

УДК 575.1:577.2:595.773.4

**СРАВНИТЕЛЬНОЕ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКОЕ  
ИССЛЕДОВАНИЕ АЗИАТСКИХ ПОПУЛЯЦИЙ  
*DROSOPHILA MERCATORUM* (DIPTERA; DROSOPHILIDAE)  
ПО ФРАГМЕНТУ ГЕНА COI И УЧАСТКУ ITS1-ITS2 ГЕНОВ рРНК**

© 2014 г. **А.В. Иванников, О.В. Ваулин, Ю.А. Коромыслов, И.К. Захаров**

Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт цитологии и генетики  
Сибирского отделения Российской академии наук, Новосибирск, Россия,  
e-mail: IvAn@bionet.nsc.ru

Поступила в редакцию 27 августа 2013 г. Принята к публикации 2 сентября 2013 г.

Вид неотропического происхождения, *Drosophila mercatorum*, представлен двумя подвидами – *mercatorum* и *pararepleta*. Синантропный подвид *D. mercatorum mercatorum* проник в Евразию в середине XX в. и к настоящему моменту широко распространился на территории Европы и бывшего СССР. Материалом для исследования были сборы *D. m. mercatorum* из природных азиатских популяций, лабораторная линия *D. mercatorum* № 2328 (имеющая некоторые морфологические отличия от азиатских диких), образцы видов *D. busckii* и *D. virilis* и последовательность гена COI *D. mercatorum* № DQ471607 из базы данных NCBI. Образцы были изучены на изменчивость последовательностей ДНК, используемых для определения видовой принадлежности, фрагмента гена 1-й субъединицы цитохромоксидазы (COI) и участка ITS1-ITS2 генов рРНК. По участку гена COI азиатские образцы *D. m. mercatorum* были идентичны между собой, но отличались как от образца линии № 2328, так и от последовательности из базы данных ДНК. По участку ITS1-ITS2 азиатские популяции *D. m. mercatorum* и линия № 2328 оказались идентичны. Малая степень различий по нуклеотидной последовательности фрагмента гена COI и отсутствие различий по участку ITS1-ITS2 генов рРНК указывают на то, что различия между азиатскими популяциями *D. m. mercatorum* и морфологически отличной линией № 2328 не выходят за рамки внутривидового разнообразия.

**Ключевые слова:** *Drosophila mercatorum*, инвазивный вид, популяция, ген, COI, ITS1-ITS2.

## ВВЕДЕНИЕ

Неотропический вид *Drosophila* (*Drosophila*) *mercatorum* Patterson et Wheeler, 1942 внутри рода *Drosophila* относится к одноименному подроду, к группе видов *repleta*, а внутри группы *repleta* – к подгруппе *mercatorum* (Wasserman, 1982). Впервые вид *Drosophila mercatorum* был отмечен на Евразийском континенте в 1953 г. в Барселоне, Испания (Prevosti, 1953). В последние два десятилетия *Drosophila mercatorum* встречались в небольших количествах в сборах дрозофилид в Испании и на Канарских о-вах (Monclús, 1964, 1976). В начале 1980-х гг. распространение вида в Старом Свете оставалось в границах Западного Средиземноморья (David,

Tsacas, 1980; Bächli, Rocha Pite, 1981; Wheeler, 1981; Monclús, 1984).

С начала 1990-х гг., судя по публикациям, происходила экспансия вида из Западного Средиземноморья на север Европы – в Великобританию (Bennett et al., 1995), Нидерланды (Kraaijeveld, 1992) и на восток, вглубь континента – Украину и Западную Сибирь (Ivannikov et al., 1993, 1998; Ivannikov, Zakharov, 1995). В 1994 г. вид *D. mercatorum* был впервые отмечен нами в Средней Азии – в Таджикистане (Ivannikov, Zakharov, 1995). В 2000 г. вид *D. mercatorum* был впервые обнаружен на Дальнем Востоке России, в г. Владивостоке, энтомологом Василием Сергеевичем Сидоренко и включен им в «Определитель насекомых Даль-

него Востока России» (Сидоренко, 2001). Таким образом, в течение последнего десятилетия XX в. вид *Drosophila mercatorum* заселил всю территорию Северной Евразии с запада на восток. За прошедшие два десятилетия нами были собраны образцы *D. mercatorum* в разных популяциях Западной Сибири и Средней Азии.

В фонде линий дрозофил лаборатории генетики популяций ИЦиГ СО РАН (Новосибирск) с середины 1980-х гг. содержится линия *Drosophila mercatorum* под номером 2328, полученная профессором Л.И. Корочкиным из фонда в Боулинг-Грин, США. В своих работах мы использовали эту линию для морфологического сравнения и постановки проверочных скрещиваний с представителями нового для фауны бывшего СССР вида, обнаруженными нами на Украине, в Средней Азии и в Западной Сибири (Новосибирск). Проверочные скрещивания в обоих направлениях во всех случаях демонстрировали полную репродуктивную совместимость, что в совокупности с морфологическими критериями дало нам основания определить обнаруженный вид как *Drosophila mercatorum*.

Необходимо отметить только одно морфологическое отличие *Drosophila mercatorum* азиатских популяций от мух линии № 2328 – это степень пигментации внешних покровов: мухи линии № 2328 более темные, имеют коричневую окраску, черные пятна и полосы и по общему цвету хитина приближаются к видам *Drosophila repleta* и *Drosophila virilis*, тогда как азиатские *D. mercatorum* – желтые и светло-коричневые, с серыми пятнами и полосами и по цвету похожи на *Drosophila busckii* и *Drosophila immigrans*.

Основываясь на том факте, что климатические условия континентальной Палеарктики (Западная Сибирь и Тянь-Шань) из всех планетарных областей обитания синантропных дрозофил в наибольшей степени отличаются от климатических условий неотропической Амазонии, а также и в связи с некоторыми различиями по окраске между имеющимися у нас азиатскими образцами *D. mercatorum* и мухами линии № 2328, мы сформулировали рабочую гипотезу, согласно которой азиатские линии *D. mercatorum* и фондовая линия № 2328 являются самостоятельными видами или подвидами, и проверяли эту гипотезу путем выявления возможных различий между ними на уровне ДНК.

## МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Материалом для исследования послужили линия № 2328 *Drosophila mercatorum*, а также линии, основанные оплодотворенными в природе самками *Drosophila mercatorum*. Для этих линий, а также для представителей ряда других видов дрозофил было проведено секвенирование фрагментов гена COI мтДНК и участка ITS1-IRS2 генов рРНК (табл. 1).

Выделение ДНК производилось из имаго мух индивидуально по стандартной методике (Bender *et al.*, 1983). Для полимеразной цепной реакции (ПЦР) фрагмента гена COI (первая субъединица цитохромоксидазы) мы успешно использовали праймеры, подобранные ранее для комаров рода *Anopheles* (Ваулин, Новиков, 2012). Состав праймеров – 5'-CGAGG-AATAG-TAGGA-АСТТС-3' (прямой) и 5'-СТГТА-ААТАТ-GTGAT-GAGCT-3' (обратный).

Состав реакционной смеси для ПЦР фрагмента гена COI: 1×PCR-buffer; 4 mM MgCl<sub>2</sub>; 0,4 mM каждого dNTP; 1 mM каждого праймера и 1 ед. Taq-полимеразы. Температурный режим ПЦР: денатурация при 94 °C – 1 мин; отжиг при 50 °C – 1 мин; полимеризация при 72 °C – 1 мин; в последнем цикле стадия полимеризации продолжалась 5 мин при 72 °C.

Для ПЦР и секвенирования ITS1-ITS2 использовались 4 праймера, подобранные по данным анализа последовательностей генов рРНК *Drosophila melanogaster*, *D. virilis* и *D. pseudoobscura*, представленных в базе данных ДНК NCBI. Пара праймеров (5'-AGGTG-AACTG-CGGAA-CGGAA-GGATC-3' – прямой и 5'-GAGTG-ATCCA-CCGCT-TAGAG-3' – обратный) использовалась для ПЦР участка ITS1. Пара праймеров (5'-СТСТА-AGCGG-TGGAT-CACTC-3' – прямой и 5'-AGTCC-SATAT-GAGTT-GAGGT-TG-3' – обратный) – для ПЦР участка ITS2. Прямой праймер на участок ITS1 и обратный праймер на участок ITS2 использовались для наработки участка ITS1-ITS2 целиком и адекватного секвенирования участка 5,8S. Состав реакционной смеси для ПЦР всех трех нарабатываемых фрагментов, соответствующих участку ITS1-ITS2, был идентичен таковому при ПЦР фрагмента гена COI, за исключением состава праймеров. Температурный режим при ПЦР отличался

Таблица 1

## Характеристика изученного материала

Географическое происхождение и год основания линии	Условное обозначение; вид, подвид	Изученность по фрагменту гена COI	Изученность по участку ITS1-ITS2 генов рРНК
Бишкек, 2004	D10 <i>D. m. mercatorum</i>	+	+
Бишкек, 2004	D12 <i>D. m. mercatorum</i>	+	–
Новосибирск, 2005	D4 <i>D. m. mercatorum</i>	+	–
Новосибирск, 2005	D7 <i>D. m. mercatorum</i>	+	–
Томск, 2006	D5 <i>D. m. mercatorum</i>	–	+
Томск, 2006	D6 <i>D. m. mercatorum</i>	+	–
Томск, 2006	D8 <i>D. m. mercatorum</i>	+	–
Томск, 2006	D9 <i>D. m. mercatorum</i>	+	–
Томск, 2006	D11 <i>D. m. mercatorum</i>	+	–
Томск, 2006	D13 <i>D. m. mercatorum</i>	+	–
Томск, 2006	D14 <i>D. m. mercatorum</i>	+	–
Томск, 2006	D15 <i>D. m. mercatorum</i>	+	–
Неизвестно	D1 <i>D. m. mercatorum</i> , линия 2328	+	+
Неизвестно	D2 <i>D. virilis</i>	–	+
Неизвестно	D18 <i>D. busckii</i>	+	+

от температурного режима при ПЦР гена COI температурой отжига – 57 °С. Секвенирование проводилось с использованием ресурсов ЦКП «Геномика» СО РАН г. Новосибирск, <http://sequest.niboch.nsc.ru>. Изученные последовательности представлены в базе данных ДНК EMBL (<http://www.ebi.ac.uk/ena/>) под номерами: HG798333-HG798350.

На основе полученных последовательностей с помощью программы NETWORK 4.6.0.0. (Vandelt *et al.*, 1999) по фрагменту гена COI была построена медианная сеть. По последовательностям гена COI и участка генов рРНК с помощью программы MEGA5 построены дендрограммы (Tamura *et al.*, 2011).

Также в анализ была включена последовательность фрагмента гена COI *Drosophila mercatorum* из базы данных ДНК (номер DQ471607). Географическое происхождение этого образца в базе данных не указано. Поскольку образец обозначен как *Drosophila mercatorum*, следовательно, он принадлежит номинальному подвиду – *Drosophila mercatorum mercatorum*, так как при упоминании ненормального подвида всегда указывается его второе подвидовое название, отличное от первого, видового.

## РЕЗУЛЬТАТЫ

Для гена COI у изученных нами образцов *D. mercatorum* и *D. busckii* получены последовательности участка гена длиной 720 п.н. Делеций/вставок нуклеотидов не выявлено.

Построена медианная сеть по фрагменту гена COI для представителей вида *D. mercatorum* (рис. 1). С помощью алгоритма максимального правдоподобия построены дендрограммы как по участку гена COI, так и по участку генов рРНК (рис. 2, 3, 4).

Отметим, что все изученные азиатские образцы *D. mercatorum* идентичны по нуклеотидной последовательности рассматриваемого фрагмента гена COI. Образец из базы данных и имеющаяся у нас линия № 2328 *D. mercatorum* отличаются от азиатских образцов на одну аминокислотную замену, а друг от друга – на две.

## ОБСУЖДЕНИЕ

Последовательности генов COI и участков транскрибируемых спейсеров генов рРНК широко используются для определения видового статуса групп особей. Гены мтДНК эволюцио-

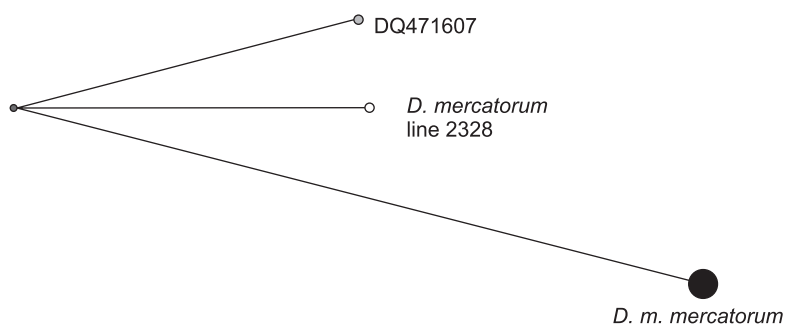


Рис. 1. Медианная сеть по фрагменту гена COI *D. mercatorum*.

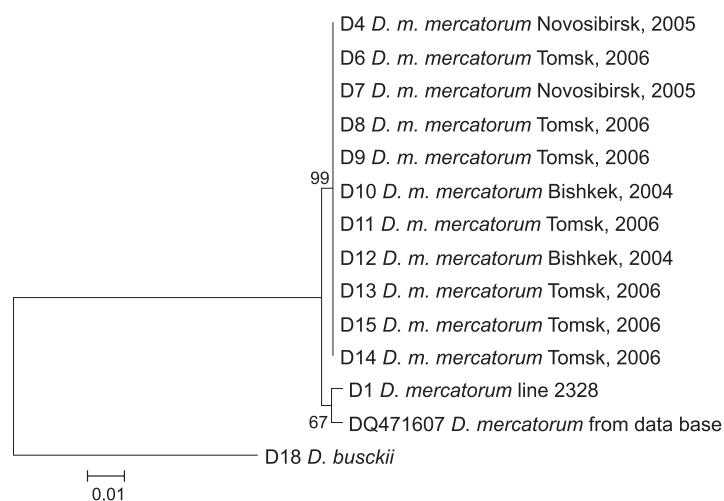


Рис. 2. Дендрограмма, построенная методом максимального правдоподобия при 1000 итераций бутстрепа по последовательности ДНК участка гена COI, для образцов *D. mercatorum*; укоренена на *D. busckii*.

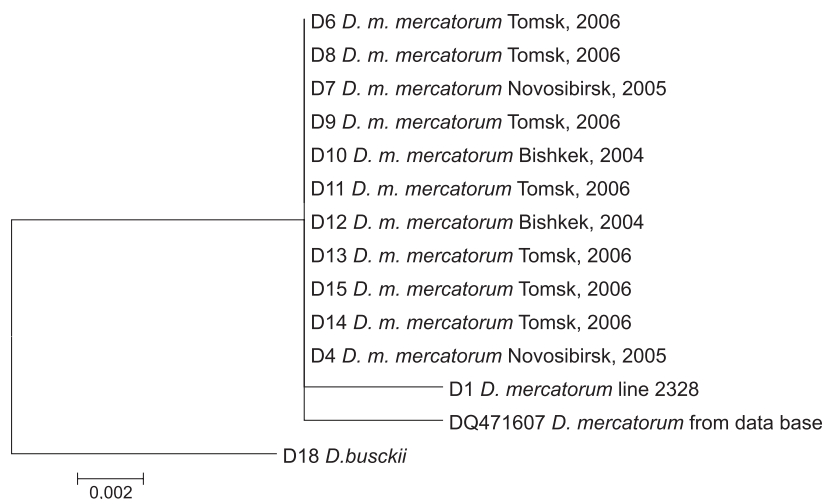
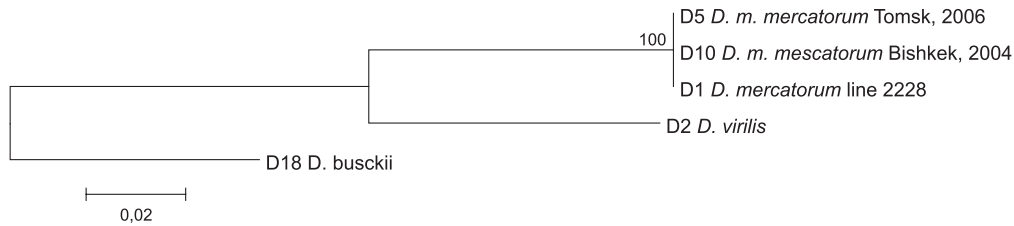


Рис. 3. Дендрограмма, построенная методом максимального правдоподобия по установленной для участка гена COI соответствующей аминокислотной последовательности, для образцов *D. mercatorum*; укоренена на *D. busckii*. В связи с тем, что большая часть последовательностей идентична, а остальные несут уникальные (т. е. не повторяющиеся у других образцов) аминокислотные замены, бутстреп не проводился.



**Рис. 4.** Дендрограмма, построенная методом максимального правдоподобия при 1000 итераций бутстрепа по последовательности ДНК участка ITS1-ITS2 генов рРНК, для образцов *D. mercatorum*; укоренена на *D. virilis* и *D. busckii*.

нируют относительно быстро и для них в общем случае характерен большой эффект дрейфа генов по сравнению с ядерными аутосомными генами (Алтухов, Салменкова, 2002; Алтухов, 2003). В связи с этим при расхождении близких видов в какой-то момент времени должно произойти и расхождение по митохондриальным генам. В частности, технология ДНК-баркодинга предполагает, что расхождение особей из двух общностей на генетическое расстояние Кимуры (Kimura, 1980) 0,02 по гену COI достигается за 1 млн лет эволюции, это время, необходимое и достаточное для разделения на отдельные виды (Hebert *et al.*, 2003). Однако в парах наиболее близких видов расхождение по мтДНК может не наблюдаться. В частности, отсутствует дифференциация по участку гена ND5 мтДНК между хромосомными формами *Anopheles funestus* (Michel *et al.*, 2005). Аналогично отсутствует расхождение по гену COI у видов А и В *Anopheles messeae* (Ваулин, Новиков, 2010, 2012). В то же время в пределах одного вида может существовать несколько обособленных кластеров гаплотипов мтДНК, ассоциированных с разными штаммами эндосимбионта *Wolbachia* (Hurst, Jiggins, 2003; Илинский, Захаров, 2007). Значения мер генетических расстояний Кимуры для изученных нами образцов приведены в табл. 2. По данным таблицы видно, что дифференциация

по гену COI для образцов *D. mercatorum* составляет 0,006–0,008, т. е. не превышает «условно-видовой» уровень в 0,02. В то же время генетические расстояния между различными вариантами последовательности фрагмента гена COI *D. mercatorum*, с одной стороны, и последовательностью фрагмента гена COI *D. busckii*, с другой стороны, составляют около 0,15, т. е. значительно превышают этот порог.

Изменчивость по кластеру генов рРНК в большей степени ассоциирована с видовой принадлежностью особей. Это связано с тем, что гены рРНК представляют собой умеренные повторы, для которых характерен эффект согласованной эволюции повторов (Dover, Flavell, 1984). В общем случае все особи одного вида имеют одинаковый набор нуклеотидных замен в кластере генов рРНК или же сохраняют в геноме несколько основных вариантов последовательностей этих генов без эффектов генетического расщепления в популяциях (Beebe *et al.*, 2001; Wilkerson *et al.*, 2004). Очень близкие виды А и В *Anopheles messeae* различаются по 5 нуклеотидным заменам в участке ITS2 генов рРНК (Новиков и др., 2004; Ваулин, Новиков, 2010). Можно ожидать, что если образцы *D. mercatorum* являются разными видами *de facto*, то между ними будут наблюдаться различия по участку ITS1-ITS2 генов рРНК. Тем не

**Таблица 2**

Значения генетических расстояний Кимуры между последовательностями гена COI изучаемых образцов

Образцы и их группы	Линия 2228 <i>D. mercatorum</i>	Последовательность № DQ471607 <i>D. mercatorum</i>	<i>D. busckii</i>
Азиатские образцы <i>D. mercatorum</i>	0,008	0,008	0,149
Линия 2228 <i>D. mercatorum</i>		0,006	0,153
Последовательность № DQ471607			0,150

менее различий по этому участку генома между проанализированными образцами выявлено не было. Таким образом, наша рабочая гипотеза о том, что азиатские *Drosophila mercatorum* могут рассматриваться в качестве самостоятельного вида, подтверждения не получила.

Обратим внимание на особенность изменчивости по митохондриальному гену COI у изученных нами азиатских образцов *Drosophila mercatorum*. Единообразие по этому участку ДНК всех изученных нами евразийских образцов можно интерпретировать как прохождение через «бутылочное горлышко» группы мигрантов, попавших в Евразию более полувека назад. В то же время малое количество информации об изменчивости гена COI *D. mercatorum* в неазиатских популяциях не позволяет считать этот вывод в высокой степени обоснованным.

Работа выполнена при финансовой поддержке по базовому проекту № VI.53.1.2.

## ЛИТЕРАТУРА

- Алтухов Ю.П. Генетические процессы в популяциях. М.: ИКЦ «Академкнига», 2003. 431 с.
- Алтухов Ю.П., Салменкова Е.А. Полиморфизм ДНК в популяционной генетике // Генетика. 2002. Т. 38. № 9. С. 1173–1195.
- Ваулин О.В., Новиков Ю.М. Географическая изменчивость ITS2 рДНК и COI мтДНК и криптические виды малярийного комара *Anopheles messeae* Fall. (Diptera: Culicidae) // Информ. вестн. ВОГиС. 2010. Т. 14. № 3. С. 546–557.
- Ваулин О.В., Новиков Ю.М. Полиморфизм и межвидовая изменчивость нуклеотидной последовательности гена субъединицы I цитохромоксидазы (COI) у видов-двойников А и В *Anopheles messeae* и *An. beklemishevi* (Diptera: Culicidae) // Вавилов. журн. генет. и селекции. 2012. Т. 16. № 2. С. 358–368.
- Илинский Ю.Ю., Захаров И.К. Характеристика инфицированных цитоплазматическим эндосимбиотом *Wolbachia* популяции *Drosophila melanogaster* Умани // Докл. АН. 2007. Т. 413. № 4. С. 561–563.
- Новиков Ю.М., Шевченко А.И., Ваулин О.В. О молекулярно-генетической дивергенции криптических видов таксона *Anopheles messeae* (Diptera: Culicidae) и филогении комплекса *maculipennis* // Вестн. Томского гос. ун-та. Приложение. Томск: ТГУ, 2004. № 10. С. 69–77.
- Сидоренко В.С. Семейство Drosophilidae // Определитель насекомых Дальнего Востока России. Владивосток: Дальнаука, 2001. Т. VI. Ч. 2. С. 211–241.
- Bächli G., Rocha Pite M.T. Drosophilidae of the Palearctic Region // The Genetics and Biology of *Drosophila* / Ed. M. Ashburner, H.L. Carson, J.N. Thompson Jr. V. 3a, Acad. Press, 1981. P. 169–196.
- Bandelt H.-J., Forster P., Rohl A. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies // Mol. Biol. Evol. 1999. V. 16. No. 1. P. 37–48.
- Beebe N.W., Maung J., van den Hurk A.F., Ellis J.T., Cooper R.D. Ribosomal DNA spacer genotypes of the *Anopheles bancroftii* group (Diptera: Culicidae) from Australia and New Guinea // Insect Mol. Biol. 2001. V. 10. No. 5. P. 407–414.
- Bender W., Spierer P., Hognes D.S., Chambon P. Chromosomal walking and jumping to isolate DNA from *Ace* and *rosy* loci of *bithorax* loci in *Drosophila melanogaster* // J. Mol. Biol. 1983. V. 168. No. 1. P. 17–33.
- Bennett H.J., Jenkinson L.S., Davis A.J. *Drosophila mercatorum* Patterson & Wheeler 1942 (Diptera: Drosophilidae): first record for the British Isles // Drosophila Inform. Serv. 1995. V. 76. P. 94–95.
- David J.R., Tsacas L. Cosmopolitan, subcosmopolitan and widespread species: different strategies within the Drosophilid family (Diptera) // C. R. Soc. Biogeogr. 1980. V. 57. No. 1. P. 11–26.
- Dobzhansky Th., Pavan C. Studies on Brazilian species of *Drosophila* / Separata do Bol. Facul. Fil. Cien. e Letr. Univ. S. Paulo, № 36 // Biologia Geral. 1943. No. 4. 72 p., with 7 plates.
- Dover G., Flavell R. Molecular coevolution: DNA divergence and the maintenance of function // Cell. 1984. V. 38. Is. 3. P. 622–623.
- Hebert P.D.N., Cywinska A., Ball S., deWaard J.R. Biological identifications through DNA barcodes // Proc. Roy. Soc. London. 2003. Ser. B. V. 270. P. 313–321.
- Hurst G.D.D., Jiggins F.M. Problems with mitochondrial DNA as a marker in population, phylogeographic and phylogenetic studies: the effects of inherited symbionts // Proc. Roy. Soc. B-Biol. Sci. 2005. V. 272. P. 1525–1534.
- Ivannikov A.V., Zakharov I.K. Distribution of *Drosophila mercatorum* into Eurasian continent // Drosophila Inform. Serv. 1995. No. 76. P. 107.
- Ivannikov A.V., Katokhin A.V., Sidorenko V.S. List of Drosophilidae (Diptera) of West Siberia // Far Eastern Entomol. 1998. No. 57. P. 12–16.
- Ivannikov A.V., Zakharov I.K., Skibitsky E.E. Synantropic *Drosophila* species in the Ukraine and Moldova // Drosophila Inform. Serv. 1993. No. 72. P. 87.
- Kimura M. A simple method for estimating evolutionary rate of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences // J. Mol. Evol. 1980. V. 16. P. 111–120.
- Kraaijeveld A.R. First record of *Drosophila mercatorum* (Diptera: Drosophilidae) in northwestern Europe // Entomologische Berichten, Amsterdam. 1992. V. 52. P. 32. (цит. по: Bennett H.J., Jenkinson L.S., Davis A.J., 1995).
- Michel A.P., Guelbeogo W.M., Grushko O.B. et al. Molecular differentiation between chromosomally defined incipient species of *Anopheles funestus* // Insect Mol. Biol. 2005. V. 14. No. 4. P. 375–387.
- Monclús M. Distribución y ecología de *Drosophilidos* en España. I. Especies de *Drosophila* de la región Catalana // Genét. Ibér. 1964. V. 16. P. 143–165.
- Monclús M. Distribución y ecología de *Drosophilidos* en España. II Especies de *Drosophila* de las Islas Canarias, con la descripción de una nueva especie // Biol. R. Soc. Espanola Hist. Nat. (Biol.). 1976. V. 74. P. 197–213.

- Monclús M. Drosophilidae of Madeira, with the description of *Drosophila madeirensis* n. sp. // *Soderdruck aus Z. f. zool. Systematik u. Evolutionstorschung*. 1984. Bd. 22. H. 2. S. 94–103.
- Patterson J.T., Wheeler M.R. Description of new species of the subgenera *Hirtodrosophila* and *Drosophila* // *Univ. Texas Publ.* 1942. V. 4213. P. 67–109.
- Prevosti A. Two newly introduced species of *Drosophila* found in Europe // *Drosophila Inform. Serv.* 1953. V. 27. P. 110.
- Tamura K., Peterson D., Peterson N. *et al.* MEGA5: Molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods // *Mol. Biol. Evol.* 2011. V. 28. No. 10. P. 2731–2739.
- Wasserman M. Evolution of the *repleta* Group // *The Genetics and Biology of Drosophila* / Ed. M. Ashburner, H.L. Carson, J.N. Thompson Jr. Acad. Press, 1982. V. 3b. P. 61–139.
- Wheeler M.R. The Drosophilidae: A Taxonomic Overview // *The Genetics and Biology of Drosophila* / Ed. M. Ashburner, H.L. Carson, J.N. Thompson Jr. Acad. Press, 1981. V. 3a. P. 1–97.
- Wilkerson R.C., Reinert J.F., Li C. Ribosomal DNA ITS2 sequences differentiation six species in the *Anopheles crucians* complex (Diptera: Culicidae) // *J. Med. Entomol.* 2004. V. 41. No. 3. P. 392–401.

**THE COMPARATIVE MOLECULAR GENETICAL STUDY  
OF ASIAN POPULATIONS OF *DROSOPHILA MERCATORUM*  
(DIPTERA; DROSOPHILIDAE) ON THE COI GENE  
AND ITS1-ITS2 rRNA GENES FRAGMENTS**

**A.V. Ivannikov, O.V. Vaulin, Yu.A. Koromyslov, I.K. Zakharov**

Institute of Cytology and Genetics SB RAS, Novosibirsk, Russia,  
e-mail: IvAn@bionet.nsc.ru

**Summary**

The *Drosophila mercatorum* species of neotropical origin is composed of two subspecies: *mercatorum* and *pararepleta*. The *D. m. mercatorum* subspecies is synanthropic. It appeared in Eurasia in the middle of the 20th century and dispersed widely. The objects of the study were: *D. m. mercatorum* specimens from Asian populations, *D. mercatorum* laboratory stock 2328 (showing some morphological differences), *D. busckii* and *D. virilis* specimens, and the sequence of the COI gene of *D. mercatorum*, NCBI accession number DQ471607. The variability of standard DNA sequences used for species identification (COI fragment and ITS1-ITS2 fragment of rRNA genes) was investigated in these specimens. Asian specimens of *D. m. mercatorum* had identical COI sequences to each other but differed from sequences of stock 2328 and NCBI sequence. The Asian specimens and stock 2328 were identical in ITS1-ITS2 sequences. The low degree of nucleotide differences between the Asian specimens and morphological distinct stock 2328 in the nucleotide sequences of the COI gene fragment and absence of differences in ITS1-ITS2 of rRNA genes indicate that divergence between these two groups is within the intraspecies variation.

**Key words:** *Drosophila mercatorum*, invasive species, population, gene, COI, ITS1-ITS2.