

3. Правдин, И.Ф. Руководство по изучению рыб (преимущественно пресноводных) / И.Ф. Правдин. – М.: Пищевая промышленность, 1966. – 376 с.

4. Подушка, С.Б. О причинах вспышки численности серебряного карася / С.Б. Подушка // Научно-технический бюллетень лаборатории ихтиологии ИНЭКО. – 2004. – № 8. – С. 5–15.

УДК 575.174.015.3: 595.782

А.С. РОГИНСКИЙ, Ю.С. РОГИНСКАЯ

Минск, Белорусский государственный университет

Научный руководитель – С.В. Буга, д-р биол. наук, проф.

**АНАЛИЗ КЛАДОГРАММ НУКЛЕОТИДНЫХ
ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ ГЕНА COI КАШТАНОВОЙ
МИНИРУЮЩЕЙ МОЛИ (*CAMERARIA OHRIDELLA* DESCHKA &
DIMIĆ, 1986), НАХОДЯЩИХСЯ В ОТКРЫТОМ ДОСТУПЕ
В БАЗЕ ДАННЫХ BOLD SYSTEMS**

Введение. Каштановая минирующая моль, или охридский минер (*Cameraria ohridella* Deschka & Dimić в настоящее время является серьезным вредителем насаждений конского каштана обыкновенного (*Aesculus hippocastanum* L.) по всей Европе [1]. Данный вид является выходцем из Балканского полуострова, который описали в конце XX века энтомологи G. Deschka и N. Dimić по сборам 1984 г. из окрестностей озера Охрид в Северной Македонии [2]. Данный инвайдер характеризовался стремительным продвижением по вторичному ареалу *A. hippocastanum*, что, в свою очередь, стало возможным благодаря небольшим размерам бабочек, легко перемещаемых воздушными массами и транспортными средствами из очагов массового размножения на огромные расстояния [3]. Эта особенность делает перспективным изучение коридоров распространения инвазивных видов на территорию Беларуси.

Материалы и методы. С целью дифференциации генопопуляций каштановой минирующей моли и выявления возможных коридоров экспансии на территорию нашей страны, нами использованы нуклеотидные последовательности митохондриального гена COI *C. ohridella*, аккумулярованные в Международной генетической базе данных BOLD Systems [4]. Данная база содержит последовательности в закрытом (последовательности нельзя скачать и сравнить непосредственно) и открытом (последовательности можно скачивать и сравнивать с новополученными) доступе. Также, нами в 2018 г. были получены при частичной финансовой

поддержке БРФФИ (проект Б17МС-025) нуклеотидные последовательности для образцов *C. ohridella* из г. Бреста, г. Гродно и г. Бобруйска, что позволит получить некоторое представление о генопопуляциях данного инвайдера в Беларуси. Для редактирования и выравнивания последовательностей, а также построения кладограмм применяли свободно распространяемое программное обеспечение MEGA 10.0.

Результаты и их обсуждение. Выполнение соответствующих запросов позволило констатировать, что общее количество нуклеотидных последовательностей COI открытого и закрытого типа для каштановой минирующей моли составляло: всего образцов – 2079; образцы с последовательностями – 1989; образцы со штрихкодами – 1964; публичные записи открытого доступа – 694. Как видно на рисунке 1, в открытом доступе находится 33 % последовательностей для каштановой минирующей моли, тогда как в закрытом – 67 %. В свою очередь, это создает некоторые осложнения, поскольку невозможно выполнять сопоставительный анализ последовательностей с данными из многих регионов исследований. Это касается и территории Беларуси, для которой имеется 1268 последовательностей для *C. ochridella*, но отсутствует возможность сравнения с полученными нами нуклеотидными последовательностями ДНК.

Для построения кладограммы для каштановой минирующей моли использовались 602 последовательности, полученные из базы данных BOLD Systems (всего в открытом доступе 694 последовательности, 92 были исключены по состоянию непригодности для анализа и построения деревьев), а также 3 оригинальных (получены по результатам выделения нами ДНК).

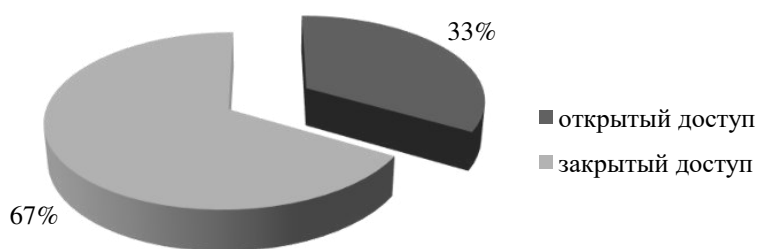


Рисунок 1 – Представленность нуклеотидных последовательностей COI каштановой минирующей моли (*Cameraria ohridella* Deschka & Dimič, 1986) в международной базе данных BOLD Systems с различными правами доступа

Для удобства представления данных и последующего выделения генопопуляций фитофагов из общих деревьев, составлялась схема, как представлено на рисунке 2, изменчивости нуклеотидных последовательностей. Для исключения повторяемости нуклеотидных

последовательностей в кладе записывали только страну, для которой характерна данная нуклеотидная последовательность, при этом длина генетических дистанций не сохранялась.

Рассматривая полученную для каштановой минирующей моли схему, представленную на рисунке 2, можно выделить 3 условные генопопуляции: первая (последовательности из Северной Македонии, Греции и Албании), возможно, является «пропопуляцией» двух других; вторая (последовательности из Северной Македонии, Франции, Венгрии, Хорватии, Испании, Румынии, Албании, Чехии), вероятнее всего, формировалось в результате завоза из первичной генопопуляции; третья (последовательности из Италии, Нидерландов, Бельгии, Греции, Северной Македонии, Австрии, Финляндии, Франции, Германии, Украины, Болгарии, Албании, Швейцарии, Дании, Румынии, Великобритании, Испании, Польши, Чешской Республики, Боснии и Герцеговины, Словении, Хорватии, Беларуси) может быть условно разделена на 2 части (первая охватывает бóльшую часть стран, вторая предполагает многочисленные завозы из первичной генопопуляции). Для Беларуси констатируется принадлежность образцов к 3-й генопопуляции.

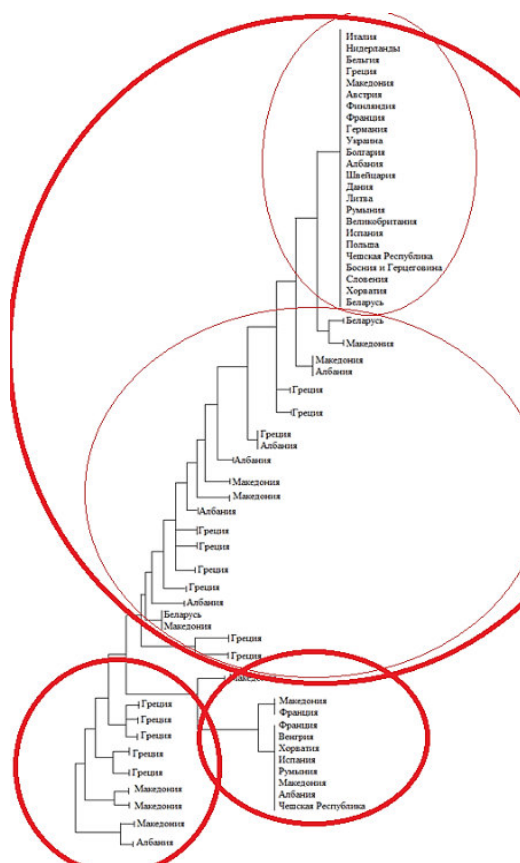


Рисунок 2 – Схема, отражающая генетическую гетерогенность популяций каштановой минирующей моли, основанная на анализе нуклеотидных последовательностей COI, уже депонированных в систему BOLD и полученных в ходе выполнения проекта

Выборка из Беларуси включает 2 последовательности из генопопуляции, сформировавшихся, очевидно, вследствие разовых завозов (генопопуляции представлены образцами из одной-двух стран), а также 1 последовательность соответствует европейской генопопуляции инвайдера.

Заключение. Таким образом, для территории Беларуси рассмотрение построенных кладограмм выявило присутствие 1 генопопуляции с двумя «подпопуляциями» каштановой минирующей моли. Первая, вероятнее всего, сформирована в результате первоначального завоза, а вторая соответствует европейской генопопуляции, распространенной в следующих странах: Италия, Нидерланды, Бельгия, Греция, Северная Македония, Австрия, Финляндия, Франция, Германия, Украина, Болгария, Албания, Швейцария, Дания, Румыния, Великобритания, Испания, Польша, Чехия, Босния и Герцеговина, Словения, Хорватия. Учитывая это, можно констатировать европейское происхождение генопопуляций. Однако на основе этих данных установление возможных коридоров инвазии невозможно. Получение доступа к «закрытым» последовательностям, возможно, изменит ситуацию. Полученные данные указывают на наличие повторных завозов, что еще раз подтверждает влияние интенсификации международных, в том числе, трансконтинентальных грузо- и пассажиропотоков на расширение масштабов биологических инвазий.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Распространение и вредоносность каштановой минирующей моли (*Cameraria ohridella* Deschka & Dimić) в зеленых насаждениях Беларуси / А.С. Рогинский [и др.] // Труды БГУ. – 2014. – Т. 9, ч. 2. – С. 95–103.
2. Deschka, G. *Cameraria ohridella* n. sp. aus Mazedonien, Jugoslawien (Lepidoptera, Lithocolletidae) / G. Deschka, N. Dimić // Acta Entomol. Jugosl. – 1986. – Bd. 22, n. 1. – S. 11–23.
3. Зерова, М.Д. Каштановая минирующая моль на Украине / М.Д. Зерова [и др.]. – Київ: ТОВ «Велес», 2007. – 87 с.
4. Taxonomy Kingdoms of Life Being Barcoded [Electronic resource]. – 2014–2019. – Mode of access: http://www.barcodinglife.org/index.php/TaxBrowser_-Home. – Date of access: 11.11.2019.