

УДК 57.055

ВСТРЕЧАЕМОСТЬ МИКРОСПОРИДИЙ В СИМПАТРИЧЕСКИХ ПОПУЛЯЦИЯХ СТЕБЛЕВЫХ МОТЫЛЬКОВ РОДА *OSTRINIA*

Ю.М. Малыш, И.В. Грушевая, Ю.С. Токарев, А.Г. Конончук, А.Н. Фролов

Всероссийский НИИ защиты растений, Санкт-Петербург, Пушкин, Россия,
julia_m_malysh@rambler.ru

Цель работы – изучить видовой состав и распространённость микроспоридий в симпатрических популяциях стеблевых мотыльков, собранных на территории России на кукурузе (*Ostrinia nubilalis*), полыни и конопле (*Ostrinia scapularis*). Благодаря ПЦР-скринингу экстрактов геномной ДНК насекомых с последующим секвенированием ампликонов в выборках обоих видов обнаружено широкое распространение типичной для кукурузного мотылька *O. nubilalis* микроспоридии *Nosema pyrausta* из класса Terresporidia. На основании проведённого анализа можно сделать вывод о том, что оба вида р. *Ostrinia* восприимчивы к заражению *N. pyrausta* и симпатрические популяции насекомых-хозяев характеризуются сходным уровнем заражённости микроспоридиями, хотя в большинстве случаев отмечена тенденция к более высокому уровню заражённости насекомых, питающихся на двудольных растениях.

Ключевые слова: ПЦР-скрининг, видовой состав, заражённость, чешуекрылые насекомые.

Стеблевые мотыльки рода *Ostrinia* (Lepidoptera: Crambidae) широко распространены в Евразии и Северной Америке, отдельные виды вредят кукурузе и другим злакам. Поскольку популяции мотыльков, питающиеся на однодольных и двудольных растениях, нередко различаются по составу половых феромонов, срокам вылета имаго и предпочтениям в выборе растений для откладки яиц, и поскольку скрещивание их между собой нередко затруднено, а анализ микросателлитной ДНК демонстрирует чёткие различия генетической структуры, обитающие в Европе симпатрические популяции насекомых подразделены на самостоятельные виды: *Ostrinia nubilalis* и *O. scapularis* [Frolov et al., 2012]. Во многих регионах динамика численности этих фитофагов в значительной степени контролируется деятельностью паразитических насекомых [Фролов, 2004]. Меньшую (по крайней мере на период конца XX века) эффективность в отношении контроля североамериканских популяций кукурузного мотылька *O. nubilalis*, сформировавшихся в результате проникновения вредителя, обнаруживали паразитические

насекомые, интродуцированные для борьбы с вредителем в начале XX века [Hudon et al., 1989]. С другой стороны, в этих условиях важную роль в регуляции численности насекомого играет микроспоридия *Nosema cf. pyrausta*, которая рассматривается как потенциальный продуцент микробиологических препаратов против кукурузного мотылька [Lewis, 2009]. В настоящей работе для анализа на заражённость микроспоридиями использованы выборки экстрактов геномной ДНК гусениц стеблевых мотыльков, собранных в Краснодарском крае, Белгородской, Ростовской и Ставропольской областях, а также в республике Татарстан на однодольных (кукуруза) и двудольных (полынь, конопля) растениях. ПЦР-скрининг проведён с использованием универсальных для микроспоридий праймеров 18f:1047г [Weiss, Vossbrinck, 1999] с последующим секвенированием ампликонов и BLAST-анализом полученных нуклеотидных последовательностей. Исследование проб, показавших положительный ответ, позволило идентифицировать выявленных микроспоридий как *Nosema pyrausta* из *O. nubilalis* на основании идентичности полученных

последовательностей гена рРНК с таковым, полученным нами ранее на базе другой лаборатории для типового изолята данного вида паразита из южной Франции (номер доступа в Генбанке HM566196).

Заражённость насекомых микроспоридиями в проанализированных выборках колебалась от 6 до 37%. При этом для симпатрических популяций хозяев обоих видов из одной географической точки показатели заражённости микроспоридиями оказались весьма сходными, хотя нередко заражённость насекомых с двудольных растений

была выше, чем таковых с однодольных. Максимальные значения заражённости отмечены для популяций из Белгородской обл.: 29% на кукурузе, 37% на польни. При усреднении данных по выборкам заражённость насекомых, собранных как с однодольных, так и с двудольных растений, оказалась близкой к 20%.

Поддержано РФФИ (№№ 15-04-01226, 16-54-00144-Бел_а) и Советом по грантам Президента РФ (№ МД-4284.2015.4).

Библиографический список (References)

- Сендерский И.В., Токарев Ю.С., Павлова О.А., Долгих В.В. Микро-споридии в лабораторной культуре двупятнистого сверчка *Gryllus bimaculatus* de Geer (Orthoptera: Gryllidae) // «Беспозвоночные животные в коллекциях зоопарков и инсектариюв». Московский зоопарк, 2011. с. 179–182.
- Фролов А.Н. Биотические факторы депрессии кукурузного мотылька // Вестник защиты растений, 2004. Т. 2, с. 37–47.
- Hudon M., LeRoux E.J., Harcourt D.G. Seventy years of European corn borer (*Ostrinia nubilalis*) research in North America // Biology and population dynamics of invertebrate crop pests. Intercept Ltd. Andover, 1989. 1–44.
- Plant Protection News, 2016, 3(89), p. 101–102
- Frolov A.N., Audiot P., Bourguet D., Kononchuk A.G., Malysh J.M., Ponsard S., Streiff R., Tokarev Y.S. “From Russia with love”: genetic differentiation in trilobed uncus *Ostrinia* spp. follows food plant, not hairy legs // Heredity, 2012. V. 108, p. 147–156.
- Lewis L.C., Bruck D.J., Prasifka J.R., Raun E.S. *Nosema pyrausta*: Its biology, history, and potential role in a landscape of transgenic insecticidal insecticidal crops // Biol. Control, 2009. V. 48. p. 223–231.
- Weiss L.M., Vossbrinck C.R. Molecular biology, molecular phylogeny, and molecular diagnostic approaches to the Microsporidia // The Microsporidia and Microsporidiosis. Washington, ASM Press, 1999. p. 129–171.

SPECIES DIVERSITY OF MICROSPORIDIA IN SYMPATRIC POPULATIONS OF STEM BORERS OF THE GENUS *OSTRINIA*

Yu.M. Malysh, I.V. Grushevaya, Yu.S. Tokarev, A.G. Kononchuk, A.N. Frolov

All-Russian Institute of Plant Protection, julia_m_malysh@rambler.ru

Aim of the present study is to determine species composition and prevalence rates of microsporidia in sympatric populations of *Ostrinia nubilalis* and *Ostrinia scapularis*, collected in Russia on different forage plants. For this purpose genomic DNA extracts were exploited for PCR screening followed by amplicon sequencing. As a result, wide dispersal of microsporidia is revealed belonging to *Nosema pyrausta* from Class Terresporidia. Basing upon this survey it can be concluded that both species of moths are vulnerable to infection with *N. pyrausta* at similar levels though there is a tendency of higher parasite's prevalence rates in dicotyledonous plants.