**DNA BARCODING OF POTENTIAL FOREST INSECT PESTS IN SIBERIA**

Kirichenko N.I.1, Lopez-Vaamonde C.2

1V.N. Sukachev Institute of Forest SB RAS, Krasnoyarsk, Russia, nkirichenko@yahoo.com

2INRA Institut National de la Recherche Agronomique, Zoologie Forestière, Orléans, France

Invasive forest insect pests threaten biodiversity and the function of ecosystems worldwide. Despite increasing regulations, the number of insect introductions has grown significantly in the recent years. Early detection, accurate identification of insect invaders, discovery of introduction pathways, ecological and genetic studies of invasions are essential for understanding the underlying mechanisms of invasions processes, as well as for implementation of quarantine programs and effective conservation of native ecosystems.

DNA barcoding, based on the use of a single standard DNA marker (fragment of the COI mtDNA gene), is a powerful tool for fast and accurate insect species identification. Great advantage of this technique is that it is applicable to any insect life stage.

We run a DNA barcoding campaign of leaf mining insects colonizing native and alien woody plants in North Asia. This is a group of herbivores with several important forest pests and invaders. Larvae of these insects feed internally within the host plant leaves and may cause severe damage to their hosts. Leaf miners are known in four insect orders: Lepidoptera, Hymenoptera, Coleoptera and Diptera.

At present, we have DNA-barcoded more than 400 specimens and identified 54 species and morpho-species of leaf-mining insects Among them, there are 26 representatives of micromoths (Lepidoptera), 10 of sawflies (Hymenoptera) and 8 of beetle (Coleoptera). Most of these insects were identified down to species level with high confidence (species match of 99-100 %) using the Barcode of Life Data Systems (BOLD) (www.barcodinglife.org). Molecular identification of several micromoths, sawflies and beetles was done to a morphospecies level only, suggesting either that they have never been previously barcoded or that they are new species. None of the nine barcoded leaf-mining flies were identified to species, indicating that dipteran leaf miners are poorly studied in general.

Among the identified insects, 24 species can cause damage to European and Eurasian woody plants in North Asia. The majority of them are micromoths of Gracillariidae, a family commonly known by pests and invaders in orchards and forested urban areas.

Our DNA barcoding reference library of North Asian leaf miners will allow quick and reliable identification of pests and invaders and will be a significant addition to the present international databases to cover forest insects that could potentially expand their range beyond North Asia.

*The work is supported by LE STUDIUM (France) and RFBR (grant # 15-29-02645 офи\_м).*

**ДНК-БАРКОДИНГ НАСЕКОМЫХ – ПОТЕНЦИАЛЬНЫХ ВРЕДИТЕЛЕЙ ЛЕСА В СИБИРИ**

Кириченко Н.И.1, Лопез-Ваамонде К.2

1 Институт леса им. В.Н. Сукачева СО РАН, Красноярск, Россия, nkirichenko@yahoo.com

2Французский национальный институт сельскохозяйственных исследований ИНРА, Орлеан, Франция

Инвазии лесных насекомых – проблема мирового масштаба. Несмотря на ужесточение карантинных правил, рост случаев интродукции и обоснования чужеродных членистоногих в новых регионах не прекращается. Раннее выявление таких насекомых, их точная видовая идентификация, определение путей распространения и изучение эколого-генетических аспектов инвазий необходимы как для понимания основных механизмов инвазий, так и для реализации карантинных программ и эффективного сохранения природных экосистем.

ДНК-баркодинг – метод определения последовательности митохондриальной ДНК (секвенирования гена цитохром оксидазы I – COI) позволяет быстро и надежно определять виды членистоногих, в том числе и насекомых. Большим преимуществом метода является возможность установления видовой принадлежности насекомых по любым стадиям их развития.

Нами ведется программа по ДНК-баркодингу насекомых, минирующих листья аборигенных и интродуцированных древесных растений в Сибири. Эта работа нацелена на создание генетической библиотеки, которая послужит руководством для быстрого и точного определения насекомых этой экологической группы. Среди минирующих насекомых известно немало вредителей и инвайдеров. Личинки этих насекомых питаются внутри листьев растений и при вспышках массового размножения могут причинять вред своим хозяевам. Листовые минеры известны среди представителей четырех отрядов: Lepidoptera, Coleoptera, Hymenoptera и Diptera.

К настоящему времени нами проанализировано более 400 образцов и идентифицировано 54 вида и морфовида минирующих насекомых. Среди них 26 представителей минирующих молей (Lepidoptera), 10 пилильщиков (Hymenoptera) и 8 жуков (Coleoptera). Большинство из них определены до вида с высокой надежностью: степень сходства ДНК-баркодов этих насекомых с имеющимися в генетической базе BOLD, the Barcode of Life Data Systems (www.barcodinglife.org) составила 99-100%. Единичные экземпляры молей, пилильщиков и жуков были идентифицированы только до рода или морфовида. Эти представители либо ранее не были подвергнуты ДНК-баркодингу, либо они являются новыми видами для науки. Диагностика минирующих мух по их ДНК-баркодам оказалась самой проблематичной. Ни один из 9 проанализированных представителей не был определен до вида, что связано с плохой изученностью насекомых этой группы в целом.

Среди изученных нами насекомых 24 вида являются вредителями европейских и евроазиатских видов древесных растений. Большинство этих насекомых – представители молей-пестрянок Gracillariidae. Микромоли этого семейства известны своими инвазиями и причинением массового вреда древесным растениям в парках, садах и лесах во многих уголках мира.

Создаваемая генетическая библиотека минирующих насекомых послужит значительным дополнением к существующим международным базам данных для идентификации лесных насекомых, которые потенциально могут расширить свой ареал за пределы Северной Азии.

*Исследования поддержаны французским фондом LE STUDIUM и грантом РФФИ (№ 15-29-02645 офи\_м).*