

в 2024 году, наименьшее в 2022 году, следовательно, наиболее благоприятными для развития и размножения стрекоз являются условия с количеством осадков от 80 до 100 мм. Также наблюдается прямая зависимость количества стрекоз от количества комаров в тех же стадиях развития. В 2022 году были неблагоприятные условия для выплода комаров, и соответственно, нами было поймано меньшее количество стрекоз. Анализ количества осадков и среднесуточных температур за 2022 год показал неблагоприятные условия для выплода личинок комаров, об этом свидетельствует сухое и жаркое лето, что сказалось на численности стрекоз.

Список использованных источников

1. Бей-Биенко, Н. К. Общая энтомология / Н. К. Бей-Биенко. – М.: Мир, 1998. – 120 с.
2. Шванвич, В. Н. Курс общей энтомологии / В. Н. Шванвич. – М.: Советская наука, 1949. – 820 с

УДК 57.08(075.8)

А. С. Миронович

Науч. рук.: С. А. Зятыков, ст. преподаватель

БИОИНФОРМАТИЧЕСКИЙ ПОДХОД ПРИ АНАЛИЗЕ МОЛЕКУЛЯРНОЙ ЭВОЛЮЦИИ SARS-COV-2

В статье представлено молекулярно-генетическое исследование геномов SARS-CoV-2. В ходе выполнения работы проанализированы геномы штаммов SARS-CoV-2: Alpha (B.1.1.7), Beta (B.1.351), Gamma (P.1), Delta (B.1.617.2), Omicron (B.1.1.529). Наиболее вариабельными участками генома для молекулярной эволюции штаммов коронавируса оказались: ген S, ген N и ORF1ab.

Известно, что основной задачей филогенетического анализа является установление, реконструкция эволюционной истории – родственных связей, отношений между формами жизни – и датировании эволюционных событий, моментов дивергенций [1].

Цель работы – провести молекулярно-генетическое исследование геномов SARS-CoV-2 для выявления наиболее вариабельных участков и их дальнейшей оценки как маркеров молекулярной эволюции штаммов коронавируса.

В качестве материала для исследования использовались нуклеотидные последовательности референсных геномов штаммов коронавируса SARS-CoV-2: Alpha (B.1.1.7), Beta (B.1.351), Gamma (P.1), Delta (B.1.617.2), Omicron (B.1.1.529). из базы данных национального Центра Биотехнологической информации (National Center for Biotechnology Information, NCBI) [2].

Проведенная работа позволила выявить наиболее переменные участки генома: ген S – это ген, кодирующий спайковый белок SARS-CoV-2 [3]; ген N – это ген, кодирующий нуклеокапсидный белок [4]; ORF1ab – это крупнейшая открытая рамка считывания в геноме SARS-CoV-2 [3].

При выполнении данной работы использовали следующее программное обеспечение: Unipro UGENE (ver. 33) [5].

Результаты, полученные в ходе филогенетического анализа приведены ниже (рисунки 1, 2 и 3).

Из рисунков 1-3 видно, что разные геномные регионы SARS-CoV-2 (S-гена, N-гена и ORF1ab) эволюционируют с разной скоростью, поэтому полученные дендрограммы внешне различаются по характеру ветвления. Кроме того, результаты кластеризации говорят о том, что использование какого-то одного маркера для молекулярной эволюции не позволяет точно отражать исторически сложившуюся тенденцию и требует комплексного их использования.

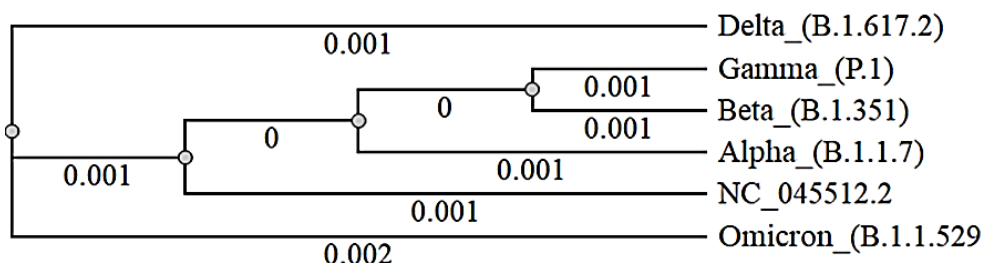


Рисунок 1 – Филогенетическое дерево, построенное в программе UGENE на основании последовательностей S-гена

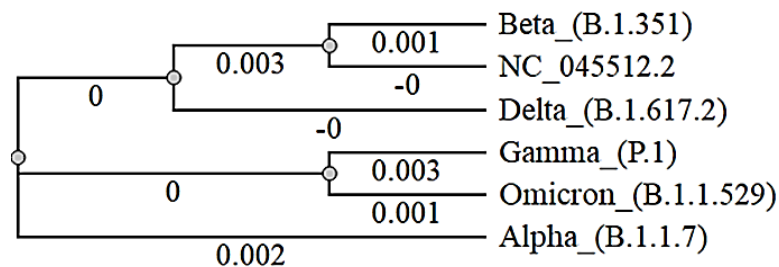


Рисунок 2 – Филогенетическое дерево, построенное в программе UGENE на основании последовательностей N-гена

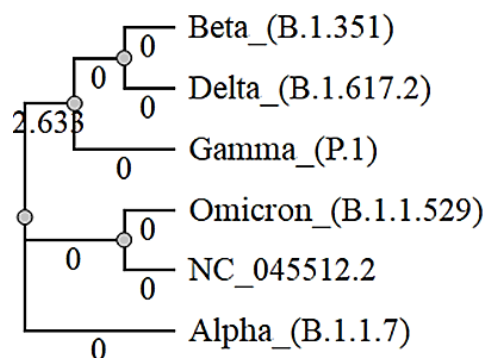


Рисунок 3 – Филогенетическое дерево, построенное в программе UGENE на основании последовательностей ORF1ab

Таким образом, в процессе выполнения работы было проведено исследование имеющихся штаммов SARS-CoV-2: Alpha (B.1.1.7), Beta (B.1.351), Gamma (P.1), Delta (B.1.617.2), Omicron (B.1.1.529).

Проведенный биоинформатический анализ позволил выявить наиболее вариабельные геномные регионы S-гена, N-гена и открытой рамки считывания ORF1ab SARS-CoV-2. Показано, что они эволюционируют с разной скоростью. Кроме того, полученные результаты говорят о том, что использование какого-то одного маркера для молекулярной эволюции не позволяет точно отражать исторически сложившуюся тенденцию и требует комплексного их использования.

Список использованных источников

1. Лукашов, В. В. Молекулярная эволюция и филогенетический анализ / В. В. Лукашов. – М.: БИНОМ. Лаборатория знаний, 2009. – 256 с.
2. NCBI [Electronic resource]: National Center for Biotechnology Information Search database. – Mode of access: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov>. – Date of access: 11.03.2024.
3. Walls, A. C. Structure, Function, and Antigenicity of the SARS-CoV-2 Spike Glycoprotein [Electronic resource] / A. C. Walls, Y.-J. Park, M. A. Tortorici, A. Wall, A. T. McGuire, D. Veerler // National Library of Medicine. – 2020. – № 181(2). – Mode of access: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32155444/> – Date of access: 02.05.2025.
4. Wu, W. The SARS-CoV-2 nucleocapsid protein: its role in the viral life cycle, structure and functions, and use as a potential target in the development of vaccines and diagnostics [Electronic resource] / W. Wu, H. Zhou, C. Sun, S. Zhang // Virology Journal. – 2023. – №6. – Mode of access: <https://virologyj.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12985-023-01968-6> – Date of access: 02.05.2025.

5. Okonechnikov, K. Unipro UGENE: a unified bioinformatics toolkit [Electronic resource] / K. Okonechnikov, O. Golosova, M. Fursov, the UGENE team // Bioinformatics Applications Note. – 2012. – Vol. 28. – №. 8. – P. 1166–1167. – Mode of access: <https://ugene.net/ru/>. – Date of access: 11.03.2025.

УДК 595.799

В. А. Миськова

Науч. рук.: А. А. Сурков, ст. преподаватель

ВИДОВОЕ РАЗНООБРАЗИЕ ШМЕЛЕЙ (HYMENOPTERA, BOMBUS) НА ТЕРРИТОРИИ УРБОЦЕНОЗОВ

*Статья посвящена изучению видового разнообразия шмелей на территории урбоценозов Гомельского района. По результатам данного исследования установлено, что общим видом-доминантом на исследованных биотопах урбоценозов, был шмель земляной (*Bombus terrestris*) и шмель норовой (*Bombus lucorum*).*

Шмели (*Bombus*) – род перепончатокрылых насекомых из семейства настоящих пчёл (Apidae). Известно более 255 видов шмелей, которые могут существенно различаться размерами и окраской, из них на территории Республики Беларусь встречаются 32 вида [1].

Цель исследования – изучение видового разнообразия и распространения шмелей на территории урбоценозов.

Исследования проводились в летний период 2024 года. Для установления видового состава шмелей в Гомельском районе было выбрано шесть биотопов: суходольный луг в окрестностях УНБ «Ченки», пойменный луг в районе Сельмаша, луг в центральном парке, деревенский частный сектор, городской частный сектор, опушка леса в окрестностях УНБ «Ченки».

За весь период исследования было учтено 158 особей шмелей. В результате на первом биотопе было собрано 38 особей шмелей, что составляет 24 % от общего количества отловленных особей, на втором биотопе – 26 особей, что составляет 17 %, на третьем биотопе – 30 особей, что составляет 19 %, на четвертом биотопе – 24 особи, что составляет 15 %, на пятом биотопе – 21 особь, что составляет 13 % и на шестом биотопе было отловлено 19 особей шмелей, что составляет 12 %.