

Изучение и оценка применимости участков митохондриальных генов COI и COII для молекулярно-генетической диагностики некоторых видов рода *Rhagoletis* Loew (Diptera, Tephritidae), представляющих фитосанитарный риск для Российской Федерации

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

Западная вишневая муха *Rhagoletis indifferens* Curran, 1932 (Diptera, Tephritidae) - североамериканский вредитель черешни, вишни и некоторых других представителей рода *Prunus*.

Rh. indifferens морфологически очень сходен с видом *Rh. cingulata* (Loew, 1862), входящим в единый перечень карантинных объектов стран Евразийского экономического союза. Существует необходимость в разработке молекулярно-генетических методов диагностики, которые позволят достоверно отличать эти два вида между собой и от других видов.

Для построения деревьев были использованы референсные последовательности из базы данных GenBank NCBI [1]: 86 последовательностей участка гена COI представителей рода *Rhagoletis* и 7 последовательностей вида *Bactrocera dorsalis* (Hendel, 1912) в качестве данных внешней группы, а также 76 последовательностей участка гена COII представителей рода *Rhagoletis* и 11 последовательностей вида *B. dorsalis* в качестве внешней группы.

Матрица попарных генетических дистанций исследованных видов и частота попарных генетических дистанций были подсчитаны в программе MEGA6 [3]. Для анализа таксономического статуса исследованных представителей рода *Rhagoletis* использовали метод обнаружения хиатуса между внутри- и межвидовыми генетическими дистанциями («barcoding gap») [2], реализованный в программе ABGD. Дендрограммы построены с помощью программы MEGA6 методом ближайших соседей (NJ).

По полученным данным по участку гена COI в целом по выборке наблюдается хиатус - разрыв между внутри- и межвидовыми дистанциями. Однако виды *Rh. cingulata* и *Rh. indifferens* на дендрограмме попадают в кладу, соответствующую одному виду, то есть различить их с использованием последовательностей участка гена COI невозможно. Но на основании этой последовательности можно сузить идентификацию молекулярно-генетическими методами до этих двух видов, так как они хорошо разделяются с другими исследованными видами.

По графику распределения попарных генетических дистанций и дендрограмме для участка гена COII наблюдается более низкая изменчивость, чем по участку гена COI, и хиатус не наблюдается не только между видами *Rh. cingulata* и *Rh. indifferens*, но и в целом по выборке.

Таким образом, на основании последовательности участка гена COI можно отделить виды *Rh. indifferens* и *Rh. cingulata* от других исследованных в работе видов рода *Rhagoletis*. Последовательность участка гена COI может 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.

Иллюстрации

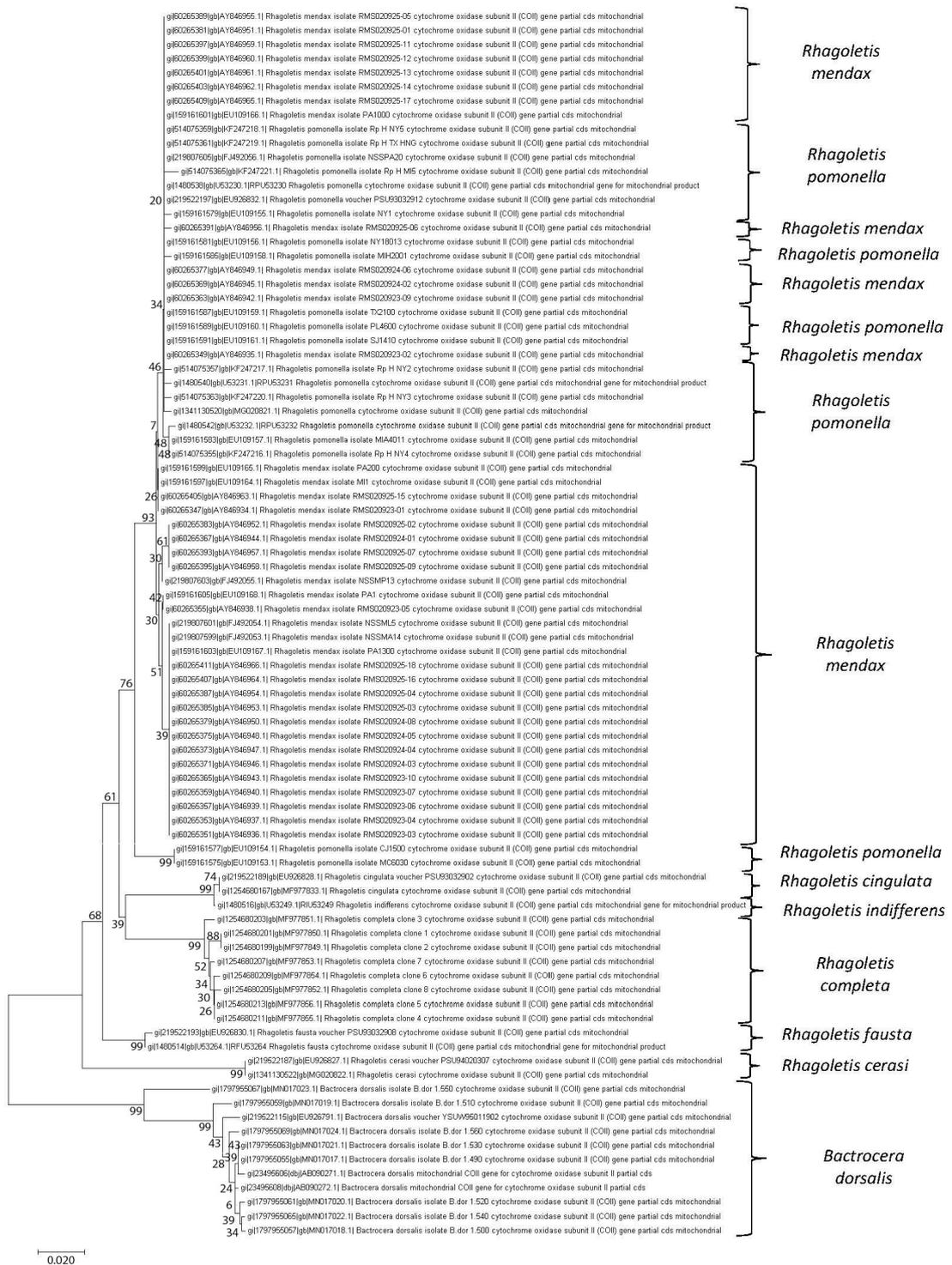


Рис. 2. Дендрограмма, построенная на основании референсных последовательностей участка гена COII методом ближайших соседей (NJ)

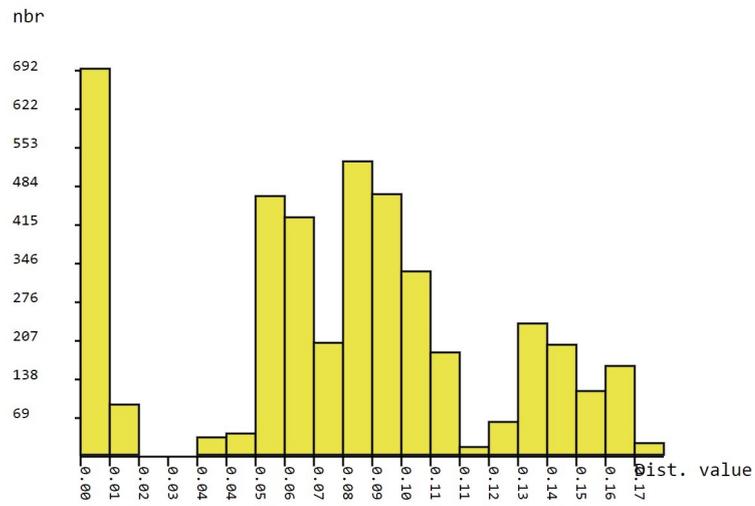


Рис. 3. График распределения попарных генетических дистанций. Участок гена COI.

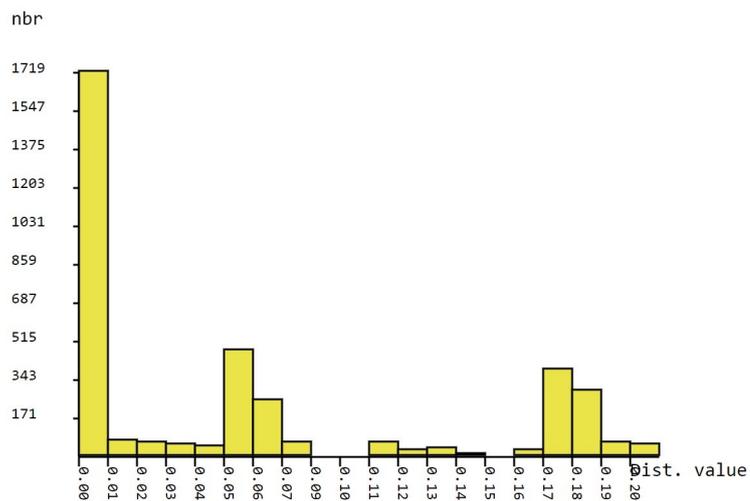


Рис. 4. График распределения попарных генетических дистанций. Участок гена COII.