РЕСПУБЛИКАНСКОЕ УНИТАРНОЕ ПРЕДПРИЯТИЕ «НАУЧНО-ПРАКТИЧЕСКИЙ ЦЕНТР НАН БЕЛАРУСИ ПО ЗЕМЛЕДЕЛИЮ»

РЕСПУБЛИКАНСКОЕ НАУЧНОЕ ДОЧЕРНЕЕ УНИТАРНОЕ ПРЕДПРИЯТИЕ «ИНСТИТУТ ЗАЩИТЫ РАСТЕНИЙ»



ЗАЩИТА РАСТЕНИЙ

Сборник научных трудов Основан в 1976 г. **Выпуск 42**

В сборнике публикуются материалы научных исследований по видовому составу, биологии, экологии и вредоносности сорной растительности, насекомых и возбудителей заболеваний сельскохозяйственных культур. Представлены эффективность и экологическая безопасность агротехнических, биологических и химических мероприятий по оптимизации фитосанитарной ситуации агроценозов.

Для научных сотрудников, агрономов по защите растений, преподавателей, студентов сельскохозяйственных вузов.

Редакционная коллегия:

Л.И. Трепашко (главный редактор), С.В. Сорока (зам. главного редактора), С.Ф. Буга, Д.В. Войтка, А.А. Запрудский, С.И. Гриб, И.Г. Волчкевич, П.М. Кислушко, Э.И. Коломиец, В.С. Комардина, И.А. Прищепа, Л.И. Сорока, Л.В. Сорочинский, Р.В. Супранович, Э.И. Хотько, Е.А. Якимович, С.И. Ярчаковская, В.В. Головач (секретарь).

REPUBLICAN UNITARY ENTERPRISE «RESEARCH AND PRACTICAL CENTER OF NATIONAL ACADEMY OF SCIENCES OF THE REPUBLIC OF BELARUS FOR ARABLE FARMING»

REPUBLICAN SCIENTIFIC SUBSIDIARY UNITARY ENTERPRISE «THE INSTITUTE OF PLANT PROTECTION»



PLANT PROTECTION

Manual of Proceedings
Founded in 1976

Issue 42

Materials of scientific researches on specific composition, biology, ecology and weed plants harmfulness, insects and causal organisms of agricultural crop diseases are published in the collected articles. Effectiveness and ecological safety of agrotechnical, biological and chemical measures on optimization of phytosanitary agrocenosis situation is presented.

For scientific workers, agronomists in plant protection, lecturers and students of agricultural universities.

Editorial board:

L.I. Trepashko (chief editor), S.V. Soroka (deputy chief editor), S.F. Buga, D.V. Voitka, A.A. Zaprudskij, S.I. Grib, I.G. Volchkevich, P.M. Kislushko, E.I. Kolomiets, V.S. Kamardina, I.A. Prischepa, L.I. Soroka, L.V. Sorochinskij, R.V. Supranovich, E.I. Hotko, E.A. Yakimovich, S.I. Yarchakovskaya, V.V. Halavach (secretary).

М.М. Воробьева, Н.В. Воронова

Белорусский государственный университет, г. Минск

ИДЕНТИФИКАЦИЯ РЯДА ВИДОВ ТЛЕЙ ФАУНЫ БЕЛАРУСИ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ДНК-ШТРИХКОДИРОВАНИЯ И ДОЧЕРНИХ МЕТОДОВ ДНК-ДИАГНОСТИКИ

Рецензент: канд. биол. наук Колтун Н.Е.

Аннотация. Расшифрована 21 нуклеотидная последовательность генов СОІ и ЕГ1α для 18 видов тлей рецентной фауны Беларуси. Расшифрованные нуклеотидные последовательности депонированы в GenBank (NSBI) и могут быть использованы в дальнейшем для идентификации энтомологических образцов методом ДНК-штрихкодирования. На основе ДНК-штрихкодов были разработаны ПДР-ПДРФ ключи, позволяющие проводить корректную видовую диагностику тлей рода *Dysaphis* Börn. и подвидов видов *Aphis fabae* Scop. и *Myzus cerasi* F. из числа вредителей семечковых, плодово-ягодных и иных возделываемых культур с исключением этапа секвенирования.

Ключевые слова: тли, идентификация видов, ДНК-штрихкодирование, ПЦР-ПДРФ анализ, рестрикционные карты.

Введение. Корректная идентификация таксономической принадлежности является одним из важнейших аспектов изучения биологического разнообразия, а также контроля численности и распространения насекомых-фитофагов, представляющих угрозу в качестве вредителей и переносчиков заболеваний культивируемых растений. Определение по морфологическим признакам остается одним из основных инструментов идентификации насекомых, однако, учитывая наличие среди тлей морфологически сходных видов и подвидов, их точное определение в ряде случаев представляет большую сложность [1].

В последние годы для идентификации трудно дифференцируемых видов и подвидов насекомых, в частности тлей, все чаще используется ДНК-идентификация, а именно, ДНК-штрихкодирование (ДНК-баркодинг) [2], в основе которого лежит представление о том, что каждый биологический вид может быть идентифицирован по короткому универсальному фрагменту ДНК. В результате длительных поисков такого фрагмента ДНК для животных в качестве ДНК-штрихкода было принято решение использовать митохондриальный ген субъединицы 1 цитохромоксидазы c (COI) [3].

К настоящему времени в научные исследования в области ДНК-штрихкодирования видов вовлечено более сотни научных центров из 50 стран-участниц Международного консорциума по ДНК-штрихкодированию жизни (iBOL – International Consortium for the Barcode of Life). Разработчиком метода и мировым лидером в области ДНК-штрихкодирования является Институт Биоразнообразия в Онтарио, благодаря усилиям которого было создана Глобальная база данных ДНК-штрихкодов живых организмов (BOLD), которая активно пополняется в результате индивидуального и коллективного вклада ведущих исследователей в области систематики различных групп организмов [4]. На сегодняшний день в ВОLD представлено 5 475 315 нуклеотидных последовательностей 220 931 видов насекомых, среди которых 39 824 последовательности расшифрованы для 1 264 видов тлей, в основном из числа вредителей сельскохозяйственных и иных возделываемых культур [5]. Расшифрованные и депонированные в Международные генетические базы данных нуклеотидные последовательности используются для идентификации энтомологических образцов как методом ДНК-штрихкодирования, так и любым другим методом ДНК-идентификации, основывающимся на использовании ДНК-штрихкода. В частности, ДНК-штрихкод может быть использован для разработки ПЦР-ПДРФ ключей и построения диагностических таблиц, причем, кроме ДНК-штрихкода в этих целях могут быть использованы и некоторые другие филогенетические маркеры, как, например, ядерный ген субъединицы α фактора элонгации 1 (EF1α) [6].

Благодаря предыдущим исследованиям авторов данной работы и их коллег, на сегодняшний день расшифрованы и депонированы в ВОLD и GenBank (NSBI) нуклеотидные последовательности 28 трудно дифференцируемых по морфологическим признакам видов тлей фауны Беларуси из числа опасных вредителей сельскохозяйственных и иных культивируемых растений [7]. Поскольку на территории Беларуси насчитывается более 130 видов тлей только из семейства Aphididae, среди которых около 50 видов принадлежат к числу вредителей ценных хозяйственных культур [8; 9], возникает необходимость в получении ДНК-штрихкодов, прежде всего, для тлей – вредителей культивируемых растений. Учитывая крайне недостаточную представленность в Международных базах данных последовательностей, полученных для образцов, коллектированных в Восточной Европе и, в частности, Беларуси, в рамках настоящего исследования мы дополнительно расшифровали последовательности генов COI и EF1α и, на основе расшифрованных последовательностей гена COI, разработали ПЦР-ПДРФ ключи для идентификации трудно дифференцируемых по морфологическим признакам видов тлей рода Dysaphis Börn. (Dysaphis anthrisci Börn., D. radicola Mordv. и D. plantaginea Pass.), а также подвидов тлей видов Aphis fabae Scop. и Myzus cerasi Fabr.

Тли рода *Dysaphis*, а именно яблонно-подорожниковая тля (D. plantaginea) и яблонные красногалловые тли (D. radicola и D. anthrisci) принадлежат к числу вредителей семечковых плодово-ягодных культур [10]. Представители этого рода имеют двудомный жизненный цикл, в частности, D. plantaginea в начале июня совершает массовую миграцию с первичногокормовогорастения(Malus sp.) навторичное(Plantago sp.)[11], D. radicola — с Malus sp. на Rumex sp. [12] и D. anthrisci — с Malus sp. на зонтичные растения (Antpriscus silvestris и Chaerophyllum sp.) [13]. Среди этих видов D. plantaginea представляет практический интерес, так как имеет высокую степень вредоносности в средневозрастных садовых насаждениях и, в соответствии с Постановлением Министерства сельского хозяйства и продовольствия Республики Беларусь № 29 от 17.10.2016 г., внесен в «Перечень особо опасных вредителей, болезней растений и сорняков» [14].

Свекловичная черная тля (A. fabae) и вишневая тля (M. cerasi) в условиях Беларуси формируют комплексы, в пределах которых выделяют формы с общим ареалом, но различным перечнем кормовых растений. У A. fabae на сегодняшний день выделяют четыре подвида, аименно, A. fabae fabae Scop., A. fabae cirsiiacanthoidis Scop., A. fabae mordvilkoi Börn. и А. fabae solanella Theob. В качестве первичного кормового растения A. fabae fabae, A. fabae cirsiiacanthoidis и A. fabae solanella выступает Euonymus europaeus L., однако иногда эти тли могут использовать также Viburnum opulus L. Летом A. fabae fabae мигрирует на вторичные кормовые растения, в качестве которых выступает множество видов из семейств Leguminosae, Papaveraceae и Chenopodiaceae, в то время как летние поколения A. fabae cirsiiacanthoidis развиваются только на Cirsium spp., а A. fabae solanella – на Solanum nigrum L., которые не входят в перечень кормовых растений A. fabae fabae. Первичным кормовым растением A. fabae mordvilkoi является V. opulus или Philadelphus coronarius L., а в качестве вторичных растений эти тли используют Arctium spp. L. и Tropaeolum majus L. [15; 16]. Поскольку свекловичная черная тля на территории Беларуси принадлежит к числу серьезных вредителей сельскохозяйственных культур, корректная идентификация подвидов тлей данного вида играет важную роль при контроле численности распространения фитофагов.

У *M. cerasi* выделяют два подвида, в частности, *M. cerasi cerasi* и *M. cerasi pruniavium*. В перечень первичных кормовых растений *M. cerasi cerasi* входит *Prunus cerasus* L. и *P. avium* L., а в перечень вторичных – травянистые растения родов *Galium*, *Euphrasia*, *Odontites* и *Veronica*. *M. cerasi pruniavium* ограничивается одним первичным кормовым растением (*P. avium*) на котором образует смешанные колонии с *M. cerasi cerasi*. Перечень вторичных кормовых растений *M. cerasi pruniavium* очень широк, в частности, включает виды растений,

принадлежавшие к следующим родам: Plantago, Euphrasia и Galim [17]. Необходимо отметить, что M. cerasi cerasi принадлежит к числу опасных вредителей молодых растений в вишневых насаждениях, в то время как M. cerasi pruniavium сильно повреждают как молодые, так и старшевозрастные экземпляры черешни. В последние годы прослеживается тенденция к снижению степени вредоносности тлей M. cerasi cerasi и, наоборот, повышению – тлей M. cerasi pruniavium [18], в связи с чем корректная видовая диагностика тлей подвидов тлей M. cerasi cerasi и M. cerasi pruniavium имеет огромное практическое значение для мониторинга их численности и распространения по территории Беларуси и сопредельных ей регионов, а также позволит рационализировать применяемые защитные мероприятия. Корректная диагностика упомянутых видов и подвидов тлей, как было показано выше, возможна только по вторичным кормовым растениям, в связи с чем возникает необходимость в привлечении новых методов и подходов для решения такого рода задач.

Место и методика проведения исследований. В работе использовали материал, коллектированный в Беларуси. Экстракцию ДНК выполняли с использованием набора DNA Purification Kit (Thermo scientific), внеся необходимые изменения в протокол производителя. ПЦР проводили с использованием трех пар праймеров (табл. 1).

Таблица 1 – Праймеры, использованные для получения целевых фрагментов ДНК

Ген	Праймер	Последовательность, 5'-3'	T _a	Размер получа- емого фрагмен- та, п.н.
COI	LCO1490 HCO2198	GGTCAACAAATCATAAAGATATTGG TAAACTTCAGGGTGACCAAAAAATCA	50	708
COI	LepF LepR	TAAACTTCTGGATGTCCAAAAAATCA ATTCAACCAATCATAAAGATATTGG	45	721
EF1α	EF3 EF2	GAACGTGAACGTGGTATCAC ATGTGAGCAGTGTGGCAATCCAA	54	1100

Примечание: Т - температура отжига праймера

Реакционная смесь для ПЦР содержала в 25 мкл: 3 мМ dNTP, 1 мМ каждого праймера, 2,5 мМ MgCl₂, $1 \times \text{ТаqBuffer}$ (10 мМ Tris-HCl, 50 мМ KCl, 0,8% Nonidet P40), 1U Таq-полимеразы, 0,5 мкг ДНК-матрицы. ПЦР проводили с использованием амплификатора Agilent Technologies Sure Cycler 8800 в режимах: 94 °C – 3 мин; 35 циклов по 94 °C – 20 с, отжиг праймера – 40 с, 72 °C – 1 мин 30 с; 72 °C – 5 мин (при работе с праймерами LCO/HCO; LepF/LepR) и 94 °C – 3 мин; 35 циклов по 94 °C – 20 с, отжиг праймера – 30 с, 72 °C – 90 с; 75 °C – 5 мин (при работе с праймерами EF3/EF2). Электрофорез фрагментов COI и EF1 α проводили в 1,5% агарозном геле в TAE-буфере (40 мМ Trisbase, 1 мМ

 $0.5\,\mathrm{M}\,\mathrm{EDTA},\mathrm{H}_2\mathrm{O})$ и окрашивали $10000\times\mathrm{ZUBRG}$ reen-1 (Праймтех, Беларусь). Для оценки длин полученных фрагментов использовали маркер молекулярного веса MP1bp DNALadder (Thermo Scientific, Литва).

Секвенирование ПЦР-продуктов выполнялось компанией Macrogen (Нидерланды) с использованием праймеров LCO, LepR и EF3 для соответствующих ПЦР-продуктов. Кроме собственных расшифрованных последовательностей, использовали нуклеотидные последовательности гена COI, представленные в Международных генетических базах данных NCBI и BOLD. Всего было проанализировано 530 нуклеотидных последовательностей гена COI, среди которых 22 принадлежали D. plantaginea (Канада, Франция, Германия, США, Беларусь), 1-D. anthrisci (Беларусь), 9-D. radicola (Франция, Германия, Греция), 401-A. fabae (Канада, Германия, Франция, США, Кения, Пакистан, Греция, Италия, Бразилия, Нидерланды, Великобритания, Болгария, Россия, Южная Корея, Беларусь) и 97-M. cerasi (Канада, Франция, США, Германия, Австралия, Новая Зеландия, Австрия, Беларусь).

В программе MEGA7 провели множественное выравнивание нуклеотидных последовательностей генов СОІ для каждого вида тлей в отдельности. Число и дивергенцию гаплотипов рассчитали в программе DNAsp. Поиск сайтов рестрикции в нуклеотидных последовательностях осуществляли в программе BioEdit. Графические рестрикционные карты построили в программах CodonCodeAligner 4.2.7. или pDRAW32 1.1.112 с использованием всех известных ферментов рестрикции и их изошизомеров. По результатам анализа построенных рестрикционных карт создали ПЦР-ПДРФ таблицы. На основании разработанных ПЦР-ПДРФ таблиц были выбраны по два фермента для рестрикционного анализа каждой группы видов (подвидов), внутри которой требуется проводить дифференциацию, и проведена визуализация предпологаемых результатов рестрикции и электрофоретического разделения фрагментов методом *in silico*.

Для определения функциональных регионов (интронов и экзонов) фрагмента гена $EF1\alpha$, полученного для тлей фауны Беларуси, нуклеотидные последовательности выравнивали по мРНК $EF1\alpha$ модельного вида тлей $A.\ pisum\ [AK341330].$

Результаты исследований. В рамках настоящего исследования расшифрована 21 нуклеотидная последовательность генов СОІ и ЕГ 1α для 18 видов тлей рецентной фауны Беларуси. Расшифрованные нуклеотидные последовательности депонированы в GenBank (NSBI) и могут быть использованы в дальнейшем для идентификации энтомологических образцов методом ДНК-штрихкодирования. В табл. 2 представлены идентификационные номера для последовательностей генов СОІ и ЕГ 1α тлей фауны Беларуси.

Таблица 2 – Коды доступа в GenBank для нуклеотидных последовательностей генов COI и EF1α тлей фауны Беларуси, полученные в настоящем исследовании

Вид тлей	Код доступа в GenBank
	Ген СОІ
A. fabae mordvilkoi	MG027895
A. pomi	MG027896
A. spiraecola	MG027897
C. compressa	MF377443
P. juglandis	MF377444
U. hypochoeridis	MF377446
	Ген EF1a
A. corni	MG029630
A. euphorbiae	MG029635
C. compressa	MG020467
D. platanoidis	MG029631
G. jacutensis	MG020468
H. pruni	MG020469
L. trirhodus	MG020470
M. antennata	MG020471
P. juglandis	MG029636
P. aceris	MG029632
S. pineti	MG029633
S. maydis	MG029628
T. tenera	MG029634
T. corticis	MG029638
U. hypochoeridis	MG029629

Нуклеотидные последовательности анализируемого участка гена $EF1\alpha$ у тлей, включенных в рамки данного исследования, имели различную структуру (табл. 3).

Среди исследованных тлей фауны Беларуси были выявлены виды, у которых структура гена $EF1\alpha$ является типичной для тлей (*A. euphorbiae*, *T. tenera*, *D. platanoidis*, *P. juglandis*, *P. aceris*, *S. pineti*, *S. maydis*, *T. cortices*), а также виды, последовательность $EF1\alpha$ которых не содержит интронов и представлена одним протяженным экзоном, соответствующим экзону 2 полноразмерного гена (*A. corni*, *C. compressa*, *G. jacutensis*, *H. pruni*, *L. trirhodus*, *M. antennata*, *U. hypochoeridis*). *Такое* существенное различие в структуре гена может значительно осложнять использование $EF1\alpha$ в качестве молекулярного маркера при работе с тлями. В частности, использование одной и той же пары праймеров может прироводить к получению чрезвычайно разнородных в функциональном отношении участков гена, что в итоге приведет к потере значительной потере

информации доступной для анализа. Этот факт стал одной из причин для рекомендации использования не EF1a, а баркод-региона для построения ПЦР-ПДРФ ключей и идентификации видов у тлей.

Таблица 3 – Интрон-экзонной структура анализируемого участка гена ΕF1α у

некоторых видов тлей фауны Беларуси

Интрон-экзонная структура участка гена І						1α
Вид тлей	Дли- на фраг- мента	Экзон 2	Интрон 2	Экзон 3	Интрон 3	Экзон 4
A. corni	471	с 1 по 471	-	-	-	-
C. compressa	499	с 1 по 499	_	_	_	-
G. jacutensis	766	с 1 по 766	_	_	_	-
H. pruni	831	с 1 по 831	_	_	_	_
L. trirhodus	786	с 1 по 786	-	-	-	-
M. antennata	778	с 1 по 778	-	-	-	-
U. hypochoeridis	778	с 1 по 778	-	-	-	-
A. euphorbiae	569	с 1 по 233	с 234 по 300	с 301 по 569	_	_
T. tenera	506	с 1 по 179	с 180 по 249	с 250 по 506	-	-
D. platanoidis	736	с 1 по 248	с 249 по 313	с 314 по 570	с 571 по 635	с 636 по 736
P. juglandis	910	с 1 по 246	с 247 по 312	с 313 по 571	с 572 по 631	с 632 по 910
P. aceris	872	с 1 по 237	с 238 по 305	с 306 по 566	с 567 по 671	с 672 по 872
S. pineti	779	с 1 по 237	с 238 по 305	с 306 по 561	с 562 по 630	с 631 по 779
S. maydis	789	с 1 по 237	с 238 по 315	с 316 по 574	с 575 по 679	с 680 по 789
T. corticis	918	с 1 по 242	с 243 по 314	с 315 по 573	с 574 по 634	с 635 по 918

Такого рода ключи были разработаны в рамках настоящего исследования для идентификации тлей рода *Dysaphis*, повреждающих яблони, в частности, *D. plantaginea*, *D. radicola* и *D. anthrisci*.

На основе анализа всех доступных нуклеотидных последовательностей гена COI рассчитали число гаплотипов для каждого вида тлей рода *Dysaphis* в отдельности. В доступных последовательностях (32 последовательностей) у *D. plantaginea* было выявлено 5 гаплотипов COI со средним значением дивергенции гаплотипов 0,325, а у *D. radicola* — 3 гаплотипа со средним значением дивергенции гаплотипов 0,556. С учетом всех выявленных гаплотипов провели сравнительный анализ рестрикционных карт, построенных отдельно для каждого вида тлей. В результате сравнительного анализа рестрикционных карт

анализируемых видов тлей, нами отобраны ферменты рестрикции для *D. plantaginea* (1 фермент) и для *D. radicola* (3 фермента), которые имели сайт узнавания в последовательности только одного из анализируемых видов тлей. Кроме того, выявлен один фермент рестрикции для *D. plantaginea* и *D. radicola*, который имел сайт узнавания в последовательностях этих видов тлей и не имел сайтов узнавания в последовательностях *D. anthrisci*.

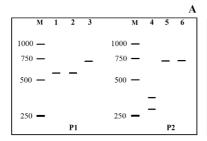
На основе полученных результатов созданы ПЦР-ПДРФ ключи, позволяющие проводить корректную диагностику рассматриваемых видов тлей рода Dysaphis (табл. 4).

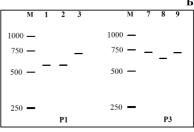
Таблица 4 — ПЦР-ПДРФ ключи, позволяющие проводить корректную диагностику видов тлей рода *Dysaphis*, созданные на основе анализа нуклеотидных последовательностей фрагмента гена COI

Сайт узнавания Фермента	Подвид	Длины образующихся фрагментов	
	AlwI		
	D. plantaginea	64+643	
GGATCNNNN^	D. radicola	64+643	
	D. anthrisci	_	
	AciI		
	D. plantaginea	292+415	
C^CGC	D. radicola	_	
	D. anthrisci	_	
	MnlI		
	D. plantaginea	_	
CCTCNNNNNN^	D. radicola	626+81	
	D. anthrisci	_	
	TaiI		
	D. plantaginea	_	
ACGT^	D. radicola	140+567	
	D. anthrisci	_	
	TspGWI		
	D. plantaginea - NNNNNNNNNN^ D. radicola 335+372	_	
ACGGANNNNNNNNNN^		335+372	
	D. anthrisci	_	

Примечания: 1) «-» – сайт узнавания данной эндонуклеазы в последовательности отсутствует; 2) $^{\wedge}$ – точка разрезания молекулы ДНК

Для оценки применимости подхода в реальных исследованиях мы провели визуализацию предполагаемых результатов рестрикции и электрофоретического разделения получаемых фрагментов методом *in silico* (рис. 1). Так, например, при совместном использовании эндонуклеаз AlwI и AciI, а также AlwI и MnII можно дифференцировать тлей *D. plantaginea* / *D. radicola* / *D. anthrisci*.





M – маркер молекулярного веса; 1, 4, 7 – D. plantaginea; 2, 5, 8 – D. radicola; 3, 6, 9 – D. anthrisci; A) P1 – рестриктаза AlwI; P2 – рестриктаза AciI; Б) P1 – рестриктаза AlwI; P3 – рестриктаза MnII

Рисунок 1 — Компьютерное моделирование электрофоретического разделения фрагментов, получаемых в результате ПЦР-ПДРФ анализа тлей рода *Dysaphis* Börn.

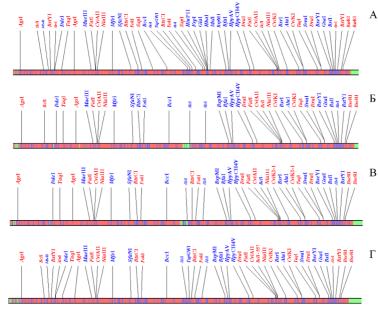
На основе имеющихся в доступе нуклеотидных последовательностей баркодинг-региона (401 последовательность) мы также разработали ПЦР-ПДРФ ключи для идентификации подвидов тлей вида *А. fabae*. Для этого рассчитали число гаплотипов СОІ для данного вида тлей (в частности, выявлено 20 гаплотипов со средним значением дивергенции между ними 0,596). С учетом всех выявленных гаплотипов провели сравнительный анализ рестрикционных карт, построенных отдельно для тлей *А. fabae fabae*, *A. fabae mordvilkoi*, *A. fabae solanella* и *A. fabae cirsiiacanthoidis* (рис. 2).

Всего выявлено две эндонуклеазы, которые можно использовать для диагностики некоторых подвидов *A. fabae*.

В частности, рестриктаза HinP1I имеет сайт узнавания только в последовательности COI A. fabae fabae, а ParI — в последовательностях COI подвидов A. fabae fabae, A. fabae cirsiiacanthoidis и A. fabae mordvilkoi, что позволило нам разработать ПЦР-ПДРФ ключи для идентификации подвидов тлей A. fabae fabae и A. fabae solanella, образующих смешанные колонии на бересклете европейском (E. europaeus) (табл. 5).

Для подвидов A. fabae провели компьютерное моделирование электрофоретического разделения фрагментов ПДРФ методом in silico. Например, при совместном использовании эндонуклеаз HinP1I и ParI (рис. 3) можно идентифицировать подвиды A. fabae fabae, A. fabae cirsiiacanthoidis и A. fabae solanella или подвиды A. fabae fabae, A. fabae mordvilkoi и A. fabae solanella. Оказалось, что подвиды тлей A. fabae cirsiiacanthoidis и A. fabae mordvilkoi невозможно идентифицировать методом ПЦР-ПДРФ анализа.

Аналогичным образом мы разработали ПЦР-ПДРФ ключи для диагностики трудно дифференцируемых на первичном кормовом растении подвидов тлей вида $M.\ cerasi.$



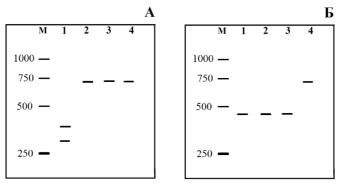
A) A. fabae fabae; δ) A. fabae mordvilkoi; B) A. fabae solanella; Γ) A. fabae cirsiiacanthoidis

Рисунок 2 — Рестрикционные карты, построенные на основе анализа нуклеотидных последовательностей баркодинг-региона, содержащие информацию о наличии сайтов узнавания для всех ферментов рестрикции, подвидов тлей *Aphis fabae*

Таблица 5 — ПЦР-ПДРФ ключи, позволяющие проводить корректную диагностику подвидов тлей вида *Aphis fabae*, созданные на основе анализа нуклеотидных последовательностей фрагмента гена COI

Сайт узнавания Фермента	Подвид	Длины образующихся фрагментов
	HinP1I	
	A. fabae fabae	313 + 395
G^ANTC	A. fabae cirsiiacanthoidis	_
GANIC	A. fabae mordvilkoi	_
	A. fabae solanella	_
Bc1I		
	A. fabae fabae	55 + 653
T^GATCA	A. fabae cirsiiacanthoidis	55 + 653
I GAICA	A. fabae mordvilkoi	55 + 653
	A. fabae solanella	_

Примечание – 1) «—» – сайт узнавания данной эндонуклеазы в последовательности отсутствует; 2) $^{\wedge}$ – точка разрезания молекулы ДНК

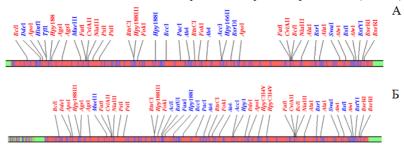


A) рестриктаза HinP1I; Б) рестриктаза ParI; М – маркер молекулярного веса; 1 – A. fabae fabae; 2 – A. fabae cirsiiacanthoidis; 3 – A. fabae mordvilkoi; 4 – A. fabae solanella

Рисунок 3 — Компьютерное моделирование электрофоретического разделения фрагментов, получаемых в результате ПЦР-ПДРФ анализа подвидов тлей вида *Aphis fabae*

В последовательностях гена COI M. cerasi (97 последовательностей) отмечено 7 гаплотипов со средним значением дивергенции между ними 0,675. С учетом всех выявленных гаплотипов провели сравнительный анализ рестрикционных карт, построенных в отдельности для M. cerasi cerasi и M. cerasi pruniavium (puc. 4).

Всего было выявлено 5 эндонуклеаз, позволяющих идентифицировать подвиды *М. cerasi*. В частности, две среди этих эндонуклеаз (Hinfl, TfiI) имели сайт узнавания только в последовательности *М. cerasi cerasi*, остальные (AciI, BstU, FauI) — только в последовательности *М. cerasi pruniavium*, что позволило нам предложить ПЦР-ПДРФ ключи для диагностики подвидов *М. cerasi* на первичных кормовых растениях (табл. 6).



A) M. cerasi cerasi; B) M. cerasi pruniavium

Рисунок 4 — Рестрикционные карты, построенные на основе анализа нуклеотидных последовательностей баркодинг-региона подвидов тлей *Myzus cerasi*, содержащие информацию о наличии сайтов узнавания для всех ферментов

Таблица 6 — ПЦР-ПДРФ ключи, позволяющие проводить корректную диагностику подвидов тлей вида *Мухиѕ сегаѕі*, созданные на основе анализа нуклеотидных последовательностей фрагмента гена COI

Сайт узнавания фермента	Подвид	Длины образующихся фрагментов
	HinfI	
G^ANTC	M. cerasi cerasi	85 + 623
GANIC	M. cerasi pruniavium	_
	TfiI	
G^AWTC	M. cerasi cerasi	85 + 623
G'AWIC _	M. cerasi pruniavium	-
	AciI	
CACCC	M. cerasi cerasi	_
C^CGC	M. cerasi pruniavium	262 + 446
	BstUI	
CG^CG	M. cerasi cerasi	_
CG CG	M. cerasi pruniavium	262 + 446
	FauI	
CCCGCNNNN^	M. cerasi cerasi	_
CCCGCINININ	M. cerasi pruniavium	262 + 446

Примечания: 1) «-» – сайт узнавания данной эндонуклеазы в последовательности отсутствует; 2) $^-$ – точка разрезания молекулы ДНК

Для подвидов M. $cerasi\ cerasi\ u\ M$. $cerasi\ pruniavium\$ также провели визуализацию предполагаемых результатов рестрикции и электрофоретического разделения фрагментов методом $in\ silico$. Так, например, при совместном использовании некоторых эндонуклеаз, например, таких как AciI и TfiI (рис. 5) можно идентифицировать подвиды M. $cerasi\ pruniavium\ u\ M$. $cerasi\ cerasi$.

M 1 2	2 M
1000— 750—	—1000 —750
500— _	- 500
250 — P1	— 250

M	3	4	M
1000 — 750 —			—1000 —750
500 —		_	- 500
250 —			- 250
	P	2	

M – маркер молекулярного веса; 1, 3 – M. cerasi pruniavium; 2, 4 – M. cerasi cerasi; P1 – рестриктаза Acil; P2 – рестриктаза TfiI

Рисунок 5 — Компьютерное моделирование электрофоретического разделения фрагментов, получаемых в результате ПЦР-ПДРФ анализа тлей *Myzus cerasi pruniavium и Myzus cerasi cerasi*

Заключение. Таким образом, в рамках настоящего исследования расшифрованы и депонированы в GenBank нуклеотидные последовательности генов СОІ и ЕF1α для 18 видов тлей рецентной фауны Беларуси. Для 15 видов тлей нуклеотидные последовательности получены впервые, в частности, для тлей *C. compressa* — гена СОІ, а для тлей *A. corni*, *A. euphorbiae*, *C. compressa*, *D. platanoidis*, *G. jacutensis*, *L. trirhodus*, *M. antennata*, *P. aceris*, *S. pineti*, *T. tenera*, *T. corticis* и *U. hypochoeridis* — гена EF1α.

На основе нуклеотидных последовательностей гена COI разработаны ПЦР-ПДРФ ключи, которые позволяют проводить корректную диагностику трудно дифференцируемых по морфологическим признаком видов тлей рода Dysaphis (D. plantaginea / D. anthrisci / <math>D. radicola), а также подвидов M. cerasi и некоторых подвидов A. fabae.

Исследования выполнены при финансовой поддержке Белорусского республиканского фонда фундаментальных исследований (договоры № Б17MC-025 и № Б17-081).

Авторы выражают огромную признательность доктору биологических наук, профессору, заведующему кафедрой зоологии С.В. Буге за предоставление биологического материала.

Список литературы

- 1. Aphids on the World's Plants: An online identification and information guide [Electronic resource] / Ed. R. Blackman. London: Natural History Museum, 2012. Mode of access: http://www.aphidsonworldsplants.info. Date of access: 18.03.2018.
- 2. DNA barcoding to improve the species-level management of wireworms (Coleoptera : Elateridae) / F.E. Etzler [et al.] // J. Economical Entomology. 2014. Vol. 107, №4. P. 1476–1485.
- 3. Biological indentifications through DNA barcodes / P.D.N. Hebert [et al.] // Proc. R. Soc. Lond. B. -2003. Vol. 270, Iss. 1512. P. 313–321.
- 4. Barcoding of life: Беларусь участник глобальной инициативы по ДНК-штрихкодированию / Н.В. Воронова [и др.] // Труды БГУ. 2014. Т. 9, ч.1. С. 167—171.
- BOLD Systems v4 [Электронный ресурс] / BOLD Systems v4. Ontario, 2017. Режим доступа: http://www.barcodinglife.org/index.php/TaxBrowser_Home. Дата доступа: 15.03.2018.
- 6. Воронова, Н.В. Разработка ПЦР-ПДРФ таблиц на основе последовательности гена *EF1a* для идентификации видов тлей вредителей сельскохозяйственных растений / Н.В. Воронова, В.И. Головенчик // Молекулярная и прикладная генетика: сб. науч. тр. / Институт генетики и цитологии НАН Беларуси; редкол.: А.В. Кильчевский (гл. ред.) [и др.]. Минск: Институт генетики и цитологии НАН Беларуси, 2015. Т.19. С. 100–109.
- 7. Воронова, Н.В. Таксономический статус и молекулярно-видовая диагностика трудно дифференцируемых форм тлей фауны Беларуси (Rhynchota; Homoptera; Aphididae): автореф. дис. ...канд. биол. биол. наук: 03.01.07; 03. 02.05 / Н.В. Воронова; ГНУ «Институт генетики и цитологии НАН Беларуси». Минск, 2012. 22 с.
 - 8. Буга, С.В. Дендрофильные тли Беларуси / С.В. Буга. Минск: БГУ, 2001. 98 с.
- 9. Buga, S. Aphids as pests of fruit- and berry-producing plants in Byelorussia / S. Buga, A.V. Stekolshchikov // Redia. 2009. Vol.92. P. 239–242.

- 10. Плодовые культуры / Н.Е. Колтун [и др.] // Интегрированные системы защиты сельскохозяйственных культур от вредителей, болезней и сорняков. Минск, 2005. С. 371–417.
- 11. Evaluation of resistance in seven apple cultivars to rosy apple aphid, *Dysaphis plantaginea* (Hemiptera: Aphididae) under greenhouse and field conditions / J. Razmjou [et al.] // J. Crop Prot. 2014. Vol.3(2). P. 173–180.
- 12. Lubiarz, M. The process of aphid egg-laying and the little known role of the Coccinellidae in aphid egg destruction in Poland preliminary results / M. Lubiarz, E. Cichocka// Journal of Plant Protection Research. 2014. Vol. 54(3). P. 242–249.
- 13. Rakauskas, R. Orchard aphids (Hemiptera: Sternorrhyncha, Aphidoidea) of Lithuania: a century of research / R. Rakauskas // Polish Journal of Entomology. 2015. Vol. 84. P. 311–323.
- 14. Постановление Министерства сельского хозяйства и продовольствия Республики Беларусь № 29 от 17.10.2016 г. внесены в «Перечень особо опасных вредителей, болезней растений и сорняков» [Электронный ресурс] / Министерства сельского хозяйства и продовольствия Республики Беларусь. Минск, 2016. Режим доступа: http://www.ggiskzr.by/doc/.../osobo_opasnye_vred_17_10_16.doc/. Дата доступа: 17.03.2018.
- 15. Thieme, T. Mate recognition in the *Aphis fabae* complex: daily rhythm of release and specificity of sex pheromones / T. Thieme, A.F.G. Dixon // Entomologia Experimentalis et Applicata. 1996. Vol. 79, Iss.1. P. 85–89.
- 16. Raymond, B. On the processes shaping reproductive isolation in aphids of the *Aphis fabae* (Scop.) complex (Aphididae: Homoptera) / B. Raymond, J.B. Searle, A.E. Douglas // Biological Journal of the Linnean Society. 2001. Vol.74. P. 205–215.
- 17. Mitochondrial COI and morphological evidence for host specificity of the black cherry aphids Myzus cerasi (Fabricius, 1775) collected from different cherry tree species in Europe (Hemiptera, Aphididae) / R. Rakauskas [et al.] // Zookeys. 2014. Vol.388. P. 1–16.
- 18. Буга, С.В. Тли (Homoptera: Aphidinea) вредители традиционных плодовых культур в условиях Беларуси: современное состояние и тенденции изменения состава и вредоносности / С.В. Буга, Н.В. Воронова, Ф.В. Сауткина // Плодоводство и ягодоводство России. -2013. -№ 36(1). C. 64-69.

M.M. Varabyova, N.V. Voronova

Belorussian State University, Minsk, Belarus

IDENTIFICATION OF APHID SPECIES FROM BELARUS USING DNA-BARCODING AND ANOTHER DNA-BARCODING BASED DIAGNOSTIC METHOD

Annotation/ The nucleotide sequences of the mitochondrial cytochrome c oxidase I gene (COI) of aphid species of recent Belarusian fauna were sequenced. PCR-RFLP keys were created using the barcode region COI avoiding the DNA sequencing stage. The PCR-RFLP keys were designed for aphids of the genus *Dysaphis* Börn. and subspecies of the species *Aphis fabae* Scop. and *Myzus cerasi* F. which are pests of fruit, berries and other cultivated crops.

Key words: aphids, species identification, DNA-barcoding, PCR-RFLP keys, restriction map.

СОДЕРЖАНИЕ

Гербология *И.В.* Эффективности

<i>Будревич А.П., Богомолова И.В.</i> Эффективность гербицида Клорит, ВР против осота желтого в посевах ярового рапса11
Гвоздов А.П., Булавин Л.А., Пынтиков С.А., Кранцевич В.Д., Белановская $M.A.$, Ханкевич В.А., Синицкий В.П. Влияние сроков внесения гербицидов на засоренность посевов и урожайность кукурузы
Колесник С.А., Сташкевич А.В., Сорока Л.И., Сташкевич Н.С. Засоренность и защита посевов кукурузы при возделывании в монокультуре и севообороте
Пашкова И.Н. Баковые смеси гербицидов в посевах капусты белокочанной, возделываемой по безрассадной технологии
Середа Г.М. Комбинированные гербициды почвенного действия в посад-ках картофеля
Сташкевич А.В., Колесник С.А., Сорока С.В., Сташкевич Н.С. Динамика засоренности посевов кукурузы в Беларуси перед уборкой44
Якимович Е.А. Видовое разнообразие сорной растительности в посевах лекарственных растений
Якимович Е.А. Влияние сроков проведения ручной и химической прополки на качественные показатели сырья лекарственных растений
Фитопатология
Вабищевич В.В. Динамика развития аскохитоза и оценка эффективности фунгицидов для контроля болезни в посадках огурца защищенного грунта74
Жуковский А.Г., Крупенько Н.А., Буга С.Ф., Поплавская Н.Г., Жуковская А.А., Радивон В.А., Халаев А.Н., Жук Е.И., Радына А.А., Лешкевич В.Г., Бурнос Н.А, Крыжановская И.Н. Корневая гниль зерновых культур и роль инфицированности семян в ее развитии
Жуковский А.Г., Крупенько Н.А., Лешкевич В.Г., Бурнос Н.А., Жуковская А.А. Распространенность и развитие снежной плесени в посевах озимых зерновых культур в Беларуси96
Комардина В.С., Васеха Е.В., Полексенова В.Д., Рубаник И.В. Оценка чув- ствительности гриба Alternaria sp., возбудителя альтернариоза яблони к фунгицидам
Крупенько Н.А. Влияние гидротермических условий на развитие септори-
оза листьев озимой пшеницы

го тритикале	
$Paduson\ B.A.,\ Жуковский\ A.\Gamma.$ Эффективность фунгицидов в защите ярового тритикале от болезней	.141
Свидунович Н.Л. Видовой состав грибов, паразитирующих на початках кукурузы в условиях Республики Беларусь	.151
<i>Халаева В.И.</i> Влияние некорневых подкормок микроудобрением Кристалон в системе защиты картофеля от болезней	.158
Ходенкова А.М. Культурально-морфологические особенности развития грибов рода <i>Alternaria</i> — возбудителей альтернариоза подсолнечника масличного	
Юзефович Е.К., Войтка Д.В. Контроль бактериальной инфекции тепличных культур экологически безопасными препаратами	.171
Энтомология	
Бейтнок С.Н. Прогноз заселённости посевов озимого рапса личинками капустного стручкового комарика в условиях западного региона Беларуси	. 180
<i>Бречко Е.В., Жукова М.И.</i> Тактика применения защитных мероприятий от вредных организмов в агроценозах картофеля при разном целевом использовании	.191
<i>Быковская А.В., Самонов А.С.</i> Влияние гидротермических условий на ареал стеблевого кукурузного мотылька (<i>Ostrinia nubilalis</i> Hbn.) В Беларуси	.201
Воробьева М.М., Воронова Н.В. Идентификация ряда видов тлей фауны Беларуси с использованием ДНК-штрихкодирования и дочерних методов ДНК-диагностики	
Γ аджиева Γ .И. Регулирующая роль инсектицидов в ограничении численности и вредоносности свекловичной листовой тли	
Медведь Я.А., Федоренко В.П. Особенности фенологии кокцинеллид в условиях лабораторной среды	.231
Мелюхина Г.В. Динамика численности злаковых цикадок (Homoptera, Auhenorrhyncha) в зависимости от срока посева и нормы высева пшеницы озимой на протяжении всей вегетации в условиях лесостепи Украины	
Сауткин Ф.В., Буга С.В. Структура комплекса вредителей бирючины в зелёных насаждениях Беларуси	.249
Трепашко Л.И. Бойко С.В. Защита тритикале озимого от доминантных видов насекомых с учетом комплексных экономических порогов вредоносности	

Трепашко Л.И., Козич И.А., Василевская Л.П. Экономическое обоснова-
ние применения препаратов разного направленного действия для защиты
ячменя ярового от вредителей
Общие вопросы защиты растений
<i>Бречко Е.В., Халаева В.И., Жукова М.И.</i> Тактические приемы защиты картофеля по предупреждению резистентности колорадского жука и фитофтороза к пестицидам
Василенко Р.Н., Заець С.А. Эффективность защиты сорго от болезней и вредителей на орошаемых и неполивных землях юга Украины300
Войтка Д.В., Янковская Е.Н., Радевич С.Ю., Гарко Л.С., Федорович М.В. Совместимость химических и биологических средств защиты растений с энтомоакарифагом Neoseiulus barkeri Hughes306
Волчкевич И.Г., Попов Ф.А. Эффективность приемов защиты посадок чеснока озимого от вредных организмов
Волчкевич И.Г., Попов Ф.А., Пашкова И.Н. Формирование ассортимента средств защиты растений на посевах моркови столовой
Кислушко П.М. Определение остаточных количеств ацетамиприда в растительном материале, почве и воде методом газожидкостной хроматографии
Кислушко П.М., Быковский А.В., Кивачицкая М.М., Арашкович С.А., Под- дубная А.О. Остаточные количества пестицидов различных химических классов в растительной продукции
Клечковский Ю. Э., Нямцу Е.Ф. Основные методологические аспекты процесса фумигации
Ходенкова А.М., Белова Е.С. Фитосанитарное состояние посевов подсолнечника масличного в Республике Беларусь
Авторский указатель

CONTENTS

Herbology

Budrevich A.P., Bogomolova I.V. Efficiency of the herbicide clorite, as against sonchus arvensis in spring rape crops
Gvozdov A.P., Bulavin L.A., Pyntikov S.A., Krantsevich V.D., Belanovskaya M.A., Khankevich V.A., Sinitsky V.P. Effect of herbicides and terms of their application on crop weediness and yield of maize
Kolesnik S.A., Stashkevich A.V., Soroka L.I., Stashkevich N.S. Weed infestation and corn crops protection by cultivation in monoculture and rotation23
Pashkova I.N. Tank mixtures of herbicides in crops of cabbage cabbage, cultivated on nonseedlings technologies
Sereda G.M. Combined soil herbicides in potato plantings
Stashkevich A.V., Kolesnik S.A., Soroka S.V., Stashkevich N.S. Dynamics of corn crops weed infestation in Belarus before harvest
Yakimovich E.A. Specific diversity of weed vergetation in medical plant crops50
Yakimovich E.A. Influence of hand weeding periods and herbicides on medicinal plants raw material quality
Phytopathology
Vabishchevich V.V. Dynamics of ascochyta leaf spot and evaluation of fungicides efficiency for the disease control in the protected ground cucumber plantings
Zhukovsky A.G., Krupenko N.A., Buga S.F., Poplavskaya N.G., Zhukovska-ya A.A., Radivon V.A., Khalaev A.N., Zhuk E.I.,Radyna A.A., Leshkevich V.G.,Burnos N.A., Kryzhanovskaya I.N. Root rot of grain crops and seed affection role in its severity
Zhukovsky A.G., Krupenko N.A., Leshkevich V.G., Burnos N.A., Zhukovskaya A.A. Incidence and severity of snow mold in winter grain crops in Belarus96
Komardina V.S., Vasekha E.V., Polexonova V.D., Rubanik I.V. Evaluation of fungus alternariasp., an agent of apple alternaria blight to fungicides103
Krupenko N.A. Influence of hydrothermal conditions on septoria leaf spot severity in winter wheat
Liashkevich N.V. The pathogenic complex of fungi parasitizing on winter rape .116
Radivon V.A. Specific composition of fungi-agents of spring triticale root rot135
Radivon V.A., Zhukovsky A.G. fungicides efficacy for spring triticale protection against diseases
Svidunovich N.L. Specific composition of fungi parasiting on corn cobs under conditions of the republic of Belarus151

Khalaeva V.I. Influence of outside root micro fertilizer Crystalon application in
the system of potato protection against the diseases
Hodenkova A.M. Cultural and mofological biological peculiarities of the genus Alternaria fungus (sunflower alternaria causative agents) development
Yuzefovich A.K., Voitka D.V. Control of greenhouse crops bacterial infection with environmentally safe preparations
Entomology
Beitsiuk S.N. Winter rape crops colonization by brassica pod gall midge under western region of Belarus conditions
Brechko E.V., Zhukova M.I. Tactics of protective measures application against harmful organisms in potato agrocoenoses under different target use191
Bykovskaya A.V., Samonov A.S. Influence of hydothermal conditions on the european corn borer (ostrinianubilalishbn.) Area in Belarus201
Varabyova M.M., Voronova N.V. Identification of aphid species from Belarus using dna-barcoding and another dna-barcoding based diagnostic method209
Hajyieva H.I. Regulating role of insecticides in the decrease of beet aphid number and harmfulness
Medved Ya. A., Fedorenko V.P. Special features of the coccinellids phenology in the laboratory environment
Meliukhina G.V. Dynamics of cereal leafhoppers number (Homoptera, Auhenorrhyncha) depending on sowing time and winter wheat seeding rate during the whole vegetation in the conditions of the forest-steppe of Ukraine238
Sautkin F.V., Buga S.V. Structure of the complex of phytophagous insects – pests of privets under the condition of green stands in Belarus249
Trepashko L.I., Boyko S.V. Winter triticale protection against dominant insect species considering complex economic thresholds of harmfulness
Trepashko L.I., Kozich I.A., Vasilevskaya L.P. Economic substantiation of different directed action products use for the spring barley protection against
pests
General issues of plant protection
Brechko E.V., Khalaeva V.I., Zhukova M.I. Tactical techniques of potato protection against colorado potato beetle and late blight resistance to pesticides287
Vasilenko R.N., Zaets S.A. Efficiency of sorghum protection against diseases and pests on irrigated and non-irrigated soils of southern Ukraine300
Voitka D.V., Yankovskaya E.N., Radevich S.Yu., Garko L.S., Fedorovich M.V. Compatibility of chemical and biological plant protection products with the entomoacariphage Neoseiulus barkeri Hughes
Volchkevich I.G., Popov F.A. Efficiency of winter garlic protection techniques against noxious organisms

products assortment on table carrot crops327
Kislushko P.M. Acetamipride residues determination in the vegetative material, soil and water by gas liquid chromatography
Kislushko P.M., Bykovsky A.V., Kivachitskaya M.M., Arashkevich S.A., Pod- dubnaya A.O. Residues of different chemical class pesticides in agricultural plants
Kletchkovsky J.E., Nyamczu E.F. Main methodological aspects of fumigation process
Hodenkova A.M., Belova E.S. Phytosanitary state of sowings of sunflower oil in the republic of Belarus
Authors index 371