Секция «Энтомология»

Дифференциация популяций энтомофага Habrobracon hebetor (Hymenoptera, Braconidae) по ДНК-маркерам

Беседина Екатерина Николаевна
Кандидат наук
Всероссийский научно-исследовательский институт биологической защиты растений, Краснодар, Россия
E-mail: katrina7283@yandex.ru

Биологическая защита растений от вредных насекомых основывается на использовании для борьбы с вредителями их естественных врагов - хищников и паразитов - полезных насекомых, используемых в качестве биоагентов. Энтомофаг *Habrobracon hebetor* (Say) является объектом массового разведения и применения против ряда вредных видов чешуекрылых вредителей. Установлено, что трофические связи габробракона значительно варьируют. В этой связи его искусственно разделяют на огневочные, совочные, листоверточные и другие расы.

Изучение молекулярно-генетической структуры популяций энтомофагов, различающихся трофическими связями, методом ПЦР позволит понять механизмы пищевой специализации биоагентов и определить перспективность их дальнейшего использования для биологического контроля вредных видов [1]. Сегодня для этих целей в энтомологии широко используются молекулярные технологии, среди которых RAPD-маркеры (random amplified po которые с успехом используются при анализе структуры популяций таких биоагентов, как паразиты [2].

Проведен сравнительный молекулярно-генетический анализ двух географических популяций энтомофага *H. hebetor* (из г. Краснодара, Россия и г. Чимкента, Казахстан), различающихся своей паразитической активностью. Краснодарская популяция была обозначена как огневочно-листоверточная, а популяция габробракона, интродуцированная из Южного Казахстана, отнесена к совочно-огневочной.

Результаты ПЦР-анализа двух исследуемых популяций насекомых позволили выявить ДНК-маркеры, которые можно использовать в дальнейшем для дифференциации популяций исследуемого биоагента. Праймер OPB04 выявил два ДНК-фрагмента с молекулярной массой приблизительно 220 и 800 пар нуклеотидов, присутствующие только у краснодарской популяции и отсутствующие у представителей чимкентской популяции *H. hebetor* (рис.1).

В свою очередь, праймер UBC519 выявил четыре ДНК-фрагмента, дифференцирующие популяции габробракона. ДНК-фрагмент 550 п.н. наблюдали только в краснодарской популяции, тогда как фрагменты 400, 600 и 1200 п.н. - только у чимкентской популяции габробракона (см. рис. 1).

Праймер OPA05 выявлял два ДНК-маркера, дифференцирующих популяции насекомых: 500 и 700 п.н., присутствующие только у краснодарской популяции *H. hebetor* (рис. 2).

И, наконец, праймер OPA10 генерировал максимальное количество ДНК-фрагментов, дифференцирующих исследуемые популяции. ДНК-маркеры 600 и 950 п.н. присутствовали только у чимкентской популяции, тогда как 1100, 1200 и 1300 п.н. - только у краснодарской популяции *H. hebetor*.

В дальнейшем с использованием всех выявленных ДНК-маркеров нами был проведен кластерный анализ исследуемых популяций энтомофага (рис. 3). Можно заметить,

что все исследуемые особи насекомых образовали два четко различимых кластера, соответственно их географической изоляции. Это свидетельствует о том, что исследуемые выборки насекомых принадлежат к различным в генетическом отношении популяциям габробракона.

Таким образом, проведенный молекулярно-генетический анализ с использованием RAPD-праймеров позволил дифференцировать две различные географические популяции насекомых *H. hebetor* (краснодарскую и чимкентскую).

Источники и литература

1) Behura S.K. Molecular marker systems in insects: current trends and future avenues // Molecular Ecology. 2006. Vol. 15. P. 3087-3113.

2) Daza-Bustamante P., Fuentes-Contreras E., Rodriguez L.C. Behavioural differences between Aphidius ervi populations from two tritrophic systems are due to phenotypic plasticity // Entomologia Experimental et Applicata. 2002. Vol.104. P. 321-328.

Иллюстрации

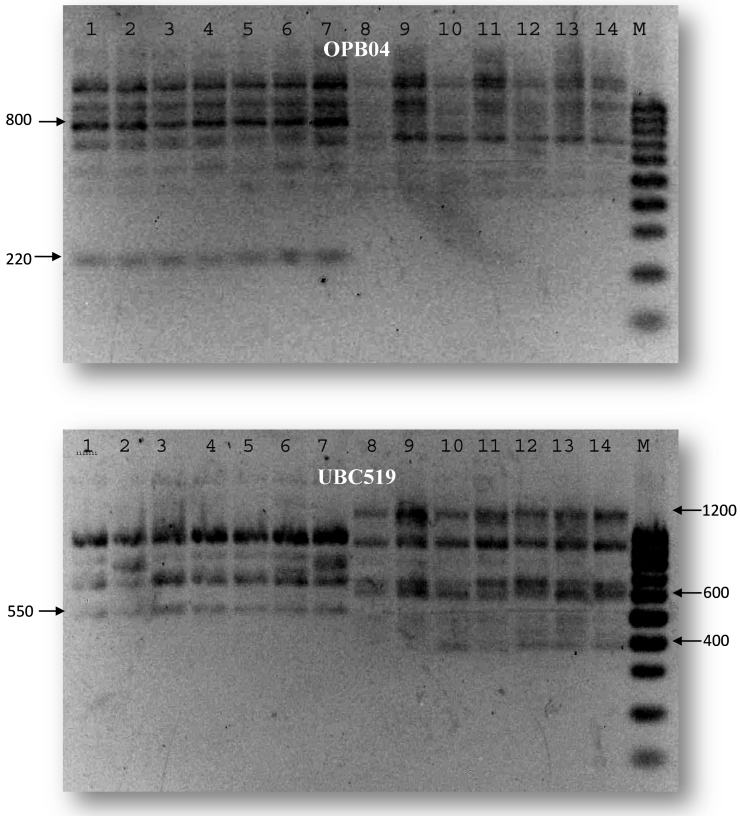

Рис. 1. Рисунок 1 – Электрофореграммы продуктов RAPD-PCR в 1,8% агарозе с праймерами OPB04 и UBC519. Дорожки 1-7 –ДНК насекомых краснодарской; 8-14 – чимкентской популяции H. hebetor. M – маркерная ДНК (M100).

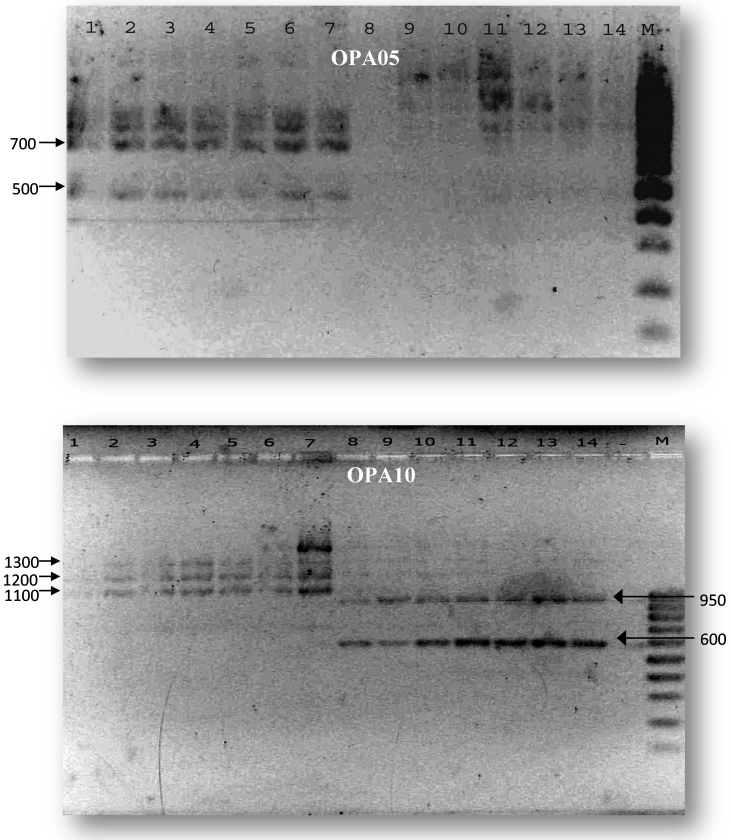

Рис. 2. Рисунок 2 – Электрофореграммы продуктов RAPD-PCR в 1,8% агарозе с праймерами OPA05 и OPA10. Дорожки 1-7 –ДНК насекомых краснодарской; 8-14 – чимкентской популяции H. hebetor. M – маркерная ДНК (M100).

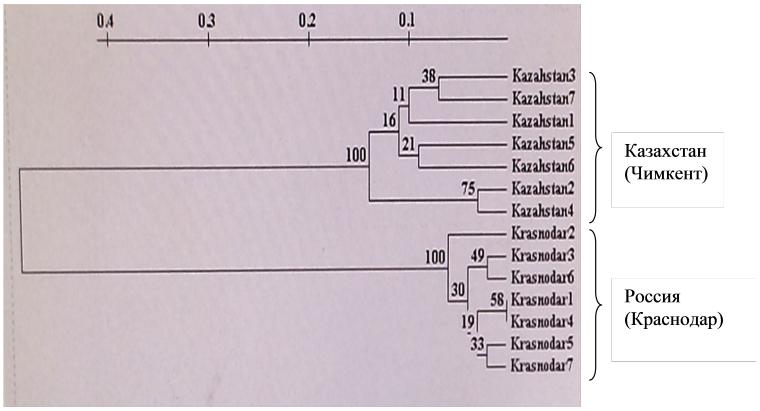

Рис. 3. Рисунок 3 – UPGMA-дендрограмма кластерного анализа Краснодарской (Россия) и Чимкентской (Казахстан) популяций H. hebetor.