2020. – 163 с.

M. M. Varabyova

THE INFLUENCE OF THE ECOLOGICAL AND BIOLOGICAL TRAITS OF SPECIES IN INVASIVE APHIDS ON GENE COI VARIABILITY

*Polessky State University,
Pinsk, Republic of Belarus,
vorobjeva.m@plessu.by*

Abstract. The results of comparative analysis of genetic variability of COI genes in aphids, which have carried out the expansion of Belarus and they are coming now alien invasive species. It is found out that species being polyphagous from Asia with have the highest level of genetic variability of COI nucleotide sequences comparing to aphids from other ecological and biological groups.

Keywords: alien invasive species, cytochrome oxidase c subunit I (COI), aphids, variability, biology, ecology.

УДК 504. 5 + 551. 5 (476)

Е. И. ГАЛАЙ, Г. С. ФИЛИПЧИК

СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ ВЫБРОСОВ ЗАГРЯЗНЯЮЩИХ ВЕЩЕСТВ СТАЦИОНАРНЫМИ ИСТОЧНИКАМИ ВИТЕБСКОЙ И ГОМЕЛЬСКОЙ ОБЛАСТЕЙ В АТМОСФЕРНЫЙ ВОЗДУХ

*Белорусский государственный университет,
г. Минск, Республика Беларусь,
gaom@mail.ru, filipcikleb@gmail.com*

В статье дается анализ выбросов стационарных источников в атмосферный воздух Витебской и Гомельской области. Территориальная дифференциация загрязнения выражалась через значение стандартного отклонения. Установлено, что преобладающая часть административных районов областей отличается среднеобластным и пониженным уровнем выбросов в воздух.

Ключевые слова: атмосферный воздух, стационарные источники выбросов, загрязняющее вещество.