

ЧТЕНИЯ ПАМЯТИ АЛЕКСЕЯ ИВАНОВИЧА КУРЕНЦОВА

A.I. Kurentsov's Annual Memorial Meetings

2019

вып. XXX

<https://doi.org/10.25221/kurentzov.30.4>
<http://zoobank.org/References/8F9ADC60-E793-4F8C-A6C2-A22178780998>

**МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ КАТАЛОГИЗАЦИЯ
МИНИРУЮЩИХ МОЛЕЙ-ПЕСТРЯНОК GRACILLARIIDAE
(LEPIDOPTERA) АЗИАТСКОЙ ЧАСТИ РОССИИ И ПРИЛЕГАЮЩИХ
ТЕРРИТОРИЙ**

Н.И. Кириченко^{1,2}, Е.Н. Акулов³, М.Г. Пономаренко^{4,5}, К. Лопез-Ваамонде^{6,7}

¹ Институт леса им. В. Н. Сукачева СО РАН – обособленное подразделение
ФИЦ КНЦ СО РАН, г. Красноярск
E-mail: nkirichenko@yahoo.com

² Сибирский федеральный университет, Красноярск
³ Всероссийский центр карантина растений, Красноярский филиал, г. Красноярск
E-mail: akulich80@ya.ru

⁴ Федеральный научный центр биоразнообразия наземной биоты Восточной
Азии ДВО РАН, г. Владивосток
E-mail: margp@biosoil.ru

⁵ Дальневосточный федеральный университет, о. Русский, г. Владивосток

⁶ Французский национальный институт сельскохозяйственных исследований
ИНРА, г. Орлеан, Франция
E-mail: carlos.lopezvaamonde@inra.fr

⁷ Институт исследований биологии насекомых, Университет Тур, г. Тур, Франция

На платформе международной генетической базы BOLD (Barcode of Life database) создано 12 тематических молекулярно-генетических библиотек минирующей молей Gracillariidae азиатской России и прилегающих территорий, позволяющих быстро и точно диагностировать виды грацилляриид по их любым жизненным стадиям.

Изучение биологического разнообразия – фундаментальная мультидисциплинарная задача современной биологии. Без полноценных знаний состава биологических систем и варибельности их компонентов невозможна разработка научных основ сохранения и управления биологическими ресурсами и стратегий биобезопасности регионов (Конвенция..., 2015).

Всесветно распространенное семейство молей-пестрянок (Gracillariidae, Lepidoptera) является одним из наиболее разнообразных в Палеарктике (De Prins, De Prins, 2019). Грациллярииды – мелкие насекомые (размах крыльев бабочек от 4,5 до 21 мм), на протяжении большей части жизненного цикла ведут скрытый образ жизни – их гусеницы обитают в минах и питаются хлорофиллоносными тканями листьев, оставляя после себя характерные повреждения (мины) – полости, ограниченные эпидермисом (Hering, 1951). Отдельные представители семейства способны значительно расширять ареалы, повышать численность и заметно вредить в садах, парках и лесах (см. обзор Kirichenko et al., 2018a).

В России фауна грацилляриид наименее изучена в азиатской части. При этом знания о фауне грацилляриид Сибири – региона, охватывающего почти половину территории страны, еще более отрывочные в сравнении с таковыми российского Дальнего Востока (Барышникова, 2008, 2016). Отсутствие регулярных ревизий фауны азиатской части России осложняет проведение работ по оценке видового разнообразия грацилляриид, раннему выявлению вредоносных видов, и тем более, не позволяет вовремя отслеживать проникновение сюда новых вредителей.

ДНК-баркодинг и каталогизация организмов

Решение современных задач каталогизации организмов не представляется возможным без использования современных, ультрачувствительных методов молекулярной генетики, в частности ДНК-баркодинга (Hebert et al., 2010). Необходимость применения этого метода не вызывает никаких сомнений, когда речь идет о покрытии фаунистическими исследованиями крупных и малоизученных регионов планеты (Lamagre et al., 2016; Lopez-Vaamonde et al., 2018), а также когда объектами исследования выступают неполовозрелые особи насекомых. В отличие от половозрелых взрослых особей, личинки и куколки многих насекомых не имеют надежных морфологических диагностических признаков.

Интегративный подход, сочетающий использование ДНК-баркодинга с классическим морфологическим методом вне всяких сомнений усиливает результаты исследований (Landry et al., 2013). Даже в подробно изученных группах насекомых в относительно хорошо исследованных регионах планеты с помощью этого подхода продолжают выявлять новые виды и в значительной мере уточнять региональные фаунистические списки (Landry et al., 2013).

Использование ДНК-баркодинга для каталогизации биоразнообразия, предложенное канадским ученым П. Хебертом (Paul Hebert) с соавторами (Hebert et al., 2003), легло в основу разработки научного проекта планетарного значения “Баркодирование всего живого” (Barcode of life) (The Consortium for the Barcode of Life, CBOL, позднее International Barcode of Life project, iBOL). Стартовавший в 2004 г., этот проект объединил усилия мирового научного общества для развития международной молекулярно-генетической системы BOLD – Barcode

of Life database (BOLD, 2019), создания и пополнения на ее основе молекулярно-генетических библиотек (или библиотек ДНК-баркодов) всех видов эукариотических организмов на Земле (CBOL, 2019).

Участниками этого проекта являются более 200 организаций из 50 стран, включая Россию, которая вошла в проект в 2005 г. В 2009 г. к проекту присоединилась франко-российская команда, включающая авторов данной статьи, с миссией по выполнению молекулярно-генетической каталогизации грацилляриид азиатской части России и прилегающих регионов.

Это первая работа по ДНК-баркодированию минирующих молей семейства *Gracillariidae* азиатской части России, нацеленная на создание молекулярно-генетических библиотек этой группы для быстрого и точного определения видов по любым жизненным стадиям. Целью данной статьи является обобщение результатов работы по молекулярно-генетической каталогизации грацилляриид азиатской части России.

Материал и методы

В 2008–2018 гг. сетью фаунистических исследований было покрыто 18 административных регионов азиатской части России, охватывающих различные экологические зоны, долготы и широты – в Сибири от Тюменской области и Ханты-Мансийского АО до Забайкальского край, на Дальнем Востоке России – Амурскую область, Хабаровский, Приморский края, Сахалинскую область (о. Сахалин). Сборы насекомых выполнялись в ботанических садах, дендрариях, парках, в которых произрастают растения из разных ботанико-флористических регионов, а также в пригородных лесах.

Такая широкая география и охват местной и адвентивной флоры позволили собрать информативный материал. Насекомых собирали преимущественно на стадии гусеницы и куколки из мин с листьев древесных и травянистых растений (для установления трофических связей) (рис. 1–8). Часть свежеобранного материала сразу фиксировали в 95% спиртовом растворе для сохранения ДНК (Doogenweerd, Beentjes, 2012). Гусениц и куколок отдельных видов воспитывали в лаборатории до имаго, с последующей монтировкой коллекционных экземпляров. Подробные сведения о пунктах сборов, методике сборов грацилляриид и получение имаго изложены в наших недавних работах (Кириченко, 2014; Кириченко и др., 2017, 2018; Акулов и др., 2018).

Собранный материал анализировали с помощью ДНК-баркодинга – секвенирования фрагмента митохондриального гена COI размером 658 пар нуклеотидных оснований. ДНК выделяли из тел гусениц и куколок, задних ног или брюшка имаго (с сохранением генитальных аппаратов после этапа лизиса). Амплификацию осуществляли с использованием стандартных праймеров (Folmer et al., 1994). Условия проведения реакций подробно изложены в наших работах (Kirichenko et al., 2016, 2017).

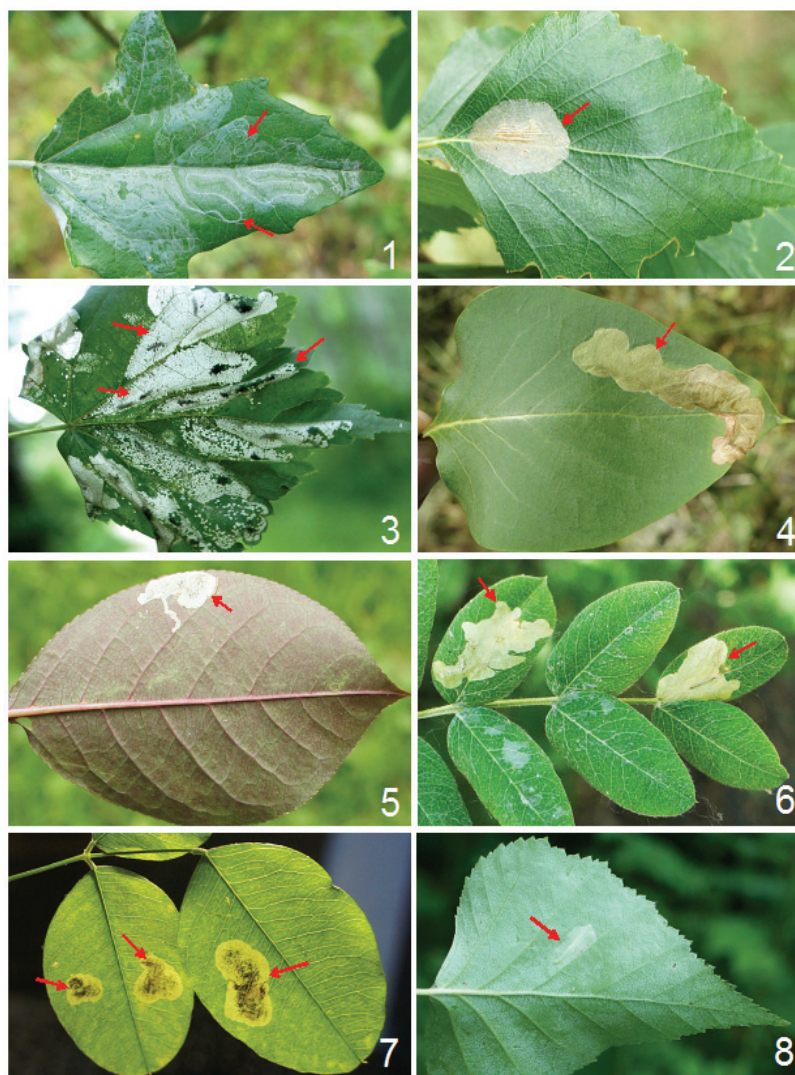


Рис. 1–8. Примеры листовых мин грацилляриид на древесных растениях в Сибири и на Дальнем Востоке России. 1 – *Phyllocnistis labyrinthella* (Bjerkander, 1790) на *Populus alba* L., Томск, пригород, 27.VII.2017; 2 – *Phyllonorycter corylifoliella* (Hübner, 1796) на *Betula pendula* Roth.; 3 – *Ph. issikii* (Kumata, 1963) на *Tilia sibirica* Bayer; 4 – *Gracillaria syringella* (Fabricius, 1794) на *Syringa vulgaris* L.; 5 – *Callisto insperatella* (Nickerl, 1864) на *Prunus virginiana* L., Новосибирск, Центральный сибирский ботанический сад СО РАН, 01.VI.2016; 6 – *Micrurapteryx caraganella* (Hering, 1957) на *Caragana arborescens* Lam., Братск, посадки, 18.VI.2016; 7 – *Chrysaster hagicola* (Kumata, 1961) на *Lespedeza bicolor* Turcz., Горнотаежная станция им. В.Л. Комарова ДВО РАН, Горнотаежное, 24.VII.2016; 8 – *Phyllonorycter ermani* (Kumata, 1963) на *Betula platyphylla*, Южно-Сахалинск, парк Гагарина, 11.VII.2017. Мины отмечены стрелками. Фотоматериал © Н.И. Кириченко.

Нуклеотидные последовательности редактировали в программе CodonCode Aligner V.3.7.1. Грацилляриид определяли до вида по их ДНК баркодам на платформе генетической базы BOLD с помощью алгоритма расчета межвидовых генетических дистанций (Ratnasingham, Hebert, 2007). О видовой принадлежности исследованных таксонов судили также по соответствующему BIN (Barcode Index Number) – числовому коду (прокси видов), присваиваемому каждому секвенированному образцу в генетической базе BOLD (Ratnasingham, Hebert, 2013). При невозможности установления вида по ДНК-баркоду (в связи с отсутствием референсных сиквенсов в BOLD или возможной новизной таксона), определяли наиболее близких соседей – виды с наименьшей генетической дистанцией к анализируемому образцу. Сиквенсы грацилляриид с подтвержденной видовой принадлежностью и оригинальные электроферрограммы размещали в молекулярно-генетические библиотеки на платформе генетической базы BOLD (Ratnasingham, Hebert, 2013).

Видовую принадлежность взрослых особей молей устанавливали по рисунку переднего крыла и строению гениталий самцов и / или самок (Определитель..., 1978, 1999). Для бабочек изготавливали постоянные препараты гениталий в запарале по стандартным методикам (Robinson, 1976).

Спиртовые и сухие сборы грацилляриид, препараты гениталий, а также гербарные образцы с минами хранятся в коллекции ИЛ СО РАН (Красноярск), ДНК видов грацилляриид и отдельные ваучеры размещены на хранение во Французском национальном институте с.-х. исследований (Орлеан, Франция).

Результаты и их обсуждение

В ходе масштабной работы по ДНК-баркодингу грацилляриид азиатской части России, охватившей большую часть региона – от Тюменской до Сахалинской области (о. Сахалин), был собран уникальный материал. Он насчитывает около 7 тысяч экземпляров насекомых и более 10 тысяч гербарных образцов – листьев с характерными минами грацилляриид, собранными с более, чем 200 местных и адвентивных видов растений в Сибири и на Дальнем Востоке России. Для выполнения работ по ревизии фауны отдельных трофических комплексов грацилляриид, для уточнения филогенетических связей и изучения филогеографии некоторых видов сборами был также охвачен запад Палеарктики и некоторые страны Восточной Азии. В совокупности наработанный материал послужил основой для разработки 12 молекулярно-генетических библиотек грацилляриид на платформе молекулярно-генетической базы BOLD (табл. 1).

Каждая молекулярно-генетическая библиотека по грацилляриидам имеет тематическое название, отражающее хранящийся в библиотеке материал, сгруппированный по таксономическому, региональному или трофическому признаку (табл. 1). Для каждого образца составлено электронное досье, содержащее диагностические генетические ключи – ДНК-баркоды – фрагменты гена COI мтДНК, прочитанные с помощью праймеров LCO1490 и HC02198. Для

Таблица 1
Молекулярно-генетические библиотеки, хранящие ДНК-баркоды минирующих насекомых Палеарктики, в том числе грацилляриид из азиатской части России*

№	Название молекулярно-генетической библиотеки ¹	Число ДНК-баркодов		Адрес библиотеки	Источник
		Всего ²	АЧР ³		
1	<i>Micrurapteryx</i> of Eurasia (MICRU)	48	10	http://dx.doi.org/10.5883/DS-MICRURA	Kirichenko et al., 2016
2	<i>Betula</i> -feeding leafminers from Siberia (BETULEAF)	4	4	dx.doi.org/10.5883/DS-BETULEAF	Кириченко и др., 2017
3	Barcodes of <i>Tilia</i> -feeding <i>Phyllonorycter</i> (TILIAPHY)	378	210	dx.doi.org/10.5883/DS-TILIAPHY	Kirichenko et al., 2017
4	Leaf mining moths of Krasnoyarsk krai and Khakassia (LMKK)	10	10	dx.doi.org/10.5883/DS-LMKK	Акулов и др., 2018
5	Barcodes of <i>Phyllocnistis</i> feeding on dogwood (PHYLCORN)	44	10	dx.doi.org/10.5883/DS-PHYLCORN	Kirichenko et al., 2018b
6	Salicaceae-feeding leaf miners from Siberia (SALICLM)	36	36	dx.doi.org/10.5883/DS-SALICLM	Кириченко и др., 2018
7	Gracillariidae of Omsk Region, Russia (GRACOM)	2	2	dx.doi.org/10.5883/DS-GRACOM	Князев и др., 2018
8	Gracillariidae of Siberia, Russia (GRASIB)	113	113	dx.doi.org/10.5883/DS-GRASIB	Кириченко и др., 2019
9	Gracillariidae of the Russian Far East (GRAFRE)	58	58	dx.doi.org/10.5883/DS-GRARFE	Kirichenko et al., 2019a
10	Fabaceae-feeding <i>Phyllonorycter</i> (FABPHYL)	55	12	dx.doi.org/10.5883/DS-FABPHYL	Kirichenko et al., 2019b
11	Gracillariidae of Asian Russia and neighbor regions (GRACAR)	182	160	–	в подготовке
12	<i>Phyllonorycter populifoliella</i> in the Palearctic (POPMOTH)	50	30	–	в подготовке
Всего		980	655		

* Молекулярно-генетические библиотеки администрируются Н.И. Кириченко. ¹библиотеки под порядковыми номерами 3 и 5 кроме ДНК-баркодов хранят секвенированные последовательности ядерных генов 28S и Гистон 3. ²Для обобщения трофических групп в некоторых тематических библиотеках содержатся ДНК-баркоды прочих минирующих насекомых из отрядов Lepidoptera, Coleoptera и Hymenoptera (отражены в обзорных статьях по трофическим ивовым и березовым комплексам, см. Кириченко и др., 2017; Кириченко и др., 2018). ³АЧР – азиатская часть России.

некоторых представителей грацилляриид молекулярно-генетические библиотеки были дополнены секвенированными последовательностями ядерных генов 28S и Histone 3, востребованных для филогенетических исследований. В досье каждого секвенированного образца имеются сведения о месте сбора образцов (включая карту с точками сбора), фотографии образцов (мины, гусеницы, куколки, имаго), сведения об архивах, в которых хранятся образцы насекомых и гербарий (ДНК образцы, ваучеры экземпляров – фрагменты тел исследованных образцов, листья со следами повреждения растений) и т.п.

К 10 из 12 молекулярно-генетическим библиотекам, хранящим оригинальные ДНК-баркоды грацилляриид Сибири, РДВ и прилегающих регионов, имеется свободный доступ (табл. 1). Адреса (DOI) библиотек опубликованы в соответствующих статьях (табл. 1). По этим адресам можно получить полную информацию о секвенированных образцах, скачать обработанные нуклеотидные последовательности гена COI (и при наличии, двух других генов – 28S и Гистон 3) и их исходные электроферограммы для дальнейших анализов. Все ДНК-баркоды грацилляриид азиатской части России были также размещены на хранение в генбанке NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) с получением индивидуальных номеров доступа (Genbank accession numbers), опубликованных в открытой печати (список работ, см. табл. 1).

В Сибири из известных на сегодняшний день 80 видов грацилляриид (Кириченко и др., 2019) молекулярно-генетические диагностические характеристики были получены нами для 52% видов. ДНК-баркоды были наработаны для молей из девяти родов, среди которых подавляющее большинство – представители рода *Phyllonorycter* (рис. 9). Для всех них было в совокупности получено 655 сиквенсов (в разных повторностях для отдельных видов в зависимости от числа точек сборов в Сибири и решаемых задач – видовой диагностики, филогенетики, филогеографии). Представители пяти родов (*Acrocercops*, *Aristaea*, *Calybites*, *Euspilapteryx* и *Ornoxola*), в каждом из которых в Сибири известно лишь по 1–2 вида, пока не были покрыты нашими молекулярно-генетическими исследованиями (рис. 9).

На Дальнем Востоке России, где в совокупности известно 135 видов грацилляриид, и где сборы проводились нами менее регулярно, чем в Сибири, ДНК-баркодирование на сегодняшний день осуществлено лишь для трети видов региона (Kirichenko et al., 2019a). Остальные две трети видов грацилляриид требуют прямых сборов в регионах Дальнего Востока России или вовлечения музейных коллекций для покрытия всей фауны Gracillariidae этого части страны – работа, которая продолжает нами проводиться в рамках проекта по молекулярно-генетической каталогизации грацилляриид азиатской части России.

В совокупности в наработанных библиотеках хранится 980 ДНК-баркодов – секвенированных последовательностей гена COI мтДНК минирующих насекомых, собранных нами в Палеарктике, в том числе 655 ДНК-баркодов грацилляриид из Сибири и российского Дальнего Востока (табл. 1). На сегодняшний день на молекулярно-генетической платформе BOLD накоплено

22906 ДНК баркодов грацилляриид из разных регионов планеты (см: Тахопому browser..., 2019). Наш вклад в мировую копилку по этой группе насекомых составляет 3% (при учете только оригинальных сиквенсов из Сибири и Дальнего Востока России).

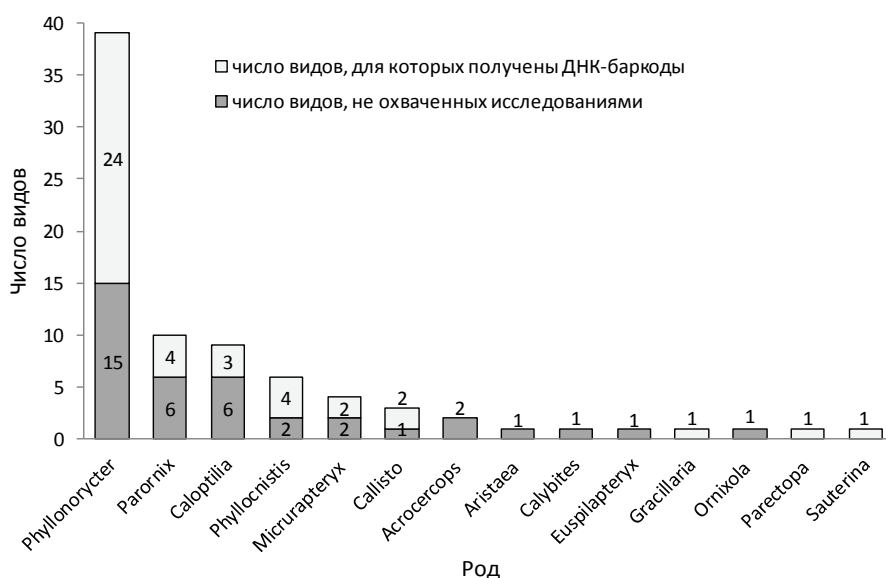


Рис. 9. Число видов грацилляриид из разных родов, собранных в Сибири, для которых в наших исследованиях были получены ДНК-баркоды, из общего числа видов, известных в сибирской фауне.

Помимо основной задачи – молекулярно-генетической каталогизации организмов, библиотеки ДНК-баркодов являются уникальными источниками данных для решения задач интегративной таксономии, эволюционной филогении, филогеографии (Kawahara et al., 2017; Kirichenko et. al., 2017, 2018b, 2019a). Они также являют собой ценнейший ресурс для быстрой и точной диагностики видов и выявления новых для науки таксонов (Kirichenko et. al., 2015, 2016, 2018b, 2019b).

При проведении молекулярно-генетической каталогизации грацилляриид в азиатской части России по преимагинальным стадиям было диагностировано десять потенциально новых видов для науки. Дополнительные полевые сборы, проведенные в последующие сезоны и позволившие получение имаго для отдельных видов – подтвердили по морфологии новизну таксонов, обнаруженных в Сибири и на Дальнем Востоке России. Два вида из десяти потенциально новых грацилляриид для науки получили формальное описание: *Phyllonorycter ivani* Kirichenko, Triberti et Lopez-Vaamonde, 2019 (подсем. Lithocolletinae), и

Phyllocnistis verae Kirichenko, Triberti et Lopez-Vaamonde, 2018 (подсем. Phyllocnistinae) – развивающиеся в Сибири на карагане древовидной, *Caragana arborescens* (Fabaceae) и свидине белой, *Cornus (Swida) alba* (Cornaceae), соответственно (Kirichenko et al., 2018b, 2019b). Еще один вид, выявленный нами благодаря ДНК-баркодингу, был переописан как *Micrurapteryx caraganella* (Hering, 1957) (подсем. Ornixolinae) (Kirichenko et al., 2016). Молей *M. caraganella* и *Ph. ivani* в ранней литературе смешивались с другими представителями родов. Массовый вред, наносимый насаждениям караганы древовидной в сибирских городах молю *M. caraganella*, ранее приписывали другому виду – *Micrurapteryx gradatella* (Herrich-Schäffer, 1855), который, на самом деле, трофически не связан с караганой (Kirichenko et al., 2016).

Заключение

Полученные результаты подчеркивают возможность эффективного сочетания современных молекулярно-генетических подходов с традиционными морфологическими методами для решения задач, связанных с изучением биологического разнообразия грацилляриид, проведения ревизии фауны и установления новых для науки видов в малоизученных регионах России. Наработанные тематические библиотеки ДНК-баркодов грацилляриид послужат важной основой для обобщения сведений о региональных фаунах грацилляриид. Вовлечение в исследования дополнительных сборов позволит генетически охарактеризовать всю фауну грацилляриид Сибири и Дальнего Востока России, уточнить ареалы видов и их трофические связи.

Благодарности

Авторы признательны П. Триберти (Верона, Италия) и С.В. Барышниковой (Санкт-Петербург) за консультации по морфологической диагностике отдельных видов грацилляриид, Ю.Н. Баранчикову (Красноярск) за поддержку на разных этапах работы. Исследования выполнены при финансовой поддержке РФФИ (гранты № 15-29-02645 офи_м, 19-04-01029-А), Посольства Франции в Москве (Программа Вернадский, грант No. 908981L, Кампус Франс), Французского регионального фонда Ле Студиум, Le Studium (Институт перспективных исследований – Долина Луары, Орлеан, Франция).

ЛИТЕРАТУРА

- Акулов Е.Н., Кириченко Н.И., Пономаренко М.Г. 2018. К фауне молевидных чешуекрылых (Microlepidoptera) юга Красноярского края и Республики Хакасия. *Энтомологическое обозрение*, 97(1): 110–146.
- Барышникова С.В. 2008. Сем. Gracillariidae. *Каталог чешуекрылых России*. М.: Товарищество научных изданий КМК. С. 38–45.
- Барышникова С.В. 2016. Сем. Gracillariidae. *Аннотированный каталог насекомых Дальнего Востока России. Т. 2. Чешуекрылые (Lepidoptera)*. Владивосток: Дальнаука. С. 50–59.

Кириченко Н.И. 2010. Методические подходы к исследованию насекомых, минирующих листья древесных растений. *Известия Санкт-Петербургской лесотехнической академии*, 207: 235–246.

Кириченко Н.И., Петько В.М., Маню Э., Лопез-Ваамонде К. 2017. Видовое разнообразие и распространение насекомых – минеров листьев березы (*Betula* spp.) в Сибири. *Энтомологическое обозрение*, 96(1): 86–104.

Кириченко Н.И., Скворцова М.В., Петько В.М., Пономаренко М.Г., Лопез-Ваамонде К. 2018. Насекомые, минирующие листья растений семейства ивовых (*Salicaceae*) в Сибири: распространение, трофические связи и вредоносность. *Сибирский экологический журнал*, 6: 677–699.

Кириченко Н.И., Триберти П., Акулов Е.Н., Пономаренко М.Г., Лопез-Ваамонде К. 2019. Современные сведения о таксономическом составе, распространении и трофических связях минирующих молей-пестрянок *Gracillariidae* (Lepidoptera) в Сибири на основе ДНК-баркодинга. *Энтомологическое обозрение*. (в печати).

Князев С.А., Кириченко Н.И., Барышникова С.В., Триберти П. 2018. Первые сведения о таксономическом разнообразии минирующих молей семейства *Gracillariidae* (Insecta, Lepidoptera) Омской области. *Евразийский энтомологический журнал*, 17(4): 261–272.

Конвенция о биологическом разнообразии. 2015. *ООН: Конвенции и Соглашения*. URL: http://www.un.org/ru/documents/decl_conv/conventions/biodiv.shtml (дата обращения: 14.02.2019)

Насекомые и клещи – вредители сельскохозяйственных культур. 1999. В.И. Кузнецова (ред.). *Т. III. Чешуекрылые. Ч. 2*. СПб.: Наука. 410 с.

Определитель насекомых Дальнего Востока России. 1997. П.А. Лер (ред.). *Ручейники и чешуекрылые. Т. V. Ч. 1*. Владивосток: Дальнаука. 572 с.

Определитель насекомых европейской части СССР. 1978. Г.С. Медведев (ред.). *Чешуекрылые. Т. 4. Ч. 1–2*. Л.: Наука. 788 с.

BOLD: International Barcode of Life. 2019. *International Barcode of Life*. URL: <http://www.boldsystems.org> (дата обращения: 14.02.2019)

CBOL: The Consortium for the Barcode of Life. 2019. URL: <http://www.ibol.org/phase1/cbol/> (дата обращения: 15.04.2019)

De Prins J., De Prins W. 2019. *Global taxonomic database of Gracillariidae (Lepidoptera)*. URL: <http://www.gracillariidae.net/> (дата обращения: 15.04.2019)

Dooreweerd C., Beentjes K. 2012. *Extensive guidelines for preserving specimen or tissue for later DNA work*. Science. Naturalis. URL: <https://science.naturalis> (дата обращения: 14.02.2019)

Folmer O., Black M., Hoeh W., Lutz R., Vrijenhoek R. 1994. DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. *Molecular Marine Biology and Biotechnology*, 3: 294–299.

Hebert D. P. N., deWaard J. R., Landry J.-F. 2010. DNA barcodes for 1/1000 of the animal kingdom. *Biology Letters*, 6: 359–362.

Hering M.E. 1951. *Biology of the Leaf Miners*. The Hague: Junk. 490 p.

Kawahara A.Y., Plotkin D., Ohshima I., Lopez-Vaamonde C., Houlihan P.R., Breinholt J.W., Kawakita A., Xiao L., Regier J.C., Davis D.R., Kumata T., Sohn J.-C., De Prins J., Mitter C. 2017. A molecular phylogeny and revised higher-level classification for the leaf-mining moth family *Gracillariidae* and its implications for larval host-use evolution. *Systematic Entomology*, 42: 60–81.

Kirichenko N., Augustin S., Kenis M. 2018a. Invasive leafminers on woody plants: a global review of pathways, impact and management. *Journal of Pest Science*, 92(1): 93–106.

- Kirichenko N., Huemer P., Deutsch H., Triberti P., Rougerie R., Lopez-Vaamonde C. 2015.** Integrative taxonomy reveals a new species of *Callisto* (Lepidoptera, Gracillariidae) in the Alps. *Zookeys*, 473: 157–179.
- Kirichenko N., Triberti P., Ohshima I., Haran J., Byun B-K, Li H, Augustin S., Roques A., Lopez-Vaamonde C. 2017.** From east to west across the Palearctic: phylogeography of the invasive lime leaf miner *Phyllonorycter issikii* (Lepidoptera: Gracillariidae) and discovery of a putative new cryptic species in East Asia. *PLoS ONE*, 12(2): e0171104.
- Kirichenko N., Triberti P., Akulov E., Ponomarenko M., Gorokhova S., Sheiko V., Ohshima I., Lopez-Vaamonde C. 2019a.** Exploring species diversity and host plant associations of leaf-mining micromoths (Lepidoptera: Gracillariidae) in the Russian Far East using DNA barcoding. *Zootaxa*. (in press)
- Kirichenko N., Triberti P., Kobayashi S., Hirowatari T., Doorenweerd C., Ohshima I., Huang G-H., Wang M., Magnoux E., Lopez-Vaamonde C. 2018b.** Systematics of *Phyllocnistis* leaf-mining moths (Lepidoptera, Gracillariidae) feeding on dogwood (*Cornus* spp.) in Northeast Asia, with the description of three new species. *ZooKeys*, 736: 79–118.
- Kirichenko N., Triberti P., Lopez-Vaamonde C. 2019b.** New species of leaf-mining *Phyllonorycter* (Lepidoptera Gracillariidae) from Siberia feeding on *Caragana* (Fabaceae). *ZooKeys*, 835: 17–41.
- Kirichenko N., Triberti P., Mutanen M., Magnoux E., Landry J.-F., Lopez-Vaamonde C. 2016.** Systematics and biology of some species of *Micrurapteryx* Spuler (Lepidoptera, Gracillariidae) from the Holarctic Region, with re-description of *M. caraganella* (Hering) from Siberia. *Zookeys*, 579: 99–156.
- Lamarre G.P.A., Decaëns T., Rougerie R., Barbut J., deWaard J., Hebert P.D.N., Herbin D., Laguerre M., Thiaucourt P., Martins M.B. 2016.** An integrative taxonomy approach unveils unknown and threatened moth species in Amazonian rainforest fragments. *Insect conservation and diversity*, 9: 475–479.
- Landry J.-F., Nazari V., Dewaard J. R., Mutanen M., Lopez-Vaamonde C., Huemer P., Hebert D. P. N. 2013.** Shared but overlooked: 30 species of Holarctic Microlepidoptera revealed by DNA barcodes and morphology. *Zootaxa*, 3749(1): 1–93.
- Lopez-Vaamonde C., Sire L., Rasmussen B., Rougerie R., Wieser C., Ahamadi A., Minet J., deWaard J.J.R., Decaëns T., Lees D. 2018.** DNA barcodes reveal deeply neglected diversity and numerous invasions of micromoths in Madagascar. *Genome*: 1–14.
- Ratnasingham S., Hebert P.D.N. 2007.** BOLD: The Barcode of Life Data System (<http://www.barcodinglife.org>). *Molecular Ecology Notes*, 7: 355–364.
- Ratnasingham S., Hebert P.D.N. 2013.** A DNA-based registry for all animal species: the Barcode Index Number (BIN) system. *PLoS ONE*, 8: e66213.
- Robinson G.S. 1976.** The preparation of slides of Lepidoptera genitalia with special reference to the Microlepidoptera. *Entomologist's Gazette*, 27: 127–132.

MOLECULAR-GENETIC LIBRARIES OF THE LEAF-MINING MICROMOTHS
(LEPIDOPTERA: GRACILLARIIDAE) FROM ASIAN PART OF RUSSIA AND
NEIGHBOURING TERRITORIES

N.I. Kirichenko^{1,2}, E.N. Akulov³, M.G. Ponomarenko^{4,5}, C. Lopez-Vaamonde^{6,7}

¹ Sukachev Institute of Forest, Siberian Branch of Russian Academy of Sciences,
Krasnoyarsk, Russia

E-mail: nkirichenko@yahoo.com

² Siberian Federal University, Krasnoyarsk, Russia

³ Russian Plant Quarantine Center, Krasnoyarsk, Russia

E-mail: akulich80@ya.ru

⁴ Federal Scientific Center for East Asian Terrestrial Biodiversity, Far Eastern
Branch of Russian Academy of Sciences, Vladivostok, Russia

E-mail: margp@biosoil.ru

⁵ Far Eastern Federal University, Vladivostok, Russia

⁶ INRA, UR0633 Zoologie Forestière, Orléans, France

E-mail: carlos.lopezvaamonde@inra.fr

⁷ Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte (IRBI), CNRS/Université
de Tours, Tours, France

On the platform of the international genetic database BOLD (Barcode of Life database), 12 thematic molecular genetic libraries of the leaf-mining micromoths Gracillariidae from Asian Russia and the adjacent territories have been created, allowing quick and accurate identification of gracillariid species by any developmental stages.