

# Российские учёные разрабатывают ДНК-библиотеки вредителей леса

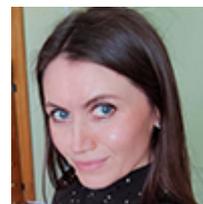
Учёные Сибирского федерального университета и Института леса им. В. Н. Сукачева СО РАН инициировали масштабную работу по созданию молекулярно-генетических библиотек для идентификации видов насекомых — вредителей древесных растений в азиатской части России и на прилегающих территориях. Будет проведено ДНК-баркодирование — своего рода расшифровка генетических кодов (получение ДНК-баркодов) для быстрого и точного определения, к какому виду принадлежит



насекомое. Такой анализ будет выполнен для представителей отрядов бабочек, жуков и перепончатокрылых, среди которых известно немало инвазионных и карантинных видов (например, сибирский шелкопряд, ясеневая изумрудная узкотелая златка, уссурийский полиграф, мраморный клоп и т. п.).

Внедрения (инвазии) чужеродных для региона растительноядных насекомых, в частности, вредителей древесных и кустарниковых растений — общемировая проблема, которая в большей степени обусловлена глобальными необратимыми изменениями, происходящими в окружающей среде. Инвазионные насекомые, как правило, становятся объектом исследований только после их проникновения и акклиматизации в новых экосистемах, когда из-за потерянного времени справиться с их нашествием и разрушительными последствиями в лесах и на урбанизированных территориях очень сложно.

*«Как распознать таких вредителей заранее, выявить и определить их виды в момент случайного заноса на новые территории, пока они не внедрились в новые экосистемы и не стали наносить вред? Задача осложняется тем, что при обследовании насаждений в регионах, а также при карантинных досмотрах растений и растительной продукции на границе, насекомые чаще всего обнаруживаются на стадиях личинки или куколки. По таким стадиям достоверно определить их виды невозможно, в частности, потому, что различия видов насекомых на стадиях личинки и куколки часто неочевидны. На помощь приходят достижения современной молекулярной генетики, в частности, метод ДНК-баркодинга, позволяющий по относительно короткому фрагменту митохондриального гена ДНК — цитохромоксидазы (COI) — идентифицировать вид насекомого на любой стадии развития», — сообщила доктор биологических наук, ведущий научный сотрудник лаборатории биогеохимии экосистем СФУ **Наталья Кириченко**.*



Работы, посвящённые ДНК-баркодированию вредоносной энтомофауны, активно ведутся в Северной Америке и Европе. В России такие исследования только разворачиваются. Учёные СФУ работают с уникальными музейными коллекциями насекомых, чтобы собрать материалы для ДНК-баркодирования опасных видов насекомых.

Уже изучены образцы насекомых, хранящиеся в коллекции лаборатории лесной зоологии Института леса СО РАН (Красноярск), Зоологического института РАН (Санкт-Петербург) и ряда частных коллекций. Музейные образцы, особенно типовые экземпляры, служат эталоном для видовой идентификации, поэтому их вовлечение в ДНК-баркодирование крайне важно.

*«Работа с этими материалами деликатная — на анализ берутся фрагменты задних ног, которые аккуратно отделяются от тел насекомых без причинения видимых повреждений музейным образцам. Генетический анализ осложнён тем, что ДНК музейных образцов уже в определённой степени разрушена временем и прочесть её сложно. Мы используем прорывные молекулярно-генетические технологии, в частности, секвенирование нового поколения (одномолекулярное секвенирование в реальном времени). Последнее позволяет работать с разрушенной ДНК и получать фрагменты, по которым можно провести надёжную видовую диагностику», —* объяснила **Наталья Кириченко**.

Команда учёных, в состав которой входят известные отечественные специалисты по разным группам насекомых и студенты СФУ, выполнили отбор биопроб у 475 образцов 223 видов насекомых — вредителей древесных растений из Северной и Восточной Азии, а также прилегающих регионов. И это не окончательная цифра — работа в самом разгаре. Для некоторых материалов уже получены генетические коды. Техническая часть работы выполняется в Канадском центре ДНК-баркодинга при Гуэлфском университете, с которым участники российской команды плодотворно сотрудничают не первый год.

Полученные ДНК-баркоды (секвенированные последовательности митохондриального гена COI) послужат основой для разработки референсных ДНК-библиотек вредоносных насекомых. Такие библиотеки имеют важное прикладное значение для быстрой диагностики видов насекомых-дендрофагов, обнаруженных при пересечении границы в пунктах досмотра растительной продукции, а также при перехвате случайно занесённых карантинных растительных видов. Выполняемые учёными и студентами СФУ исследования важны для разработки стратегий укрепления биологической безопасности страны.

Работа ведётся в рамках проекта РНФ «На страже биобезопасности: раннее выявление опасных и потенциально инвазивных видов дендрофильных насекомых в азиатской части России с применением современных экологических и молекулярно-генетических подходов (ИнваЗИЯ)» (грант № 22-16-00075, <https://rscf.ru/project/22-16-00075/>).

[Пресс-служба СФУ](#), 14 июля 2022 г.

© Сибирский федеральный университет. Редакция сайта: +7 (391) 246-98-60, [info@sfu-kras.ru](mailto:info@sfu-kras.ru).

Адрес страницы: <https://news.sfu-kras.ru/node/26554>