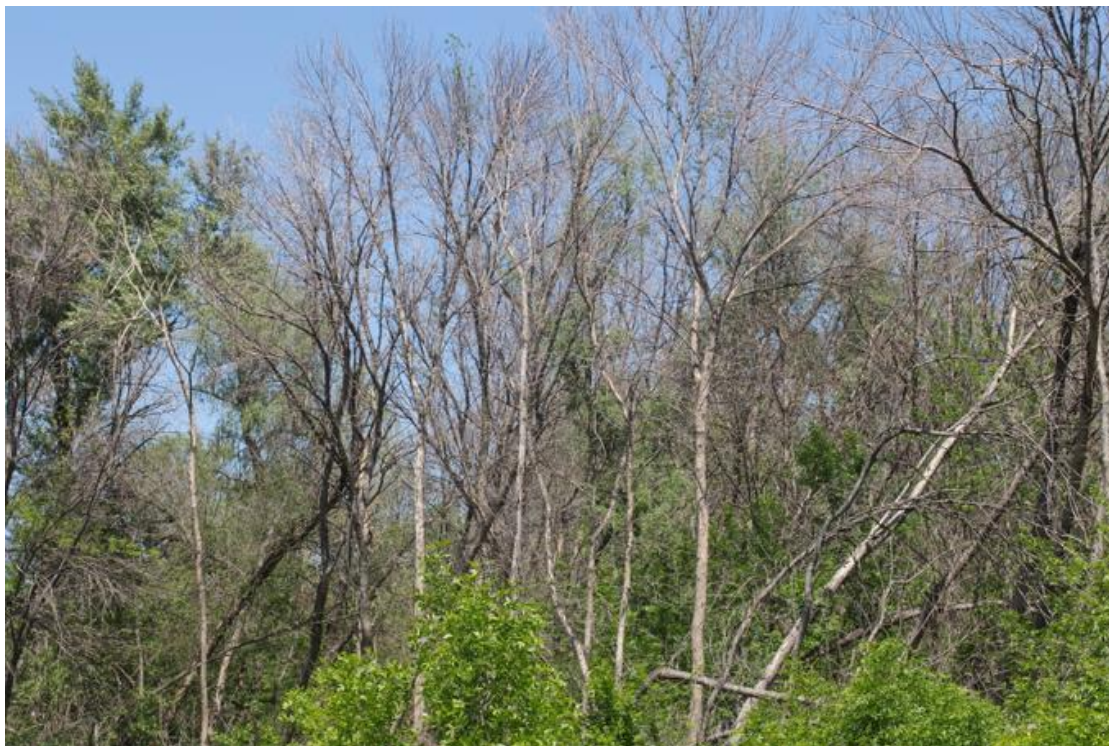


Приложение № 5

Микроорганизмы из кишечника насекомых-вредителей могут помочь в борьбе с ними



Этот лес уничтожен ясеновой изумрудной узкотелой златкой.

Источник: Евгений Комаров.

Ученые описали видовой состав микроорганизмов в кишечнике личинок ясеновой изумрудной узкотелой златки. Это насекомое, аборигенное для Азии, сейчас активно распространяется в Европе и Северной Америке и уничтожает ясени, поэтому важно контролировать численность его популяции. Этому, в частности, могут помочь представители кишечного микробиома, поскольку среди них авторы обнаружили потенциально опасных для жука бактерий-паразитов. Результаты исследования, поддержанного грантом Российского научного фонда (РНФ), опубликованы в журнале *Forests*.

Распространение инвазивных видов – острая проблема современной экологии: отсутствие приспособленности местных организмов к вселенцам приводит к значительному ущербу для экосистемы. Так, ясеновая изумрудная узкотелая златка, исторически обитавшая на территории Кореи, Китая, Японии и Дальнего Востока, в начале XXI века распространилась в Северной Америке и европейской части России. Ее личинки повреждают проводящую систему ясеней, препятствуя току питательных веществ от листьев к корням, а также потенциально могут быть опасны для оливковых деревьев. Внедрение златки в Северную Америку и Европу привело к катастрофическим последствиям: погибли сотни миллионов деревьев. Златка внесена в список 20 наиболее

опасных для Евросоюза карантинных вредителей и активно изучается специалистами во всем мире.

Российские ученые из Института проблем экологии и эволюции имени А.Н. Северцова РАН (Москва) впервые описали микробиом личинок ясеневой изумрудной узкотелой златки в европейской части России. Личинки были собраны в Московской области под корой ясеня пенсильванского. Видовой состав микроорганизмов авторы определили генетическими методами с использованием секвенирования, то есть определения нуклеотидной последовательности ДНК. Исследователи расшифровали определенный участок генома, а затем сопоставили полученные последовательности с уже известными базами данных.

Обнаруженная ДНК принадлежала бактериям из 39 различных семейств. Три из них, самые многочисленные, – это Pseudomonadaceae, Erwinaceae и Enterobacteriaceae. В предыдущих работах зарубежных ученых было показано, что эти же семейства характерны для других популяций златки этого вида. Таким образом, данные бактерии можно назвать основой микробиома этого насекомого.

Кроме того, при секвенировании авторы обнаружили гены бактерий из рода риккетсий. Это внутриклеточные симбионты, характерные для многих семейств насекомых и обнаруженные ранее у других видов. Так, показано, что у табачной белокрылки риккетсии повышают плодовитость и помогают ей адаптироваться к условиям среды. Помимо риккетсий в микробиоме были найдены и потенциальные патогены жука – риккетсиеллы. Важно, что большое количество ДНК риккетсиелл было обнаружено в мертвых златках, и эти бактерии, возможно, стали причиной гибели вредителей.

«Нашествие ясеневой изумрудной узкотелой златки на европейскую часть России и Северную Америку – яркий пример биологической инвазии. Наше исследование может дать ключ к разработке биологических методов борьбы с этим насекомым. Мы сфокусировались на поиске бактерий и грибов, ассоциированных со златкой, а также на поиске паразитических червей-нематод в ее организме. Сейчас запланирован сбор и анализ личинок на Дальнем Востоке, в естественном ареале обитания вредителя» – рассказывает руководитель проекта, поддержанного грантом РНФ, Марина Орлова-Беньковская, доктор биологических наук, старший научный сотрудник ИПЭЭ РАН.

Елизавета Еремеева