

УДК 575.22

ПРЕИМУЩЕСТВА ИСПОЛЬЗОВАНИЯ ИНСТРУМЕНТОВ МОЛЕКУЛЯРНОЙ БИОЛОГИИ И ГЕНЕТИКИ В ЗАЩИТЕ РАСТЕНИЙ

А.М. Ныгыметова

Казахский НИИ защиты и карантина растений, Алматы, Казахстан, aimeri_enu@mail.ru

Целью данной работы является рассмотрение роли современных технологии применяемых в молекулярной биологии и генетике в определении точной видовой принадлежности насекомых-вредителей и насекомых-энтомофагов сельскохозяйственных культур. В 2015 году в Национальном научно-исследовательском агрономическом институте (The Institut National de la Recherche Agronomique, INRA, София-Антиполис, Франция) был проведён молекулярной анализ образцов полезных насекомых привезённых с Казахстана. Результаты анализа позволили установить точную видовую

принадлежность этих насекомых и устранить ошибки в видовой идентификации, проведённых ранее исследованиях традиционным методом в энтомологии.

Ключевые слова: энтомофаги, насекомые вредители, видовая идентификация, морфологический анализ, молекулярный анализ.

Использование инструментов молекулярной и популяционной биологии, а также генетики для идентификации вредных и полезных организмов для интегрированной защиты растений становится все актуальнее в современном научном обществе. В основном это связано с необходимостью усовершенствования методов идентификации, так как неправильное определение вида вредителя ведёт к уменьшению эффективности биологических методов защиты растений, вследствие чего увеличивается пестицидная нагрузка [Beltra et al., 2012]. Благодаря быстрому темпу развития молекулярной биологии, метод ПЦР (полимеразная цепная реакция) становится максимально доступным широкому кругу пользователей научного сообщества и сельскохозяйственной индустрии. Этот метод лабораторной диагностики позволяет проводить разные исследования на молекулярно-генетическом уровне, включая систематику насекомых, что имеет важное теоретическое и практическое значение.

Образцы полезных насекомых (*Trichogramma* sp., *Pachyneuron* sp., *Encarsia* sp., *Macrolophus* sp.), содержащихся в лаборатории для научных целей отдела биометода в Казахском научно-исследовательском институте защиты и карантина растений, были привезены в INRA для уточнения видовой принадлежности энтомофагов. Результаты морфологического анализа этих насекомых вызывали со-

мнение, в связи с чем они были отобраны для молекулярно-генетического анализа. С этой целью была проведена экстракция геномной ДНК насекомых двумя альтернативными методами с последующей ПЦР-амплификацией с различными наборами праймеров к участкам генов ядерной рибосомальной РНК (C-28Slong-F+C-28Slong-R) и митохондриальной цитохромоксидазы (LCO+HCO; Pco1F+LepR1).

ПЦР-продукты были разделены электрофоретически в агарозном геле, очищены и отправлены на секвенирование в компанию Beckman Coulter Genomics. Полученные нуклеотидные последовательности редактировали в программе BioEdit с последующим BLAST-анализом на сервере Генбанка (blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?).

По результатам молекулярного анализа образцов была уточнена видовая принадлежность слепняков (*Macrolophus pygmaeus*, Rambur и *Nesidiocoris tenuis*, Reuter); трихограммы (*Trichogramma parkeri*, Nagarkatti), наездника (*Pachyneuron aphidis*, Bouehr) и осы-паразита белокрылок (*Encarsia formosa*, Gahan).

Подводя итоги данной работы, следует отметить, что ПЦР анализ показал высокую эффективность в уточнении видовой идентификации насекомых и должен быть использован для дополнения и уточнения результатов морфологического анализа.

Библиографический список (References)

Beltra A, Soto A, T. Malausa. Molecular and morphological characterisation of *Pseudococcidae* surveyed on crops and ornamental plants in Spain. Bulletin of Entomological Research. 2011. 1–8.

Villard P and T. Malausa. SP-Designer: a user-friendly program for designing species-specific primer pairs from DNA sequence alignment. Molecular Ecology Resources. 2013. 13. 755–758.

Plant Protection News, 2016, 3(89), p. 123–124

ADVANTAGES OF USING MOLECULAR BIOLOGY AND GENETICS TOOLS IN PLANT PROTECTION

A.M. Nygymetova

Kazakh Research Institute for Plant Protection and Quarantine, aimeri_enu@mail.ru

The aim of this study is to highlight the importance of contemporary technologies in molecular biology and genetics for insect species identification of pests and beneficial arthropods that have significant economic importance in agriculture. In 2015, samples of beneficial insects collected in Almaty province, Kazakhstan and maintained in the laboratory culture of the Kazakh Research Institute for Plant Protection and Quarantine, were analyzed in the French National Research Institute by using PCR method. Results of analysis helped to precisely identify the species name of samples and correct the mistakes in previous morphological analysis.