

УДК 577.212:595.753

**ИНВАЗИВНЫЕ ВИДЫ ТЛЕЙ: ОСОБЕННОСТИ БИОЛОГИИ  
И ГЕНЕТИЧЕСКИЙ ПОЛИМОРФИЗМ  
INVASIVE APHID SPECIES: BIOLOGY  
AND GENETIC POLYMORPHISM**

*М. М. Воробьева<sup>1</sup>, Ю. И. Охременко<sup>2</sup>  
M. M. Varabyova<sup>1</sup>, Y. I. Akhremenka<sup>2</sup>*

<sup>1</sup>УО «Мозырский государственный педагогический университет имени И. П. Шамякина», г. Мозырь, старший преподаватель кафедры биолого-химического образования, кандидат биологических наук,  
e-mail: masch.89@mail.ru

<sup>2</sup>УО «Мозырский государственный педагогический университет имени И. П. Шамякина», г. Мозырь, магистр биологических наук,  
e-mail: yliua@mail.ru

*На территории города Мозыря зарегистрировано 6 инвазивных видов тлей. К числу полифагов принадлежат *Aphis craccivora* Koch и *Aphis**

*spiraecola* Patch, олигофагов-1 – *Brachycaudus divaricatae* Shap. и *Pemphigus spyrothecae* Pass., монофагов-1 – *Drepanosiphum platanoidis* (Schr.) и *Panaphis juglandis* Gz. Нормальный однодомный цикл развития имели *A. spiraeicola*, *A. craccivora*, *B. divaricatae* и *P. juglandis*, остальные виды тлей (*D. platanoidis* и *P. spyrothecae*) имели нормальный однодомный цикл развития с некоторыми модификациями. В последовательностях тлей *A. craccivora*, *A. spiraeicola* и *D. platanoidis* не отмечено уникальных замен, в то время как в последовательностях *P. juglandis* и *B. divaricatae* замены отмечены.

Ключевые слова: инвазивные виды, тли, кормовое растение, биологический цикл, генетический полиморфизм

*On the territory of the city of Mozyr 6 invasive species of aphids have been recorded. Polyphagous include Aphis craccivora Koch and Aphis spiraeicola Patch, oligophagus-1 – Brachycaudus divaricatae Shap. and Pemphigus spyrothecae Pass., monophagus-1 – Drepanosiphum platanoidis (Schr.) and Panaphis juglandis Gz. A. spiraeicola, A. craccivora, B. divaricatae and P. juglandis had a holocycle, other aphids species (D. platanoidis and P. spyrothecae) had a holocycle with some modifications. In the sequences of aphids A. craccivora, A. spiraeicola and D. platanoidis no unique substitutions were noted, while in the sequences of P. juglandis and B. divaricatae, substitutions were noted.*

Keywords: *invasive species, aphids, host-plant, biological cycle, genetic polymorphism*

**Введение.** На рубеже веков человечество столкнулось с обострением экологической проблемы биологических инвазий – интенсификацией процессов вторжения в региональные фауны представителей чужеродных таксонов. В последние годы новые виды-вселенцы, наносящие серьезный экологический и экономический ущерб, регистрируются во всех регионах мира. Необходимо отметить, что весьма актуальна эта проблема для территории Республики Беларусь.

К настоящему времени потери (экономические, экологические и социальные) от распространения инвазивных видов приняли угрожающий характер, в связи с чем были приняты законодательные акты, в частности, «Конвенция ООН о биологическом разнообразии» (1992 г., Рио-де-Жанейро) [1], «Конвенция по управлению балластными водами» (2004 г., Лондон) [2], «Конвенция по защите морской среды Балтийского моря» (1992 г., Хельсинки) [3]. Кроме того, созданы и постоянно пополняются специализированные базы данных по инвазивным видам животных и растений, а также опубликованы Черные списки инвазивных видов растений и животных, основной целью которых является информирование различных органов власти, природных учреждений и широких слоев населения об опасности распространения тех или иных видов-инвайдеров. Политика нашего государства также заключается в разработке мер, направленных на сохранение и устойчивое использование биологического

разнообразия (Концепция национальной безопасности Беларуси и Стратегия по сохранению и устойчивому использованию биологического разнообразия на 2011–2020 гг.). В Беларуси проводятся исследования по изучению видового состава и численности инвазивных видов животных, а также оценка их инвазивного потенциала. Полученные данные легли в основу создания первой части Черной книги инвазивных видов животных Беларуси [4], сейчас коллектив авторов работает над созданием второй части этой книги.

В результате многолетних исследований в числе чужеродных для фауны Беларуси видов сосущих членистоногих-фитофагов констатирован 61 вид насекомых и клещей, принадлежащих к 35 родам, 12 семействам, 4 отрядам и 2 классам, среди которых, по последним данным, 44 вида тлей (12,5 % от общего числа известных для фауны видов тлей). На сегодняшний день 7 видов тлей, в частности *Aphis craccivora* Koch, *Aphis spiraeicola* Patch, *Brachycaudus divaricatae* Shap., *Drepanosiphum platanoidis* (Schr.), *Panaphis juglandis* Gz., *Pemphigus spyrothecae* Pass. и *Phyllaphis fagi* L. включены в Черную книгу инвазивных видов животных Беларуси, поскольку установлены экологические и экономические последствия их вселения [5].

Согласно классическим представлениям, адаптации инвазивных видов насекомых, в частности тлей, к климатическим условиям, значительно различающимся с условиями их первичного ареала, должны способствовать изменению биологического цикла, изменению или расширению спектра кормовых растений и накоплению внутривидовых генетических различий, причем, чем выше уровень изменчивости инвазивных популяций, тем более опасен вид с точки зрения развертывания своего максимального репродуктивного потенциала и приспособления к новым экологическим условиям.

**Цель работы.** В рамках настоящего исследования принято решение установить перечень чужеродных инвазивных видов тлей для территории города Мозыря, изучить перечень их кормовых растений, биологический цикл и внутривидовой генетический полиморфизм. Такого рода сведения важны, так как позволяют объяснить природу высокого биотического потенциала инвазивных видов в условиях нового региона.

**Материалы и методы исследований.** В работе использовали афидологический материал, коллектированный в 2018 году на территории города Мозыря. Сбор и фиксация тлей выполнялись в пластиковые пробирки типа «эппендорф» с 96 %-ным спиртом, снабженные соответствующими этикетками с указанием даты, места сбора и кормового растения. Для морфологического определения тлей использовали определительные таблицы Г.Х. Шапошникова [6] и О.Е. Heie [7].

Для характеристики биологических циклов коллектированных видов тлей использовали литературные данные и результаты собственных наблюдений. Широту трофической специализации оценивали согласно классическим подходам с делением тлей на монофагов, олигофагов и полифагов.

Для оценки представленности нуклеотидных последовательностей анализируемых видов тлей использовали Международные генетические базы данных (NCBI, BOLDv.). Для изучения внутривидового генетического полиморфизма использовали последовательности митохондриальных и ядерных генов из Международных генетических баз данных, а также результаты собственного секвенирования. Множественное выравнивание нуклеотидных последовательностей и оценку генетической вариабельности провели в программе MEGA7.

**Результаты исследований и их обсуждение.** На территории города Мозыря за период исследования зарегистрировано 6 видов тлей из числа чужеродных инвазивных видов для территории Беларуси, в частности, *A. craccivora*, *A. spiraecola*, *B. divaricatae*, *D. platanoidis*, *P. juglandis*, *P. spyrothecae*.

На основе литературных данных [8, 9], а также собственных наблюдений установлены особенности биологии данных видов тлей:

1) *A. craccivora* (люцерновая тля) – основной вредитель бобовых культур, в числе которых люцерна (*Medicago* L.), люпин (*Lupinus* L.), донники (*Melilotus* Mill.), клевер (*Trifolium* L.), бобы и кормовые вики (*Vicia* L.), чечевица обыкновенная (*Lens culinaris* Medik.), маш, или бобы мунг (*Vigna radiata* (L.) R.Wilczek), вигна китайская, или коровий горох (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.), голубиный горох, или каян (*Cajanus cajan* (L.) Huth), арахис (*Arachis hypogaea* L.), а также декоративные – караганы (*Caragana* Fabr.), робинии (*Robinia* L.), акация шелковая (*Albizia julibrissin* Durazz), гледичия трехколючковая, или гледичия обыкновенная (*Gleditsia triacanthos* L.). По широте спектра кормовых растений данный вид тлей принадлежит к числу полифагов. Имеет нормальный однодомный цикл развития;

2) *A. spiraecola* (зеленая цитрусовая тля) также принадлежит к числу полифагов, от вредоносности этого фитофага в наибольшей степени страдают растения семейства розоцветных (Rosaceae), в частности, кизильник (*Cotoneaster* Medik.), ирга (*Amelanchier* Medik.), рябина (*Sorbus* L.), айва (*Cydonia* Mill.), яблони (*Malus* Mill.) и другие представители семейства Rosaceae. Образуют смешанные колонии на одних и тех же кормовых растениях с *Aphis pomi* de Geer. Имеет нормальный однодомный цикл развития;

3) *B. divaricatae* (алычово-дремовая тля) принадлежит к числу олигофагов 1-й степени, поскольку от вредоносности фитофага страдают только растения семейств *Prunus* L. Имеет нормальный однодомный биологический цикл;

4) *D. platanoidis* (большая яворовая тля) принадлежит к числу монофаг 1-й степени, в частности, в качестве кормового растения выступают *Acer pseudoplatanus* L. Имеет прерывистый однодомный цикл развития с диапаузой имаго виргинопарного поколения;

5) *P. juglandis* (большая (пёстрая) ореховая тля) является вредителем грецкого ореха (*Juglans regia* L.), в связи с чем принадлежит к числу монофагов 1-й степени. Имеет нормальный однодомный биологический цикл;

б) *P. spyrothecae* (пемфиг поздний спиральногалловый) – олигофаг 1-й степени, приносящий вред тополям (*Populus* spp.). Имеет облигатно сокращенный однодомный (парамонетийный) цикл с замедленным развитием.

Кроме того, в рамках настоящего исследования мы изучили внутривидовой генетический полиморфизм для каждого инвазивного вида тлей фауны Беларуси в отдельности:

#### 1) Анализ нуклеотидных последовательностей гена COI

##### ***Aphis craccivora* Koch, 1854**

Нуклеотидные последовательности имеют длину 678 пар нуклеотидов. Начало фрагмента соответствует 41-ому нуклеотиду полного гена.

Всего проанализировано 284 последовательности. Выявлено 45 переменных нуклеотидных сайтов и 4 аминокислотных сайта. Замен, уникальных для тлей из Беларуси, отмечено не было.

##### ***Aphis spiraecola* (Patch, 1914)**

Нуклеотидные последовательности имеют длину 616 пар нуклеотидов. Начало фрагмента соответствует 27-ому нуклеотиду полного гена.

Всего проанализировано 278 последовательностей. Выявлено 76 переменных нуклеотидных сайтов и 9 аминокислотных сайтов. Замен, уникальных для тлей из Беларуси, отмечено не было.

##### ***Brachycaudus divaricatae* Shaposhnikov, 1956**

Нуклеотидные последовательности имеют длину 580 пар нуклеотидов. Начало фрагмента соответствует 465-ому нуклеотиду полного гена.

Всего проанализировано 34 последовательности. Не выявлено переменных нуклеотидных сайтов и аминокислотных сайтов. Замена, уникальная для тлей из Беларуси, отмечена в позиции 639G↔A.

##### ***Drepanosiphum platanoidis* (Schrank, 1801)**

Нуклеотидные последовательности имеют длину 658 пар нуклеотидов. Начало фрагмента соответствует 49-ому нуклеотиду полного гена.

Всего проанализировано 210 последовательностей. Не выявлено переменных нуклеотидных сайтов и аминокислотных сайтов. Замена, уникальных для тлей из Беларуси, также отмечено не было.

##### ***Panaphis juglandis* (Goeze, 1778)**

Расшифрована нуклеотидная последовательность длиной 631 пары нуклеотидов. Начало фрагмента соответствует 83-ому нуклеотиду полного гена.

С учетом 12 проанализированных последовательностей выявлено 2 переменных нуклеотидных сайта в позициях 119C↔A (уникальная замена) и 222A↔G, а также 1 аминокислотный сайт, содержащий замену – 40P↔Q.

##### ***Pemphigus spyrothecae* Passerini, 1860**

Нуклеотидные последовательности имеют длину 658 пар нуклеотидов. Начало фрагмента соответствует 39-ому нуклеотиду полного гена.

Всего проанализировано 22 последовательности. Выявлено 2 переменных нуклеотидных сайта и 1 аминокислотный сайт. Замен, уникальных для тлей из Беларуси, отмечено не было.

***Phyllaphis fagi* (Linnaeus, 1761)**

Нуклеотидные последовательности имеют длину 656 пар нуклеотидов. Начало фрагмента соответствует 48-ому нуклеотиду полного гена.

Всего проанализировано 52 последовательности. Выявлено 13 переменных нуклеотидных сайтов и 1 аминокислотный сайт. Замен, уникальных для тлей из Беларуси, отмечено не было.

**2) Анализ нуклеотидных последовательностей гена COII**

***Aphis craccivora* Koch, 1854**

Нуклеотидные последовательности имеют длину 712 пар нуклеотидов. Всего проанализировано 17 последовательностей. Выявлено 5 переменных нуклеотидных сайтов и не выявлено аминокислотных сайтов.

***Aphis spiraecola* (Patch, 1914)**

Нуклеотидные последовательности имеют длину 650 пар нуклеотидов. Всего было проанализировано 3 последовательности. Выявлено 3 переменных нуклеотидных сайта и 2 аминокислотных сайта.

**3) Анализ нуклеотидных последовательностей гена *cytb***

***Aphis craccivora* Koch, 1854**

Нуклеотидные последовательности имеют длину 742 пары нуклеотидов. Всего проанализировано 79 последовательностей. Выявлено 49 переменных нуклеотидных сайтов и 23 аминокислотных сайта.

***Aphis spiraecola* (Patch, 1914)**

Нуклеотидные последовательности имеют длину 738 пар нуклеотидов. Всего проанализировано 2 последовательности. Выявлено 3 переменных нуклеотидных сайта и 1 аминокислотный сайт.

**4) Анализ нуклеотидных последовательностей гена EF1 $\alpha$**

***Aphis craccivora* Koch, 1854**

Нуклеотидные последовательности имеют длину 580 пар нуклеотидов. Начало фрагмента соответствует 319-ому нуклеотиду белок-кодирующей области, а рамка считывания начинается с 1-ого нуклеотида.

Всего проанализировано 6 последовательностей. На анализируемом участке выявлено 5 переменных нуклеотидных сайтов и 2 аминокислотных сайта.

***Aphis spiraecola* (Patch, 1914)**

Нуклеотидные последовательности имеют длину 718 пар нуклеотидов. Начало фрагмента соответствует 319-ому нуклеотиду белок-кодирующей области, а рамка считывания начинается с 1-ого нуклеотида.

Всего проанализировано 28 последовательностей. На анализируемом участке выявлено 7 переменных нуклеотидных сайтов и не выявлено аминокислотных сайтов.

***Brachycaudus divaricatae* Shaposhnikov, 1956**

Нуклеотидные последовательности имеют длину 435 пар нуклеотидов. Начало фрагмента соответствует 319-ому нуклеотиду белок-кодирующей области, а рамка считывания начинается с 1-ого нуклеотида.

Всего проанализировано 145 последовательностей. На анализируемом участке выявлено 3 переменных нуклеотидных сайта и 3 аминокислотных сайта.

***Drepanosiphum platanoidis* (Schrank, 1801)**

Нуклеотидные последовательности имеют длину 736 пар нуклеотидов. Начало фрагмента соответствует 247-ому нуклеотиду белок-кодирующей области, а рамка считывания начинается с 1-ого нуклеотида.

Всего проанализировано 5 последовательностей. На анализируемом участке не выявлено переменных нуклеотидных и аминокислотных сайтов.

***Panaphis juglandis* (Goeze, 1778)**

Нуклеотидные последовательности имеют длину 910 пар нуклеотидов. Начало фрагмента соответствует 247-ому нуклеотиду белок-кодирующей области, а рамка считывания начинается с 1-ого нуклеотида.

Всего проанализировано 2 последовательности. На анализируемом участке гена EF1 $\alpha$  не было выявлено переменных сайтов.

**Заключение.** Таким образом, на территории города Мозыря отмечено 6 видов тлей из числа чужеродных инвазивных видов для территории Беларуси. Оказалось, что 2 вида тлей – полифаги, 2 – олигофаги-1, 2 – монофаги-1, кроме того, 4 вида тлей имели нормальный однодомный цикл развития, 1 – прерывистый однодомный цикл развития с диапаузой имаго виргинопарного поколения и 1 – облигатно сокращенный однодомный (парамонетийный) цикл с замедленным развитием. Сравнительный анализ нуклеотидных последовательностей митохондриальных и ядерных генов тлей *A. craccivora*, *A. spiraecola* и *D. platanoidis* не позволил выявить уникальных замен в последовательностях, полученных для тлей фауны Беларуси. В то же время у тлей *P. juglandis* (позиция 119C $\leftrightarrow$ A) и *V. divaricatae* (позиция 639G $\leftrightarrow$ A) были отмечены уникальные замены.

*Исследования выполнены при финансовой поддержке Белорусского республиканского фонда фундаментальных исследований (договор № Б18МВ-008).*

Список использованной литературы

1. Конвенция о биологическом разнообразии. – Женева : Женевское правительство ООН, 1992. – 32 с.
2. International Convention for the Control and Management of Ships' Ballast Water and Sediments (BWM) [Electronic resource]. – Mode of access: <http://www.imo.org>. – Date of access: 03.04.2019.
3. Конвенция по защите морской среды района Балтийского моря [Электронный ресурс]. – Режим доступа: [http://www.conventions.ru/view\\_base.php?id=445](http://www.conventions.ru/view_base.php?id=445). – Дата доступа: 03.04.2019.
4. Черная книга инвазивных видов животных Беларуси / сост.: А. В. Алехнович [и др.] ; под общ. ред. В. П. Семенченко. – Минск : Беларуская навука, 2016. – 105 с.
5. Жоров, Д. Г. Современная структура комплекса чужеродных видов сосущих членистоногих-фитофагов фауны Беларуси / Д. Г. Жоров, Ф. В. Сауткин, С. В. Буга // Доклады Национальной академии наук Беларуси, 2016. – Т. 60. – № 4. – С. 88–92.

6. Шапошников, Г. Х. Подотряд Aphidinea – Тли / Г. Х. Шапошников // Определитель насекомых европейской части СССР / под. ред. Г. Я. Бей-Биенко. – М.; Л. : Наука, 1964–1988. – Т. 1 : Низшие, древнекрылые, с неполным превращением / Г. Я. Бей-Биенко [и др.]. – М. ; Л. : Наука, 1964. – С. 489–616.
7. Heie, O. E. The Aphidoidea (Hemiptera) of Fennoscandia and Denmark. IV / O. E. Heie // Fauna Entomologica Scandinavica. – 1992. – Vol. 25. – 188 p.
8. Буга С. В. Дендрофильные тли Беларуси. Минск, БГУ, 2001, 98 с.
9. Aphids on the World's Plants: An online identification and information guide [Electronic resource] / Ed. R. Blackman. – London : Natural History Museum, 2012. – Mode of access: <http://www.aphidsonworldsplants.info>. – Date of access: 01.04.2019.