

The aim of this work is to develop an effective method for obtaining Aculeate poisons. We selected the poison in two ways from some species: *Bombus sylvarum* L., *B. terrestris* L., *B. agrorum* Scop., *B. derhamellus* Cal., *B. lapidarius* L., *Vespa vulgaris* L. and *Vespa crabro* L. These second methods, implying mechanical stimulation of the Hymenoptera, was enough laborious, but has a high efficiency. Carried out the production of pure poison, isolation of proteins and peptides processing biological activity.

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, имеющих 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 зоологии 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.
