

**ОЦЕНКА ДИВЕРГЕНЦИИ МОЛЕЙ-ДЕПРЕССАРИЙ (LEPIDOPTERA:
DEPRESSARIIDAE) НА ОСНОВЕ ФРАГМЕНТОВ МИТОХОНДРИАЛЬНОГО
(COI-II) И ЯДЕРНОГО РИБОСОМАЛЬНОГО (28SD1) ГЕНОВ**

П.Н. Трофимова^{1,2}, М.Г. Пономаренко^{1,2}

¹Биолого-почвенный институт ДВО РАН, г. Владивосток

²Дальневосточный федеральный университет, г. Владивосток

E-mail: trofimova-pn@yandex.ru margp@ibss.dvo.ru

По результатам анализа нуклеотидных последовательностей целевых фрагментов митохондриального COI-II и ядерного рибосомального 28SD1 генов у представителей различных групп ширококрылых молей (Oecophoridae *sensu lato*) показатели степени дивергенции молей-депрессарий и родственных групп составляют 0.085–0.111 (или 8.5–11.1%) по митохондриальному гену и 0.004–0.008 (или 0.4–0.8%) по ядерному гену, что сопоставимо или превышает степень дивергенции близких экофоридных групп (0.089 – COI-II, 0 – 28SD1), и соответствует генетической дистанции между представителями низших дитризных чешуекрылых (0.110–0.180 по COI-II; 0.004–0.050 по 28SD1). Полученные данные не противоречат выделению молей-депрессарий в самостоятельное семейство Depressariidae. Степень дивергенции исследованных видов рода *Carcina* Hübner, [1825] и молей-депрессарий не позволяет поддержать включение этого рода в семейство Depressariidae.

Видовой состав семейства плоских молей (или молей-депрессарий) на Дальнем Востоке России изучен относительно неплохо (Львовский, 2008). В настоящий момент в этом регионе насчитывается 81 вид из 8 родов молей-депрессарий. Однако, несмотря на хорошую фаунистическую изученность группы в целом, ее ранг и таксономическое положение в системе чешуекрылых остаются спорными.

В ряде публикаций конца прошлого и начала текущего века по результатам традиционных морфологических исследований имагинальной и преимагинальных стадий группа плоских молей преимущественно указывалась в ранге отдельного семейства в рамках надсемейств Gelechioidea (Common, 1996; Hannemann, 1996;

Львовский, 1999, 2008; Sakamaki, 2013), или Elachistoidea (Синев, 1992). Однако состав надсемейств авторами понимался по-разному, так в гелехиоидный комплекс включали от 8 до 21 семейства. С другой стороны, моли-депрессарии в ранге подсемейства включались в семейства Oecophoridae (Leraut, 1980; Hodges, 1983; Passoa, 1995; Heppner, 1998) или Elachistidae (Minet, 1990, 1991; Hodges, 1999; Kaila, 2004) в том же гелехиоидном комплексе. Альтернативной точкой зрения было включение плоских молей в надсемейство Coleophoroidea в ранге подсемейства в семействе ширококрылых молей на основе особенностей функциональной морфологии гениталий самцов (Кузнецов, Стекольников, 2001).

На основе комбинированного анализа морфологических и молекулярных данных положение плоских молей до недавнего времени неизменно оставалось в рамках семейства злаковых молей (Elachistidae), пока не была показана гетерогенность последнего (Bucheli, Wenzel, 2005; Kaila et al., 2011). Новым таксономическим решением было выделение самостоятельного семейства Depressariidae с включением в его состав ряда групп (Acriinae, Aeolanthinae, Cryptolechiinae, Depressariinae, Ethmiinae, Hypercalliinae, Hypertrophinae, Peleopodinae, Oditinae, Stenomatinae, *Carcina* и др.), ранее рассматривавшихся в других семействах гелехиоидного комплекса и в ранге отдельных семейств (Heikkilä et al., 2013).

Общая направленность настоящего исследования посвящена выяснению родственных связей семейства плоских молей (Depressariidae) на основе анализа фрагментов митохондриальных и ядерных генов. На первом этапе исследования нашей целью было выяснить степень генетической дивергенции молей-депрессарий и сближаемых с ними таксонов микрочешуекрылых на основе фрагментов митохондриального (COI-II) и ядерного (28SD1) генов. В работе используется ранг таксонов и таксономическое положение групп преимущественно по Каталогу чешуекрылых России (Синев, 2008), а при отсутствии таксонов в упомянутом издании – по Сакамаки (Sakamaki, 2013).

Материал, метод и методики

Материалом для исследования послужили фиксированные в 96% спирте представители 7 семейств микрочешуекрылых (Depressariidae, Oecophoridae, Chimabachidae, Amphisbatidae, Lecithoceridae, Blastobasidae и Tineidae). Таксономическая принадлежность и места сборов экземпляров бабочек указаны в табл. 1. В анализ фрагмента mtCOI-II, кроме собранных авторами видов, были включены другие представители 5 семейств микрочешуекрылых (табл. 2), для которых в международном генбанке при Национальном Центре Биотехнологической Информации (National Center for Biotechnology Information, NCBI) имелись данные по нуклеотидным последовательностям митохондриальных генов COI и COII.

Выделение геномной ДНК производилось согласно инструкции Appendix G: Purification of Genomic DNA from insects, прилагаемой к набору Qiagen DNeasy Blood & Tissue, с небольшими изменениями. Последние заключались в подго-

товке материала для лизинга с сохранением скелета генитального аппарата у исследованных экземпляров для изготовления ваучеров вместо рекомендуемого в инструкции растирания материала пестиком в ступке.

Таблица 1
Названия исследованных таксонов, номера ваучеров и места сбора экземпляров

№	Название таксона / номер ваучера	Место сбора
1.	Lecithoceridae: Oditinae: Scythropiodini: <i>Scythropiodes</i> sp. / V-86	Чугуевский р-н, 16 км ЮВ Ясного, р. Уссури, урочище «Побединская поляна», нац. парк «Зов Тигра», 06.2013
2.	Chimabachidae: <i>Dasystema salicella</i> (Hübner, 1796) / V-91	17 км 3 с. Покровка, скальные отроги р. Орлиха 04.2009
3.	Oecophoridae: Deuterogoninae: <i>Deuterogonia pudorina</i> (Wocke, 1857) / V-95	Хасанский р-н, п-в Гамова, б. Средняя 08.2009
4.	Blastobasidae: <i>Neoblastobasis</i> sp. / V-96	Хасанский р-н, п-в Гамова, б. Средняя 08.2009
5.	Oecophoridae: <i>Acryptolechia</i> sp. / V-97	Хасанский р-н, п-в Гамова, б. Средняя 08.2009
6.	Tineidae: <i>Rhodobates</i> sp. / V-251	17 км 3 с. Покровка, скальные отроги р. Орлиха, 06.2010
7.	Depressariidae: Depressariinae: Depressariini: <i>Agonopterix japonica</i> Saito, 1980 / V-253	Чугуевский р-н, 16 км ЮВ Ясного, р. Уссури, урочище «Побединская поляна», нац. парк «Зов Тигра», 06.2013
8.	Oecophoridae: Oecophorinae: Carcinini <i>Carcina homomorpha</i> (Meyrick, 1931) / V-254	Чугуевский р-н, 16 км ЮВ Ясного, р. Уссури, урочище «Побединская поляна», нац. парк «Зов Тигра», 06.2013
9.	Oecophoridae: Oecophorinae: Oecophorini: <i>Promalactis parki</i> Lvovsky, 1986 / V-256	Хасанский р-н, окр. с. Рязановка, 08.2010
10.	Oecophoridae: <i>Martyringa xeraula</i> (Meyrick, 1910) / V-257	Хасанский р-н, окр. с. Рязановка, 08.2010

Таблица 2
Названия таксонов, включенных в анализ фрагмента mtCOI-II, и регистрационные номера их нуклеотидных последовательностей в международном ГенБанке (NCBI)

№	Название таксона	Регистрационный номер в ГенБанке (GenBank, NCBI)
1.	Tineidae: <i>Tineola bisselliella</i> (Hummel, 1823)	KJ508045.1
2.	Yponomeutidae: <i>Yponomeuta malinella</i> (Zeller, 1838)	U09206.1
3.	Oecophoridae: <i>Promalactis suzukiella</i> (Matsumura, 1931)	KM875542.1
4.	Carposinidae: <i>Carposina sasakii</i> Matsumura, 1900	NC_023212.1
5.	Tortricidae: <i>Grapholita dimorpha</i> Komai, 1979	NC_024582.1

В дальнейшем в работе с образцами был использован метод ПЦР-секвенирования, включающий амплификацию целевых фрагментов COI-II и 28SD1 и их секвенирование. Для анализа были выбраны фрагменты митохондриальных генов COI и COII (COI-II) и ядерного рибосомального 28SD1, успешная апробация которых была осуществлена в филогенетических исследованиях различных групп чешуекрылых (Abraham, 2001; Monteiro, Pierce, 2001; Yamamoto, Sota, 2007). ПЦР обозначенного фрагмента COI-II осуществляли с помощью праймеров по Саймону и др., и по Ямамото и Сота (Simon et al., 1994; Yamamoto, Sota, 2007), а ядерного рибосомального гена 28SD1 – с помощью праймеров по Ларсену (Larsen, 1992). ПЦР проводилась на приборе Gene Amp 9700 (Applied Biosystems), в 20 мкл реакционной смеси, включавшей 5 мкл ДНК, 2,5 мкл 10X буфера, 2 мкл 2,5 mM dNTP, 1 мкл каждого праймера (2,5 mM / мкл) и 0,2 ед Taq-полимеразы или 0,4 ед смеси Taq- и DreamTaq-полимеразы. Последним в реакционную смесь добавлялся MgCl₂ 2 мкл (25 mM). Смесь доводили до нужного объема деионизированной водой. Амплификация проводилась на протяжении 30 циклов, включающих этапы денатурации (94 °C – 1 мин; 95 °C – до 5 мин), отжига праймеров (42 °C – 1 мин; 40 °C – 30 с) и элонгации (72 °C – 1 мин 30 сек). Реакция оканчивалась 7 минутным синтезом при 72 °C.

Секвенирование продуктов ПЦР для фрагментов COI-II и 28SD1 осуществлялось с использованием набора BigDye Terminator v.3.1 CycleSequencingkit и праймеров для амплификации. Реакцию проводили с помощью амплификатора GeneAmp 9700 (Applied Biosystems) в 10 мкл реакционной смеси, включавшей 1,5 мкл ПЦР продукта, 1,25 мкл 5X буфера, 1,0 мкл BigDye, 0,5 мкл каждого праймера, а также 5,75 мкл dH₂O. Реакция осуществлялась на протяжении 30 циклов, включающих следующие этапы: денатурация (96 °C – 1 мин), отжиг праймеров (96 °C – 10 сек) и синтез (50 °C – 5 сек). Оканчивалась реакция 4 минутным синтезом при 60 °C.

Редактирование, выравнивание и анализ последовательностей осуществлялись с использованием пакета программ MEGA 5 (Tamura et al., 2011). Оценку эволюционной дивергенции (эволюционной дистанции) нуклеотидных последовательностей фрагментов mtCOI-II и 28SD1 проводили методом Pairwise Distance, модель – *p-distance*.

Результаты и обсуждение

1. Анализ нуклеотидных последовательностей фрагмента mtCOI-II

В результате ПЦР-секвенирования были получены нуклеотидные последовательности фрагмента mtCOI-II длиной 689-705 bp. Результаты их анализа у представителей 6 семейств микрочешуекрылых даны в матрице эволюционных дистанций (табл. 3).

Показатель эволюционной дивергенции представителей молей-депрессарий и ширококрылых молей, с которыми чаще всего их сближали и в рамках которых ранее рассматривали, лежит в пределах 0.085–0.111 (или 8-11%), а интервал

степени дивергенции с внешними группами составляет 0.125–0.144 (или 12.5–14.4%). Причем, эволюционная дистанция между представителями семейств низших дитризных молевидных чешуекрылых лежит в интервале от 0.110 (Oecophoridae и Yponomeutidae, минимальный показатель) до 0.180 (Carpocossinidae и Tineidae, максимальный показатель).

Таблица 3

Оценка эволюционной дивергенции между нуклеотидными последовательностями фрагмента mtCOI-II у молей-депрессарий и сравниваемых таксонов.

№	Название таксона	1	2	3	4	5	6	7
1	<i>Agonopterix japonica</i>							
2	<i>Rhodobates</i> sp.	0.143						
3	<i>Promalactis parki</i>	0.111	0.149					
4	<i>Promalactis suzukiella</i>	0.085	0.125	0.089				
5	<i>Tineola bisselliella</i>	0.144	0.171	0.169	0.137			
6	<i>Yponomeuta malinella</i>	0.125	0.163	0.131	0.110	0.155		
7	<i>Carpocossina sasakii</i>	0.137	0.189	0.150	0.146	0.180	0.141	
8	<i>Grapholita dimorpha</i>	0.125	0.166	0.144	0.119	0.166	0.149	0.165

Примечание. Полужирным шрифтом выделены показатели эволюционной дистанции между нуклеотидными последовательностями представителя группы молей-депрессарий и сравниваемых таксонов.

Таким образом, интервал эволюционной дистанции по фрагменту митохондриального гена COI-II исследованных представителей молей-депрессарий и молей-экофорид сопоставим со степенью дивергенции представителей последнего семейства (Oecophoridae) и семейства горностаевых молей (Yponomeutidae). Полученные результаты, несмотря на относительно небольшую дивергенцию плоских и ширококрылых молей по фрагменту гена COI-II, не противоречат выделению плоских молей в самостоятельное семейство Depressariidae.

2. Анализ нуклеотидных последовательностей фрагмента ядерного рибосомального гена 28SD1

В результате ПЦП-секвенирования были получены нуклеотидные последовательности фрагмента 28SD1 для представителей 7 семейств микрочешуекрылых длиной 260–338 bp. Результаты их анализа представлены в матрице эволюционных дистанций (табл. 4).

Таблица 4

Оценка эволюционной дивергенции между нуклеотидными последовательностями фрагмента ядерного рибосомального гена 28SD1 у молей-депрессарий и сравниваемых таксонов.

№	Название таксона	1	2	3	4	5	6	7	8	9
1	<i>Agonopterix japonica</i>									
2	<i>Scythropiodes</i> sp.	0.008								
3	<i>Dasystema salicella</i>	0.004	0.004							
4	<i>Deuterogonia pudorina</i>	0.004	0.004	0.000						
5	<i>Neoblastobasis</i> sp.	0.013	0.013	0.008	0.008					
6	<i>Acryptolechia</i> sp.	0.004	0.004	0.000	0.000	0.008				
7	<i>Rhodobates</i> sp.	0.042	0.046	0.042	0.042	0.050	0.042			
8	<i>Carcina homomorpha</i>	0.038	0.042	0.038	0.038	0.042	0.038	0.046		
9	<i>Promalactis parki</i>	0.004	0.004	0.000	0.000	0.008	0.000	0.042	0.038	
10	<i>Martyringa xeraula</i>	0.008	0.008	0.004	0.004	0.013	0.004	0.046	0.042	0.004

Примечание. Полужирным шрифтом выделены показатели эволюционной дистанции между нуклеотидными последовательностями представителя группы молей-депрессарий и сравниваемых таксонов.

Показатель эволюционной дистанции представителей молей-депрессарий и ныне самостоятельных семейств ширококрылых молей лежит в основном в пределах 0.004–0.008 (или 0.4–0.8%), тогда как дивергенция между ними, в частности между семействами Oecophoridae и Chimabachidae, по гену 28SD1 равна 0. По полученным данным интервал степени дивергенции молей-депрессарий и внешних групп составляет 0,013–0,042 (или 1.3–4.2%).

Эволюционная дистанция между представителями других семейств низших дитризных молевидных чешуекрылых составляет от минимальных показателей 0.004 (Oecophoridae и Lecithoceridae) и 0.008 (Oecophoridae и Blastobasidae) до максимальных 0.046 (Tineidae и Lecithoceridae) и 0.050 (Tineidae и Blastobasidae).

Таким образом, минимальный показатель эволюционной дивергенции по гену 28SD1 молей-депрессарий от молей-экофорид (0.004) сопоставим и даже превышает генетическую дивергенцию некоторых самостоятельных семейств низших дитризных чешуекрылых, что, как и по результатам анализа митохондриального гена COI-II, не противоречит выделению молей-депрессарий в самостоятельное семейство.

Следует обратить внимание, что при анализе сиквенсов фрагмента ядерного гена 28SD1 в пределах семейства Oecophoridae обнаружилось существенные отличия между его представителями. Так, показатель дивергенции вида *Carcina homomorpha*, близкого типовому для рода, от других видов ширококрылых молей равен 0.038-0.042 (или 3.8-4.2%), что соответствует различиям между этим видом и представителями семейств Lecithoceridae, Chimabachidae и Blastobasidae. Такова же эволюционная дистанция между представителями рода *Carcina* и молей-депрессарий, что не согласуется с недавно принятым таксономическим решением включить этот род в семейство Depressariidae (Heikkilä et al., 2013). Полученные нами данные об отсутствии эволюционной дистанции между представителями семейств Oecophoridae и Chimabachidae по ядерному гену 28SD1 также не поддерживают таксономические изменения в упомянутой работе, а именно, сужение рамок первого семейства и перенос Cruptolechiinae в семейство Depressariidae, а также включение второго в обособленный таксон Lyrusidae. По полученным нами результатам спорно включение рода *Martyringa* в семейство Lecithoceridae в последней таксономической ревизии системы Gelechioidea (Heikkilä et al., 2013). Изученный нами вид, *M. xeraula*, близкий типовому для рода, по последовательностям ядерного гена 28SD1 оказался более дивергировавшим от лецитоцерид (0.8%), чем от представителей семейств Chimabachidae и Oecophoridae (0-0.4%).

Дать однозначную интерпретацию полученным данным на основе анализа только фрагментов mtCOI-II и 1 ядерного гена неправомерно. Однако, полученные данные свидетельствуют о том, что разработка системы гелехиоидных чешуекрылых и очерчивание их таксономических границ в целом, и молей-депрессарий в частности, далеки от завершения.

Благодарности

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ № 14-04-00649 и гранта Президента Российской Федерации для государственной поддержки ведущих научных школ Российской Федерации № НШ-150.2014.4.

ЛИТЕРАТУРА

- Кузнецов В.И., Стекольников А.А. 2001. *Новые подходы к системе чешуекрылых фауны (на основе функциональной морфологии брюшка)*. СПб.: Наука. 462 с. [Kuznetsov V.I., Stekolnikov A.A. 2001. *New approaches to the system of Lepidoptera of world fauna (on the base of the functional morphology of abdomen)*. SPb.: Nauka. 462 p.]
- Львовский А.Л. 1999. Сем. Depressariidae – Плоские моли. *Определитель насекомых Дальнего Востока России*. Т. 5. Ручейники и чешуекрылые. Ч. 2. Владивосток: Дальнаука. С. 57–72. [Lvovsky A.L. 1999. Fam. Depressariidae – Flat moths. *Opredelitel nasekomykh Dalnego Vostoka Rossii*. Vol. 5. Trichoptera and Lepidoptera. Part 2. P. 57–72.]
- Львовский А.Л. 2008. Семейство Depressariidae. *Каталог чешуекрылых (Lepidoptera) России*. СПб.; М.: Товарищество научных изданий КМК. С. 53–57. [Lvovsky A.L. 2008. Family Depressariidae. *Catalogue of the Lepidoptera of Russia*. SPb.; M.: KMK Scientific Press. P. 53–57.]

- Синев С.Ю. 1992.** О системе и филогении гелехиоидных чешуекрылых (Lepidoptera, Gelechioidea s.l.). Энтомологическое обозрение, 71(1): 143–159. [Sinev S.Y. 1992. On the systematics and phylogeny of the Gelechioidea s.l. (Lepidoptera). *Entomologicheskoe obozrenie*, 72(1): 143–159.]
- Синев С.Ю.** (ред.). 2008. *Каталог чешуекрылых (Lepidoptera) России*. СПб.; М.: Товарищество научных изданий КМК. 424 с. [Sinev S.Yu. (Ed.). 2008. *Catalogue of the Lepidoptera of Russia*. SPb.; M.: KMK Scientific Press. 424 p.]
- Abraham D., Ryrholm N., Wittzell H., Holloway J.D., Scoble M.J., Löfstedt Ch. 2001.** Molecular Phylogeny of the Subfamilies in Geometridae (Geometroidea: Lepidoptera). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 20: 65–77.
- Bucheli S.R., Wenzel J. 2005.** Gelechioidea (Insecta: Lepidoptera) systematics: A reexamination using combined morphology and mitochondrial DNA data. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 35: 380–394.
- Common F.B. 1996.** Oecophoridae. Nielsen E.S., Edwards E.D., Rangsi T.V. (Eds.). *Monographs on Australian Lepidoptera*. Melbourne: Melbourne University Press. Vol. 4. P. 59–89.
- Hannemann H.-J. 1996.** Family Depressariidae. Karsholt O., Razowski J. (Eds.). *The Lepidoptera of Europe: a distributional checklist*. Stenstrup: Apollo Books. P. 64–67.
- Heikkilä M., Mutanen M., Kekkonen M., Kaila L. 2013.** Morphology reinforces proposed molecular phylogenetic affinities: a revised classification for Gelechioidea (Lepidoptera). *Cladistics*: 1–27.
- Heppner J.B. 1998.** Classification of Lepidoptera Part 1. Introduction. *Holarctic Lepidoptera*, 5: 149.
- Hodges R.W. 1983.** Oecophoridae. Hodges R.W., Dominic T., Davis D.R., Ferguson D.C., Franclemont J.G., Munroe E.G., Powell J.A. (Eds.). *Check List of the Lepidoptera of America North of Mexico including Greenland*. E.W. Classey limited and the wedge entomological research foundation. London: vii-xxiv, 1–107.
- Kaila L., Mutanen M., Nyman T. 2011.** Phylogeny of the mega-diverse Gelechioidea (Lepidoptera): Adaptations and determinants of success. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 61: 801–809.
- Larsen N. 1992.** Higher order interactions in 23S rRNA. *Proceeding of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 89: 5044–5048.
- Leraut P. 1980.** Systematic and synonymic list of the Lepidoptera of France, Belgium and Corsica. *Bulletin de la Societe entomologique de France*. 334 p.
- Minet J. 1990.** Remaniement partiel de la classification des Gelechioidea, essentiellement en fonction de caractères pré-imaginaux (Lepidoptera Ditrysia). *Alexanor*, 16: 239–255.
- Minet J. 1991.** Tentative reconstruction of the ditrysiian phylogeny (Lepidoptera: Glossata). *Entomologica Scandinavica*, 22: 69–95.
- Monteiro A., Pierce N.E. 2001.** Phylogeny of Bicyclus (Lepidoptera: Nymphalidae) inferred from COI, COII, and EF-1a gene sequence. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 18: 264–281.
- Sakamaki Y. 2013.** Depressariidae. Hirowatari T., Nasu Y., Sakamaki Y., Kishida Y. (Eds.). *The Standard of Moths in Japan III*. Tokyo: Gakken Education Publishing. P. 34–35, 189–199.
- Simon C., Frati F., Beckenbach A., Crespi B., Liu H., Flook P. 1994.** Evolution, weighting, and phylogenetic utility of mitochondrial gene sequences and a compilation of conserved polymerase chain reaction primers. *Annals of the Entomological Society of America*, 87: 651–701.
- Tamura K, Peterson D, Peterson N, Stecher G, Nei M., Kumar S. 2011.** MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis using Maximum Likelihood, Evolutionary Distance, and Maximum Parsimony Methods. *Molecular Biology and Evolution*, 28: 2731–2739.
- Yamamoto S., Sota T. 2007.** Phylogeny of the Geometridae and the evolution of winter moths inferred from a simultaneous analysis of mitochondrial and nuclear genes. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 44: 711–723.

ESTIMATION OF DIVERGENCE OF FLAT NOTHS (LEPIDOPTERA:
DEPRESSARIIDAE) ON THE BASE OF SEQUENCES MTCOI-II AND
NUCLEAR RIBOSOMAL (28SD1) GENES

P.N. Trofimova^{1,2}, M.G. Ponomarenko^{1,2*}

¹Institute of Biology and Soil Science, Far Eastern Branch of Russian Academy of
Science, Vladivostok, Russia

²Far Eastern Federal University, Vladivostok, Russia

*Corresponding author, E-mail: margp@ibss.dvo.ru

The evolutionary divergence between nucleotide sequences of the mtCOI-II and the nuclear ribosomal 28SD1 genes in representatives of different groups from Oecophoridae sensu lato was estimated. According to analysis the evolutionary distances between sequences of flat moths and related groups constitute 0.085-0.111 (or 8.5-11.1%) on mtCOI-II and 0.004-0.008 (or 0.4-0.8%) on 28SD1. These data are comparable or even greater than the evolutionary divergence between related oecophoroid groups (0.089 on COI-II, 0.000 on 28SD1), and corresponds to the genetic distance between families of lower ditrysian Lepidoptera (0.110-0.180 on COI-II; 0.004-0.050 on 28SD1). These data are agreed with the allocation of the flat moths as independent family Depressariidae. Relatively significant evolutionary divergence of studied species from the genus *Carcina* Hübner, [1825] and flat moths does not encourage the including of this genus into family Depressariidae.