

МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ И НАУКИ
РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ

ТОМСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ

**КОНЦЕПТУАЛЬНЫЕ И ПРИКЛАДНЫЕ АСПЕКТЫ
НАУЧНЫХ ИССЛЕДОВАНИЙ И ОБРАЗОВАНИЯ
В ОБЛАСТИ ЗООЛОГИИ БЕСПОЗВОНОЧНЫХ**

Сборник материалов IV Международной конференции

*26–28 октября 2015 г.,
г. Томск, Россия*

Томск
Издательский дом Томского государственного университета
2015

УДК 592 (576.8, 372.857,638.1)
ББК Е 691.89
Б 63

Редакционная коллегия:

Профессор, д-р. биол. наук В.Н. Романенко, канд. биол. наук Ю.В. Максимова, канд. биол. наук Р.Т.-о. Багиров, канд. биол. наук Е.Ю. Субботина

Б 63 Концептуальные и прикладные аспекты научных исследований и образования в области зоологии беспозвоночных: Сборник материалов IV Международной конференции. Томск, 26–28 октября 2015 г./ Томск: Издательство ТГУ, 2015 г. – 316 с.

ISBN

Приведены данные о составе и пространственно-временном распределении фауны простейших и различных групп беспозвоночных животных. Рассмотрены особенности внутри-популяционной структуры отдельных видов беспозвоночных, их роль в структурно-функциональной организации природных и трансформированных экосистем, в передаче возбудителей ряда заболеваний. Охарактеризовано современное состояние пчеловодства и показаны перспективы его развития. Также внимание уделено вопросам биологического образования в средних и высших учебных заведениях.

Настоящий сборник может быть рекомендован специалистам энтомологам, экологам, преподавателям высшей и средней школы, а также студентам биологических специальностей.

Проведение конференции и издание сборника материалов поддержано грантом РФФИ 15-04-20909 г

УДК 592 (576.8, 372.857,638.1)
ББК Е 691.89

© Авторы статей, 2015
© Томский государственный университет

**The ministry of Education and Science
of the Russian Federation
Tomsk State University**

**CONCEPTUAL AND APPLIED ASPECTS OF INVERTEBRATE
SCIENTIFIC RESEARCH AND BIOLOGICAL EDUCATION**

**Collection of materials
IV International Scientific Conference**

*October 26–28, 2015,
Tomsk, Russia*

Tomsk
Publishing House of Tomsk State University
2015

UDC 592 (576.8, 372.857,638.1)
LBC E 691.89
Б 63

Editorial team:

Professor V.N. Romanenko, Y.V. Maximova, Ph.D., R.T. Baghirov, Ph.D.,
E.Y. Subbotina, Ph.D.

ISBN

Б 63 Conceptual and applied aspects of invertebrate scientific research and biological education: Materials of the IV international conference (3–4 November 2015, Tomsk, Russia) / Tomsk: Publishing House of Tomsk State University, 2015. – 316 p.

During the conference were introduced researches in field of protozoa and invertebrate fauna distribution. Also were presented specifics in population structure of certain species, part of invertebrates in functional organization of natural and semi-artificial ecosystems and transmission of diseases. Modern state of beekeeping were characterized and perspectives of it's development were shown. In addition biological education themes were discussed.

These materials can be recommended to the entomology, ecology, parasitology specialists and to teachers and students interested in.

Conference holding and publishing of collection of materials were supported by RFBR № 15-04-20909 g grant.

UDC 592 (576.8, 372.857,638.1)
LBC E 691.8

© Authors of articles, 2015
© Tomsk State University, 2015

оптимальное соотношение численности рогахвостов и паразитирующих на их личинках орехотворок.

Литература

1. Ковалев О.В. Палеонтологическая история, филогения и система брахиклейстогастроморф и цинипоморф (Hymenoptera, Brachycleistogastromorpha infraorder n., Cynipomorpha infraorder n.) с описанием новых ископаемых и современных семейств, подсемейств и родов // Энтомологическое обозрение. – 1994. – Т. 73, вып. 2. – С. 385–426.
2. Liu Z., Engel M.S., and Grimaldi D.A. Phylogeny and geological history of the Cynipoid wasps (Hymenoptera: Cynipoidea) // American Museum Novitates. – 2007. – № 3583. – 48 pp.
3. Liu Zhiwei, Nordlander Göran. Review of the family Ibalidae (Hymenoptera: Cynipoidea) with keys to genera and species of the world // Entomologica Scandinavica (Insect Systematics & Evolution). – 1994. – № 25. – P. 377–392.
4. Carnegie A.J., Eldridge R.H., and Waterson D.G. History and management of *Sirex* wood wasp in pine plantations in New South Wales, Australia // New Zealand Journal of Forestry Science. – 2005. – Vol. 35(1). – P. 3–24.
5. Peeters Th.M.J. *Ibalia leucospoides* in Nederland // Hymeno Varia. – 2011. – № 3. – P. 54–56.
6. López A., M. Demaestri, E. Zupán, M. Ibañez, J. Garcia y C. Crenna. *Ibalia leucospoides* parasitoide de *Sirex noctilio* en Córdoba, Argentina. // Quebracho. – 2011. – Vol. 20 (1, 2). – P. 68–77.
7. Hansen L.O. The family Ibalidae (Hymenoptera, Cynipoidea) in Norway // Norwegian Journal of Entomology. – 2010. – Vol. 57. – P. 139–141.
8. Schiff N.M., Goulet H., Smith D.R., Boudreault C., Wilson A. Dan, and Scheffler Brian E. Siricidae (Hymenoptera: Symphyta: Siricoidea) of the Western Hemisphere // Canadian Journal of Arthropod Identification. – 2012. – № 21. – 305 pp.
9. Holý K., Psota V., Štastná P., Macek J. Faunistic records from the Czech Republic and Slovakia (Hymenoptera: Ibalidae, Ichneumonidae) // Acta Musei Moraviae, Scientiae biologicae (Brno). – 2012. – Vol. 97(2). – P. 65–68.
10. Котенко А.Г. Орехотворка гигантская *Ibalia rufipes* Cresson, 1879 // Червона книга України. – К.: Глобалконсалтинг, 2009. – С. 205.

УДК 577.29

МОЛЕКУЛЯРНАЯ ГЕНЕТИКА ДЛЯ ОПЕРАТИВНОЙ ВИДОВОЙ ДИАГНОСТИКИ ЛЕСНЫХ НАСЕКОМЫХ (НА ПРИМЕРЕ МОЛЕЙ, МИНИРУЮЩИХ ЛИСТЬЯ ДРЕВЕСНЫХ РАСТЕНИЙ В СИБИРИ)

Кириченко Н.И.¹⁻², Акулов Е.Н.³, Пономаренко М.Г.⁴⁻⁵, Лопез-Ваамде К.⁶, Триберти П.⁷, Пустошинская А.С.², Бабичев Н.С.¹, Петько В.М.¹

¹Институт леса им. В.Н. Сукачева СО РАН

nkirichenko@yahoo.com

²Сибирский федеральный университет, Красноярск

³Всероссийский центр карантина растений Красноярский филиал

⁴Биолого-почвенный институт ДВО РАН, Владивосток

⁵Дальневосточный федеральный университет, Владивосток

⁶Французский национальный институт сельскохозяйственных исследований ИНРА (INRA), Орлеан, Франция

⁷Музей естествознания, Верона, Италия

Резюме. В статье обсуждается современный молекулярно-генетический подход каталогизации организмов – ДНК-баркодинг и его приложение к решению задач таксономической диагностики лесных насекомых. Современную таксономию теперь сложно представить без использования этого подхода. Именно благодаря ДНК-баркодингу становится возможным выполнение масштабных ревизий тех или иных групп организмов. Вместе с тем следует понимать, что ДНК-баркодинг не лишен недостатков и не заменяют традиционный морфологический подход для определения организмов. Сочетание современных молекулярно-генетических подходов с традиционными морфологическими методами открывает большие перспективы для изучения биоразнообразия, в частности, в мало изученных регионах. Работа, проводимая нами на микрочешуекрылых (Microlepidoptera), минирующих листья местных и интродуцированных древесных растений в Сибири, является одним из таких примеров.

Ключевые слова: ДНК-баркодинг, современная таксономия, минирующие моли, Microlepidoptera, ревизия видового разнообразия, Сибирь.

MOLECULAR GENETICS FOR THE RAPID DIAGNOSIS OF FOREST INSECT SPECIES: EXAMPLES OF LEAF MINING MOTHS COLONIZING WOODY PLANTS IN SIBERIA

Kirichenko N.I.^{1,2}, Akulov E.N.³, Ponomarenko M.G.^{4,5}, Lopez-Vaamonde C.⁶, Tribetri P.⁷, Pustoshinskaya N.S.², Babichev N.S.¹, Petko V.M.¹

¹*Sukachev Institute of Forest, Siberian branch of the RAS, Krasnoyarsk
nkirichenko@yahoo.com*

²*Siberian Federal University, Krasnoyarsk*

³*All-Russian Center of Plant Quarantine, Krasnoyarsk branch*

⁴*Institute of Biology and Soil Sciences, Far Eastern branch of the RAS, Vladivostok*

⁵*Far Eastern Federal University, Vladivostok*

⁶*INRA Institut National de la Recherche Agronomique, URZF, Orléans, France*

⁷*Museo Civico di Storia Naturale, Verona, Italy*

Abstract. Here we review the new molecular-genetic approach – DNA barcoding and its application to forest entomology, particularly to taxonomic diagnostics of forest insects. Nowadays modern taxonomy is hard to imagine without the use of this approach. Thanks to DNA barcoding, it is now feasible to carry out large-scale campaigns on revisions of certain groups of organisms. However, it should be understood that the DNA barcoding method is not a universal taxonomic tool. It does not replace the traditional morphological approach to the determination of organisms. The combination of DNA barcoding with traditional morphological methods opens up greater perspectives for exploring the diversity of biota, especially in poorly investigated regions. Our DNA barcoding campaign, carried out on the leaf mining micro-moths (Microlepidoptera), colonizing leaves of native and alien woody plants in Siberia, represents one of such example.

Key words: DNA barcoding, modern taxonomy, leaf mining moths, Microlepidoptera, revision of species diversity, Siberia.

Изучение биологического разнообразия имеет важную научную, природоохранную и просветительскую роль. Без полноценных знаний состава биологических систем и вариабельности их компонентов невозможна разработка научных основ сохранения и управления биологическими ресурсами.

Насекомые – самая разнообразная в таксономическом плане группа животных на планете [1]. Их доля в животном царстве составляет 60% в сравнении с прочими группами животных. На сегодня изучено и описано чуть более одного миллиона видов насекомых [1]. По самым скромным прогнозам своего обнаружения и описания ожидает от 1 до 5 миллионов видов насекомых.

Минирующие насекомые (или минеры) – группа насекомых, которых объединяет скрыто-живущий образ жизни [2]. Их личинки живут в тканях листьев в полостях – минах, выедая лист изнутри. Наибольшее таксономическое разнообразие минеров известно в отряде Lepidoptera. Среди минирующих микрочешуекрылых немало видов, причиняющих массовые повреждения в искусственных и природных экосистемах, в сельском хозяйстве. В Сибири группа минирующих насекомых до сих пор остается плохо изученной [3].

Если бы изучение биологического разнообразия продолжалось классическими методами, то на полную каталогизацию организмов нашей планеты – ревизию и обнаружение и описание новых видов понадобились бы многие десятилетия [4]. Сегодня для оперативной и достоверной оценки биологического разнообразия организмов, в том числе, насекомых успешно применяют метод молекулярно-генетической диагностики – ДНК-баркодинг (или ДНК-штрихкодирование) [5, 6]. Он позволяет решать задачи таксономической идентификации, филогенетики, филогеографии и т.п. Даже в Европе, где фауна минирующих Lepidoptera изучена тщательно и по ней составлено несколько важнейших фундаментальных каталогов [7–

9], исследователи по сей день продолжают выявлять и описывать новые виды, благодаря, в первую очередь, молекулярно-генетической диагностике [6, 10, 11].

Использование ДНК-баркодинга для каталогизации биоразнообразия предложено канадским ученом П. Хебертом (Paul Hebert) с соавторами [12]. В 2004 г. был создан международный проект «Штрихкод жизни» (The Consortium for the Barcode of Life, CBOL), кооперирующий усилия генетиков, зоологов, ботаников, биоинформатиков, программистов и других специалистов для создания библиотеки генетических штрихкодов для всех видов эукариотических организмов на Земле [13]. Участниками проекта являются более 200 организаций из 50 стран, включая Россию, которая вошла в проект в 2005 г.

Для проведения ДНК-баркодинга животных, в частности насекомых, используется стандартный фрагмент ДНК (ДНК-маркер) – 5'-фрагмент первой субъединицы митохондриального гена, кодирующего белок цитохром-С-оксидазу COI (COI мтДНК) [12]. К выбору ДНК-маркера предъявлялись, в частности, следующие требования: 1) небольшой размер; 2) высокая степень сходства (или идентичность) последовательностей нуклеотидных оснований ДНК у особей одного вида и достоверное различие у особей разных видов. В действительности митохондриальный ген COI надежно отвечает этим требованиям. Размер штрихкодирующего участка гена небольшой, составляет 658 bp (спаренных оснований – пар оснований нуклеотидов на комплементарных цепочках нуклеиновых кислот). Последовательность нуклеотидных оснований у особей разных видов отличается, тогда как у особей одного вида имеет высокое сходство. Порог внутривидовой изменчивости целевого фрагмента у разных групп насекомых может существенно варьировать. У представителей *Lepidoptera* и *Diptera* он в среднем составляет 2–3%, однако в отдельных случаях может достигать 5% и выше [14–16].

ДНК-баркодинг становится все более доступным в использовании. Неоспоримым достоинством метода является его применимость к любой жизненной стадии организма. Для выделения ДНК требуется минимальное количество биологического материала. Возможность выделения ДНК из тканей насекомого без его повреждения позволяет сохранять ценные образцы и решать вопросы генетической каталогизации музейных коллекций [17, 18]. В таком случае для выделения ДНК из тканей личинок, куколок или взрослых насекомых достаточно совершить несколько надрезов в области грудных и/или брюшных сегментов для доступа протеиназы к внутренним тканям. При таком подходе у взрослых насекомых сохраняется нетронутым копулятивный аппарат (при необходимости же последний с легкостью извлекается из брюшка, прошедшего этап мацерации протеиназой). У взрослых особей насекомых практикуют также выделение ДНК из задних ног (в бедренной части содержится достаточное количество мышечной ткани для получения ДНК). Наилучшим материалом для генетической диагностики являются образцы насекомых, помещенных при жизни в 96% спиртовой раствор [19]. Высокая концентрация спирта обеспечивает хорошую сохранность ДНК в образцах за счет быстрого обезвоживания организма и денатурации белков.

Как у любого метода, у ДНК-баркодинга имеются недостатки. Этот метод все еще затратный в использовании. Для проведения генетической диагностики требуется лаборатория, оснащенная дорогостоящим оборудованием (термошейкерами, амплификаторами, спектрофотометрами, секвенаторами), реактивами (китами для выделений ДНК, реагентами для проведения ПЦР и секвенирования) и расходными материалами (микропипетками, пластиковой посудой и т.п.). Активное развитие частных лабораторий, специализирующихся на проведении различных молекулярно-генетических работ, способствуют постепенному удешевлению ДНК-баркодига.

Существует и ряд других сложностей. Определение видов по их ДНК-баркодам бывает затруднительным, если порог внутривидовой генетической изменчивости перекрывается с межвидовым порогом [14, 15]. Получение видоспецифического ДНК-баркода может быть также осложнено амплификацией псевдогенов (нефункциональных аналогов структурных генов, утратившие способность кодировать белок), наличием мутаций (патологические изменения нуклеотидов), непрекращающимися процессами гибридизации и видообразования.

Также следует понимать, что ДНК-баркодинг не заменяют традиционный морфологический подход для определения организмов. ДНК-баркодинг и традиционная таксономия – это два инструмента, дополняющие друг друга.

Нами осуществляется работа по составлению генетической библиотеки микрочешуекрылых, минирующих листья местных и интродуцированных древесных растений в Сибири, которая будет способствовать быстрому и точному определению видов минеров по их преимагинальным стадиям, по которым точно диагностировать вид морфологическим способом невозможно. Эта работа основана на анализе обширной коллекции минирующих Lepidoptera, собранной нами в 2005–2015 гг. со спектра древесных видов растений в разных регионах Сибири.

Генетический анализ насекомых осуществляли в лаборатории лесной зоологии INRA (Орлеан, Франция). Для выделения и очистки геномной ДНК из гусениц, куколок и взрослых особей микрочешуекрылых использовали набор QIAGEN DNeasy Blood&Tissue Kit. Анализировали участок митохондриальной ДНК (ген COI) с использованием праймеров LCO1490 (5' GGT CAA CAA ATC ATA AAG ATA TTG G 3') и HC02198 (5' TAA ACT TCA GGG TGA CCA AAA AAT CA 3'), специфичных для беспозвоночных животных [20]. Нуклеотидные последовательности редактировали в программе CodonCode Aligner V.3.7.1. и сравнивали с базой данных генетического банка BOLD [21]. Уровень современных знаний о таксономическом разнообразии и распространении известных видов минирующих молей в Сибири оценивали по Каталогу чешуекрылых России [22].

На сегодняшний день ДНК-баркодингу подвергнуто 350 образцов минирующих микрочешуекрылых, собранных в Сибири. Для каждого вида насекомого составлено электронное досье, содержащее диагностические генетические ключи – редактированные и оригинальные последовательности гена COI мтДНК, географические координаты сбора образцов, фотографии образцов, сведения об архивах, в которых хранятся образцы насекомых и гербарий (листья со следами повреждения растений). Эти сведения размещены на генетической платформе BOLD [21].

ДНК-баркодинг минирующих микрочешуекрылых позволил определить большинство видов. В 95% случаев видовая принадлежность была установлена с высокой точностью (99–100% совпадений с данными мировых генетических банков). С помощью ДНК-баркодинга в сборах из Сибири идентифицировано 67 видов минирующих микрочешуекрылых. Среди них 15 видов молей (из семейств Gracillariidae, Nepticulidae, Eriocraniidae и Tischeridae) обнаружены в Сибири впервые. Для 29 видов отмечены новые регионы обнаружения в Сибири. В большинстве случаев находки минирующих насекомых в новых регионах свидетельствуют не столько о тенденции к расширению ареалов минеров, сколько о плохой изученности этой группы насекомых в Северной Азии.

Интегративный подход, сочетающий морфологические и экологические сведения с генетическими данными, позволил выявить в Сибири три ранее неизвестных для науки вида молей из семейства Gracillariidae. Ими явились представители родов *Micrurapteryx* Spuler и *Phyllonorycter* Hbn., минирующие листья караганы *Caragana* (Fabaceae), и представитель рода *Phyllocnistis* Zell., гусеницы которого повреждают листья кизила *Cornus* (Cornaceae) в центральной Сибири. В настоящее время ведется работа по описанию выявленных новых видов.

Проведение ревизии фауны тех или иных групп насекомых сегодня сложно представить без привлечения методов молекулярно-генетической диагностики.

Классический морфологический подход, базирующийся на изучении черт внешнего строения и особенностей копулятивного аппарата, не всегда позволяет разграничивать виды-двойники, а существенные отличия между этапами онтогенеза насекомых затрудняют идентификацию научного материала на преимагинальных стадиях. Сочетание современных молекулярно-генетических подходов с традиционными методами открывает большие перспективы для изучения биоразнообразия в мало изученных регионах. Работа, проводимая нами в Сибири на микрочешуекрылых, является одним из таких примеров.

Авторы выражают благодарность Алану Року (*Alain Roques*) и Сильви Огустен (*Sylvie Augustin*) (INRA, Орлеан, Франция) за возможность проведения молекулярно-генетических анализов насекомых, Эммануэль Маню (*Emmanuelle Magnoux*) и Беатрис Куртьял (*Beatrice Courtial*) (INRA, Орлеан, Франция) за техническую помощь. Исследования выполнены при поддержке грантов *Le Studium* (Франция) и РФФИ (№ гранта 15-29-02645 офи_м).

Литература

1. Zhang Z.-Q. «Phylum Athropoda» – In: Zhang, Z.-Q. (Ed.) «Animal Biodiversity: An Outline of Higher-level Classification and Survey of Taxonomic Richness (Addenda 2013)» // *Zootaxa*. Auckland: Magnolia Press, 2013. – 3703(1). – P. 17–26.
2. Hering M.E. Biology of the leafminers. Junk's. Gravenhage, 1951. – 490 p.
3. Sinev S. Diversity of Microlepidoptera in the Eastern Palaearctic: already known and still concealed / Abstracts of the XVIII European Congress of Lepidopterology. Blagoevgrad, Bulgaria, 29 July – 4 August 2013. – P. 81–82.
4. Шнеер В.С. ДНК-штрихкодирование видов животных и растений – способ их молекулярной идентификации и изучения биоразнообразия // *Журнал общей биологии*, 2009. – 70 (4). – С. 296–315
5. Hausmann A, Haszprunar G, Hebert P.D.N. DNA barcoding the geometrid fauna of Bavaria (Lepidoptera): Successes, surprises, and questions // *PLoS ONE*, 2011. – 6: e17134. doi:10.1371/journal.pone.0017134
6. Huemer P., Karsholt O., Mutanen M. DNA barcoding as a screening tool for cryptic diversity: an example from *Caryocolum*, with description of a new species (Lepidoptera, Gelechiidae) // *Zookeys*, 2014. – 404. – P. 91–111. doi: 10.3897/zookeys.404. 7234
7. Doorendeerd C., van Haren M.M., Schermer M., Pieterse S., van Nieukerken E.J. A Linnaeus NG interactive key to the Lithocolletinae of North-West Europe aimed at accelerating the accumulation of reliable biodiversity data (Lepidoptera, Gracillariidae). *ZooKeys*, 2014. – 422. – 87– 101. <http://dx.doi.org/10.3897/zookeys.422.7446> (дата обращения: 18.10.2015)
8. Ellis W.N. *Bladmineerders van Europa / Leafminers of Europe*. Netherlands, 2015. <http://www.bladmineerders.nl/index.htm> (дата обращения: 18.10.2015)
9. De Prins J., De Prins W. (2015). Global taxonomic database of Gracillariidae (Lepidoptera). Belgian diversity platform. <http://www.gracillariidae.net/> (дата обращения: 18.10.2015)
10. Laštůvka Z., Laštůvka A., Lopez-Vaamonde C. A revision of the *Phyllonorycter ulicicolella* species group with description of a new species (Lepidoptera: Gracillariidae) // *SHILAP Revista Lepidopterologia*, 2013. – 41 (162). – P. 251–265.
11. Kirichenko N., Huemer P., Deutsch H., Triberti P., Rougerie R., Lopez-Vaamonde C. Integrative taxonomy reveals a new species of *Callisto* (Lepidoptera, Gracillariidae) in the Alps // *Zookeys*, 2015. – 473. – P. 157–179. doi: 10.3897/zookeys.473.8543 (дата обращения: 18.10.2015)
12. Hebert P.D.N., Cywinska A., Ball S.L., deWaard J.R. Biological identifications through DNA barcodes // *Proc Biol Sci*. 2003. – 270(1512). – P. 313–21.
13. CBOL: The Consortium for the Barcode of Life. 2015. Identifying species with DNA barcoding. National Museum of Natural History. Washington, DC, USA. <http://www.barcodeoflife.org/content/about/what-cbol> (дата обращения: 18.10.2015)
14. Meier R., Shiyang K., Vaidya G., Ng P.K.L. DNA barcoding and taxonomy in Diptera: a tale of high intraspecific variability and low identification success // *Sist. Biol.*, 2006. – 55(5). – P. 715–728.
15. Cognato A.I. Standard percent DNA sequence difference for insects does not predict species boundaries // *J. Econ. Ent.*, 2006. – 44(4). – P. 1037–1045.
16. Rougerie R., Kitching I.J., Haxaire J., Miller S.E., Hausmann A., Hebert P.D.N. Australian Spingidae – DNA barcodes challenge current species boundaries and distributions // *PloS One*, 2014. – 9. N7. e101108.
17. Phillips A.J., Simon C. Simple, efficient, and nondestructive DNA extraction protocol for Arthropods // *Ann. Entomol. Soc. Am.*, 1995. – 88(3). – P.281–283
18. Castalanellia M.A., Severtson D.L., Brumleya C.J., Szittoa A., Footitt R.G., Grimma M., Munyard K., Grothb D.M. A rapid non-destructive DNA extraction method for insects and other arthropods // *Journal of Asia-Pacific Entomology*, 2010. – 13 (3). – P. 243–248.
19. Doorendeerd C., Beentjes K. Extensive guidelines for preserving specimen or tissue for later DNA work // *Science. Naturalis*, Netherlands, 2012. <http://science.naturalis.nl/media/323024/preservingdna.pdf> (дата обращения: 18.10.2015)
20. Folmer O., Black M., Hoeh W., Lutz R., Vrijenhoek R. DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates // *Mol. Mar. Biol. Biotechnol.*, 1998. – 3. – P. 294–299.
21. Ratnasingham S, Hebert P.D.N. BOLD: The Barcode of Life Data System (<http://www.barcodinglife.org>) // *Molecular ecology notes*. 2007. – 7. – P. 355–364. doi: 10.1111/j.1471-8286.2006.01678.x (дата обращения: 18.10.2015)
22. Каталог чешуекрылых (Lepidoptera) России / под ред. С. Ю. Синева. С-Пб – М.: Товарищество научных изданий КМК, 2008. – 424 с.

СОДЕРЖАНИЕ

Секция 1. Проблемы зоологии беспозвоночных

Акопян Э.К., Мазалова В.В. Дополнительные сведения о махаоне (<i>Papilio machaon</i> L., 1758) в Ханты-Мансийском автономном округе – Югре.....	5
Ананина Т.Л. О соотношении полов популяций жужелиц (Coleoptera, Carabidae) в экосистемах Баргузинского хребта.....	8
Анорбаев А.Р. Роль паразитов-энтомофагов в решении вопросов продовольственной безопасности при создании высокоурожайных и сельскохозяйственных культур.....	12
Бабичев Н.С. Галлообразующие тли рода <i>Pemphigus</i> Hartig (Sternorrhynae, Pemphigidae, Pemphigini) Средней Сибири.....	16
Бабушкин Е.С., Андреев Н.И., Андреева С.И. Малакофауна малых рек бассейна Малого Югана (Среднее Приобье).....	20
Балязин И.В. Ландшафтно-экологические особенности пространственного распределения и таксономическое разнообразие зооценозов почв.....	24
Баскаева Е.Н., Симакова А.В., Суслев В.В., Интересова Е.А. Сезонные изменения численности и биомассы зоопланктона и зообентоса озер окрестностей г. Томска.....	28
Блинова С.В. Влияние отходов свинцово-цинковой промышленности на мирмекофауну	32
Вежновец В.В. восстановление популяции реликтового вида ракообразных в бывшем водоеме-охладителе АЭС.....	36
Визер А.М. Влияние гидрологического режима на формирование донной фауны Верхней Оби.....	40
Грибанова А.Н., Субботина Е.Ю., Максимова Ю.В. Изменение фаунистического комплекса грибных комаров (Diptera, Sciaroidea) под влиянием рекреационной нагрузки на примере ООПТ «Сибирский ботанический сад».....	43
Егорова М.Л. Комплексы почвенных беспозвоночных пригорода Томска.....	48
Емец В.М. Видовое богатство и структура фаунистической группировки ос-блестянок (Hymenoptera, Chrysididae) Воронежского биосферного резервата.....	52
Еремеева Н.И., Лузянин С.Л., Блинова С.В., Корчагина М.Р., Сидоров Д.А., Яковлева С.Н. Формирование энтомокомплексов на отвалах угледобывающих предприятий.....	55
Казенас В.Л., Темрешев И.И. Орехотворка <i>Ibalia leucospoides</i> (Hymenoptera, Ibalidae) – представитель нового для Казахстана семейства перепончатокрылых – энтомофагов стволовых вредителей хвойных деревьев.....	57
Кириченко Н.И., Акулов Е.Н., Пономаренко М.Г., Лопез-Ваамод К., Трибери П., Пустошинская А.С., Бабичев Н.С., Петько В.М. Молекулярная генетика для оперативной видовой диагностики лесных насекомых (на примере молей, минирующих листья древесных растений в Сибири).....	61
Коломин Ю.М. Распространение промысловых беспозвоночных в Северо-Казахстанской области.....	66
Коротеева Д.О. Антофильные перепончатокрылые – посетители соцветий мордовника обыкновенного (<i>Echinops ritro</i> L.).....	70
Кругова Т.М. Биотопическая и микростациональная дифференциация населения жужелиц в долине реки Тигирек.....	72
Кузнецова Н.П., Нужных С.А. Мониторинг численности оранжерейной белокрылки (<i>Trialeurodes vaporariorum</i> Westw.) на тропических и субтропических растениях Сибирского ботанического сада Томского государственного университета.....	76
Курьина И.В. Встречаемость видов раковинных амёб в торфяных залежах верховых болот Северного Полушария.....	79
Липинская Т.П. Макрозообентос системы «река-водохранилище-река» Петровического водохранилища.....	82
Литвинова А.Г. Плотность популяций чужеродной каланоидной копеподы <i>Eurytemora velox</i> в водоемах Беларуси.....	87
Островский А.М. Жуки скарабеоидного комплекса (Coleoptera, Scarabaeoidea) юго-востока Беларуси.....	91
Островский А.М. К экологии жуков-мягкотелок (Coleoptera, Cantharoidea) юго-востока Беларуси.....	95
Пименов С.В. Фитосанитарное состояние складских помещений предприятий хлебопродуктов Ставропольского края.....	98
Пименов С.В. Трофические связи насекомых складских помещений Ставропольского края.....	102
Потапов Г.С. Временная изменчивость в островных таксоценозах шмелей Европейского Севера России (Соловецкий архипелаг).....	104
Псарев А.М., Еремеев Е.А. Жуки-мертвоеды (Coleoptera: Silphidae) особо охраняемых территорий верховьев Оби.....	107
Рыжая А.В., Копысова Т.С., Гляковская Е.И. Тераформированные членистоногие в зеленых насаждениях г. Гродно (Беларусь).....	111