

Оценка применимости участков митохондриальных генов COI и COII для молекулярно-генетической диагностики некоторых видов рода *Anastrepha* Schiner (Diptera: Tephritidae), представляющих фитосанитарный риск для России

Научный руководитель – Галинская Татьяна Владимировна

Арапова Мария Юрьевна

Аспирант

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Кафедра энтомологии, Москва, Россия

E-mail: maria.yurevna@bk.ru

Среди представителей семейства Tephritidae *Anastrepha* Schiner, 1868 - самый крупный род, включающий более 300 видов, распространенных в Северной и Южной Америке [4]. Несколько видов *Anastrepha* считаются вредителями, имеющими важное экономическое значение, в связи с огромной ролью культивируемых плодовых растений, которые они поражают (например, манго и цитрусовые), и большим разнообразием растений-хозяев. Разработка молекулярно-генетических методов идентификации экономически значимых вредителей важна из-за ограничений при использовании морфологических методов: недостаточно полно исследованной морфологии личинок (основной стадии развития мух-пестрокрылок, встречающейся в растительной продукции), а также невозможности определения морфологическими методами видовой принадлежности личинок 1-го и 2-го возрастов. Для молекулярно-генетического анализа было использовано 5 экземпляров *Anastrepha* из Перу: *A. fraterculus* (Wiedemann, 1830), *A. leptozona* Hendel, 1914, *A. manihoti* Lima, 1934, *A. montei* Lima, 1934 и *A. ornata* Aldrich, 1925.

Для построения деревьев были взяты полученные нами последовательности участков генов COI и COII для вышеуказанных видов, а также последовательности из базы данных GenBank NCBI [1]: 48 последовательностей участка гена COI и 26 - участка гена COII представителей рода *Anastrepha*, а в качестве внешней группы - последовательности аналогичных участков генов вида *Dacus ciliatus* Loew, 1862.

Для анализа таксономического статуса исследованных представителей рода *Anastrepha* использовали метод обнаружения хиатуса между внутри- и межвидовыми генетическими дистанциями («barcoding gap») [2], реализованный в программах ABGD и MEGA6 [3].

На основании обработанных данных по участкам двух митохондриальных генов для представителей рода *Anastrepha* можно заключить, что исследованные нами участки генов COI и COII позволяют дифференцировать некоторые виды рода (*A. grandis* (Macquart, 1846), *A. ludens* (Loew, 1873), *A. striata* Schiner, 1868, *A. leptozona*, *A. manihoti*, *A. montei* и *A. ornata*), за исключением видов внутри группы *fraterculus*. Последовательности участков генов COI и COII могут потенциально послужить основой для дальнейших разработок молекулярно-генетических методов идентификации.

Источники и литература

- 1) Benson D. A., Karsch-Mizrachi I., Lipman D. J., Ostell J., Wheeler D. L. GenBank // Nucleic Acids Research. 2005. No. 33. P. 34–38.
- 2) Puillandre N., Lambert A., Brouillet S., Achaz G. ABGD, automatic barcode gap discovery for primary species delimitation // Molecular Ecology. 2012. No. 21 (8). P. 1864–1877.

- 3) Tamura K., Stecher G., Peterson D., Filipski A., Kumar S. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0 // Molecular Biology and Evolution. 2013. No. 30. P. 2725–2729.
- 4) Norrbom A.L., Korytkowski C.A., Zucchi R.A., Uramoto K., Venable G.L., McCormick J., Dallwitz M.J. Anastrepha and Toxotrypana: Descriptions, illustrations, and interactive keys, 2019: <https://www.delta-intkey.com/anatox/index.htm>.