

УДК 595.752.2: 575.174.015.3

**ИДЕНТИФИКАЦИЯ ТЛЕЙ ИЗ ЧИСЛА ЧУЖЕРОДНЫХ ИНВАЗИВНЫХ  
ДЛЯ БЕЛАРУСИ ВИДОВ МЕТОДОМ ДНК-ШТРИХКОДИРОВАНИЕ**

**В.О. Оношко**, 4 курс

Научный руководитель – **М.М. Воробьева**, к.б.н., доцент

**Полесский государственный университет**

ДНК-штрихкодирование (ДНКбаркодинг) – точный метод широко используемый для диагностики труднодифференцируемых видов (подвидов) насекомых. Сущность данного метода основывается на том, что каждый вид идентифицируется по коротким стандартным фрагментам ДНК. На

сегодняшний день уже известно, что у насекомых в качестве ДНК-штрихкода используют последовательность гена субъединицы 1 цитохромоксидазы с (COI) [1, 2].

ДНК-штрихкодированием занимаются научные центры многих стран мира, Республика Беларусь не является исключением. Крупным мировым лидером в области ДНК-штрихкодирования живых организмов выступает Институт биоразнообразия в Онтарио (Канада) на базе которого создана и постоянно пополняется Глобальная база данных ДНК-штрихкодов живых организмов (BOLD). На сегодняшний день в BOLD представлена информация о нуклеотидных последовательностях для 233 310 видов насекомых, в частности для 2 105 видов тлей, принадлежащих к 21 подсемейству. Несмотря на то, что в Беларуси в рамках государственных программ осуществляется депонирование не нуклеотидных последовательностей в Международные генетические базы данных, нуклеотидные последовательности гена COI тлей фауны Беларуси представлены недостаточно [3].

Цель: оценить представленность в BOLD нуклеотидных последовательностей гена COI для тлей из числа чужеродных инвазивных для Беларуси видов, коллектировать образцы тлей на территории Беларуси и установить их видовую принадлежность.

На сегодняшний день в BOLD представлены сведения о нуклеотидных последовательностях гена COI для 9 видов тлей из числа чужеродных инвазивных (таблица).

Таблица – Оценка представленности в BOLD нуклеотидных последовательностей гена COI тлей

Вид	Количество последовательностей	Страна-коллектор
Тля алычевая ( <i>Brachycaudus divaricatae</i> )	156	Литва, Франция
Тля большая ореховая ( <i>Panaphis juglandis</i> )	16	Франция, Беларусь, Греция, США, Германия, Италия, Грузия
Тля большая яворовая ( <i>Drepanosiphum platanoidis</i> )	214	Канада, Грузия, Беларусь, Новая Зеландия, США
Тля буковая ( <i>Phyllaphis fagi</i> )	60	Канада, Германия, Новая Зеландия, Южная Корея, Китай, Франция
Тля верхушечная жимолостная ( <i>Hyadaphis tataricae</i> )	14	Канада, США, Южная Африка
Тля зеленая цитрусовая ( <i>Aphis spiraecola</i> )	833	Китай, Канада, Пакистан, Германия, Южная Африка, США, Австралия, Бангладеш, Тунис
Тля капустная ( <i>Brevicoryne brassicae</i> )	101	Индия, Пакистан, США, Германия, Франция, Новая Зеландия, Греция, Коста-Рика, Канада
Тля красногалловая смородинная ( <i>Cryptomyzus ribis</i> )	32	США, Канада, Турция, Германия, Южная Африка, Франция, Китай
Тля люцерновая ( <i>Aphis craccivora</i> )	755	Пакистан, Французская Полинезия, Китай, США, Канада, Болгария, Индия, Греция, Кения

Среди анализируемых видов наиболее хорошо с численной точки зрения в BOLD представлены нуклеотидные последовательности COI видов *Brachycaudus divaricatae*, *Drepanosiphum platanoidis*, *Aphis spiraecola*, *Brevicoryne brassicae*, *Aphis craccivora*, а с географической точки зрения – все анализируемые виды насекомых, кроме *Brachycaudus divaricatae* и *Pemphigus spyrothecae*.

В течение вегетационного сезона 2023 года по стандартным методикам с учетом специфики таксонов гемиптероидных насекомых осуществили сбор энтомологического материала. Образцы снабжали соответствующими этикетками с указанием следующей информации: дата, место, название растения-хозяина, латинские названия которых были указаны в соответствии с «Определителем высших растений Беларуси». Каждой пробе присваивался лабораторный шифр. Идентификацию таксономической принадлежности коллектированного материала осуществляли по соответствующим атласам-определителям и специализированным интернет-порталам. По морфологическим ключам установлена видовая принадлежность следующих образцов: № 22-1434 и 22-1450 – *B. divaricatae*, № 22-1434 и 22-1450 – *P. juglandis*, № 22-1470 и 22-1470-1 – *D. platanoidis*, № 22-1472 – *P. fagi*, № 22-1437, 22-1438, 22-1439 и 22-1440 – *A. pomi/A. spiraecola*, № 22-1431 – *C. ribis*,

№ 22-1464 – *A. craccivora*. В качестве подтверждения или опровержения установленной видовой принадлежности расшифрованы нуклеотидные последовательности COI для представленных выше видов тлей. Через средство поиск BLAST подтверждена их видовая принадлежность (процент сходства составляет от 99 до 100).

Таким образом, можно заключить, что в BOLD отсутствуют нуклеотидные последовательности для тлей *B. divaricatae*, *D. platanoidis*, *P. fagi*, *H. tataricae*, *A. spiraecola*, *B. brassicae*, *C. ribis* и *A. craccivora*. Расшифрованные нуклеотидные последовательности для тлей *B. divaricatae*, *D. platanoidis*, *A. spiraecola*, *B. brassicae* и *A. craccivora* находятся на стадии обработки и подготовки к депонированию в Международную базу данных нуклеотидных последовательностей.

### **Список использованных источников**

1. Species identification of aphids (Insecta: Hemiptera: Aphididae) through DNA barcodes / R.G. Footitt [et al.] // Molecular Ecology Resources. – 2008. – Vol. 8, iss. 6. – P. 1189–1201.
2. Evolutionary and genetic aspects of aphid biology: A review / D.F. Hales [et al.] // Eur. J. Entomol. – 1997. – Vol. 94, n. 1. – P. 474–487.
3. BOLD Systems v4/ BOLD Systems v4. – Ontario, 2017. [Электронный ресурс] – Режим доступа: [http://www.barcodinglife.org/index.php/TaxBrowser\\_Home](http://www.barcodinglife.org/index.php/TaxBrowser_Home). – Дата доступа: 05.04.2024.