



ISSN 1727-1320 (Print),
ISSN 2308-6459 (Online)

ВЕСТНИК ЗАЩИТЫ РАСТЕНИЙ

PLANT PROTECTION NEWS

2026 TOM 109 ВЫПУСК 2
 VOLUME ISSUE



Санкт-Петербург
St. Petersburg, Russia

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ХАРАКТЕРИСТИКИ ГАЛЛООБРАЗУЮЩИХ ТЛЕЙ *PEMPHIGUS* SPP. – ВРЕДИТЕЛЕЙ ТОПОЛЕЙ В ПРИЕНИСЕЙСКОЙ СИБИРИ

Н.С. Бабичев¹, М.А. Рязанова^{1,2}, И.А. Михайлова¹, Н.И. Кириченко^{1,2,3*}

¹ Институт леса им. В.Н. Сукачева Сибирского отделения РАН –

обособленное подразделение ФИЦ Красноярский научный центр СО РАН, Красноярск

² Институт экологии и географии Сибирского федерального университета, Красноярск

³ Всероссийский центр карантина растений (ФГБУ «ВНИИКР»), Быково, м.о. Раменский, Московская обл.

*ответственный за переписку, e-mail: nkirichenko@yahoo.com

Тли рода *Pemphigus* (Hemiptera: Aphididae: Pemphiginae: Pemphigini) – галлообразователи, включающие вредителей тополей и сельскохозяйственных культур. Существование близких видов и сложность жизненного цикла затрудняют видовую идентификацию, изучение современных ареалов и отслеживание путей распространения пемфиговых тлей. Молекулярная генетика палеарктических видов изучена слабо, а для сибирских популяций молекулярно-генетические исследования пока и вовсе не проводились. В нашей пионерной работе приведены результаты ДНК-баркодирования четырех видов: *Pemphigus bursarius*, *P. matsumurai*, *P. passeki*, *P. populi*, собранных в Красноярском крае и Республике Хакасия, и осуществлен анализ внутривидовой вариативности *P. bursarius* и *P. matsumurai* по гену цитохромоксидазы I (*COI*) мтДНК с учетом сиквенсов из разных стран. Голарктический вид *P. bursarius* продемонстрировал внутривидовую изменчивость на уровне 3 %, при этом сибирские образцы с тополя черного (*Pop. nigra*) оказались генетически близки к канадской популяции (0.3 %). Образец *P. bursarius* с тополя лавролистного *Pop. laurifolia* из Хакасии образовал обособленную кладу с дивергенцией 5.2 % от образцов с *Pop. nigra* – значение. Сиквенс *P. matsumurai* из Сибири сгруппировался с китайскими образцами этого же вида и с образцами из GenBank, идентифицированными как *P. sinobursarius* (генетическая дистанция от 0.46 до 1.04 %), что не позволило достоверно разделить данные виды с помощью ДНК-баркодирования. Впервые полученные ДНК-баркоды для *P. populi* и *P. passeki* могут служить референсными для видовой идентификации. Настоящая работа закладывает базис для развития молекулярно-генетических библиотек с целью изучения филогенетики и филогеографии пемфигов Сибири, а также наработки референсных ДНК-баркодов для точной идентификации и анализа инвазионных процессов вредоносных видов пемфигов.

Ключевые слова: пемфиги, ДНК-баркодирование, внутривидовая изменчивость, тополевые насаждения, Красноярский край, Республика Хакасия

Поступила в редакцию: 24.04.2026

Принята к печати: 30.06.2026

Введение

Галловые тли рода *Pemphigus* Hartig, 1839 (Hemiptera: Aphididae: Pemphigini) представляют собой группу насекомых, специализированных к обитанию на тополях (*Populus* spp.) и формирующих характерные галлы на листьях, жилках и черешках растений-хозяев. Многие виды этого рода являются вредителями лесных и городских насаждений, а также сельскохозяйственных культур (Долин, 1987; Зерова и др., 1991; Favret, Aphid Taxon Community, 2026). Точная идентификация тлей осложняется существованием близких видов и сложностью их жизненных циклов (Footitt et al., 2008). Это создает проблемы для изучения филогенетики и филогеографии видов, а также для реализации программ мониторинга, оценки рисков распространения и разработки мер борьбы с вредоносными видами.

В последние десятилетия молекулярно-генетические методы, в первую очередь ДНК-баркодирование, основанный на секвенировании фрагмента митохондриального гена цитохромоксидазы I (*COI*), стали мощным инструментом для идентификации, таксономических ревизий и изучения инвазионных процессов насекомых (Hebert et al., 2003; Footitt et al., 2008; Колесникова, Бондаренко, 2020),

включая галлообразующих тлей (Lee, Akimoto, 2013; Coeur d'acier et al., 2014; Li et al., 2020; Varabyova, Zhorov, 2023; Wiczorek et al., 2024; Kang et al., 2026). Однако для многих групп тлей, в том числе для палеарктических видов рода *Pemphigus*, ДНК-баркоды в молекулярно-генетических базах данных BOLD (Barcode of Life Data System, <https://www.boldsystems.org/>) и GenBank (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) редки; некоторые сиквенсы фрагментарны (отдельные участки гена *COI*, потенциально содержащие диагностические нуклеотиды, не расшифрованы) или не подтверждены идентификацией тлей по морфологии, для некоторых видов ДНК-баркоды и вовсе отсутствуют.

Приенисейская Сибирь (географический регион вдоль реки Енисей, включающий Красноярский край, Республику Хакасия и Тыва), характеризуется разнообразием тополевых насаждений и по своему географическому положению является одной из уникальных узловых точек Евразии, расположенной на пересечении природных зон и зоогеографических областей. В то же время, Приенисейская Сибирь остается слабо изученной в отношении систематики, генетического разнообразия и распространения пемфиговых тлей. В последние годы нами были

проведены сборы тлей рода *Pemphigus* на различных видах тополей в отдельных регионах Сибири (Babichev, Kirichenko, 2020; Babichev et al., 2023). Морфологическая идентификация позволила отнести собранные образцы к видам *P. populi* Courcey, 1881, *P. bursarius* (L., 1758), *P. passeki* Börner, 1952 и *P. matsumurai* Monzen, 1927. Однако таксономический статус некоторых популяций, особенно из отдаленных районов, оставался неясным, а их генетические взаимосвязи с другими популяциями из

Европы, Северной Америки и Восточной Азии до настоящего времени не изучались.

В задачи данной работы входила молекулярно-генетическая характеристика четырех видов галловых тлей, обитающих в Приенисейской Сибири, на основе ДНК-баркодирования и оценка генетической дистанции видов из сибирских популяций в сравнении с таковыми из других регионов Голарктики.

Материалы и методы

Сбор образцов и морфологическая идентификация.

Сборы образцов осуществляли в 2016, 2020 и 2021 гг. в Приенисейской Сибири: в Красноярском крае (в Красноярске и г. Железногорске и в Эвенкийском районе в с. Тура – в сумме 50 галлов с тлями с 15 деревьев) и в Республике Хакасия (в Ширинском районе – 10 галлов с тлями с 5 деревьев) (рисунок 1). Расстояние между наиболее удаленными друг от друга точками в исследовании – с. Солёноозерное (Хакасия) и с. Тура (Красноярский край) по прямой линии составляет около 1080 км.

Галлы с содержащимися в них особями тлей были собраны вручную с тополей (*Pop. laurifolia*, *Pop. nigra*, *Pop. × sibirica*, *Populus* sp.) в лесополосах, пойменных зарослях, городских насаждениях и парках в ходе маршрутного мониторинга (рисунок 2) и зафиксированы в 95%-ом растворе этилового спирта в герметичных пробирках (1.5 мл, Axugen, USA). Собранный материал доставляли в лабораторию лесной зоологии Института леса им. В.Н. Сукачева (ИЛ СО РАН, Красноярск), где производили камеральную обработку образцов. Из галлов извлекали имаго тлей

(крылатых особей) для морфологической идентификации. Для 3–7 экземпляров каждого вида из каждой точки сбора были сделаны постоянные препараты. Видовую идентификацию осуществляли по морфологическим признакам имаго – строению усиков, расположению на них ринарий (рисунок 3) и другим признакам, приведенным в электронном издании «Aphids on the World's Plants». При идентификации учитывали также строение галла и вид растения-хозяина (Favret, Aphid Taxon Community, 2026).

Сборы хранятся в лаборатории лесной зоологии ИЛ СО РАН. Во всех случаях сборщиком являлся первый автор, за исключением образцов из г. Железногорск, которые были собраны и переданы для исследований О.С. Булановой.

ДНК-баркодирование. Для секвенирования гена *COI* мтДНК (658 п.н.) было отобрано по одному образцу (особи) имаго из галла растений-хозяев из вышеуказанных точек сбора. В сумме было секвенировано семь образцов тлей: три образца из трех точек сбора, идентифицированные по морфологии как *P. bursarius*, два образца *P. passeki*, и по одному образцу *P. populi* и *P. matsumurai*. Секвенирование

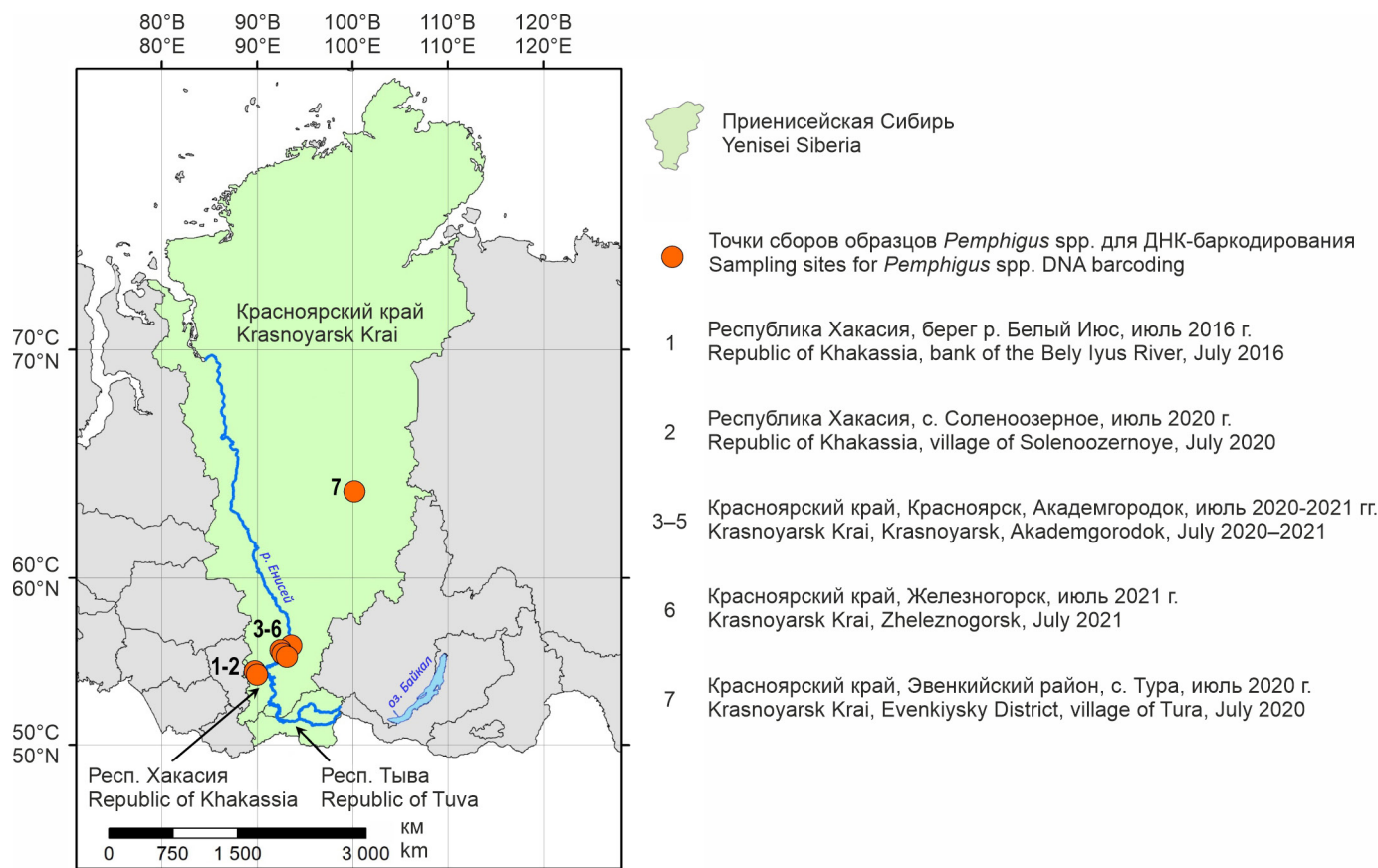


Рисунок 1. Регион и точки сбора *Pemphigus* spp. в Приенисейской Сибири в 2016–2021 гг.

Figure 1. The region and collection sites of *Pemphigus* spp. in Yenisei Siberia in 2016–2021

проводилось по стандартному протоколу (Ivanova et al., 2006) в Канадском центре ДНК-баркодинга при Гуэлфском университете (Канада). Полученные сиквенсы не содержали псевдогенов и стоп-кодона. Идентификацию образцов пемфиг из Сибири осуществляли в генетической базе BOLD (Ratnasingham, Hebert, 2007). О точности идентификации судили по принадлежности ДНК-баркодов из Сибири к числовым кодам (Barcode Index Number, BIN) видов – в генетической базе BOLD (Ratnasingham, Hebert, 2013). Для оценки внутривидовых генетических дистанций в филогенетический анализ включали ДНК-баркоды

203 образцов (193 образца *P. bursarius*, 5 *P. matsumurai*, 2 *P. sinobursarius*, 3 *Pemphigus* spp.). Подробные сведения об образцах и их сиквенсы размещены на хранение в BOLD и депонированы в GenBank, будучи доступны по ссылке: [dx.doi.org/10.5883/DS-PEMBUR](https://doi.org/10.5883/DS-PEMBUR). Филогенетическое дерево строили с использованием метода максимального правдоподобия (Maximum likelihood), модели Кимура (Kimura 2-parameter Model) и бутстрэп-метода (Bootstrap Method) с 1000 итераций в компьютерном приложении MEGA, версия 11.00.13 (Tamura et al., 2021).



Рисунок 2. Места сборов *Pemphigus* spp. в Приенисейской Сибири и галлы тлей. А – точка сборов галлов *P. bursarius* в с. Тура Красноярского края (2020 г.); Б – точка сбора галлов *P. passeki* в лесополосе в Хакасии (2020 г.); В – галл *P. bursarius* на черешке листа *Pop. nigra*; Г – галлы *P. passeki* на основной жилке листьев *Populus* sp.; Д–Е раскрытый галл *P. matsumurai* с тлями и многочисленные галлы в основании листьев *Pop. laurifolia*; Ж – галл *P. pupuli* на центральной жилке листа *Pop. nigra*. Фото: Н.С. Бабичев, Н.И. Кириченко

Figure 2. Habitats of *Pemphigus* spp. in Yenisei Siberia and their galls. А – collection point of *P. bursarius* galls in Tura village, Krasnoyarsk Area (2020); Б – collection point of *P. passeki* galls in the forestbelt in Khakassia Republic (2020); В – the gall of *P. bursarius* on the petiole of *Pop. nigra* leaf; Г – the galls of *P. passeki* on the main vein of *Populus* sp. leaves; Д–Е – opened gall of *P. matsumurai* with aphids, and numerous galls at the base of *Pop. laurifolia* leaves; Ж – the gall of *P. pupuli* on the central vein of *Pop. nigra* leaf. Photo: N.S. Babichev, N.I. Kirichenko



Рисунок 3. Усики и расположенные на них ринарии (органы чувств, или хеморецепторы), используемые для идентификации галловых тлей *Pemphigus* spp. А – *P. bursarius*; Б – *P. matsumurai*; В – *P. passeki*; Г – *P. populi*. Фото: Н.С. Бабичев, Н.И. Кириченко

Figure 3. Antennae and rhinaria (sensory organs, or chemoreceptors) used to identify gall aphids *Pemphigus* spp. А – *P. bursarius*; Б – *P. matsumurai*; В – *P. passeki*; Г – *P. populi*. Photo: N.S. Babichev, N.I. Kirichenko

Результаты и обсуждение

Подрод *Pemphigus*

***Pemphigus bursarius*.** Два образца имаго тли из Сибири (GPRU012-21, Красноярский край, г. Красноярск, *Populus nigra*, 2020 г. и GPRU014-21, Красноярский край, Эвенкийский район, с. Тура, *Populus* sp., 2021 г.) продемонстрировали незначительную генетическую дистанцию (0.16%) при сравнении друг с другом. На генетическом древе их ближайшим соседом оказался образец из Канады (RFBAD986-09, о. Принца Эдварда, с салата *Lactuca sativa*, 2008 г., сборщик E. Dykerman) с генетической дистанцией 0.3%. При вовлечении в анализ выборки ДНК-баркодов 193 образцов вида из Европы и Северной Америки, находящихся в свободном доступе в BOLD и GenBank, внутривидовая вариабельность *P. bursarius* по гену *COI* мтДНК составила 2.93% (рисунок 4). Все эти образцы отнесены в базе BOLD к трем BIN (числовым кодам вида) (рисунок 4).

Один образец, собранный нами в Сибири (Республика Хакасия, берег р. Белый Июс, 2016 г.) с другого кормового растения (*Populus laurifolia*) и предварительно идентифицированный по морфологии имаго тлей как *P. bursarius*, показал значительную генетическую дистанцию (4.8–5.2%) при сравнении с 193 образцами из кластера *P. bursarius* (рисунок 4, красный кластер vs.

зеленый кластер). Максимальная дистанция (5.2%) выявлена между хакасским образцом и образцом из Канады (OPRHQ448-17, Онтарио, 2014 г., имя сборщика не известно), дистанция 4.8% – между этим же хакасским образцом и 11 образцами из Канады (Британская Колумбия, 2013–2014 гг., сборщики R. Rojar). Значительные дистанции отмечены также при сравнении хакасского образца с красноярским и эвенкийским образцами *P. bursarius* – 4.21 и 4.58%, соответственно.

При анализе 196 сиквенсов *P. bursarius* было выявлено 10 гаплотипов (H1–H10) (рисунок 5). Доминирующим являлся гаплотип H1, который был представлен 185 сиквенсами, включая таковые из Канады, США, Великобритании, Германии, Греции, Южной Африки и России (Приморский край). Два сиквенса из Красноярского края и один из Приморского края принадлежат гаплотипам H4 и H6, которые расходятся от H1 на 4 и 6 мутационных шагов, соответственно. Гаплотипы H7–H9 образцов тлей из Канады отделены от доминирующего гаплотипа H1 цепочками из 10, 17 и 23 мутационных шагов соответственно. Наиболее дистальный гаплотип H10 (сиквенс из Хакасии) отделен от H1 уже 33 мутационными шагами и демонстрирует 36 точечных замен относительно гаплотипов H2–H4.

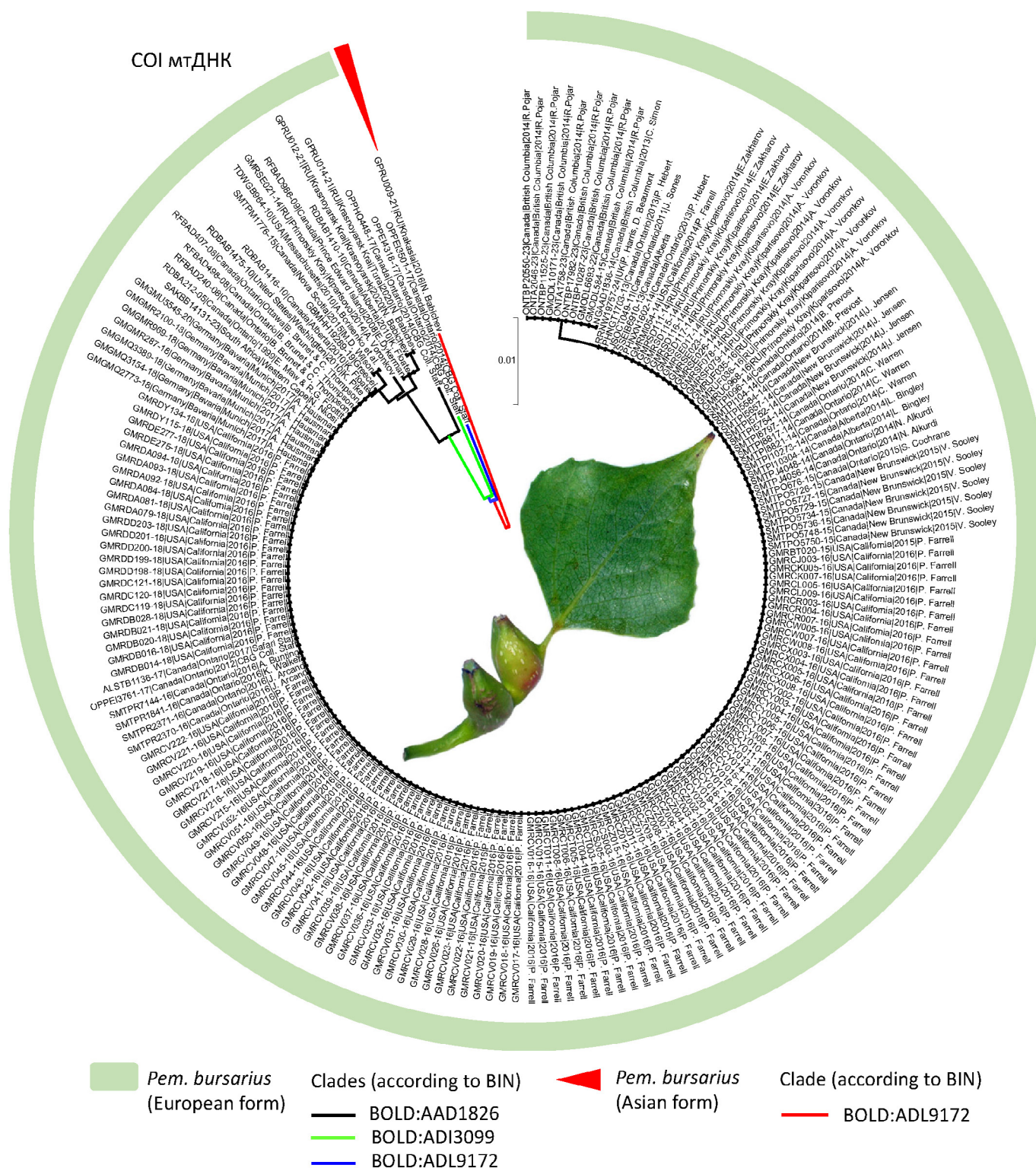


Рисунок 4. Генетическое дерево *Pemphigus. bursarius*, построенное на основе анализа сиквенсов гена *COI* мтДНК 196 образцов вида из его современного ареала в Голарктике с применением метода максимального правдоподобия, двухпараметрической модели Кимуры и бутстрэп-метода (1000 итераций). В подписи для каждого образца указаны – номер образца в BOLD – process ID (GPRU009-21 и т.п.) | страна | административный регион (если известен) | год сбора | имя сборщика. Длина ветви отражает степень родства. Эволюционные линии (ветви дерева) разных цветов соответствуют разным BIN – числовым кодам вида, присваиваемым генетической базой BOLD

Figure 4. The *COI* phylogenetic tree of *Pemphigus bursarius* constructed for 196 specimens from its modern range in the Holarctic using the maximum likelihood method, Kimura’s two-parameter model, and the bootstrap method (1000 iterations). The caption for each specimen includes the specimen process ID in BOLD (GPRU009-21, etc.) | country | administrative region (if known) | year of collection | name of collector. Branch length reflects the degree of relationship. Evolutionary lineages (tree branches) of different colors correspond to different BINs – numeric species codes assigned by the BOLD genetic database

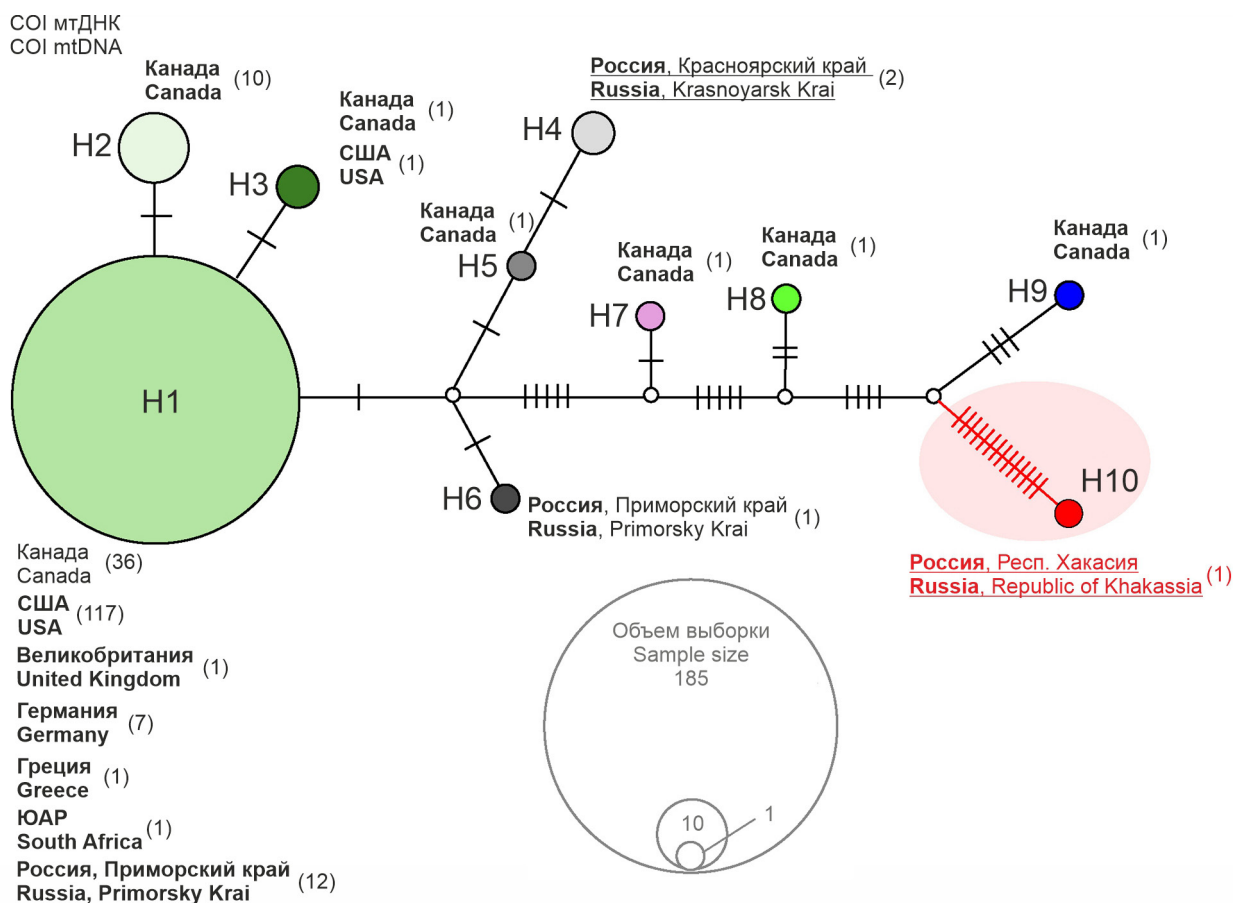


Рисунок 5. Медианная сеть гаплотипов *Pemphigus bursarius* в Голарктике, построенная на основе анализа гена *COI* мтДНК с применением алгоритма парсимонии. Разные цвета соответствуют разным гаплотипам (H1–H10); размер кругов – числу исследованных особей тли (указано в скобках для каждого гаплотипа). Отрезок линии, соединяющий круги, представляет собой одну мутацию. Точками (°) обозначены промежуточные (невывявленные по фактическим данным) гаплотипы. Красным облаком обозначен гаплотип H10, представленный одним экземпляром тли из Респ. Хакасия (Россия) (генетическая дистанция > 5% от доминирующего гаплотипа H1) и представляющим азиатскую форму вида или криптический вид

Figure 5. The *COI* median haplotype network of *Pemphigus bursarius* in the Holarctic constructed using the parsimony algorithm. Different colors correspond to different haplotypes (H1–H10); the size of the circles corresponds to the number of analyzed aphid individuals (indicated in parentheses for each haplotype). The short vertical strokes on the lines connecting the circles represent one mutation; dots (°) denote intermediate (undetected from the actual data) haplotypes. The red cloud denotes haplotype H10, represented by a single aphid specimen from the Republic of Khakassia (Russia) with the genetic distance > 5% from the dominant haplotype H1, and representing the Asian form of the species or cryptic species

Pemphigus matsumurai. Один образец из Сибири (GPRU006-21, Красноярский край, г. Красноярск, *Populus laurifolia*, 2020 г.) на генетическом дереве вошел в кластер данного вида с пятью другими образцами вида из Китая (рисунок 6). Максимальная генетическая дистанция между сибирским и китайскими образцами составила 0.92%. Два образца, имеющиеся в свободном доступе в GenBank (GBMHH5910-14, GBMHH5911-14, Китай, 2009 г., сборщик не известен), указанные там под видовым названием *P. sinobursarius*, сформировали один кластер с *P. matsumurai* с минимальной генетической дистанцией 0.46% и максимальной – 1.04%.

Pemphigus passeki. Два образца данного вида из Сибири (HYMRU005-21, Красноярский край, 2021 г. и HYMRU013-21, Республика Хакасия, 2020 г.) продемонстрировали генетическую дистанцию 0.61% при сравнении друг с другом и сформировали кластер с неидентифицированным образцом из Беларуси (GMBMT371-18,

Минск, 2016 г., сборщик Т. Lipinckaya) с дистанцией 0.17–0.61% (рисунок 6). Учитывая, что в BOLD и GenBank отсутствуют идентифицированные до вида образцы *P. passeki*, наши образцы из Сибири, достоверно определенные по морфологии, можно считать референсными (идентификатор вида в BOLD – BOLD:ADM5938). Ближайшим соседом *P. passeki* являлся дальневосточный образец, не идентифицированный до вида в BOLD (GMRUF161-1, Приморский край, 2015 г., сборщик А. Воронков), с минимальной межвидовой генетической дистанцией 2.19%. По нашему предположению, в частности по степени генетического родства, этот образец может быть отнесен к *P. populinigrae*, сиквенсы которого в BOLD и GenBank отсутствуют.

Подрод *Pemphiginus*

Pemphigus populi. Сиквенс из Сибири (GPRU003-21, Красноярский край, 2021 г.) оказался крайне схожим с таковым неидентифицированного вида тли из Англии



Рисунок 6. Филогенетическое дерево, отображающее степень родства *Pemphigus* spp. из Приенисейской Сибири с наиболее близкими экземплярами пемфигов, чьи сиквенсы хранятся в BOLD и GenBank в свободном доступе, и построенное с применением метода максимального правдоподобия, двухпараметрической модели Кимуры и бутстрэп-метода (1000 итераций). Красным цветом подписаны оригинальные сиквенсы. В подписи для каждого образца указаны – номер образца в BOLD – process ID (GBMHH5904-14 и т.п.) | вид | страна | административный регион (если известен) | год сбора | имя сборщика. Длина ветви отражает степень родства. Ветви дерева, отмеченные вертикальными линиями разных цветов, соответствуют разным BIN

Figure 6. The *COI* phylogenetic tree displaying the degree of relationship of *Pemphigus* spp. from Yenisei Siberia with the most closely related *Pemphigus* specimens, whose sequences are freely available in BOLD and GenBank, constructed using the maximum likelihood method, Kimura's two-parameter model, and the bootstrap method (1000 iterations). Original sequences are marked in red. The caption for each specimen includes the following data: specimen process ID (GBMHH5904-14, etc.) | species name | country | administrative region (if known) | year of collection | name of collector. The length of the branch reflects the degree of relationship. Tree branches marked with vertical lines of different colors correspond to different BINs

(OXWW2399-23, Оксфорд, 2022 г., сборщик А. Bailey) (рисунок 6). В изученном фрагменте гена (658 п.н.) обнаружена единственная транзиция А↔G в позиции 271. Оба образца отнесены в молекулярно-генетической базе BOLD к одному BIN – BOLD:AGO1599. Ни в BOLD, ни в GenBank нет сиквенсов, которые бы сформировали одну

группу с сибирским и английским образцами. Таким образом, наш образец, депонированный в BOLD и достоверно идентифицированный по морфологии, может использоваться как референсный для молекулярно-генетической идентификации вида.

Обсуждение

Обособленная филогенетическая линия *P. bursarius* на тополе лавролистном в Сибири. Проведенный филогенетический анализ с вовлечением образцов вида из Сибири указывает на высокую внутривидовую изменчивость *P. bursarius* по гену *COI*, что само по себе не является исключительным для тлей. Однако генетическая дистанция (более 5%) между хакасским образцом, собранным с тополя лавролистного (*Pop. laurifolia*), и всеми остальными проанализированными образцами *P. bursarius*, включая два наших из Красноярска и Туры (с тополя черного), требует особого внимания.

Ранее Г.Х. Шапошников (1964) предположил существование двух подвидов *P. bursarius* – европейского и

азиатского – на основе морфологических различий и приуроченности к разным видам тополей. Наши молекулярные данные свидетельствуют о существовании отдаленной филогенетической линии: выявленный разрыв превышает известное пороговое значение для разграничения близких видов тлей (Aphididae) (Coeur d'acier et al., 2014; Kang et al., 2026). В исследовании Coeur d'acier et al. (2014) на репрезентативной выборке из 1020 образцов тлей (274 вида, 87 родов) из разных стран Европы показано, что внутривидовая изменчивость у тлей по *COI* может достигать 3.9% (Coeur d'acier et al., 2014). Вместе с тем, анализ 125 морфовидов тлей, представленных 566 экземплярами, из Кореи «сузил» пороговое значение внутривидовой

изменчивости до 2% (Kang et al., 2026). Таким образом, установленная нами дистанция в 5.2% почти вдвое превышает известные пороговые значения, используемые для разграничения видов тлей по гену *COI*.

P. bursarius – изначально палеарктический – давно расселился в Евразии, а после инвазии в прошлом веке в Северную Америку его можно считать голактическим видом, развивающимся на тополях секций *Aigeiros* и *Tacamahaca*. Для него характерен переход между растениями-хозяевами: в Северной Азии *P. bursarius* перешел с тополя черного *Pop. nigra* (*Aigeiros*) на лавролистный *Pop. laurifolia* (*Tacamahaca*). По нашему мнению, трофические переходы вида мог произойти вследствие расширения ареала пемфига: так могли возникнуть европейская (на *Aigeiros*) и азиатская (на *Tacamahaca*) расы *P. bursarius* с приуроченностью к разным видам растений-хозяев – к *Pop. nigra* и *Pop. laurifolia*, соответственно. Не исключено, что европейская раса могла повторно проникнуть в Восточную Сибирь в результате интродукции *Pop. nigra* в населенные пункты, где уже существовала азиатская раса на *Pop. laurifolia*. В итоге в Восточной Сибири могут сосуществовать две филогенетические линии тлей *P. bursarius*, закрепившиеся на тополях двух секций, – феномен, который, по всей видимости, мы и наблюдаем в регионе исследования.

Несколько независимых случаев интродукции *P. bursarius* задокументировано в Японии: вид был занесен с тополем черным из Европы или Азии (Lee, Akimoto, 2013). Первичным хозяином здесь выступает тополь черный, вторичными – салат (*Lactuca*), что дает возможность виду продолжить распространение в стране через

перемещение сельскохозяйственной продукции человеком (Lee, Akimoto, 2013). Японские популяции, учитывая их связь с тополем черным, скорее всего представлены европейской расой *P. bursarius*.

Проблема разграничения *P. matsumurai* и *P. sinobursarius*. Формирование образцами *P. matsumurai* из Сибири и Китая единого кластера с депонированными в GenBank образцами, идентифицированными как *P. sinobursarius*, говорит о невозможности разделения двух видов по гену *COI* мтДНК. Аналогичный результат был получен китайскими исследователями: по трем генам (*COI*, *COII* and *EF-1α*) ими не было найдено различий между *P. sinobursarius* и *P. matsumurai* (Liu et al., 2014). Это может являться свидетельством того, что *P. sinobursarius* – молодой вид, генетическое расхождение которого от *P. matsumurai* еще не произошло. Это предположение, однако, требует дальнейших исследований с применением интегративной таксономии.

Референсные ДНК-баркоды *P. populi* и *P. passeki*. Образцы *P. populi* и *P. passeki* из Сибири, достоверно идентифицированные по морфологическим признакам, могут служить референсными для видовой молекулярно-генетической идентификации. В молекулярно-генетических базах BOLD и GenBank до настоящего времени верифицированные сиквенсы данных видов отсутствовали. Особого внимания заслуживает высокое сходство сибирского образца *P. populi* с неидентифицированным образцом из Англии. Это может свидетельствовать о широком распространении представителей данного генетического кластера в Евразии.

Заключение

В Хакасии выявлена филогенетически обособленная линия *P. bursarius* на тополе лавролистном, значительно отдаленная от популяций, развивающихся на тополе черном в Сибири, Европе и Северной Америке. Подчеркнута невозможность разделения двух видов *P. matsumurai* и *P. sinobursarius* на основе ДНК-баркодинга в связи с

высоким родством и формированием видами единой филогенетической клады. Впервые получены референсные ДНК-баркоды *P. populi* и *P. passeki* из Сибири, которые могут быть использованы в системах ДНК-баркодинга для видовой идентификации.

Благодарности

Авторы благодарят Баранчикова Ю.Н. (ИЛ СО РАН, Красноярск) за постоянную помощь и поддержку, а также двух анонимных рецензентов за замечания. Исследования выполнены при поддержке гранта РФФИ № 22-16-00075-П.

Библиографический список (References)

- Бакулин ВТ (1990) Интродукция и селекция тополя в Сибири. Новосибирск: Наука. 174 с.
- Баранчиков ЮН, Бабичев НС (2015) К фауне и идентификации галлообразующих тополёвых тлей-пемфигов (Sternorrhynae, Pemphiginae, Pemphigini) лесостепных ландшафтов Приенисейской Сибири. *Известия Санкт-Петербургской лесотехнической академии*. 211:254–269.
- Долин ВГ, ред (1987) Вредители сельскохозяйственных культур и лесных насаждений. Вредные нематоды, моллюски, членистоногие. Том 1. Киев: Урожай. 440 с.
- Долгова ЛП (1969) Тли подсемейства Pemphiginae (Homoptera, Aphidinea), вредящие тополям в Алтайском крае. *Дисс. ... к.б.н.* Барнаул. 143 с.
- Воробьева ММ, Жоров ДГ (2023) Экологические особенности и ДНК-штрихкодирование чужеродных видов Aphidoidea, включенных в Черную книгу инвазивных видов животных Беларуси. *Журнал Белорусского государственного университета. Экология* 2:25–39
- Зерова МД, Мамонтова ВА, Ермоленко ВМ, Дьякончук ЛА и др., ред (1991) Насекомые-галлообразователи культурных и дикорастущих растений европейской части СССР. Равнокрылые, чешуекрылые, жестkokрылые, полужестkokрылые. Киев: Наукова думка. 344 с.
- Ивановская ОИ (1977) Тли Западной Сибири: часть 2. Семейство Aphididae. Новосибирск: Наука. 328 с.
- Колесникова ЕВ, Бондаренко ГН (2020) Применение метода полимеразной цепной реакции для идентификации преимагинальных стадий *Drosophila suzukii* (Matsumura, 1931). *Фитосанитария. Карантин растений* 3:33–40
- Шапошников ГХ (1964) Подотряд Aphidinea – Тли. В кн.: Бей-Биенко ГЯ (ред) Определитель насекомых Европейской части СССР. Том 1. М.–Л.: Наука. 489–616.

- Babichev NS, Baranchikov YN, Kuzhuget SV, Knyazev SYu, Dementeva MK, Malikova EI, Kirichenko N (2023) An annotated checklist of gall-forming poplar aphids (Sternorrhyncha: Aphididae, Pemphigini) from Asian part of Russia. *Acta Biologica Sibirica* 9:317–347. <https://doi.org/10.5281/zenodo.7886763>
- Babichev N, Kirichenko N (2020) Diversity and distribution of gall-forming aphids of the genus *Pemphigus* (Sternorrhyncha: Aphididae, Pemphigini) in Eastern Siberia. *J Asia-Pacific Biodiv* 13(1):339–348. <https://doi.org/10.1016/j.japb.2020.07.002>
- Coeur d'acier A, Cruaud A, Artige E, Genson G et al (2014) DNA barcoding and the associated PhylAphidB@se web-site for the identification of European Aphids (Insecta: Hemiptera: Aphididae). *PLoS ONE* 9(6):e97620. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0097620>
- Hebert PDN, Cywinska A, Ball SL, deWaard JR (2003) Biological identifications through DNA barcodes. *Proc Royal Soc* 270(1512):313–321. <http://doi.org/10.1098/rspb.2002.2218>
- Footitt RG, Maw HEL, von Dohlen CD, Hebert PDN (2008) Species identification of aphids (Insecta: Hemiptera: Aphididae) through DNA barcodes. *Mol Ecol Res* 8(6):1189–1201. <http://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2008.02297.x>
- Favret C & Aphid Taxon Community, eds. (2026) Blackman & Eastop's Aphids on the World's Plants, version 2.0. (05.04.2026). [https://aphidsonworldsplants.info/\(22.06.2026\)](https://aphidsonworldsplants.info/(22.06.2026))
- Ivanova NV, de Waard JR, Hebert PDN (2006) An inexpensive, automation-friendly protocol for recovering high-quality DNA. *Mol Ecol Notes* 6:998–1002. <http://doi.org/10.1111/J.1471-8286.2006.01428.X>
- Kang Y, Lee H, Park DK, Akimoto S et al (2026) High utility of DNA barcoding for species identification and cryptic diversity in Korean aphids (Hemiptera: Aphididae). *Sci Rep* 16(1):9307. <http://doi.org/10.1038/s41598-026-38901-0>
- Lee W, Akimoto S (2013) Recent multiple introductions of the gall-forming aphid *Pemphigus bursarius* into Japanese islands. *Entomol Sci* 16(2). <http://doi.org/10.1111/j.1479-8298.2012.00556.x>
- Li Q, Deng J, Chen C, Zeng L et al (2020) DNA barcoding subtropical aphids and implications for population differentiation. *Insects* 11(11). <https://doi.org/10.3390/insects11010011>
- Liu L, Li XY, Huang XL, Qiao GX (2014) Evolutionary relationships of *Pemphigus* and allied genera (Hemiptera: Aphididae: Eriosomatinae) and their primary endosymbiont, *Buchnera aphidicola*. *Insect Sci* 21(3):301–312. <https://doi.org/10.1111/1744-7917.12113>
- Miller GL, Footitt RG (2009) The taxonomy of crop pests: the aphids. In: Footitt RG, Adler PH (eds) *Insect Biodiversity: Science and Society*. Chichester: John Wiley & Sons. 463–473. <http://doi.org/10.1002/9781444308211.ch20>
- Ratnasingham S, Hebert PDN (2007) BOLD: The Barcode of Life Data System (<http://www.barcodinglife.org>). *Mol Ecol Notes* 7:355–364. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2007.01678.x>
- Ratnasingham S, Hebert PDN (2013) A DNA-based registry for all animal species: The Barcode Index Number (BIN) System. *PLOS ONE* 8(8):e66213. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0066213>
- Tamura K, Stecher G, Kumar S (2021) MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 11. *Mol Biol Evol* 38(7):3022–3027. <https://doi.org/10.1093/molbev/msab120>
- Wieczorek K, Chłond D, Jousselin E, Coulson JS (2024) The lost generation of *Pemphigus populiglobuli* (Hemiptera, Aphididae): exploring the taxonomy of the Svalbard aphids of genus *Pemphigus*. *Zool Lett* 10(21):1–22. <https://doi.org/10.1186/s40851-024-00245-w>

Translation of Russian References

- Bakulin VT (1990) [Introduction and breeding of poplars in Siberia]. Novosibirsk: Nauka. 174 p. (In Russian)
- Baranchikov YuN, Babichev NS (2015) [On the fauna and identification of gall-forming poplar aphids-pemphigus (Sternorrhyncha, Pemphiginae, Pemphigini) of forest-steppe landscapes of Yenisei Siberia]. *Izvestiya Sankt-Peterburgskoy lesotekhnicheskoy akademii* 211:254–269 (In Russian)
- Dolgova LP (1969) [Aphids of Pemphiginae (Homoptera, Aphidinea) that harm poplars in the Altai Territory]. *Dr. Biol. Thesis*. Barnaul. 143 p. (In Russian)
- Dolin VG, ed (1987) [Pests of agricultural crops and forest plantations. Harmful nematodes, mollusks, arthropods. Volume 1]. Kiev: Urozhay. 440 p. (In Russian)
- Ivanovskaya OI (1977) [Aphids of Western Siberia: part 2. Family Aphididae]. Novosibirsk: Nauka. 328 p. (In Russian)
- Kolesnikova EV, Bondarenko GN (2020) Application of polymerase chain reaction method for identification of preimaginal stages of *Drosophila suzukii* (Matsumura, 1931). *Plant Health and Quarantine* 3:32–40. <https://doi.org/10.69536/FKR.2020.50.28.001>
- Shaposhnikov GC (1964) [Aphidinea suborder – Aphids]. In: Bey-Bienko GYa (ed.) *Determinant of insects of the European part of the USSR*. Vol. I. M.–L.: Nauka. 489–616. (In Russian)
- Vorobyova MM, Zhorov DG (2023) Ecological characteristics and DNA barcoding of alien aphidoidea species included in the Black book of invasive animal species of Belarus. *Zhurnal Belorusskogo gosudarstvennogo universiteta. Ekologiya* 2:25–39. (In Russian)
- Zerova MD, Mamontova VA, Ermolenko VM, Dyakonchuk LA et al ed (1991) [Gall-forming insects of cultivated and wild plants of the European part of the USSR. Homoptera, Lepidoptera, Coleoptera, Hemiptera]. Kiev: Naukova dumka. 344 p. (In Russian)

MOLECULAR-GENETIC CHARACTERISTICS OF GALL-FORMING APHIDS
PEMPHIGUS SPP. – THE PESTS OF POPLARS IN YENISEI SIBERIAN.S. Babichev¹, M.A. Ryazanova^{1,2}, I.A. Mikhailova¹, N.I. Kirichenko^{1,2,3*}¹ V.N. Sukachev Institute of Forest, Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, Federal Research Center
«Krasnoyarsk Science Center SB RAS», Krasnoyarsk, Russia² Institute of Ecology and Geography, Siberian Federal University, Krasnoyarsk, Russia³ All-Russian Plant Quarantine Center (FGBU “VNIKR”), Bykovo, Moscow Oblast, Russia*corresponding author; e-mail: nkirichenko@yahoo.com

Pemphigus aphids (Hemiptera: Aphididae: Pemphigini) are gall-forming pests of poplars and agricultural crops. Morphological variability and cryptic species hinder taxonomic identification and range assessment. The molecular genetics of Palearctic species remain poorly understood, and no such studies have been conducted for Siberian representatives. Our pioneer study presents the results of DNA barcoding and analysis of genetic variability of four species (*Pemphigus bursarius*, *P. matsumurai*, *P. passeki*, *P. populi*) collected in Krasnoyarsk Krai and the Republic of Khakassia and identified by morphology. Holarctic species *P. bursarius* demonstrated high intraspecific variability (2.93%) in *COI* mtDNA gene. The Siberian specimens of this species from black poplar (*Pop. nigra*) were genetically close to the Canadian population. A specimen from the Republic of Khakassia from laurel poplar (*Pop. laurifolia*) showed a genetic distance of 5.2% from *P. bursarius* from *Pop. nigra*, highlighting the presence of a distant lineage. The Siberian specimen of *P. matsumurai* grouped with Chinese specimens of the same species and with specimens of *P. sinobursarius* stored in GenBank (the genetic distance varied from 0.46 to 1.04%), not allowing to split these species using DNA barcoding. For the first time, DNA barcodes of *P. populi* and *P. passeki* have been obtained, which can serve as reference sequences for species identification. This study lays the ground for building molecular genetic libraries to study the phylogenetics and phylogeography of *Pemphigus* spp. in Siberia, and for developing reference DNA barcodes enabling precise identification and analysis of invasive processes in pest species.

Keywords: gall-inducing aphids, DNA barcoding, intraspecific variability, poplars, Krasnoyarsk Area, Republic of Khakassia

Submitted: 24.04.2026

Accepted: 30.06.2026