

Оригинальная статья / Original article
УДК 632.754.1:575.174
DOI: 10.18470/1992-1098-2023-3-28-38



Генетическая изменчивость грушевой кружевницы *Stephanitis pyri* F. (Heteroptera: Tingidae) в Краснодарском крае

Екатерина Н. Беседина¹, Владимир И. Киль²

¹Федеральный научный центр биологической защиты растений, Краснодар, Россия

²Кубанский государственный университет, Краснодар, Россия

Контактное лицо

Екатерина Н. Беседина, кандидат биологических наук, старший научный сотрудник, сектор биотехнологии, Федеральный научный центр биологической защиты растений; 350039 Россия, г. Краснодар, п/о 39.
Тел. +79183414083
Email katrina7283@yandex.ru
ORCID <https://orcid.org/0000-0002-9976-5614>

Формат цитирования

Беседина Е.Н., Киль В.И. Генетическая изменчивость грушевой кружевницы *Stephanitis pyri* F. (Heteroptera: Tingidae) в Краснодарском крае // Юг России: экология, развитие. 2023. Т.18, N 3. С. 28-38. DOI: 10.18470/1992-1098-2023-3-28-38

Получена 24 июня 2023 г.

Прошла рецензирование 30 июля 2023 г.

Принята 10 августа 2023 г.

Резюме

Цель – изучение генетической изменчивости грушевой кружевницы *Stephanitis pyri* F. в зависимости от географического положения и трофической специализации.

Материал и методы. Объектом исследований являлись выборки насекомых (n=60) из природной популяции грушевой кружевницы *Stephanitis pyri* F. (Tingidae: Heteroptera) в Краснодарском крае: гг. Краснодар, Кропоткин, Новороссийск. Сбор клопов *S. pyri* осуществляли на модельных деревьях яблони домашней (*Malus domestica* Borkh) и вишни обыкновенной (*Prunus cerasus* L.). Молекулярно-генетический анализ проводили в несколько этапов: пробоподготовка, экстракция ДНК, диагностика на основе RAPD (random amplified polymorphic DNA)-ПЦР (амплификация ДНК).

Результаты. С помощью молекулярно-генетических маркеров изучена генетическая изменчивость грушевой кружевницы в Краснодарском крае. Рассчитаны показатели генетической дифференциации между географическими ($G_{ST}=0,209$) и трофическими ($G_{ST}=0,049-0,302$) внутрипопуляционными группами *S. pyri*. Определены уровни изменчивости внутри географических (79,1 %) и трофических группировок (70,0–95,1 %), а также между ними – 20,9 % и 4,9–30 %, соответственно. Показано влияние пищевого фактора на генетическое разнообразие и дифференциацию популяций насекомых на примере кропоткинской трофической группировки клопов, предпочитающих в качестве основного кормового растения вишню обыкновенную *P. cerasus*.

Заключение. Отмечен небольшой эффект изоляции расстоянием, который характеризовался слабой зависимостью географических и генетических расстояний между популяционными группами грушевой кружевницы. Установлено влияние пищевого фактора на генетическую изменчивость популяций фитофагов, что подтверждается другими исследователями.

Ключевые слова

Насекомые, грушевая кружевница *Stephanitis pyri* F., трофическая специализация, ПЦР, генетическое разнообразие, генетическая дифференциация.

Genetic variability of the pear lace bug *Stephanitis pyri* F. (Heteroptera: Tingidae) in Krasnodar Territory, Russia

Ekaterina N. Besedina¹ and Vladimir I. Kil²

¹Federal Research Centre of Biological Plant Protection, Krasnodar, Russia

²Kuban State University, Krasnodar, Russia

Principal contact

Ekaterina N. Besedina, Candidate of Biological Sciences, Senior Researcher, Sector of Biotechnology, Federal Research Centre of Biological Plant Protection; p/o 39, Krasnodar, Russia 350039. Tel. +79183414083

Email katrina7283@yandex.ru

ORCID <https://orcid.org/0000-0002-9976-5614>

How to cite this article

Besedina E.N., Kil V.I. Genetic variability of the pear lace bug *Stephanitis pyri* F. (Heteroptera: Tingidae) in Krasnodar Territory, Russia. *South of Russia: ecology, development*. 2023, vol. 18, no. 3, pp. 28–38. (In Russian) DOI: 10.18470/1992-1098-2023-3-28-38

Received 24 June 2023

Revised 30 July 2023

Accepted 10 August 2023

Abstract

Aim. Study of the genetic variability of the pear lace bug *Stephanitis pyri* F. depending on geographical location and trophic specialization.

Material and Methods. The object of the study was insect samples (n=60) from the natural population of the pear lace bug *Stephanitis pyri* F. (Tingidae: Heteroptera) in the Krasnodar Territory: in Krasnodar, Kropotkin and Novorossiysk. The collection of *S. pyri* bugs was carried out on model trees of domestic apple (*Malus domestica* Borkh) and sour cherry (*Prunus cerasus* L.). Molecular genetic analysis was carried out in several stages: sample preparation, DNA extraction, and diagnostics based on RAPD (random amplified polymorphic DNA)-PCR (DNA amplification).

Results. With the help of molecular genetic markers, the genetic variability of the pear lace bug in the Krasnodar Territory was studied. The indicators of genetic differentiation between geographic (Gst=0.209) and trophic (Gst=0.049–0.302) intrapopulation groups of *S. pyri* were calculated. The levels of variability were determined within geographic (79.1 %) and trophic groups (70.0–95.1 %), as well as between them – 20.9 % and 4.9–30 %, respectively. The influence of the food factor on the genetic diversity and differentiation of insect populations is shown through the example of the Kropotkin trophic group of bugs that prefer the sour cherry *P. cerasus* as the main food plant.

Conclusion. A small effect of isolation by distance was noted, which was characterized by a weak dependence of geographical and genetic distances between the population groups of the pear lace bug. The influence of the nutritional factor on the genetic variability of phytophages populations has been established, as is confirmed by other researchers.

Key Words

Insects, pear lace bug *Stephanitis pyri* F., trophic specialization, PCR, genetic diversity, genetic differentiation.

ВВЕДЕНИЕ

Грушевый клоп (кружевница грушевая) *Stephanitis pyri* Fabricius, 1775 – палеарктический вид семейства кружковидных (Heteroptera: Tingidae). Клоп повреждает семечковые и косточковые культуры семейства розоцветные (Rosaceae), преимущественно яблоню (*Malus* P. Mill.), айву (*Cydonia* Mill.), грушу (*Pyrus* L.), боярышник (*Crataegus* Tourn. ex L.), сливу (*Prunus domestica* L.), вишню (*Prunus cerasus* L.), абрикос (*Prunus armeniaca* L.), в лесостепной зоне вредит лесным породам деревьев и кустарников [1–4]. Ареал вредителя включает южные районы Восточной Европы, центральные и южные районы Западной Европы, Кавказ,

Среднюю и Малую Азию, Северную Африку [1; 2; 4]. В лесостепной зоне развивается 1 генерация вредителя, в южной степной зоне и Крыму – 2, на юге Украины, в Закавказье и Средней Азии – 2–3 [1; 4].

Питание клопов клеточным соком листьев растений приводит к развитию хлороза и преждевременной дефолиации (рис. 1). Это, в свою очередь, нарушает нормальный рост и развитие растений, прекращает образование плодовых почек, что резко снижает урожайность [2; 4]. Более того, на вишне и груше отмечались случаи полного оголения и отмирания побегов [4].



Рисунок 1. Грушевая кружевница. А – имаго и яйцекладка; В – имаго новой генерации вредителя, личинки и экскременты

Figure 1. Pear lace bug. A – adults and egg-laying; B – adults of the new generation of the pest, larvae and excrement

Знание структуры популяции того или иного фитофага, ареала, занимаемого популяцией, и закономерностей изменчивости популяций важно для управления популяциями в агроценозах при разработке стратегий борьбы с вредителями. Технология молекулярных маркеров с успехом используется для изучения микроэволюционных процессов, генетической структуры популяций и взаимодействий между популяциями, что позволяет определить популяционную структуру (пространственную, временную и др.), выявить пути расселения вредных видов, выяснить, насколько популяции связаны между собой потоком генов, оценить внутривидовое генетическое разнообразие. Для грушевой кружевницы это является актуальным в связи с недавней инвазией на территории Северного Кавказа клопа дубовая кружевница *Corythucha arcuata* Say [5]. Необходим мониторинг состояния вида *S. pyri* в зависимости от меняющихся условий среды, в том числе в результате конкуренции с новым для фауны Краснодарского края видом за источники питания в условиях их перекрывающихся экологических ниш, так как дубовая кружевница также повреждает плодовые культуры семейства розоцветные [6–8].

Для *S. pyri* использование ДНК-технологий известно лишь в исследованиях по филогенетике.

Авторами изучался комплекс морфологических и молекулярных признаков, для чего использовался анализ нуклеотидной последовательности митохондриальных (16SrDNA, COI, COII, 12SrRNA и cyt b) и ядерных (28SrDNA) генов [9]. Нами также ранее проводился сравнительный молекулярно-генетический анализ 4 видов клопов-кружковидных, среди которых *S. pyri*, по RAPD-маркерам с целью определения их генетического родства [10]. Кроме того, нами оценивалась генетическая структура различных географических популяций инвазивных видов семейства Tingidae платановой и дубовой кружковидных [11; 12]. В то же время анализ структуры популяций грушевой кружковидной, различающихся географически и пищевой специализацией, не проводился. Поэтому целью данных исследований являлось изучение генетической изменчивости грушевой кружковидной *S. pyri* в зависимости от географического положения и трофической специализации.

МАТЕРИАЛ И МЕТОДЫ ИССЛЕДОВАНИЯ

Объектом исследований являлись выборки насекомых (n=60) из природной популяции грушевой кружковидной *Stephanitis pyri* F. (Tingidae: Heteroptera) в Краснодарском крае: гг. Краснодар, Кропоткин, Новороссийск. Сбор

клопов *S. pyri* проводили на модельных деревьях яблони домашней (*Malus domestica* Borkh) и вишни обыкновенной (*Prunus cerasus* L.) (рис. 2). Выборка деревьев

составила 20 шт. из каждого локалитета. Всего проанализировано 300 имаго клопов.



Рисунок 2. Деревья, поврежденные клопом грушевая кружевница. А – яблоня (*Malus domestica* Borkh), В – вишня (*Prunus cerasus* L.)

Figure 2. Trees damaged by pear lace bug. А – apple tree (*Malus domestica* Borkh), В – cherry tree (*Prunus cerasus* L.)

На базе сектора биотехнологии Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный научный центр биологической защиты растений» (ФГБНУ ФНЦБЗР) проводился молекулярно-генетический анализ в несколько этапов: пробоподготовка, экстракция ДНК, диагностика на основе RAPD (random amplified polymorphic DNA)-ПЦР (амплификация ДНК). ДНК из образцов насекомых выделяли методом СТАВ [13]. Амплификацию проводили в 25 мкл смеси, содержащей 10хбуфер с Mg^{2+} (700 мМ Трис-НCl, pH 8,6 / 25 °C, 166 мМ $(NH_4)_2SO_4$, 25 мМ $MgCl_2$; смесь dNTP с концентрацией 10 мМ каждого; 0,2 мкМ праймера; 0,5 ед. Таq-полимеразы (Силекс, Россия) и 30 нг ДНК. Для ПЦР использовали термоциклер Mastercycler X50a (Eppendorf, Германия). Программа амплификации включала следующие стадии: 1 этап предварительной денатурации при 94°C – 3 мин.; 2 этап из 36 циклов (денатурация при 94°C – 20 сек., отжиг праймеров при 36°C – 20 сек., элонгация при 72°C – 1 мин.); 3 этап финальной амплификации при 72°C – 10 мин. В работе применяли универсальные для клопов семейства Tingidae праймеры: OPA07 (GAAACGGGTG), OPA09 (GGGTAACGCC), OPA18 (AGGTGACCGT) (Евроген, Россия) [14; 15].

Продукты амплификации разделяли с помощью электрофореза в 2 % агарозном геле в присутствии бромистого этидия (0,1 мкг/мл) в горизонтальных камерах (Biorad, США) и визуализировали в проходящем УФ-свете (302 нм) с использованием системы геледокументирования GelDoc XR+ (Bio Rad, США). Состав буфера для электрофореза 5хTBE: 0,089 М Tris-борат; 0,89 М борная кислота; 0,002 М ЭДТА, pH 8,0; состав

бхбуфера для нанесения проб: 30 % глицерин; 0,025 % бромфенолового синего. В качестве маркера длин ДНК использовали 100+ bp DNA Ladder (Евроген, Россия).

Анализ изменчивости генетической структуры популяций по признакам «трофическая специализация» и «географическое положение» проводили при помощи компьютерной программы Popgene (version 1.31) [16]. Достоверность различий между сравниваемыми вариантами определяли по t-критерию Стьюдента (при $p=5\%$) с помощью программного пакета MS Excel.

ПОЛУЧЕННЫЕ РЕЗУЛЬТАТЫ И ИХ ОБСУЖДЕНИЕ

В области популяционной экологии, генетики и географии важную роль играет изучение структуры микроэволюции популяций. Исследования дивергенции видов и генетической дифференциации популяций требуют анализа генетических различий, которые измеряют различные аспекты изменчивости. Оценка генетических дистанций и показателей дифференциации необходима для понимания генетических отношений между популяциями и популяционными группами фитофагов для управления их численностью и прогноза вредоносности при разработке стратегий борьбы с ними.

В ходе проведенного ПЦР-анализа географических выборок грушевой кружевницы из яблоневых садов Краснодара, Кропоткина и Новороссийска выявлен 21 RAPD-локус размерами от 100 до 1000 пар нуклеотидов (рис. 3).

По полученным локусам в дальнейшем проведен анализ генетической изменчивости грушевой кружевницы в Краснодарском крае (табл. 1).

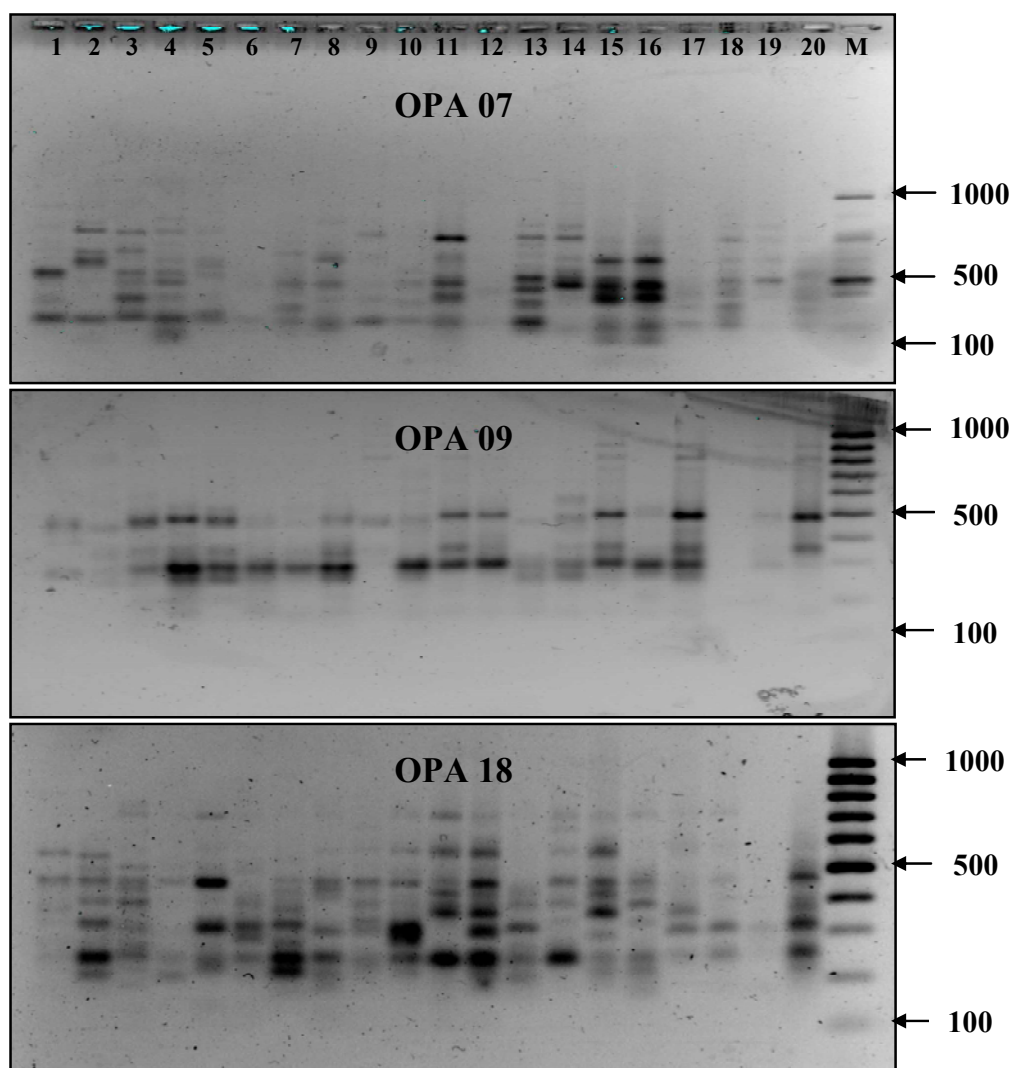


Рисунок 3. Электрофореграммы ДНК кружевницы грушевой с праймерами OPA07, OPA09 и OPA18.

Дорожки – ампликоны ДНК насекомых различных географических выборок: 1–10 – г. Краснодар, 11–20 – г. Новороссийск. М – маркер длин ДНК 100+ bp DNA Ladder (Евроген, Россия)

Figure 3. Electrophoregrams of DNA of pear lace bug with primers OPA07, OPA09 and OPA18.

Paths – DNA amplicons of insects of various geographic samples: 1–10 – Krasnodar, 11–20 – Novorossiysk.

M – DNA length marker 100+ bp DNA Ladder (Evrogen, Russia)

Таблица 1. Генетическая изменчивость *Stephanitis pyri* (географические группировки)

Table 1. Genetic variability of *Stephanitis pyri* (geographical groupings)

Показатель Indicator	Выборка насекомых Sample of insects		
	Краснодар Krasnodar	Новороссийск Novorossiysk	Кропоткин Kropotkin
P	52,4	71,4	71,4
H±SD*	0,17±0,19	0,25±0,19	0,29±0,21
I±SD*	0,26±0,27	0,37±0,27	0,43±0,29
Ht±SD		0,301±0,018	
Hs±SD		0,238±0,012	
Gst		0,209	
Nm		1,898	

Примечание: * $t_{факт} \leq t_{05}$ – различия статистически не значимы; P – процент полиморфных локусов (%); H – индекс генетического разнообразия Ней; I – индекс генетического разнообразия Шеннона; Ht – общее генетическое разнообразие; Hs – генетическое разнообразие внутри групп; Gst – показатель генетической дифференциации; Nm – показатель потока генов; SD – стандартное отклонение

Note: * $t_{fact} \leq t_{05}$ – differences are not significant; P – percentage of polymorphic loci (%); I – Shannon genetic diversity index; H – Nei genetic diversity index; Ht – total genetic diversity; Hs – genetic diversity within groups; Gst – genetic differentiation indicator; Nm – indicator of gene flow; SD – standard deviation

С использованием маркерной системы RAPD определен уровень ДНК-полиморфизма в исследуемых географических выборках, который составил от 52,4 до 71,4 %. Полученные нами показатели среднего ($H_s=0,238$) и общего ($H_t=0,301$) генетического разнообразия позволили рассчитать изменчивость внутри географических выборок: $\frac{H_s}{H_t} \cdot 100 = 79,1$ %. Соответственно, на долю изменчивости между ними приходилось 20,9 %. Значительный уровень изменчивости между выборками, определяющей дифференциацию между ними, подтверждает значение показателя $G_{st}=0,209$. При этом

поток генов, также влияющий на генетическую структуру популяции, был относительно низким ($N_m=1,898$). Это указывает на отсутствие препятствий дифференциации популяций, так как значительный поток генов (например, при интенсивном расселении) задерживает дифференциацию и образование новых популяций и внутрипопуляционных групп [17].

Сходства и различия между географическими группировками выражали с помощью показателей генетическая дистанция (GD) и генетическая идентичность (GI) (табл. 2).

Таблица 2. Генетическое сходство географических группировок *Stephanitis pyri*

Table 2. Genetic similarity of *Stephanitis pyri* by geographical groupings

Выборка насекомых Sample of insects	Краснодар Krasnodar	Новороссийск Novorossiysk	Кропоткин Kropotkin
Краснодар Krasnodar	–	0,971	0,848
Новороссийск Novorossiysk	0,030	–	0,855
Кропоткин Kropotkin	0,165	0,156	–

Примечание: GD – генетическая дистанция (под диагональю) GI – генетическая идентичность (над диагональю)

Note: GD – genetic distance (below the diagonal); GI – genetic identity (above the diagonal)

В большей степени отличались краснодарская и кропоткинская группировки ($GI=0,848$; $GD=0,165$), тогда как наиболее близкими были краснодарская и новороссийская ($GI=0,971$; $GD=0,030$). Это также

демонстрировал и кластерный анализ данных, где выборки из Краснодара и Новороссийска образовывали один кластер (рис. 4).

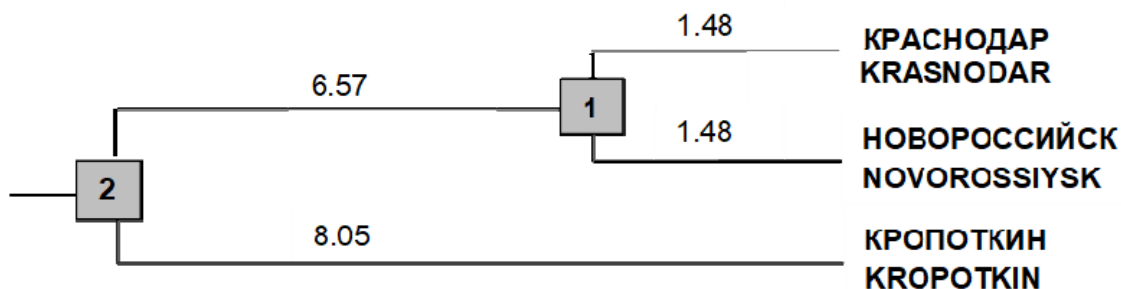


Рисунок 4. Дендрограмма кластерного анализа географических группировок *Stephanitis pyri* в Краснодарском крае

Figure 4. Dendrogram of cluster analysis of *Stephanitis pyri* geographical groupings in Krasnodar Territory

Коэффициент корреляции между географическими и генетическими расстояниями составил $r=0,44$ ($0 < r < 1$), что указывало на слабую прямую связь между этими признаками. В этой связи обнаруженный в популяции грушевой кружевницы незначительный эффект изоляции расстоянием группировок, по-видимому, характеризует внутривидовую изменчивость, связанную с адаптацией насекомых к местным условиям.

Внутривидовое генетическое разнообразие и его структура – это результат комплексного взаимодействия насекомых и среды, зависящий от различных адаптаций (экологических, поведенческих и др.) [18]. Изучение связей с кормовыми растениями является важнейшим моментом в эколого-фаунистических исследованиях. Выбор насекомыми растений для питания определяется совокупностью особенностей, которые могут выступать как в качестве барьера, ограничивающего возможность использования растений для питания, так и фактора, привлекающего насекомых. Кроме того, разделение

трофических ниш наблюдается во многих адаптивных процессах и предполагается, что оно является центральным процессом, лежащим в основе дивергенции видов [19]. Если внутривидовая специализация меняется среди видов и популяций, отражая ряд физиологических, поведенческих и экологических механизмов, это влияет на стабильность популяции, степень внутривидовой конкуренции и способность популяции быстро изменяться. Поэтому в дальнейшем нами был проведен анализ внутривидовых географических группировок грушевой кружевницы, различающихся пищевой специализацией, и оценка в этой связи степени их генетической дифференциации.

Результаты молекулярно-генетического анализа географических группировок *S. pyri*, собранных с различных кормовых растений (яблоня, вишня), представлены на рисунке 5.

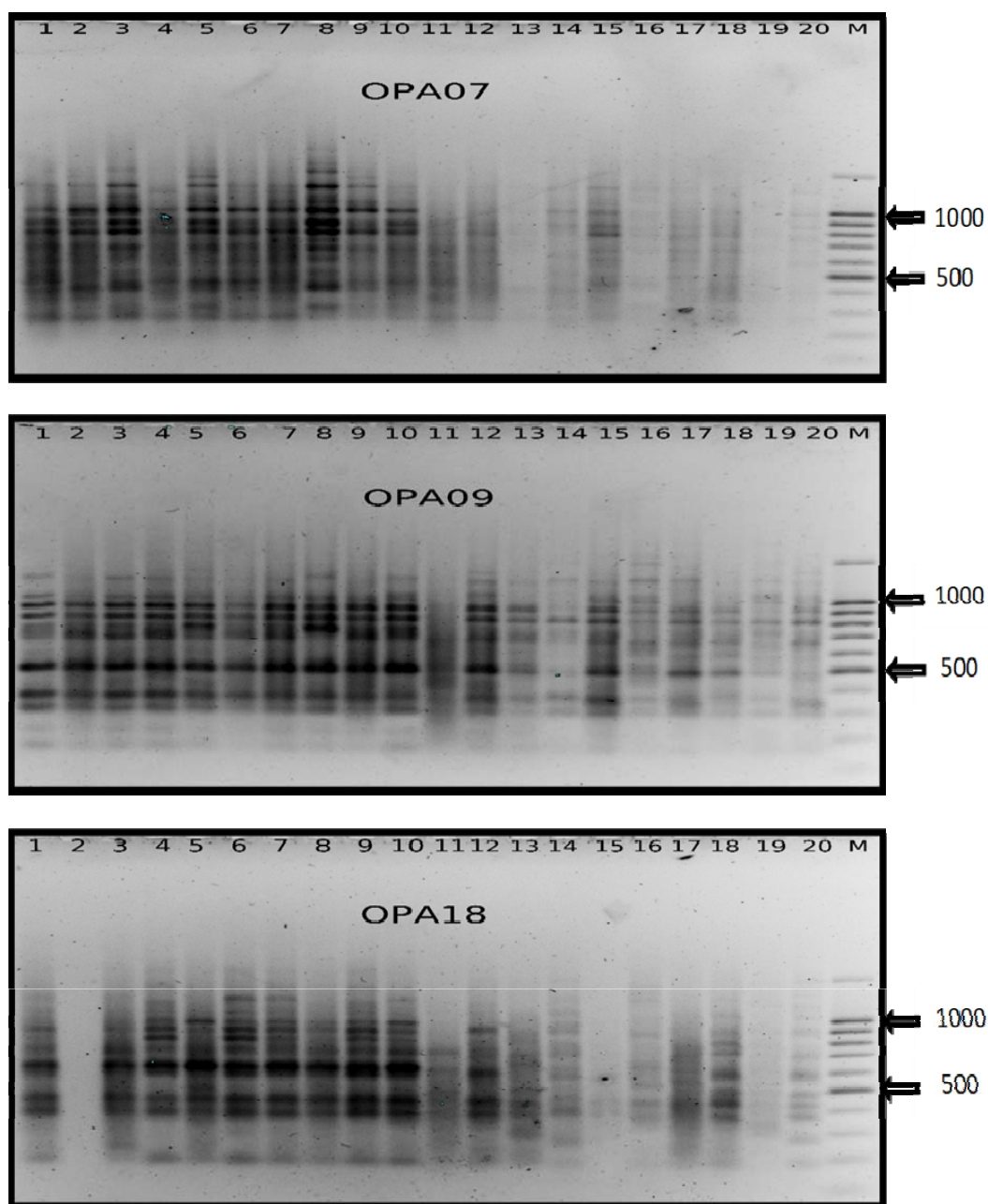


Рисунок 5. Электрофореграммы ДНК кружевницы грушевой с праймерами OPA07, OPA09 и OPA18. Дорожки – ампликоны ДНК насекомых различных трофических выборок г. Кропоткина: 1–10 – вишня, 11–20 – яблоня. М – маркер длин ДНК 100+ bp DNA Ladder (Евроген, Россия)

Figure 5. Electrophoregrams of DNA of pear lace bug with primers OPA07, OPA09 and OPA18.

Paths – DNA amplicons of insects of various trophic samples from the city of Kropotkin: 1–10 – cherry tree, 11–20 – apple tree. M – DNA length marker 100+ bp DNA Ladder (Evrogen, Russia)

Между краснодарскими внутривидовыми трофическими группами клопов по показателям ДНК-полиморфизма и генетического разнообразия (рассчитанного по Шеннону и Нею) не выявлено статистически значимых различий (табл. 3). Основную часть от общего генетического разнообразия ($H_t=0,335$) составило разнообразие внутри трофических групп краснодарской выборки ($H_s=0,319$). Следовательно, на долю изменчивости внутри этих групп приходилось 95,1 %. При этом поток генов ($N_m=9,63$) препятствовал значительной изменчивости между данными группами, доля которой составила 4,9 %, что подтверждается также низким

значением показателя генетической дифференциации ($G_{st} = 0,049$).

Для кропоткинских внутривидовых трофических групп нами выявлены значимые различия по изучаемым показателям (см. табл. 3). Соотношение изменчивости в пределах трофических групп и между ними составило 70 %:30 %. Соответственно, поток генов был низким ($N_m=1,15$) и не являлся препятствием для дифференциации, о чем свидетельствовал высокий показатель дифференциации ($G_{st}=0,302$) этих двух групп насекомых, собранных на разных кормовых объектах.

Таблица 3. Генетическая изменчивость *Stephanitis pyri* (географические и трофические группировки)**Table 3.** Genetic variability of *Stephanitis pyri* (geographical and trophic groupings)

Показатель Indicator	Выборка насекомых / Sample of insects			
	Краснодар Krasnodar		Кропоткин Kropotkin	
	Вишня cherry tree	Яблоня apple tree	Вишня cherry tree	Яблоня apple tree
P	80,9	90,5	38,1	76,2
H±SD	0,33±0,18*	0,30±0,16*	0,15±0,22**	0,30±0,21**
I±SD	0,49±0,25*	0,46±0,21*	0,22±0,31**	0,44±0,28**
Ht±SD	0,335±0,018		0,323±0,027	
Hs±SD	0,319±0,019		0,226±0,019	
Gst	0,049		0,302	
Nm	9,63		1,15	

Примечание: * $t_{факт} \leq t_{05}$ – различия статистически не значимы; ** $t_{факт} \geq t_{05}$ – различия статистически значимы;

P – процент полиморфных локусов (%); H – индекс генетического разнообразия Ней; I – индекс генетического

разнообразия Шеннона; Ht – общее генетическое разнообразие; Hs – генетическое разнообразие внутри групп;

Gst – показатель генетической дифференциации; Nm – показатель потока генов; SD – стандартное отклонение

Note: * $t_{факт} \leq t_{05}$ – differences are not significant; ** $t_{факт} \geq t_{05}$ – differences are significant; P – percentage of polymorphic loci (%);

I – Shannon genetic diversity index; H – Nei genetic diversity index; Ht – total genetic diversity; Hs – genetic diversity within groups;

Gst – genetic differentiation indicator; Nm – indicator of gene flow; SD – standard deviation

Проведенный анализ генетического сходства трофических и географических группировок грушевой кружевницы между собой показал, что значительно отличались кропоткинские выборки насекомых, собранные на яблоне и вишне (GI=0,763; GD=0,270), тогда как наиболее генетически близкими оказались выборки, собранные на обоих видах кормовых растений в Краснодаре (GI=0,965; GD=0,035), а также краснодарская и кропоткинская выборки, собранные на яблоне (GI=0,848; GD=0,165).

Выявленные молекулярно-генетические отличия у группировок клопов, предпочитающих питаться на вишневых деревьях, свидетельствуют о влиянии пищевого фактора на генетическое разнообразие и дифференциацию популяций насекомых. Ведущая роль кормового растения при формировании генетической структуры популяций была также показана другими исследователями на примере комплекса видов-двойников рода *Ostrinia*, характеризующихся перекрывающимися спектрами предпочитаемых видов кормовых растений [20–23]. Так, популяции, собранные на кукурузе и двудольных растениях, трудноразличимы морфологически, но при этом оказались генетически дифференцированы друг от друга в России, Франции и Казахстане, т.е. принадлежат к двум различным видам в зависимости от растения-хозяина – *O. nubilalis* и *O. scapularis*. Это позволяет предположить, что анализируемая нами вишневая трофическая группировка, возможно, является видом-двойником грушевой кружевницы. Также это не исключает возможности дивергенции вида *S. pyri* по признаку трофической специализации в условиях растущей конкуренции с новым инвазивным видом, принадлежащим также семейству Tingidae, – дубовой кружевницей. Перекрывание ареалов обитания и экологических ниш у клопов одного семейства требует более внимательного изучения систематики клопов семейства тингиды и, в частности, грушевой кружевницы при проведении мониторинга и практических мероприятий по защите растений.

Полученные данные характеризуют обобщенное представление о генетике популяции *S. pyri* в Краснодарском крае с ориентацией на трофическую специализацию. Данный молекулярно-генетический

подход (изучение генетического сходства и генетического разнообразия) играет важную роль при мониторинге состояния вида в зависимости от меняющихся условий среды, в том числе в результате конкуренции с новыми инвазивными видами за источники питания, и может служить основой при научных исследованиях дифференциации видов клопов-кружевниц, в том числе возможных видов-двойников.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

С помощью молекулярно-генетических маркеров изучена генетическая изменчивость грушевой кружевницы в Краснодарском крае. Рассчитаны показатели генетической дифференциации между географическими (Gst=0,209) и трофическими (Gst=0,049–0,302) внутривидовыми группами *S. pyri*. Определены уровни изменчивости внутри географических (79,1 %) и трофических группировок (70,0–95,1 %), а также между ними – 20,9 % и 4,9–30 %, соответственно. Отмечен небольшой эффект изоляции расстоянием, который характеризовался слабой зависимостью географических и генетических расстояний между популяционными группами грушевой кружевницы. Показано влияние пищевого фактора на генетическое разнообразие и дифференциацию популяций насекомых на примере кропоткинской трофической группировки клопов, предпочитающих в качестве основного кормового растения вишню обыкновенную *P. cerasus*. Таким образом, возросшая вредоносность и широкое распространение клопа грушевая кружевница, вероятно, обусловлены сочетанием генетической гетерогенности и экологической пластичности вида. Необходимость сдерживания численности и вредоносности вредителя требует дальнейшего изучения эколого-генетической организации изменчивости в популяционной структуре вида в связи с приспособленностью к среде обитания.

БЛАГОДАРНОСТЬ

Исследования выполнены согласно Государственному заданию Министерства науки и высшего образования РФ в рамках НИР по теме № FGRN-2022-0002.

ACKNOWLEDGEMENT

The research was carried out in accordance with the State Assignment of the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation within the framework of research on the topic No FGRN-2022-0002.

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

- Afonin A.N., Greene S.L., Dzyubenko N.I., Frolov A.N. Interactive Agricultural Ecological Atlas of Russia and Neighboring Countries. Economic Plants and their Diseases, Pests and Weeds. URL: <http://www.agroatlas.ru> (дата обращения: 10.07.2023)
- Aysal T., Kivan M. Development and population growth of *Stephanitis pyri* (F.) (Heteroptera: Tingidae) at five temperatures // *Journal of Pest Science*. 2008. Т. 81. С. 135–141. <https://doi.org/10.1007/s10340-008-0198-9>
- Трикоз Н.Н. Вредители декоративных растений парка-памятника «Айвазовское» в Крыму // *Бюллетень Государственного Никитского ботанического сада*. 2017. N 123. С. 51–57.
- Хромова Л.М., Келдыш М.А., Помазков Ю.И. Грушевый клоп вновь опасен // *Защита и карантин растений*. 2008. С. 53–54.
- Neimorovets V.V., Shchurov V.I., Bondarenko A.S., Skvortsov M.M., Konstantinov F.V. First documented outbreak and new data on the distribution of *Corythucha arcuata* (Say, 1832) (Hemiptera: Tingidae) in Russia // *Acta Zoologica Bulgarica*. 2017. N 9. С. 139–142.
- Борисов Б.А., Карпун Н.Н., Бибин А.Р., Грабенко Е.А., Ширяева Н.В., Лянгузов М.Е. Новые данные о трофических связях инвазионного клопа дубовой кружевницы *Corythucha arcuata* (Heteroptera: Tingidae) в Краснодарском крае и Республике Адыгея по результатам исследований в 2018 году // *Субтропическое и декоративное садоводство*. 2018. N 67. С. 188–203. <https://doi.org/10.31360/2225-3068-2018-67-188-203>
- Стрюкова Н.М., Омеляненко Т.З., Голуб В.Б. Дубовая кружевница в Республике Крым // *Защита и карантин растений*. 2019. N 9. С. 43–44.
- Щуров В.И., Замотайлов А.С., Щурова А.В. Особенности сезонного цикла и экологии кружевницы дубовой *Corythucha arcuata* (Say, 1832) (Heteroptera: Tingidae) в природных зонах и высотных поясах Западного Кавказа // *Материалы международной научной конференции «Биосфера и человек»*. Майкоп, 24–25 октября, 2019. С. 118–120.
- Guilbert E., Damgaard J., D'Haese C.A. Phylogeny of the lacebugs (Insecta: Heteroptera: Tingidae) using morphological and molecular data // *Systematic Entomology*. 2014. Т. 39. N. 3. С. 431–441. <https://doi.org/10.1111/syen.12045>
- Беседина Е.Н., Киль В.И. Молекулярно-генетический анализ различных видов клопов-кружевниц (Heteroptera: Tingidae) по RAPD-маркерам // *Садоводство и виноградарство*. 2019. N 6. С. 21–25. <https://doi.org/10.31676/0235-2591-2019-6-21-25>
- Besedina E., Kil V., Ismailov V., Karpunina M. Molecular genetic analysis and phenology of the plane lace bug *Corythucha ciliata* Say (Hemiptera: Tingidae) in different parts of Krasnodar Krai // *BIO Web of Conferences* 21, XI International Scientific and Practical Conference «Biological Plant Protection is the Basis of Agroecosystems Stabilization». 2020. Article number: 00011. <https://doi.org/10.1051/bioconf/20202100011>
- Беседина Е.Н., Киль В.И. ДНК-полиморфизм и генетическое разнообразие популяции дубовой кружевницы (*Corythucha arcuata* Say) в Краснодарском крае // *Вестник Томского государственного университета. Биология*. 2021. N 55. С. 42–57. <https://doi.org/10.17223/19988591/55/3>
- Гриценко Д.А., Хамдиева О.Х., Динасильов А.С., Динасильова Г.А. Разработка метода выделения геномной ДНК из пупарий южноамериканской томатной моли *Tuta absoluta* (Povolny) // *Достижения науки и образования*. 2017. N 8(21). С. 22–28.
- Беседина Е.Н., Киль В.И. Высокоспецифические RAPD-праймеры для ПЦР-анализа клопов-кружевниц (Heteroptera: Tingidae) // *Материалы международной научной конференции «Биосфера и человек»*, Майкоп, 24–25 октября, 2019. С. 17–18.
- Беседина Е.Н., Киль В.И., Карпунин М.Н. Универсальные RAPD- и ISSR-праймеры для ПЦР-анализа клопов-кружевниц (Heteroptera: Tingidae) // *Юбилейный сборник научных трудов XIII международной научно-практической конференции «Состояние и перспективы развития агропромышленного комплекса»*, Ростов-на-Дону, 26–28 февраля, 2020. Т. 1. С. 393–396.
- Yeh F.C., Yang R.C., Boyle T.B.J., Ye Z.H., Mao J.X. Popgene, the user-friendly shareware for population genetic analysis, version 1.31. Computer program and documentation. Edmonton: University of Alberta and Centre for International Forestry Research, 1999. 29 p.
- Slatkin M. Gene flow in natural populations // *Annual Review of Ecology and Systematics*. 1985. Т. 39. С. 53–65.
- Meng X.F., Shi M., Chen X.X. Population genetic structure of *Chilo suppressalis* (Walker) (Lepidoptera: Crambidae): strong subdivision in China inferred from microsatellite markers and mtDNA gene sequences // *Molecular Ecology*. 2008. Т. 17. N 12. С. 2880–2897. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294x.2008.03792.x>
- Galvez J.R., St. John M.E., McLean K., Touokong C.D., Gonwouo L.N., Martin C.H. Trophic specialization on unique resources despite limited niche divergence in a celebrated example of sympatric speciation // *Ecology of Freshwater Fish*. 2022. Т. 31. N 4. С. 675–692. <https://doi.org/10.1111/eff.12661>
- Hoshizaki S., Washimori R., Kubota S.-I., Frolov A.N., Kageyama D., Gomboc S., Ohno S., Tatsuki S., Ishikawa Y. Limited variation in mitochondrial DNA of maize-associated *Ostrinia nubilalis* (Lepidoptera: Crambidae) in Russia, Turkey and Slovenia // *European Journal of Entomology*. 2008. Т. 105. С. 545–552. <http://dx.doi.org/10.14411/eje.2008.073>
- Frolov A.N., Audiot P., Bourguet D., Kononchuk A.G., Malyshev J.M., Ponsard S., Streiff R., Tokarev Y.S. From Russia with lobe: genetic differentiation in trilobed uncus *Ostrinia spp.* follows food plant, not hairy legs // *Heredity*. 2012. Т. 108. N 2. С. 147–56. <https://doi.org/10.1038/hdy.2011.58>
- Грушевая И.В., Малыш Ю.М., Конончук А.Г., Фролов А.Н. Полиморфизм нуклеотидной последовательности митохондриального гена COI популяций видов-двойников рода *Ostrinia* (Lepidoptera: Pyraloidea) // *Вестник защиты растений*. 2016. N 3(89). С. 53–54.
- Yang Z., Plotkin D., Landry J.-F., Storer C., Kawahara A. Revisiting the evolution of *Ostrinia* moths with phylogenomics (Pyraloidea: Crambidae: Pyraustinae) // *Systematic Entomology*. 2021. Т. 46. N 4. С. 827–838. <http://dx.doi.org/10.1111/syen.12491>

REFERENCES

- Afonin A.N., Greene S.L., Dzyubenko N.I., Frolov A.N. [Interactive Agricultural Ecological Atlas of Russia and Neighboring Countries. Economic Plants and their Diseases,

Pests and Weeds]. Available at: <http://www.agroatlas.ru> (accessed 10.07.2023)

2. Aysal T., Kivan M. Development and population growth of *Stephanitis pyri* (F.) (Heteroptera: Tingidae) at five temperatures. *Journal of Pest Science*, 2008, vol. 81, pp. 135–141. <https://doi.org/10.1007/s10340-008-0198-9>
3. Trikoz N.N. A specific composition of pests for the ornamental plants in memorial park «Aivazovskoye». *Byulleten' Gosudarstvennogo Nikitskogo botanicheskogo sada* [Bulletin of the State Nikitsky Botanical Gardens]. 2017, no. 123, pp. 51–57. (In Russian)
4. Hromova L.M., Keldysh M.A., Pomazkov Ju.I. Pear bug is dangerous again. *Zashchita i karantin rastenii* [Plant protection and quarantine]. 2008, pp. 53–54. (In Russian)
5. Neimorovets V.V., Shchurov V.I., Bondarenko A.S., Skvortsov M.M., Konstantinov F.V. First documented outbreak and new data on the distribution of *Corythucha arcuata* (Say, 1832) (Hemiptera: Tingidae) in Russia. *Acta Zoologica Bulgarica*. 2017, no. 9, pp. 139–142.
6. Borisov B.A., Karpun N.N., Bibin A.R., Grabenko E.A., Shiryayeva N.V., Lyanguzov M.E. New data on trophic relations of the invasive oak lace bug *Corythucha arcuata* (Heteroptera: Tingidae) in the Krasnodar region and in the republic of Adygea based on the research findings for the year 2018. *Subtropical and ornamental horticulture*, 2018, no. 67, pp. 188–203. (In Russian) <https://doi.org/10.31360/2225-3068-2018-67-188-203>
7. Stryukova N.M., Omelyanenko T.Z., Golub V.B. *Corythucha arcuata* in the Republic of Crimea. *Zashchita i karantin rastenii* [Plant protection and quarantine]. 2019, no. 9, pp. 43–44. (In Russian)
8. Shchurov V.I., Zamotailov A.S., Shchurova A.V. Osobennosti sezonnogo tsikla i ekologii kruzhevnitsy dubovoi *Corythucha arcuata* (Say, 1832) (Heteroptera: Tingidae) v prirodnykh zonakh i vysoznykh poiyasakh Zapadnogo Kavkaza [Features of the seasonal cycle and ecology of the oak lace bug *Corythucha arcuata* (Say, 1832) (Heteroptera: Tingidae) in natural zones and high-altitude zones of the Western Caucasus]. *Materialy mezhdunarodnoi nauchnoi konferentsii «Biosfera i chelovek»*, Maykop, 24–25 oktyabrya 2019 [Proceedings of International Conference “Biosphere and Man”, Maykop, 24–25 October 2019]. Maykop, 2019, pp. 118–120. (In Russian)
9. Guilbert E., Damgaard J., D’Haese C.A. Phylogeny of the lacebugs (Insecta: Heteroptera: Tingidae) using morphological and molecular data. *Systematic Entomology*, 2014, vol. 39, no. 3, pp. 431–441. <https://doi.org/10.1111/syen.12045>
10. Besedina E.N., Kil V.I. Molecular-genetic analysis of different species of lace bugs (Heteroptera: Tingidae) with RAPD markers. *Horticulture and viticulture*, 2019, no. 6, pp. 21–25. (In Russian) <https://doi.org/10.31676/0235-2591-2019-6-21-25>
11. Besedina E., Kil V., Ismailov V., Karpunina M. Molecular genetic analysis and phenology of the plane lace bug *Corythucha ciliata* Say (Hemiptera: Tingidae) in different parts of Krasnodar Krai. *BIO Web of Conferences 21, XI International Scientific and Practical Conference «Biological Plant Protection is the Basis of Agroecosystems Stabilization»*, 2020, Article number: 00011. <https://doi.org/10.1051/bioconf/20202100011>
12. Besedina E.N., Kil V.I. DNA polymorphism and genetic diversity of the oak lace bug (*Corythucha arcuata* Say) population in Krasnodar Krai. *Tomsk State University Journal of Biology*, 2021, no. 55, pp. 42–57. (In Russian) <https://doi.org/10.17223/19988591/55/3>
13. Gricenko D.A., Hamdieva O.H., Dinasilov A.S., Dinasilova G.A. Development of a method for isolating genomic DNA from puparia of the South American tomato moth *Tuta absoluta* (Povolny). *Dostizheniya nauki i obrazovaniya* [Achievements of science and education]. 2017, no. 8(21), pp. 22–28. (In Russian)
14. Besedina E.N., Kil V.I. Vysokospetsificheskie RAPD–primery dlya PTsR–analiza klopov–kruzhevnits (Heteroptera: Tingidae) [Highly specific RAPD primers for PCR analysis of lace oak bugs (Heteroptera: Tingidae)]. *Materialy mezhdunarodnoi nauchnoi konferentsii «Biosfera i chelovek»*, Maykop, 24–25 oktyabrya 2019 [Proceedings of International Conference “Biosphere and Man”, Maykop, 24–25 October 2019]. Maykop, 2019, pp. 17–18. (In Russian)
15. Besedina E.N., Kil V.I., Karpunin M.N. Universal'nye RAPD– i ISSR–primery dlya PTsR–analiza klopov–kruzhevnits (Heteroptera: Tingidae) [Universal RAPD and ISSR primers for lace bugs PCR analysis (Heteroptera: Tingidae)]. *Yubileinyi sbornik nauchnykh trudov XIII mezhdunarodnoi nauchno–prakticheskoi konferentsii «Sostoyanie i perspektivy razvitiya agropromyshlennogo kompleksa»*, Rostov-na Donu, 26–28 fevralya, 2020 [Anniversary collection of scientific papers of XIII international scientific and practical Conference “State and prospects for the development of the agro-industrial complex”, Rostov-on-Don, 26–28 February 2020]. Rostov-on-Don, 2020, vol. 1, pp. 393–396. (In Russian)
16. Yeh F.C., Yang R.C., Boyle T.B.J., Ye Z.H., Mao J.X. Popgene, the user-friendly shareware for population genetic analysis, version 1.31. Computer program and documentation. Edmonton, University of Alberta and Centre for International Forestry Research Publ., 1999, 29 p.
17. Slatkin M. Gene flow in natural populations. [Annual Review of Ecology and Systematics]. 1985, vol. 39, pp. 53–65.
18. Meng X.F., Shi M., Chen X.X. Population genetic structure of *Chilo suppressalis* (Walker) (Lepidoptera: Crambidae): strong subdivision in China inferred from microsatellite markers and mtDNA gene sequences. *Molecular Ecology*, 2008, vol. 17, no. 12, pp. 2880–2897. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294x.2008.03792.x>
19. Galvez J.R., St. John M.E., McLean K., Touokong C.D., Gonwouo L.N., Martin C.H. Trophic specialization on unique resources despite limited niche divergence in a celebrated example of sympatric speciation. *Ecology of Freshwater Fish*, 2022, vol. 31, no. 4, pp. 675–692. <https://doi.org/10.1111/eff.12661>
20. Hoshizaki S., Washimori R., Kubota S.–I., Frolov A.N., Kageyama D., Gomboc S., Ohno S., Tatsuki S., Ishikawa Y. Limited variation in mitochondrial DNA of maize-associated *Ostrinia nubilalis* (Lepidoptera: Crambidae) in Russia, Turkey and Slovenia. *European Journal of Entomology*, 2008, vol. 105, pp. 545–552. <http://dx.doi.org/10.14411/eje.2008.073>
21. Frolov A.N., Audiot P., Bourguet D., Kononchuk A.G., Malysh J.M., Ponsard S., Streiff R., Tokarev Y.S. From Russia with lobe: genetic differentiation in trilobed uncus *Ostrinia spp.* follows food plant, not hairy legs. *Heredity*, 2012, vol. 108, no. 2, pp. 147–56. <https://doi.org/10.1038/hdy.2011.58>
22. Grushevaja I.V., Malysh Ju.M., Kononchuk A.G., Frolov A.N. Polymorphism of nucleotide sequence of mitochondrial COI gene of cryptic species populations of the genus *Ostrinia* (Lepidoptera: Pyraloidea) *Vestnik zashchity rastenii* [Herald of plant protection]. 2016, no. 3(89), pp. 53–54. (In Russian)
23. Yang Z., Plotkin D., Landry J.–F., Storer C., Kawahara A. Revisiting the evolution of *Ostrinia* moths with phylogenomics (Pyraloidea: Crambidae: Pyraustinae). *Systematic Entomology*, 2021, vol. 46, no. 4, pp. 827–838. <http://dx.doi.org/10.1111/syen.12491>

КРИТЕРИИ АВТОРСТВА

Екатерина Н. Беседина и Владимир И. Киль собрали биоматериал, провели молекулярно-генетические исследования, выполнили обработку и анализ экспериментальных данных. Оба автора в равной степени участвовали в написании рукописи и несут ответственность при обнаружении плагиата, самоплагиата или других неэтических проблем.

КОНФЛИКТ ИНТЕРЕСОВ

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

AUTHOR CONTRIBUTIONS

Ekaterina N. Besedina and Vladimir I. Kil collected biomaterial, conducted molecular genetic studies and carried out the processing and analysis of experimental data. Both authors are equally participated in the writing of the manuscript and are responsible for plagiarism, self-plagiarism and other ethical transgressions.

NO CONFLICT OF INTEREST DECLARATION

The authors declare no conflict of interest.

ORCID

Екатерина Н. Беседина / Ekaterina N. Besedina <https://orcid.org/0000-0002-9976-5614>

Владимир И. Киль / Vladimir I. Kil <https://orcid.org/0000-0002-3762-9019>