

**ДНК-ИНДЕНТИФИКАЦИЯ – СПОСОБ КОНТРОЛЯ РАСПРОСТРАНЕНИЯ И
УПРАВЛЕНИЯ ЧИСЛЕННОСТЬЮ ФИТОФАГОВ***А.Л. Бузюк, 4 курс**Научный руководитель – М.М. Воробьёва, к.б.н., доцент
Полесский государственный университет*

Корректная идентификация таксономической принадлежности – один из важнейших аспектов изучения биологического разнообразия, а также способ управления численностью популяций и контроля распространения фитофагов, представляющих угрозу в качестве вредителей возделываемых культур и переносчиков заболеваний растений. Эффективным методом для установления видовой принадлежности является ДНК-штрих кодирование (ДНК-баркодинг). Цель данного метода заключается в использовании крупномасштабного скрининга одного или нескольких эталонных генов, чтобы отнести неизвестные особи к уже исследованным видам или же способствовать открытию новых [1]. Поскольку митохондриальные гены, в частности ген субъединицы 1 цитохромоксидазы *c* (*COI*), обладают высокой консервативностью, эффективно используются при ДНК-штрих кодировании для корректной видовой идентификации животных, в частности тлей.

В рамках настоящего исследования мы оценили представленность нуклеотидных последовательностей в Международной генетической базе данных – BOLD[2] – для видов мировой рецетной фауны настоящих тлей.

В результате нашей работы установлено, что в BOLD депонировано 25 918 нуклеотидных последовательностей гена *COI* для 823 видов настоящих тлей, принадлежащих к 135 родам. В подготовке и депонировании нуклеотидных последовательностей гена *COI* приняли участие 20 стран, в частности, Канада, США, Австралия, Пакистан, Германия, Китай, Южная Америка, Франция, Болгария, Новая Зеландия, Кения, Бангладеш, Норвегия, Израиль, Индия, Малайзия, Колумбия, Турция, Греция и Габон. Необходимо отметить, что в рамках программы «Биологическое разнообразие» Центр ДНК-штрих кодирования Института Биоразнообразия Онтарио при университете Гуэлфа (Канада) разместил в BOLD нуклеотидные последовательности гена *COI* некоторых видов тлей фауны Беларуси, полученные из биологического материала, предоставленного Белорусским государственным университетом.

Роды *Anthemidaphis*, *Aphidura*, *Asiphonaphis*, *Atarsos*, *Brachycolus*, *Brachycorynella*, *Cachryphora*, *Casimira*, *Cryptaphis*, *Ephedraphis*, *Eucarazzia*, *Eumyzus*, *Hydranaphis*, *Impatientinum*, *Indomegoura*, *Iowana*, *Ipuka*, *Linosiphon*, *Longicaudinus*, *Macchiatiella*, *Macromyzus*, *Mastopoda*, *Meguroleucon*, *Micromyzodium*, *Microparsus*, *Microsiphoniella*, *Microsiphum*, *Papulaphis*, *Shinjia*, *Siphonatrophia*, *Staegeriella*, *Staticobium*, *Swirskiaphis*, *Titanosiphoni* *Vesiculaphis* представлены единичными видами (от 1 до 3 видов), в то время как *Acyrtosiphon*, *Brachycaudus*, *Macrosiphum*, *Muzus*, *Sitobion* и *Uroleucon* – более 1000 видами. С географической точки зрения в BOLD хорошо представлены нуклеотидные последовательности, расшифрованные в Канаде (133501 нуклеотидная последовательность) и США (85878 нуклеотидных последовательности), плохо – в Восточной Европе. Учитывая крайне недостаточную представленность в Международных генетических базах данных нуклеотидных последовательностей для тлей, коллектированных в Восточной Европе и, в частности, Беларуси, возникает необходимость в получении ДНК-штрихкодов для тлей фауны Беларуси, которые могут быть использованы для идентификации видов, каталогизирования таксонов и определения границ видов, а также изучения внутривидового и межвидового генетического полиморфизма, построения филогенетических систем.

Список использованных источников

1. Biological identifications through DNA barcodes / P. Hebert // Public Library of Science Biology. – 2003. – P.313-321.
2. BOLD Systems v4 [Электронный ресурс] / BOLD Systems v4. – Ontario, 2017. – Режим доступа: http://www.barcodinglife.org/index.php/TaxBrowser_Home. – Дата доступа: 25.03.2021.