

<https://doi.org/10.25221/kurentzov.33.5>

<https://elibrary.ru/cwajpw>

<http://zoobank.org/References/83C8FA8C-4F10-4446-A031-BD2570AC9568>

**ВНУТРИВИДОВЫЕ И МЕЖВИДОВЫЕ ГЕНЕТИЧЕСКИЕ
ДИСТАНЦИИ У ГОРНОСТАЕВЫХ МОЛЕЙ РОДА *YPONOMEUTA*
LATR. (LEPIDOPTERA: YPONOMEUTIDAE)**

А.А. Тарасова¹, М.Г. Пономаренко^{1, 2*}

¹ Дальневосточный федеральный университет, г. Владивосток

² Федеральный научный центр биоразнообразия наземной биоты Восточной
Азии ДВО РАН, г. Владивосток

*Корреспондирующий автор, E-mail: margp@biosoil.ru

Анализ внутривидовой изменчивости по баркодинговому фрагменту mtCOI показал, что близкие виды из *Y. padella*-комплекса, обладающие более обширными ареалами, характеризуются относительно большими интервалами генетических дистанций между представителями разных популяций по сравнению с видами, обитающими на ограниченной территории. Так, для транспалеарктического вида *Y. evonymella* внутривидовая дистанция лежит в пределах 0–1%, тогда как средние показатели внутривидовой изменчивости выявлены у евро-американского *Y. malinella* и европейского *Y. irrorella* (0–0,5%), а минимальный диапазон отмечен у евро-американского *Y. cagnagella* и европейского *Y. rorrella* (0–0,2%). Для восточноазиатского *Y. orientalis*, у которого исследовались образцы только с Дальнего Востока России, внутривидовая изменчивость не выявлена.

Интервалы межвидовых дистанций внутри *Y. padella*-комплекса оказались с очень небольшим размахом и невысокими показателями, не превышающими 2,6 % (*Y. padella* – *Y. orientalis*, *Y. padella* – *Y. irrorella*) и 2,8 % (*Y. malinella* – *Y. irrorella*, *Y. malinella* – *Y. orientalis*), что подтвердило слабую дивергенцию видовой группы не только по морфологическим маркерам, но и по баркодинговому фрагменту mtCOI. У ряда исследованных видов интервалы внутривидовых и межвидовых дистанций имеют пограничные показатели или незначительно перекрываются – 0,2% (*Y. cagnagella*), 0,2–0,3% (*Y. padella*), 0,5–0,7% (*Y. malinella*), что указывает на ненадежность использования фрагмента COI для идентификации таких слабо дивергировавших видов, как виды комплекса *Y. padella*. Полученные результаты показывают, что для качественной идентификации таксонов, особенно относительно молодых и слабо дивергировавших, необходимо использовать не только нуклеотидные последовательности баркодингового фрагмента mtCOI, но и комплекс других маркеров.

В настоящее время на Дальнем Востоке России зарегистрировано 22 вида горностаевых молей рода *Yponomeuta* Latr. (Пономаренко, 2016; Пономаренко, Синев, 2019). Вероятно, это число не является окончательным и будет изменено по результатам таксономической ревизии с привлечением современных методов исследования. Идентификация молей–ипономеут осложнена слабой дивергенцией видов на морфологическом уровне, а также наличием перекрывающейся изменчивости в паттерне рисунка передних крыльев и вариабельности в строении генитальных структур. Ревизию таксономического разнообразия горностаевых молей и уточнение их видового состава в регионах Дальнего Востока невозможно реализовать без использования интегративного подхода, предполагающего анализ не только морфологических, но и молекулярных маркеров. Однако, как показал опыт молекулярно-генетических исследований в ряде групп насекомых, этот подход тоже имеет свои сложности и ограничения использования. Интервалы внутривидовой изменчивости и межвидовой дивергенции у многих групп насекомых перекрываются (Cognato, 2006; Meier et al., 2006; Virgilio et al., 2010; Huang et al., 2013; Naseem et al., 2019). Для правильной оценки показателей генетической дистанции между нуклеотидными последовательностями целевого фрагмента требуются предварительные исследования в каждой конкретной группе для установления размахов внутривидовой генетической изменчивости и межвидовой дивергенции, а также для выявления перекрытия между ними.

Целью настоящей работы было изучение размаха внутривидовой изменчивости и межвидовой дивергенции на примере группы близких видов *Yponomeuta padella* (или *Y. padella*–комплекс) по баркодинговому фрагменту mtCOI.

Материал и методы

Материалом для настоящего исследования послужили фиксированные экземпляры горностаевых молей из группы видов *Y. padella*, собранные вторым автором на территории юга Дальнего Востока и европейской части России. Кроме нуклеотидных последовательностей, полученных в настоящем исследовании, в работу были включены оригинальные данные по митохондриальному фрагменту COI из более ранних исследований молей–ипономеут. Для получения репрезентативных результатов в анализ были включены нуклеотидные последовательности митохондриального фрагмента COI молей–ипономеут из международных генетических банков ГенБанк (NCBI) и BOLD System.

Выделение геномной ДНК производилось в соответствии с инструкцией Appendix G: Purification of Genomic DNA from insects к набору Qiagen DNeasy Blood & Tissue (Германия), с оригинальными изменениями (Ponomarenko, 2020). Получение нуклеотидных последовательностей баркодингового фрагмента COI осуществлялось методом Сэнгера. Подробное описание этапов ПЦР–секвенирования дано в ранее опубликованных работах (Ponomarenko, Chernikova, 2018; Ponomarenko, 2020). Для визуализации и редакции нуклеотидных последовательностей использовались программы Sequence Scanner v1.0 (Applied Biosystems, 2005) и Finch TV (Patterson et al., 2004). Выравнивание и анализ целевых фрагментов ДНК производились с помощью пакета программ Mega 7.0 (Kumar et al., 2016).

Таблица 1

Названия исследованных таксонов, места сбора экземпляров, номера ваучеров

Название таксона	Место сбора экземпляра	Номер ваучера
<i>Y. evonymella</i> (Linnaeus, 1758)	Приморский край, Чугуевский район, национальный парк «Зов Тигра», 24,5 км ЮВ с. Ясное, 17.07.2010	V-212
	Хабаровский край, с. Бычиха, 16.07.2019	V-477
	г. Санкт-Петербург, ул. М.Тореза, 6-10.08.2017	V-501
	Сахалин, Невельской р-н, с. Ясноморское, 19.08.2020	V-666
<i>Y. cagnagella</i> (Hübner, 1813)	Украина, Киев, 07.2010 (З.С.Гершензон)	V-242
	Санкт-Петербург, ул. М. Тореза, 6-10.08.2017	V-502
<i>Y. malinella</i> Zeller, 1838	Санкт-Петербург, ул. М. Тореза, 6-10.08.2017	V-503
<i>Y. orientalis</i> Zagulajev, 1969	Приморский край, о-в Фуругельма, 07.2012	V-153
	Приморский край, г. Владивосток, ст. Чайка, 7.2012	V-155
	Сахалин, Невельской р-н, с. Ясноморское, 01.08.2019	V-519

После выравнивания нуклеотидных последовательностей длина сравниваемого фрагмента mtCOI у анализируемых таксонов составила 640 пн. Всего проанализировано 66 нуклеотидных последовательностей (нп) mtCOI у 9 видов горностаевых молей (табл. 1, 2), из них 10 нп баркодингового фрагмента COI для 4 видов получены в данном исследовании.

Таблица 2

Названия таксонов, включенных в генетический анализ, места сбора экземпляров, номера ваучеров и регистрационные номера их нуклеотидных последовательностей фрагмента mtCOI в международных базах данных ГенБанке (NCBI) и BOLD System

Название таксона	Место сбора экземпляра	Номер ваучера	Регистрационный номер в ГенБанке (GenBank, NCBI)
<i>Y. padella</i> комплекс			
<i>Y. evonymella</i> (Linnaeus, 1758)	Россия, Республика Алтай	TLMF Lep 20309	MG522612.1
	Норвегия	NHMO-06124	KX047702.1
	Финляндия	MM08126	NM873789.1

Продолжение таблицы 2

Название таксона	Место сбора экземпляра	Номер ваучера	Регистрационный номер в ГенБанке (GenBank, NCBI)
	Германия	BC ZSM Lep 28977	HQ955530.1
	Австрия	TLMF Lep 10182	MG522657.1
	Италия	TLMF Lep 00882	HQ968256.1
	Пакистан	NIBGE MOT-00027	HQ990753.1
	Пакистан	NIBGE MOT-03241	KX862478.1
	Пакистан	NIBGE MOT-03472	KX860708.1
	Пакистан	NIBGE MOT-00023	HQ990749.1
<i>Y. malinella</i> Zeller, 1838	Норвегия	NHMO-08087	KX048221.1
	Финляндия	MM09458	HM874292.1
	Австрия	TLMF Lep 08473	KM572901.1
	Испания	TLMF Lep 03966	JN287231.1
	Китай	NAFUPYR:002849	MZ686745.1
	Китай	NAFUPYR:002834	MZ686730.1
	США	1209626F21Jun1998	EHL800-12.COI-5P
	Канада	UBC-2007-0832	FJ413023.1
Канада	AVBC 444-10	JF852877.1	
<i>Y. padella</i> (Linnaeus, 1758)	Норвегия	NHMO-07025	KX049060.1
	Финляндия	MM17273	JF853744.1
	Германия	BC ZSM Lep 25694	HM391805.1
	Канада	CNCLEP00028690	MNAD251-07.COI-5P
<i>Y. cagnarella</i> (Hübner, 1813)	Норвегия	KBE-07021	LON631-08.COI-5P
	Финляндия	MM19258	KT782553.1
	Великобритания	UKLB39D04	KX043899.1
	Германия	BC ZSM Lep 29012	HQ955548.1
	Испания	TLMF Lep 03965	JN287230.1
	Италия	TLMF Lep 02215	JF859797.1
	Канада	MNBTT-2130	KT143582.1
	Канада	HLC-16148	KT142923.1
<i>Y. irrorella</i> (Hübner, 1796)	Россия, Белгород	MM18947	KX041477.1
	Финляндия	MM17632	KT782453.1
	Нидерланды	RMNH.INS.540922	KX048660.1
	Германия	BC ZSM Lep 25697	GU707151.1
	Австрия	TLMF Lep 04470	JN287219.1
	Болгария	MM17634	JF853927.1
	Италия	TLMF Lep 02120	JF859706.1

Окончание таблицы 2

Название таксона	Место сбора экземпляра	Номер ваучера	Регистрационный номер в ГенБанке (GenBank, NCBI)
<i>Y. rorrella</i> (Hübner, 1796)	Норвегия	KBE-07030	KX047105.1
	Финляндия	MM24744	MZ610264.1
	Латвия	MM18992	KT782612.1
	Германия	BC ZSM Lep 29009	HQ955547.1
Внешняя группа			
<i>Y. plumbella</i> ([Denis et Schiffermüller, 1775])	Финляндия	MM17242	JF853717.1
	Нидерланды	RMNH.INS.541053	KX047900.1
	Германия	BC ZSM Lep 25345	HM391763.1
	Австрия	TLMF Lep 08030	KM573583.1
	Италия	TLMF Lep 16553	LASTS688-15.COI-5P
<i>Y. vigintipunctatus</i> (Retzius, 1783)	Норвегия	NHMO-07001	KX048774.1
	Финляндия	MM03114	HM871830.1
	Германия	BC ZSM Lep 28981	HQ955534.1
	Германия	BC ZSM Lep 50738	KX040272.1
	Германия	BC ZSM Lep 23043	FBLMS081-09.COI-5P
	Австрия	TLMF Lep 12473	KM572437.1
	Австрия	TLMF Lep 10461	LEATB284-13.COI-5P
	Италия	TLMF Lep 02140	JF859725.1

Для оценки размаха внутривидовой генетической изменчивости виды комплекса *Y. padella* были разделены на 2 группы – обладающие обширным ареалом и обитающие на относительно ограниченной территории. По возможности, в анализ включались не экземпляры из различных, более или менее удаленных популяций. Оценка межвидовой дивергенции осуществлялась, как в пределах *Y. padella*-комплекса, так и с включением в анализ внешней группы. В качестве внешней группы были выбраны 2 вида, представленные в фауне России и имеющие более обширное распространение – евро-американский *Y. plumbella* и транспалеарктический *Y. vigintipunctatus*.

РЕЗУЛЬТАТЫ

Внутривидовая генетическая изменчивость у видов с более обширными ареалами

В роде *Yponomeuta* Latr. немного видов, для которых характерны обширные ареалы, и большинство из них относятся к выбранной для исследования группе близких видов *Y. padella*. В эту группу входят транспалеарктический вид *Y. evonymella* и евро-американские *Y. cagnagella*, *Y. malinella* и *Y. padella*. Интервалы внутривидовой дистанции для исследованных видов даны в табл. 3.

Таблица 3

Интервалы внутривидовой изменчивости и межвидовой дивергенции близких видов *Y. padella*-комплекса

Название вида	Тип ареала	Интервал ВВД, %	Интервал МВД / максимальная МВД с внешней группой, %	Ближайший вид
<i>Y. evonymella</i>	транспалеарктический	0–1	1,2–2,4 / 9,6	<i>Y. irrorella</i> , <i>Y. orientalis</i>
<i>Y. cagnagella</i>	евро–американский	0–0,2	0,2–2,4 / 9,4	<i>Y. padella</i>
<i>Y. malinella</i>	евро–американский	0–0,7	0,5–2,6 / 10,2	<i>Y. rorrella</i>
<i>Y. padella</i>	евро–американский	0–0,3	0,2–2,6 / 9,6	<i>Y. cagnagella</i>
<i>Y. rorrella</i>	европейский	0–0,2	0,5–2,4 / 9,4	<i>Y. malinella</i>
<i>Y. irrorella</i>	европейский	0–0,5	1,2–2,6 / 10,2	<i>Y. evonymella</i>
<i>Y. orientalis</i>	восточноазиатский	0	1,2–2,8 / 9,8	<i>Y. evonymella</i>

Обозначения: ВВД – внутривидовая дистанция, МВД – межвидовая дистанция.

Наиболее репрезентативно охвачены исследованиями представители популяций транспалеарктического вида *Y. evonymella*. Были проанализированы нуклеотидные последовательности представителей популяций из Норвегии, Финляндии, Австрии, Италии, Пакистана и России (г. Санкт-Петербург, Республика Алтай, Хабаровский край, Приморский край и о. Сахалин). Интервал внутривидовой генетической изменчивости составил 0–1%. Наиболее дивергировавшими оказались образцы из Пакистана, максимальная генетическая дистанция которых от представителей популяций из Республики Алтай, Хабаровского и Приморского краев составила 1%. Близкий показатель дивергенции (0,9%) выявлен между образцами из Пакистана, с одной стороны, и таковыми из Норвегии, Финляндии и о. Сахалин, с другой.

Средние показатели генетической изменчивости вида составили 0,5% и 0,7%. Первый выявлен между образцами из Финляндии и из всех популяций России, за исключением о. Сахалин. Второй показатель установлен между образцами из европейских популяций (из г. Санкт-Петербург, Германии, Австрии и Италии), с одной стороны, и из Пакистана, с другой. Такая же генетическая дистанция между Санкт-Петербургскими и дальневосточными образцами.

Отсутствие генетической дистанции (p-distance 0%) отмечено между образцами Германии, Австрии и Италии. Незначительные отличия выявлены у сахалинских экземпляров от представителей материковых популяций Дальнего Востока и популяций юга Западной Европы (Германия, Австрия и Италия) с p-distance 0,2%, а от образцов из Финляндии – 0,3%.

Для евро-американского вида *Y. cagnagella* проанализированы образцы из европейской части России (г. Санкт-Петербург), Украины (г. Киев), Норвегии, Финляндии, Германии, Австрии, Великобритании, Испании, Италии и Канады. Несмотря на удаленность популяций интервал внутривидовая изменчивость невелик, p -distance 0–0,2%. Незначительное отклонение в 0,2% выявлено у образцов из Италии от представителей других популяций Европы и Северной Америки.

Для вида *Y. malinella* в анализ были включены образцы из России (г. Санкт-Петербург), Норвегии, Финляндии, Австрии, Испании, Китая, США и Канады. Так же, как для предыдущего вида, интервал внутривидовой изменчивости оказался небольшим 0–0,7%. Образцы, как с европейской части ареала, так и из Китая демонстрируют в равной мере, как отсутствие генетической изменчивости, так и ее максимальные показатели для этого вида. Так, p -distance в 0,7% отмечается между представителями популяций из г. Санкт-Петербург и Финляндии, г. Санкт-Петербург и Китая. Внутривидовая дистанция 0,5% выявлена у образцов из Финляндии и Австрии, из Австрии и Китая. В то время как отсутствие генетической изменчивости отмечено между образцами из Норвегии, Испании, Китая, США и Канады; из Финляндии и Китая; из Испании, Китая, США и Канады; из Китая и Северной Америки (США и Канады).

Из европейской части ареала вида *Y. padella* в анализ были включены образцы из Норвегии, Финляндии и Германии, из американской – образец из Канады. Интервал внутривидовой изменчивости составил 0–0,3%. Наибольшие генетические отличия выявлены у канадского образца – 0,3% с представителем популяции из Норвегии и 0,2% с образцами из Финляндии и Германии. У популяций из Финляндии и Германии генетических отличий по целевому фрагменту выявлено не было.

Внутривидовая генетическая изменчивость у видов с относительно небольшими ареалами

Для анализа генетической изменчивости у видов комплекса *Y. padella* с небольшими ареалами были выбраны 3 вида – *Y. orientalis* с восточноазиатским ареалом, *Y. rorrella* и *Y. irrorella* с европейскими ареалами.

Для вида *Y. orientalis* были получены нуклеотидные последовательности COI у образцов из популяций материковой и островной частей Приморского края и Сахалина, между которыми не выявлено генетических дистанций (p -distance – 0%).

Интервал внутривидовой изменчивости у вида *Y. rorrella* 0–0,2%. Для анализа были взяты образцы из Норвегии, Финляндии, Латвии и Германии. Небольшая генетическая дистанция в 0,2% отмечена между образцами из Латвии и представителями популяций из стран, указанных выше.

Для европейского вида *Y. irrorella* в анализ были вовлечены образцы из европейской части России (г. Белгород), Финляндии, Германии, Австрии, Нидерландов, Болгарии и Италии. По результатам анализа самыми отклоняющимися оказались образцы из Нидерландов с генетической дистанцией

0,3% со всеми представителями перечисленных популяций, за исключением образца из Болгарии, генетическая дистанция с которым составила 0,5%. Между представителями популяций европейской части России, Финляндии, Германии, Австрии и Италии генетических отличий по баркодинговому фрагменту COI не выявлено. Таким образом, интервал внутривидовой изменчивости для *Y. irrorella* составил 0–0,5%.

Межвидовая генетическая дивергенция

В целом размах межвидовой генетической дивергенции по mtCOI, как в пределах *Y. padella*-комплекса, так и в сравнении с другими представителями рода *Yponomeuta* лежит в пределах – 0,2–10,2%. Интервал межвидовой дивергенции для каждого исследованного вида с указанием близких таксонов по целевому фрагменту дан в табл. 3.

Показатели генетической дивергенции между близкими видами *Y. padella*-комплекса находятся в пределах 0,2–2,8%.

Минимальная генетическая дистанция (0,2–0,3%) обнаружена между близкими видами *Y. padella* и *Y. cagnagella*, причем эти показатели одинаковы, как для образцов с европейской части ареала, так и для представителей североамериканских популяций.

Относительно небольшая дивергенция выявлена между видами *Y. malinella* и *Y. rorrella* (0,5%). В европейской и североамериканской частях ареала в *Y. padella*-комплексе максимальная дистанция (2,8%) обнаружена между видами *Y. malinella* и *Y. irrorella*. Общий интервал генетической дивергенции восточноазиатского вида дальневосточной яблонной моли *Y. orientalis* от других близких видов группы *Y. padella* – 1,2–2,8%. Генетически более близким к *Y. orientalis* оказался вид *Y. evonymella* с *p*-distance 1,2–1,7%. Показатели дивергенции *Y. orientalis* с викарным видом европейской яблонной молью в вышеуказанном общем интервале достигают максимальных показателей – 1,9–2,8%.

Для оценки размаха межвидовой дивергенции группы *Y. padella* с другими представителями рода был проведен сравнительного анализа с видами из внешней группы. В фауне России среди видов рода *Yponomeuta*, не входящих в комплекс *Y. padella*, только 2 вида с более обширными ареалами – евроамериканский *Y. plumbella* и транспалеарктический *Y. vigintipunctatus*. В генетических базах данных доступными оказались нуклеотидные последовательности фрагмента COI следующих образцов: для *Y. plumbella* – из популяций Финляндии, Нидерландов, Германии, Австрии и Италия; а для *Y. vigintipunctatus* – из Норвегии, Финляндии, Германии, Австрии и Италия.

Интервал межвидовой дивергенции *Y. plumbella* с видами комплекса *Y. padella* составляет 8,1–9,4%. Минимальные показатели выявлены между видами *Y. plumbella* и *Y. evonymella*. Наиболее дивергировавшими от *Y. plumbella* оказались *Y. malinella*, *Y. cagnagella* и *Y. padella* (9,3%), а также *Y. orientalis* (9,4%).

Интервал межвидовой дивергенции *Y. vigintipunctatus* с видами комплекса *Y. padella* составляет 8,8–10,2%, в котором минимальные показатели характеризуют степень дивергенции с видом *Y. evonymella* (8,8%), а максимальные – дивергенцию с видами *Y. malinella* и *Y. irrorella* (10,2%).

Следует отметить, что сами виды *Y. plumbella* и *Y. vigintipunctatus*, выбранные в качестве внешней группы, являются сильно дивергировавшими с максимальной межвидовой дистанцией 11,2%.

Обсуждение

Таксономическое разнообразие отрядов насекомых еще недостаточно охвачено молекулярно-генетическими исследованиями, однако, полученные данные однозначно указывают на специфичность показателей внутривидовых и межвидовых дистанций для каждой конкретной группы. Результаты исследований интервалов внутривидовой изменчивости и межвидовой дивергенции в различных отрядах насекомых представлены на рис. 1 (по Cognato, 2006), где продемонстрировано, что установленные ранее Эбетом с соавторами (Herbert et al., 2003) пороговые показатели для разграничения видов в 2% для позвоночных и 3% для членистоногих (на примере чешуекрылых) не являются универсальными. Более того, автором показано, что интервалы внутривидовой изменчивости и межвидовой дивергенции в большей или меньшей степени перекрываются у представителей некоторых отрядов, что при получении показателей, соответствующих пересекающимся данным, не дает возможность однозначно определить исследуемый образец.

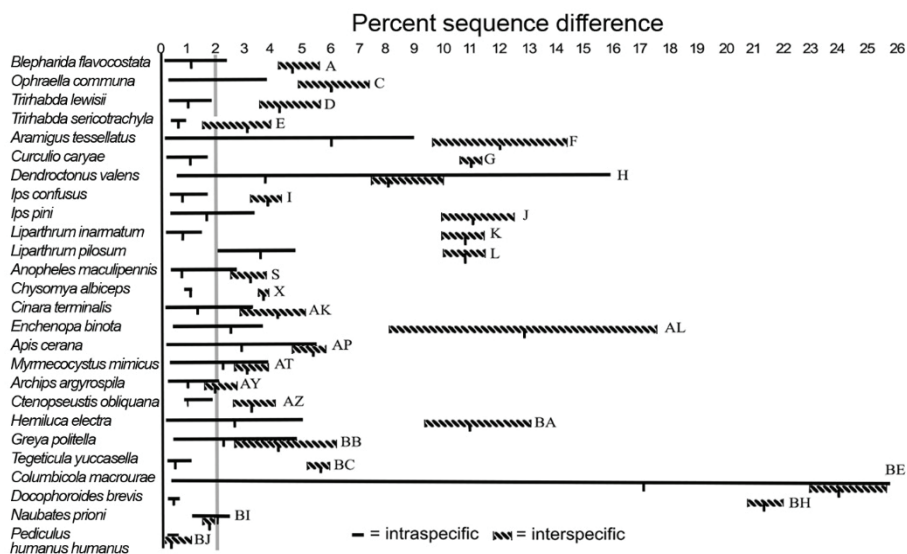


Рис. 1. Интервалы внутри- и межвидовых отличий COI митохондриальной ДНК в процентах при попарном сравнении. Средняя величина отличия показана перпендикулярными линиями на горизонтальных полосах. Серая вертикальная линия указывает на разницу в 2,0%, которая часто используется для разграничения видов. (По: Cognato, 2006: fig. 1).

Молекулярно-генетические исследования группы близких видов *Y. padella* позволили получить, как оригинальные данные, так и показатели, подтверждающие сделанные коллегами выводы по другим группам чешуекрылых и насекомых в целом. Анализ внутривидовой изменчивости по баркодинговому фрагменту COI показал, что виды *Y. padella*-комплекса, обладающие более обширными ареалами, характеризуются относительно большими интервалами генетических дистанций между представителями разных популяций по сравнению с видами, обитающими на ограниченной территории. Так, для транспалеарктического вида *Y. evonymella* внутривидовая изменчивость лежит в пределах 0–1%, тогда как средние показатели внутривидовых дистанций у евро-американского *Y. malinella* (0–0,7%) и европейского *Y. irrorella* (0–0,5%), а минимальные – у евро-американского *Y. cagnagella* и *Y. rorrella* (0–0,2%). Для восточноазиатского *Y. orientalis*, у которого исследовались образцы только с Дальнего Востока России, внутривидовая изменчивость не выявлена (табл. 3).

Самостоятельность всех или некоторых таксонов, объединяемых в комплекс видов *Y. padella* (*padella*, *malinella*, *cagnagella*, *rorrella*, *irrorella*, *mahalebella*), ранее неоднократно подвергалась сомнению из-за отсутствия отчетливых диагностических признаков у имагинальной и преимагинальных стадий (Meurick, 1914; Fiori, 1930; Servadei, 1930; Friese, 1960). Не признавался самостоятельным и позже описанный вид *Y. orientalis*, близкий группе *Y. padella* (Moriuti, 1977). Более глубокое изучение строения гусениц и куколок, а также трофической специализации видов позволило признать, что указанные выше виды являются самостоятельными. Однако до настоящего времени остается проблематичной идентификация как отдельных экземпляров, для которых отсутствуют данные по морфологии преимагинальных стадий и кормовом растении гусениц, так и серии экземпляров, представленных только одним полом.

Полученные в ходе исследования этой группы интервалы межвидовых дистанций в пределах *Y. padella*-комплекса оказались с очень небольшим размахом и невысокими показателями, не превышающими 2,6% (*Y. padella* – *Y. orientalis*, *Y. padella* – *Y. irrorella*) и 2,8% (*Y. malinella* – *Y. irrorella*, *Y. malinella* – *Y. orientalis*), что подтвердило слабую дивергенцию видов группы не только по морфологическим маркерам, но и по баркодинговому фрагменту COI. У ряда исследованных видов интервалы внутривидовой изменчивости и межвидовой дивергенции имеют пограничные величины или слегка перекрываются – 0,2% (*Y. cagnagella*), 0,2–0,3% (*Y. padella*), 0,5–0,7% (*Y. malinella*) (рис. 2), что указывает на ненадежность использования фрагмента COI для идентификации таких слабо дивергировавших видов, как виды группы *Y. padella*.

В целом, полученные в настоящем исследовании результаты по группе *Y. padella*, не противоречат ранее опубликованным данным по образцам с локальных территорий Тироля (Австрия) и Южного Тироля (Италия) (Huemmer, Hebert, 2016; Huemmer, Wiesmair, 2017). В упомянутых работах продемонстрировано, что у представителей различных семейств чешуекрылых отмечается, как отсутствие межвидовой дистанции (p-distance 0%) по баркодинговому фрагменту COI

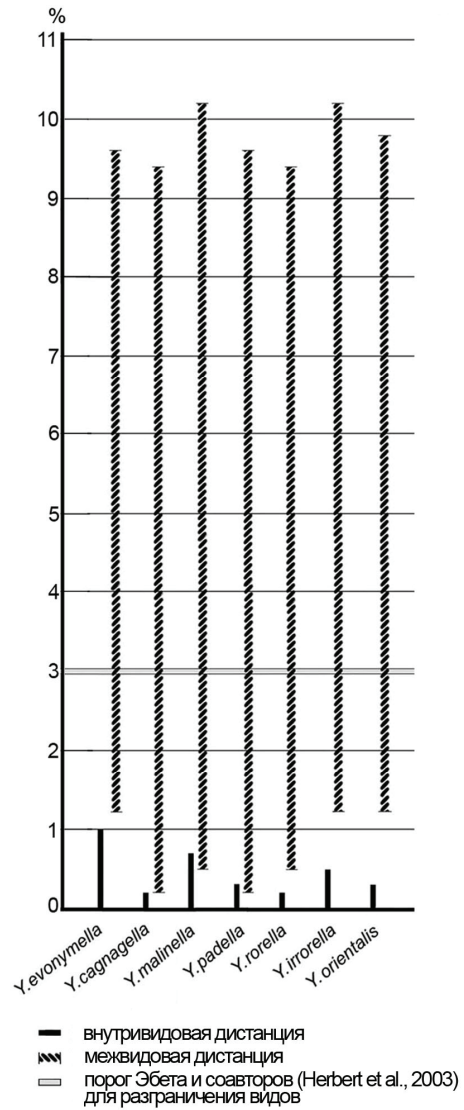


Рис. 2. Интервалы внутри- и межвидовых дистанций по фрагменту mtCOI в процентах при попарном сравнении в группе близких видов *Y. padella*. Серая горизонтальная линия указывает на порог в 3,0%, который установлен Эбетом с соавторами (Herbert et al., 2003) для разграничения видов у чешуекрылых.

(Yponomeutidae, Coleophoridae, Tortricidae, Zyganidae, Erebidae, Geometridae, Hesperiiidae), так и очень низкие ее показатели (Gracillariidae, Yponomeutidae, Gelechiidae, Zyganidae, Crambidae, Nymphalidae, Noctuidae), ниже ранее установленных порогов в 2–3% для разграничения видов. Более того, выявлены группы, в которых хорошо морфологически отличающиеся виды имеют идентичные нуклеотидные последовательности баркодингового фрагмента COI, т.е. межвидовая генетическая дистанция для нп этого фрагмента равна 0%.

В наших исследованиях были получены интервалы внутривидовой изменчивости и межвидовой дивергенции с бóльшим размахом и более высокими максимальными показателями по сравнению с данными в работах по бабочкам Тироля и Южного Тироля (Huemer, Hebert, 2016; Huemer, Wiesmair, 2017), что, очевидно, является результатом более репрезентативной выборки с включением в анализ образцов из удаленных популяций ареала.

Суммируя сказанное выше, следует заключить, что идентификация ряда таксонов, особенно относительно молодых и слабо дивергировавших, затруднительна только по нуклеотидным последовательностям баркодингового фрагмента COI без использования комплекса других маркеров. В силу специфичности интервалов внутривидовой изменчивости и межвидовой дивергенции для различных таксонов, даже относящихся к одному отряду, недопустимо использование установленных в других группах генетических порогов для разграничения видов и определения статуса популяций без предварительных исследований в каждой конкретной группе.

Благодарности

Авторы выражают глубокую благодарность д.б.н. Е.А. Беляеву (ФНЦ Биоразнообразия ДВО РАН) за помощь в проведении полевых исследований, Ph.D. К.А. Винникову (ДВФУ, Институт мирового океана) за возможность использовать оборудование Лаборатории экологии и эволюции водных организмов, к.б.н. А.А. Семенченко (ДВФУ, Институт мирового океана) за консультации по использованию метода Сэнгера и к.б.н. Д.М. Атопкину (ФНЦ Биоразнообразия ДВО РАН, ДВФУ) за содействие в проведении молекулярно-генетических работ.

ЛИТЕРАТУРА

- Пономаренко М.Г. 2016.** Сем. Yponomeutidae – Горностаевые моли. *Аннотированный каталог насекомых Дальнего Востока России. Т. 2. Чешуекрылые (Lepidoptera)*. Владивосток: Дальнаука, С. 60–63.
- Пономаренко М.Г., Синев С.Ю. 2019.** Yponomeutidae. *Каталог чешуекрылых (Lepidoptera) России. Издание 2–е*. СПб: Зоологический институт РАН. С. 43–46.
- Applied Biosystems. 2005.** Sequence Scanner. Version 1.0; Applied Biosystems: Product Bulletin 106PB13–01.
- Cognato A.I. 2006.** Standard percent DNA sequence difference for insects does not predict species boundaries. *Journal of Economic Entomology*. 99(4): 1037–1045.

- Fiori A. 1930.** Valore sistematico di alcune forme del genere *Hyponomeuta* Latr. *Bollettino del Laboratorio di entomologia del R. Istituto superiore agrario di Bologna*, 3: 246–253.
- Friese G. 1960.** Revision der Palaearktischen Yponomeutidae. *Beitraege zur Entomologie*, 10: 1–131.
- Hebert P.D.N., Cywinska A., Ball S.L., de Waard J.R. 2003.** Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society: Biological Science*, 270: 313–321.
- Huang J., Zhang A., Mao S., Huang Y. 2013.** DNA Barcoding and Species Boundary Delimitation of Selected Species of Chinese Acridoidea (Orthoptera: Caelifera). *PLoS ONE*, 8(12): e82400.
- Huemer P., Hebert P.D.N. 2016.** DNA Barcode Bibliothek der Schmetterlinge Südtirols und Tirols (Italien, Österreich) – Impetus für Integrative Artdifferenzierung im 21. Jahrhundert. *Gredleriana*, 16: 141–164.
- Huemer P., Wiesmair B. 2017.** DNA–Barcoding der Tagfalter (Lepidoptera, Papilionoidea) Österreichs. Unbekannte genetische Vielfalt im Zentrum Europas. *Wissenschaftliches Jahrbuch der Tiroler Landesmuseum 2017*. StudienVerlag, Innsbruck, Wien, Bozen. P. 8–33.
- Kumar S., Stecher G., Tamura K. 2016.** MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 7.0 for Bigger Datasets. *Molecular Biology and Evolution*, 33(7), 1870–1874.
- Meier R., Shiyang K., Vaidya G., Ng P.K.L. 2006.** DNA barcoding and taxonomy in Diptera: a tale of high intraspecific variability and low identification success. *Systematic Biology*, 55: 715–728.
- Meyrick E. 1914.** Hyponomeutidae, Plutellidae and Amphitheridae. In: Wagner *Lepidoptera Catalogue* Vol. 19. Berlin. 64 p.
- Moriuti S. 1977.** *Fauna Japonica, Yponomeutidae s. lat. (Insecta, Lepidoptera)*. Tokyo. 327 pp.
- Patterson J., Chamberlain B., Thayer D. 2004.** *Finch TV Version 1.4.0*. Publ. by Authors.
- Ponomarenko M.G. 2020.** New species of the genus *Ypsolopha* Latreille, 1796 (Lepidoptera: Ypsolophidae) from the south of the Russian Far East. *Far Eastern entomologist*, 421: 14–26.
- Ponomarenko M.G., Chernikova P. N. 2018.** To the taxonomic position of the *Lecithocera luridella* Christoph and *Carcina Hübner* in the system of oecophoroid moths (Lepidoptera: Oecophoridae sensu lato). *Far Eastern entomologist*, 366: 1–18.
- Servadei A. 1930.** Contributo alla conoscenza delle *Hyponomeuta padellus* L., *cognatellus* Hübn. e *vigintipunctatus* Retz. *Bollettino del Laboratorio di entomologia del R. Istituto superiore agrario di Bologna*, 3: 254–301.
- Virgilio M., Backeljau T., Nevado B., De Meyer M. 2010.** Comparative performances of DNA barcoding across insect orders. *BMC Bioinformatics*, 11: 206.

INTRASPECIFIC AND INTERSPECIFIC GENETIC DISTANCES
IN ERMINE MOTHS OF THE GENUS *YPONOMEUTA* LATR.
(LEPIDOPTERA: YPONOMEUTIDAE)

A.A. Tarasova¹, M.G. Ponomarenko^{1,2,*}

¹ Far Eastern Federal University, Vladivostok, Russia.

² Federal Scientific Center of the East Asia Terrestrial Biodiversity, Far Eastern
Branch of Russian Academy of Sciences, Vladivostok, Russia.

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

An analysis of intraspecific variability based on the barcoding fragment mtCOI showed that species of *Y. padella*-complex with larger ranges are characterized by relatively larger intervals of genetic distances between representatives of different populations compared to species distributed in a limited area. Thus, for the Trans-palaeartic species *Y. evonymella*, the intraspecific distance lies within 0–1%, while the average indices of intraspecific distances were revealed in the Euro-American *Y. malinella* and the European *Y. irrorella* (0–0,5%), and the minimal range of distances were recorded in the Euro-American *Y. cagnagella* and European *Y. rorrella* (0–0,2%). For the East Asian *Y. orientalis*, in which samples were studied only from the Russian Far East, intraspecific variability was not revealed.

The interspecific distance intervals within the *Y. padella*-complex turned out to be very low and with small range, not exceeding 2,6% (*Y. padella* – *Y. orientalis*, *Y. padella* – *Y. irrorella*) and 2,8% (*Y. malinella* – *Y. irrorella*, *Y. malinella* – *Y. orientalis*), which confirmed the weak divergence of the species group not only in morphological markers, but also in the barcoding fragment mtCOI. In a number of studied species, the intervals of intraspecific and interspecific distances have borderline indicators or slightly overlapping ones – 0,2% (*Y. cagnagella*), 0,2–0,3% (*Y. padella*), 0,5–0,7% (*Y. malinella*), which point out the unreliability of fragment COI usage to identify such weakly divergent species as the species of the *Y. padella*-complex. Summarizing the above, it should be concluded that identification of a number of taxa, especially relatively young and weakly divergent ones, is difficult based on the nucleotide sequences of the barcoding fragment mtCOI without the use of a complex of other markers.