

**Молекулярно-генетический анализ вредных видов клопов-кружевниц
(Heteroptera: Tingidae) по ДНК-маркерам**

Научный руководитель – Беседина Екатерина Николаевна

Беседина Екатерина Николаевна

Кандидат наук

Всероссийский научно-исследовательский институт биологической защиты растений,
Краснодар, Россия

E-mail: katrina7283@yandex.ru

Изучение адвентивных видов насекомых становится вопросом экологической и экономической безопасности стран, т.к. многие из них наносят урон сельскому и лесному хозяйству, разрушают аборигенные экосистемы [1]. В последние годы обширные инвазии в нашей стране особо опасных адвентивных вредителей, таких как клопы дубовая, тополевая и платановая кружевницы поставили под угрозу существование целого ряда ценнейших древесных и кустарниковых пород.

При проведении мониторинга распространения и численности этих вредителей на Юге России для целей идентификации видов в ряде случаев необходимы генетические исследования насекомых данного семейства (Tingidae). Изучение генетики популяций вредных насекомых имеет большое значение также в понимании миграционных процессов инвазивных видов и потока генов между популяциями. В этом отношении одними из приоритетных задач генетики популяций членистоногих являются оценка генетического сходства индивидуумов, генетического разнообразия и ДНК-полиморфизма.

С целью изучения ДНК-полиморфизма и генетического разнообразия кружевных клопов проведен сравнительный ПЦР-анализ четырех видов кружевниц: дубовой (*Corythucha arcuata* Say), платановой (*Corythucha ciliata* Say), тополевой (*Monosteira unicastata* Mulsant et Rey) и грушевой (*Stephanitis pyri* F.) Показано, что вид *M. unicastata* отличался от остальных наименьшим уровнем ДНК-полиморфизма и генетического разнообразия. Высокие значения ДНК-полиморфизма и генетического разнообразия трех других видов свидетельствуют о высокой миграционной способности этих видов насекомых и значительном внутривидовом дрейфе генов. В ходе работы на основе данных, полученных при использовании RAPD-маркеров (random amplified polymorphic DNA) была проведена кластеризация видов кружевных клопов с целью определения их генетического родства (рис. 1). Кластерный анализ данных проводили методом UPGMA с использованием программы Popgene version 1.31. Установлено, что наиболее близкими в генетическом отношении оказались виды рода *Corythucha*, а наиболее отдаленным от других - вид *M. unicastata*.

Таким образом, RAPD-анализ подтвердил данные систематиков, сделанные на основе морфологических отличий. Это указывает на то, что генетическое сходство видов насекомых можно определять не только анализируя нуклеотидные последовательности мтДНК [2], но и по универсальным неспецифическим (RAPD- или ISSR-) ДНК-маркерам. В ряде случаев для достижения точного результата необходима комбинация не только инструментов традиционной таксономии и молекулярной систематики, но и сочетание различных молекулярно-генетических подходов. Так, например, применение метода ДНК баркодирования не всегда является эффективным в исследованиях с насекомыми, так как может возникать большая частота появления ошибок из-за нередкого отсутствия корреляции между митохондриальным и ядерным геномами или отсутствия разницы между внутри- и межвидовыми расстояниями для рассматриваемых генов. Кроме того, из-за отсутствия монофилетичности большинства видов насекомых на митохондриальном уровне разные

виды могут иметь одинаковые штрих-коды. Поэтому используемый нами метод RAPD-PCR позволяет анализировать ядерный геном насекомых по универсальным неспецифическим ДНК-маркерам, что с успехом можно использовать при оценке межвидовых различий насекомых, наряду с анализом нуклеотидных последовательностей митохондриальной ДНК. Кроме того, данный метод молекулярно-генетической диагностики, основанный на оценке ДНК-полиморфизма и генетического разнообразия насекомых, позволит проводить более эффективный мониторинг вредителей данного семейства (Tingidae).

Поддержано грантом № 19-44-233009 р_мол_а Российского фонда фундаментальных исследований и администрации Краснодарского края.

Источники и литература

- 1) Масляков В.Ю., Ижевский С.С. Инвазии растительноядных насекомых в европейскую часть России. М.: ИГРАН, 2011, 289 с.
- 2) Guilbert E., Damgaard J., D’Haese, C.A. Phylogeny of the lace bugs (Insecta: Heteroptera: Tingidae) using morphological and molecular data // Systematic Entomology. 2014. No. 39. С. 431–441. DOI: 10.1111/syen.12045.

Иллюстрации

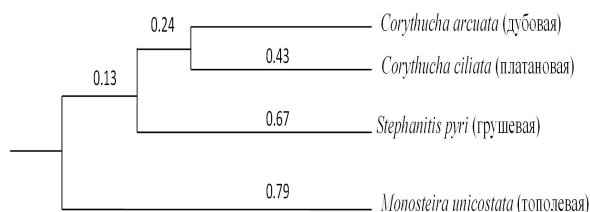


Рис. 1. Дендрограмма генетических расстояний между кластерами видов клопов-кружевниц