

**МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ  
БЕЛОРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ  
БИОЛОГИЧЕСКИЙ ФАКУЛЬТЕТ  
Кафедра микробиологии**

**КОВШОВИК**  
Алина Сергеевна

**РАЗНООБРАЗИЕ СОСТАВА МИКРОБИОМА ТЛЕЙ ФАУНЫ  
БЕЛАРУСИ, ПРИ ПИТАНИИ НА РАЗЛИЧНЫХ КОРМОВЫХ  
РАСТЕНИЯХ**

Аннотация к дипломной работе

Научный руководитель:  
кандидат биологических наук,  
доцент Н.В. Воронова

Минск, 2022

## АННОТАЦИЯ

Дипломная работа включает: страниц – 44, рисунка – 12, таблиц – 7, источников – 81.

Ключевые слова: ФАКУЛЬТАТИВНЫЕ СИМБИОНТЫ, APHIDIDAE, ТАКСОНОМИЯ, ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКОЕ ДЕРЕВО, АЛЬФА-РАЗНООБРАЗИЕ, БЕТА-РАЗНООБРАЗИЕ

Объект исследования: симбиотические сообщества нескольких видов тлей, среди которых есть полифаги, живущие на разных кормовых растениях в лаборатории (*Myzus persicae*), монофаги (*Aphis intybi*, *Uroleucon cichorii*), живущие на одном растении (цикорий обыкновенный) в разных географических точках.

Цель: изучение и сравнение микробиомов тлей фауны Беларуси, при питании на различных кормовых растениях.

Методы: специализированные инструменты биоинформатического анализа, статистические принципы анализа данных.

Тля является широко распространённым вредителем сельскохозяйственных культур и склонна вырабатывать устойчивость к инсектицидам. Многие фенотипические признаки этих насекомых определяются не собственными генами, а генами живущих в них бактерий. Микробиом тлей играет существенную роль в биологии хозяев, поставляя необходимые питательные вещества, участвуя в метаболизме токсинов, обеспечивая защиту от паразитов и неблагоприятных условий среды.

Изучение микробиоценозов тлей является важным этапом разработки новых микробиологических методов ограничения численности насекомых. Становится актуальным поиск штаммов бактерий, которые смогут послужить материалом для создания трансгенных агентов, контролирующих численность насекомых в течение длительного времени.

В ходе данного исследования были изучены и сравнены метрики альфа-разнообразия и бета-разнообразия микробного сообщества тлей фауны Беларуси, при питании на различных кормовых растениях.

**МІНІСТЭРСТВА АДУКАЦЫІ РЭСПУБЛІКІ БЕЛАРУСЬ  
БЕЛАРУСКІ ДЗЯРЖАЎНЫ ЎНІВЕРСІТЭТ  
БІЯЛАГІЧНЫ ФАКУЛЬТЭТ  
Кафедра мікрабіялогіі**

**КАЎШОВІК**  
Аліна Сяргееўна

**РАЗНАСТАЙНАСЦЬ СКЛАДУ МІКРОБІОМА ТЛЕЙ ФАУНЫ  
БЕЛАРУСІ, ПРЫ ХАРЧАВАННІ НА РОЗНЫХ КАРМАВЫХ  
РАСЛІНАХ**

Анатацыя да дыпломнай працы

Навуковы кіраўнік:  
кандыдат біялагічных навук,  
дацэнт Н.В. Воранава

Мінск, 2022

## АНАТАЦЫЯ

Дыпломная праца 44 старонак, 7 табліц, 12 малюнкаў, 81 крыніца літаратуры.

Ключавыя словы: ФАКУЛЬТАТЫЎНЫЯ СІМБІЁНТЫ, ТЛІ, СІСТЭМАТЫКА, ФІЛАГЕНЕТЫЧНЫЯ ДРЭВЫ, АЛЬФА-РАЗНАСТАЙНАСЦЬ, БЭТА-РАЗНАСТАЙНАСЦЬ.

Аб'екты даследавання: некалькі відаў тлей, сярод якіх ёсць паліфагі, якія жывуць на розных кармавых раслінах ў лабараторыі (*Myzus persicae*), монофагі (*Aphis intybi*, *Uroleucon cichorii*), якія жывуць на адным расліне (цыкорый звычайны) у розных геаграфічных кропках.

Мэта: даследаванне вывучэнне і параўнанне мікрабіёмаў тлей фаўны Беларусі, пры харчаванні на розных кармавых раслінах.

Метады даследавання: спецыялізаваныя інструменты біяінфармацыйнага аналізу, статыстычныя прынцыпы аналізу дадзеных.

Тля з'яўляецца шырока распаўсюджаным шкоднікам сельскагаспадарчых культур і схільная выпрацоўваць ўстойлівасць да інсектыцыдаў. Многія фенатипічныя прыкметы гэтых насякомых вызначаюцца не ўласнымі генамі, а генамі якія жывуць у іх бактэрыяў. Мікробы тлей гуляе істотную ролю ў біялогіі гаспадароў, пастаўляючы неабходныя пажыўныя рэчывы, удзельнічаючы ў метабалізме таксінаў, забяспечваючы абарону ад паразітаў і неспрыяльных умоў асяроддзя.

Вывучэнне мікробіёценоз тлей з'яўляецца важным этапам распрацоўкі новых мікрабіялагічных метадаў абмежавання колькасці насякомых. Становіцца актуальным пошук штамаў бактэрыяў, якія змогуць паслужыць матэрыялам для стварэння трансгенных агентаў, якія кантралююць колькасць насякомых на працягу доўгага часу.

У ходзе гэтага даследавання былі вывучаны і параўнаны метрыкі альфа-разнастайнасці і бэта-разнастайнасці мікробнага супольнасці тлей фаўны Беларусі, пры харчаванні на розных кармавых раслінах.

**MINISTRY OF EDUCATION REPUBLIC OF BELARUS BELARUSIAN  
STATE UNIVERSITY BIOLOGICAL FACULTY  
Microbiology department**

**A.S.  
KAUSHOVİK**

**DIVERSITY OF THE COMPOSITION OF THE MICROBIOME OF  
APHIDS OF THE FAUNA OF BELARUS, WHEN FEEDING ON  
VARIOUS FORAGE PLANTS**

Scientific supervisor:  
Candidate of Biological Sciences,  
Docent Voronova N.V.

Minsk, 2022

## ABSTRACT

Graduation paper 44 pages, 7 tables, 12 illustrations, 81 sources of literature.

Key words: FACULTATIVE SYMBIONTS, APHIDIDAE, TAXONOMY, PHYLOGENETIC TREE, ALPHA DIVERSITY, BETA DIVERSITY.

Objects: several species of aphids, among which there are polyphages living on different forage plants in the laboratory (*Myzus persicae*), monophages (*Aphis intybi*, *Uroleucon cichorii*) living on the same plant (chicory vulgaris) in different geographical locations.

Objective: to study and compare the microbiomes of aphids of the fauna of Belarus, when feeding on various forage plants.

Methods: specialized tools of bioinformatic analysis, statistical principles of data analysis.

Aphids are a widespread pest of agricultural crops and tend to develop resistance to insecticides. Many of the phenotypic features of these insects are determined not by their own genes, but by the genes of the bacteria living in them. The microbiome of aphids plays an essential role in the biology of hosts, supplying the necessary nutrients, participating in the metabolism of toxins, providing protection from parasites and adverse environmental conditions.

The study of aphid microbocenoses is an important stage in the development of new microbiological methods for limiting the number of insects. It becomes urgent to search for bacterial strains that can serve as material for the creation of transgenic agents that control the number of insects for a long time.

In the course of this study, the metrics of alpha-diversity and beta-diversity of the microbial community of aphids of the fauna of Belarus, when feeding on various forage plants, were investigated and compared.