

<https://doi.org/10.25221/kurentzov.34.4>

<https://elibrary.ru/cuggfr>

<https://zoobank.org/References/197F56D2-643A-47FD-969A-0BC26C612876>

**МЕЖВИДОВЫЕ ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ДИСТАНЦИИ В РОДЕ  
*YPONOMEUTA* LATR. (LEPIDOPTERA: YPONOMEUTIDAE) ПО  
ФРАГМЕНТАМ COI И COII И ИСПОЛЬЗОВАНИЕ РЕЗУЛЬТАТОВ ИХ  
СРАВНИТЕЛЬНОГО АНАЛИЗА ДЛЯ РЕШЕНИЯ  
ТАКСОНОМИЧЕСКИХ ЗАДАЧ**

А.А. Тарасова<sup>1</sup>, М.Г. Пономаренко<sup>1,2\*</sup>

<sup>1</sup> Дальневосточный федеральный университет, г. Владивосток.

<sup>2</sup> Федеральный научный центр биоразнообразия наземной биоты Восточной Азии ДВО РАН, г. Владивосток.

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

**Аннотация.** Проведен сравнительный анализ нуклеотидных последовательностей фрагментов COI и COII у молей-ипономеут. Степень дивергенции у исследованных видов по обоим фрагментам сопоставима: межвидовые генетические дистанции по фрагменту COI находятся в пределах 0,2–9,9% и по фрагменту COII – 0,5–9,6%. По результатам анализа нуклеотидных последовательностей фрагмента COI доказана конспецифичность *Y. refrigeratus* и *Y. evonymella*, интервал генетических дистанций между образцами которых составляет 0,2–0,5%, и подтверждена обоснованность синонимизации этих видов. Анализ фрагментов COI и COII у экземпляров, собранных на о. Сахалин, а также укоренение их кластеров в группах с конспецифичными видами позволили определить их видовую принадлежность и подтвердили обитание *Y. polystictus* и *Y. spodocrossus* на острове. Выявлена гетерогенность серии экземпляров, идентифицированных как *Y. malinella*, в международном Генбанке. В целом молекулярный метод, основанный на сравнительном анализе межвидовых генетических дистанций по фрагментам COI и COII, эффективен для определения статуса таксона, идентификации экземпляров у морфологически слабо дивергировавших и переменных видов, либо у видов, описанных по одному полу с неизвестным другим полом, а также для разграничения видов в гетерогенных сериях.

**Ключевые слова:** горностаевые моли, *Yponomeuta*, межвидовые генетические дистанции, COI, COII, сравнительный генетический анализ.

**INTERSPECIFIC GENETIC DISTANCES IN THE GENUS *YPONOMEUTA*  
LATR. (LEPIDOPTERA: YPONOMEUTIDAE) ON COI AND COII  
FRAGMENTS AND THE USE OF THE RESULTS OF THEIR  
COMPARATIVE ANALYSIS FOR SOLVING TAXONOMIC TASKS**

A.A. Tarasova<sup>1</sup>, M.G. Ponomarenko<sup>1,2,\*</sup>

<sup>1</sup> Far Eastern Federal University, Vladivostok, Russia.

<sup>2</sup> 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

**Abstract.** Comparative genetic analysis of the nucleotide sequences of COI and COII mitochondrial fragments showed that the degree of divergence of ermine moths of the genus *Yponomeuta* on both fragments is comparable. In the studied taxa, interspecific genetic distances are within 0.2–9.9% for the COI fragment and 0.5–9.6% for the COII fragment. Based on the results of the nucleotide sequences analysis of the COI fragment, the conspecificity of *Y. refrigeratus* and *Y. evonymella*, the interval of genetic distances between samples of which is 0.2–0.5%, was proved, and the validity of the synonymization of these species was confirmed. Analysis of nucleotide sequences by COI and COII fragments in samples collected on the Sakhalin Is., as well as the rooting of their clusters in groups with conspecific species, made it possible to identify them and confirm the habitat of *Y. polystictus* and *Y. spodocrossus* on Sakhalin Is. In general, the molecular genetic method, based on a comparative analysis of interspecific genetic distances by mitochondrial fragments of COI and COII, is effective for determining the status of a taxon, specimen identification in morphologically weakly divergent and variable species, or in species described by one sex, with an unknown other sex, as well as for delimitation of the species in heterogeneous series.

**Keywords:** ermine moths, *Yponomeuta*, interspecies genetic distances, COI, COII, comparative genetic analysis.

## ВВЕДЕНИЕ

Молекулярно-генетический метод все чаще используется в комплексе с традиционным морфологическим для ревизии таксономического разнообразия различных групп микрочешуекрылых (Ponomarenko, 2020; Huemer, 2021; Šumprich, Bidzilya, 2022; Huemer et al., 2023). Применение молекулярного метода наряду со сравнительно-морфологическим для установления видового разнообразия молей-ипономеут актуально, поскольку эта группа характеризуется слабой дивергенцией видов и вариабельностью внешних признаков и генитальных структур, что затрудняет решение таксономических задач только методом сравнительной морфологии. Представляется целесообразным использование молекулярного метода для установления статуса ряда таксонов в роде *Yponomeuta* Latr., определения видовой принадлежности экземпляров, особенно если таковые являются самками, а также для контроля конспецифичности повидовых серий.

Широко используемый для идентификации видов микро- и макро-чешуекрылых баркодинговый фрагмент COI не всегда эффективен для решения таксономических задач и не является универсальным. Исследования горностаевых молей, как из европейских, так и восточноазиатских популяций показали, что межвидовые генетические дистанции по этому фрагменту в комплексе *Y. padella* равны 0% или ниже порога разграничения видов (Huemer, Nebert, 2016; Huemer, Wiesmair, 2017; Тарасова, Пономаренко, 2022). Это инициировало проведение анализа межвидовых дистанций в роде *Yponomeuta* не только по фрагменту COI, но и по фрагменту COII и апробацию полученных результатов в таксономической работе.

## МАТЕРИАЛ И МЕТОДЫ

Материалом для настоящего исследования послужили фиксированные экземпляры горностаевых молей из рода *Yponomeuta*, собранные вторым автором на территории юга Дальнего Востока. Целевой группой исследования были таксоны, представленные на Дальнем Востоке России (табл. 1). Для сравнительного генетического анализа по фрагментам COI и COII в качестве

Таблица 1

Названия исследованных таксонов, места сбора экземпляров, номера ваучеров

Название таксона	Место сбора экземпляра	Номер ваучера/ДНК
<i>Y. evonymella</i> (Linnaeus, 1758)	Приморский край, Чугуевский район, национальный парк «Зов Тигра», 29,5 км ЮВВ с. Ясное, 17.07.2010	212
	Приморский край, Ханкайский район, с. Дворянка, 3–5.07.2009	222
	Хабаровский край, с. Бычиха, 16.07.2019	477
	то же	478
	Сахалин, Невельской р-н, с. Ясноморское, 11–19.08.2020	657
	то же	658
	то же	666
	то же	669
<i>Y. malinella</i> Zeller, 1838	Санкт-Петербург, ул. М. Тореза, 6–10.08.2017	503
<i>Y. orientalis</i> Zagulajev, 1969	Приморский край, Хасанский р-н, о-в Фуругельма, 15–17.07.2012	153
	Приморский край, г. Владивосток, ст. Чайка, 07.2012	155
	Сахалин, Невельской р-н, с. Ясноморское, 01.08.2019	519
<i>Y. polystictus</i> Butler, 1879	Сахалин, Невельской р-н, с. Ясноморское, 11–19.08.2020	661
<i>Y. sociatus</i> Moriutu, 1972	то же	664
<i>Y. spodocrossus</i> Meyrick, 1935	то же	663
	то же	665
	то же	667
<i>Y. sp.</i>	то же	659
<i>Y. sp.</i>	то же	668
<i>Y. sp.</i>	то же	670
<i>Y. sp.</i>	то же	672

дополнительного материала были включены молекулярные данные из международных генетических банков ГенБанк (NCBI) и BOLD System. Наибольший интерес представляли таксоны, распространенные на территории Восточной Азии. Однако по фрагменту COII международные генбанки содержат не столь обширные данные по молям-ипономеутам, как по фрагменту COI, поэтому в дополнение к дальневосточным и восточноазиатским образцам в анализ был включен материал из более удаленных регионов (табл. 2).

Таблица 2

Названия таксонов, номера ваучеров и регистрационные номера их нуклеотидных последовательностей фрагментов COI и COII в ГенБанке (NCBI) и BOLD System

Название таксона	Место сбора экземпляра	Номер ваучера	Регистрационный номер в ГенБанке (GenBank, NCBI)
<b>фрагмент COI</b>			
<i>Y. anatolicus</i> Stringer, 1930	Южная Корея	JCS-08-1045	HM377861.1
	Южная Корея	JCS-08-1046	HM874292.1
<i>Y. kanaiellus</i> Matsumura, 1931	Южная Корея	JCS-08-1047	KF523853.1
<i>Y. malinella</i> Zeller, 1838	Южная Корея	JCS-08-1027	GU696069.1
	Южная Корея	JCS-08-1028	GU696070.1
	Норвегия	NHMO-08087	KX048221.1
	Финляндия	MM09458	HM874292.1
	Австрия	TLMF Lep 08473	KM572901.1
	Испания	TLMF Lep 03966	JN287231.1
	Китай: Синьцзян	NAFUPYR:002834	MZ686730.1
	Китай: Синьцзян	NAFUPYR:002849	MZ686745.1
	США	1209626F21Jun1998	EHL800-12.COI-5P
	Канада	AVBC 444-10	JF852877.1
Канада	UBC-2007-0832	FJ413023.1	
<i>Y. refrigeratus</i> Meyrick, 1931	Япония	TOC11760	CJTL010-14.COI-5P
<i>Y. tokyonellus</i> Matsumura, 1931	Южная Корея	JCS-06-0116	KF523858.1
	Южная Корея	JCS-06-0117	KF523856.1
	Южная Корея	JCS-06-0118	KF523857.1
<b>внешняя группа</b>			
<i>Xyrosaris lichneuta</i> Meyrick, 1918	Южная Корея	JCS-08-1006	KF523851.1
<i>Euhyponeuteoides albithoracellus</i> Gaj, 1954	Финляндия	MM13587	HM875668.1
<i>E. ribesiellus</i> (de Joannis, 1900)	Финляндия	MM05987	HM872996

## Окончание таблицы 2

Название таксона	Место сбора экземпляра	Номер ваучера	Регистрационный номер в ГенБанке (GenBank, NCBI)
<b>фрагмент COII</b>			
<i>Y. cagnagella</i> (Hübner, [1813])	Швейцария	ZMA.INS.LEPI.6	AY551008.1
<i>Y. eurinellus</i> Zaguljaev, 1969	Япония	ZMA.INS.LEPI.7	AY551021.2
<i>Y. evonymella</i> (Linnaeus, 1758)	Нидерланды	ZMA.INS.LEPI.8	AY551015.2
<i>Y. gigas</i> Rebel, 1892	Испания	ZMA.INS.LEPI.9	AY551014.1
<i>Y. irrorella</i> (Hübner, [1796])	Нидерланды	ZMA.INS.LEPI.11	AY551010.2
<i>Y. mahalebella</i> Guenée, 1845	Франция	ZMA.INS.LEPI.13	AY551012.2
<i>Y. malinella</i> Zeller, 1838	Нидерланды	ZMA.INS.LEPI.14	AY551011.1
<i>Y. meguronis</i> Matsumura, 1931	Япония	ZMA.INS.LEPI.15	AY551016.1
<i>Y. menkeni</i> Gershenson et Ulenberg, 1998	Япония	ZMA.INS.LEPI.16	AY551029.1
<i>Y. multipunctellus</i> Clemens, 1860	США	ZMA.INS.LEPI.17	AY551031.2
<i>Y. padella</i> (Linnaeus, 1758)	Нидерланды	ZMA.INS.LEPI.31	AY551009.1
<i>Y. plumbella</i> ([Denis et Schiffermüller], 1775)	Нидерланды	ZMA.INS.LEPI.32	AY551017.1
<i>Y. polystictus</i> Butler, 1879	Япония	ZMA.INS.LEPI.33	AY551028.2
<i>Y. rorrella</i> (Hübner, [1796])	Нидерланды	ZMA.INS.LEPI.35	AY551013.1
<i>Y. sociatus</i> Moriuti, 1972	Япония	ZMA.INS.LEPI.38	AY551024.1
<i>Y. spodocrossus</i> Meyrick, 1935	Япония	ZMA.INS.LEPI.39	AY551023.2
<i>Y. tokyonellus</i> Matsumura, 1931	Япония	ZMA.INS.LEPI.40	AY551027.2
<i>Y. vigintipunctatus</i> (Retzius, 1783)	Нидерланды	ZMA.INS.LEPI.36	AY551018.1
	Япония	ZMA.INS.LEPI.37	AY551019.1
<i>Y. yanagawanus</i> Matsumura, 1931	Япония	ZMA.INS.LEPI.41	AY551020.1
<b>внешняя группа</b>			
<i>Xyrosaris lichneuta</i> Meyrick, 1918	Япония	ZMA.INS.LEPI.2	AY551022.2
<i>Euhyponomeutoides trachydelta</i> (Meyrick, 1931)	Япония	ZMA.INS.LEPI.1	AY551030.1

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 (нп) целевых фрагментов COI и COII осуществлялось методом Сэнгера. Подробное описание этапов ПЦР-секвенирования дано в ранее опубликованных работах (Ponomarenko, Chernikova, 2018; Ponomarenko, 2020; Ponomarenko et al., 2021).

Для амплификации фрагментов COI и COII использовались пары праймеров, указанные в таблице 3.

Таблица 3  
Праймеры, используемые для амплификации фрагментов COI и COII

Целевой фрагмент	Праймеры	Автор
COI	LCO1490: 5'-GGTCAACAATCATAAAGATATTGG-3' HCO2198: 5'-TAAACTTCAGGGTGACCAAAAAATCA-3	Folmer et al., 1994
COII	George I (F): ATACCTCGACGTTATTTCAGA BiLYS (R): 5'-GTTTAAGAGACCAGTACTTG-3'	Monteiro, Pierce, 2001

Секвенирование пцр-фрагментов осуществлялось на генетическом анализаторе Genetic Analyser 3130xl, (Applied Biosystems, USA). Для визуализации и редакции нп использовались программы Sequence Scanner v1.0 (Applied Biosystems, 2005) и Finch TV (Patterson et al., 2004). Выравнивание и анализ целевых фрагментов ДНК производилось с помощью пакета программ Mega 7.0 (Kumar et al., 2016).

После выравнивания нп длина анализируемого фрагмента составила 566 пн для COI и 981 пн для COII. Всего проанализировано 37 нп фрагмента COI у 8 видов и 25 нп фрагмента COII у 20 видов горностаевых молей (табл. 1 и 2), из них 22 нп COI для 5 видов и 5 нп COII для 4 видов получены в данном исследовании.

По результатам сравнительного генетического анализа нп COI и COII были построены деревья статистическим методом ближнего присоединения (Neighbor-Joining statistical method, Kimura 2-parameter model). В качестве внешней группы были взяты нп представителей из близких родов *Xyrosaris lichneuta* Meyrick, 1918, *Euhypnometoides albithoracellus* Gaj, 1954 и *E. ribesiellus* (de Joannis, 1900). Генетические дистанции между нп фрагментов COI и COII были оценены методом попарных дистанций (Pairwise Distance method) (Kimura, 1980).

Сравнительный анализ нп фрагментов COI и COII у молей-ипономеут проводился с целью решения следующих задач:

1. Установить таксономический статус *Y. refrigeratus* Meyrick, 1931.
2. Идентифицировать экземпляры, собранные на о. Сахалин.
3. Проверить видовую принадлежность образцов из Южной Кореи в Генбанке (NCBI), идентифицированных видом *Y. malinella* Zeller, 1838, распространенным в Европе, Центральной Азии и Северной Америке.

## РЕЗУЛЬТАТЫ

**Межвидовые генетические дистанции в роде *Yponomeuta* по фрагментам COI и COII.** По результатам анализа 39 нп фрагмента COI молей-ипономеут построено дерево, в котором кластеры 1, 2 и 3, включающие образцы близких слабо дивергировавших видов из комплекса *Y. padella* (*Y. malinella* + *Y. evonymella*) *Y. orientalis*) с бутстреп поддержкой 99%, противопоставлены остальным восточноазиатским видам (рис. 1: кластеры 1, 2 и 3). В настоящем исследовании межвидовые генетические дистанции по фрагменту COI у изученных дальневосточных таксонов находятся в пределах 1,4–9,9%, где минимальная дистанция выявлена между *Y. orientalis* и *Y. evonymella*, а максимальная – между *Y. malinella* и *Y. anatolicus*. Учитывая ранее полученные данные по межвидовым дистанциям в комплексе видов *Y. padella*, где минимальная генетическая дивергенция составляла 0,2–0,3% (*Y. padella* – *Y. cagnagella*) как для европейских образцов, так и для представителей североамериканских популяций (Тарасова, Пономаренко, 2022), следует принять общий интервал межвидовых дистанций по фрагменту COI у молей – ипономеут равным 0,2–9,9%.

Сходные результаты получены и при анализе 25 нп фрагмента COII. На построенном древе виды из комплекса *Y. padella* оказались объединенными в один кластер с бутстреп поддержкой 100% (рис. 2). Интервал межвидовых дистанций по фрагменту COII сопоставим с таковым по COI и составляет 0,5–9,6%. Также, как по фрагменту COI, наименее дивергировавшими оказались виды *Y. orientalis* и *Y. evonymella*, а максимальная генетическая дистанция была обнаружена между *Y. malinella* и *Y. anatolicus*.

**Таксономический статус *Y. refrigeratus* Meyrick, 1931.** Вид *Y. refrigeratus* был признан младшим синонимом *Y. evonymella* (Moriuti, 1977). Однако с таким таксономическим решением не все согласились: таксон в статусе самостоятельного вида продолжает приводиться в последующих изданиях (Gershenson, Ulenberg, 1998; Пономаренко, 2016; Пономаренко, Синев, 2019). В международном Генбанке (NCBI) появляются нп, идентифицированные этим видом. На древе, построенном на основе фрагмента COI, образец *Y. refrigeratus* оказался объединенным в один кластер с образцами *Y. evonymella* (рис. 1: кластер 2). Согласно анализу Pairwise Distances генетические дистанции между образцами *Y. refrigeratus* и *Y. evonymella* по фрагменту COI составили 0,2–0,5%. Вид *Y. evonymella* относится к комплексу *Y. padella*, отличающемуся небольшими генетическими межвидовыми дистанциями. Несмотря на слабую дивергенцию видов в комплексе *Y. padella* в целом, минимальная межвидовая дистанция между *Y. evonymella*, с одной стороны, и восточноазиатским *Y. orientalis* и европейским *Y. irrorella*, с другой, составляет 1,2% (Тарасова, Пономаренко, 2022), что существенно выше генетической дистанции с образцами *Y. refrigeratus*. Полученные результаты сравнения нп COI *Y. evonymella* и *Y. refrigeratus* не позволяют рассматривать последний как самостоятельный таксон видовой ранга и подтверждают предложенную ранее синонимию.

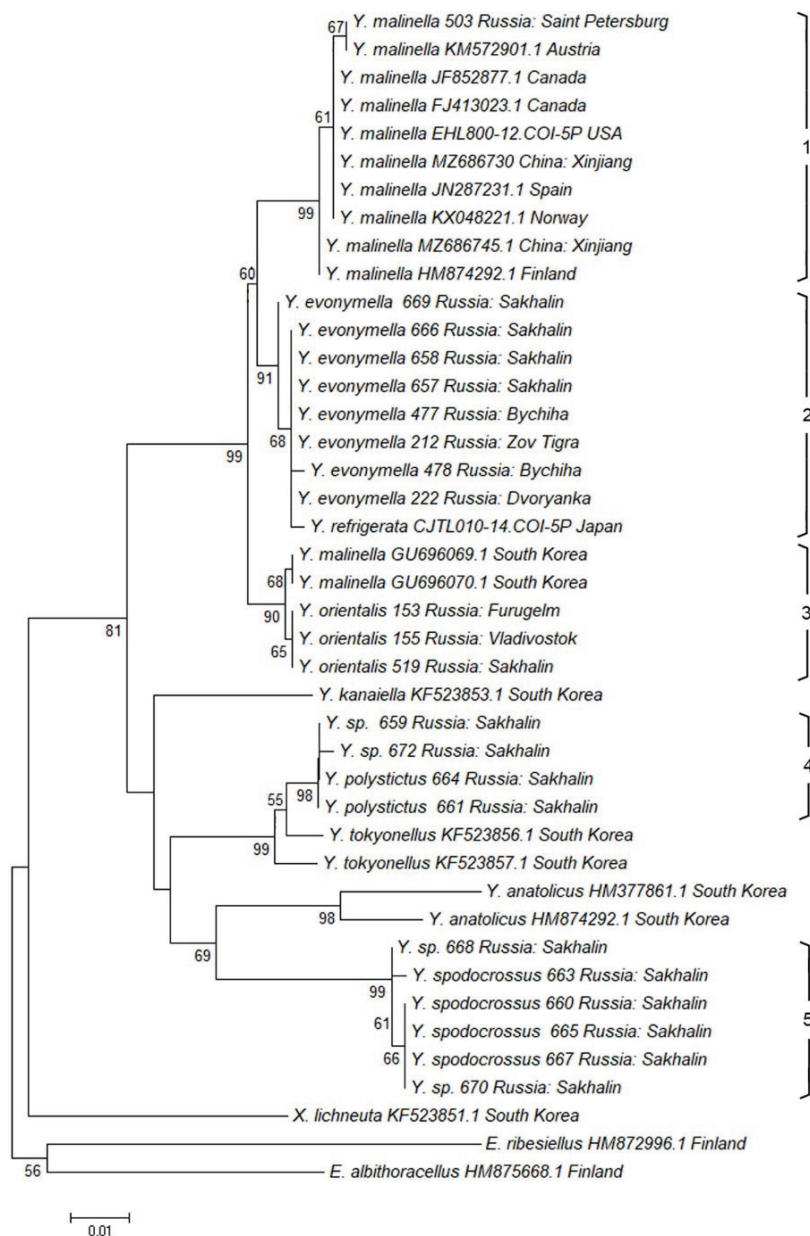


Рис. 1. Древо, построенное статистическим методом ближнего присоединения (Neighbor-Joining statistical method, Kimura 2-parameter model) на основе нп фрагмента COI видов рода *Yponomeuta*. Бутстреп поддержка показана выше 50%. Кластеры с проблемными таксонами показаны скобками с цифрами.



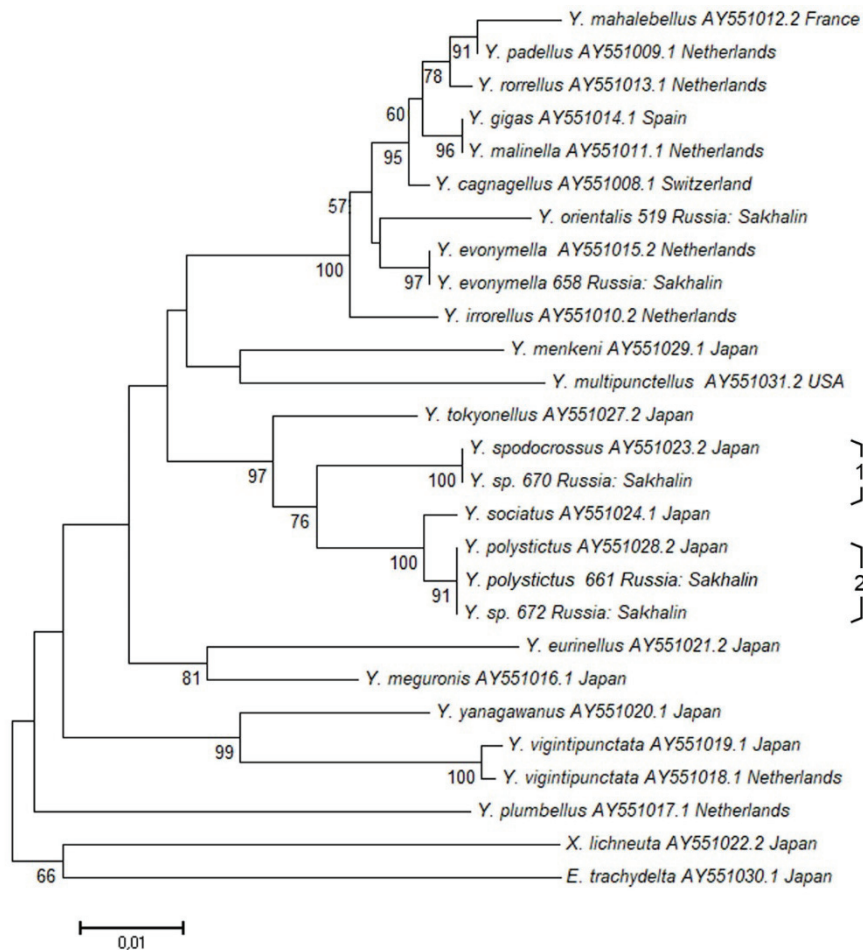


Рис. 2. Древо, построенное статистическим методом ближнего присоединения (Neighbor-Joining statistical method, Kimura 2-parameter model) на основе нп фрагмента COII видов рода *Yponomeuta*. Бутстреп поддержка показана выше 50%. Кластеры с проблемными таксонами показаны скобками с цифрами.

**Идентификация экземпляров, собранных на о. Сахалин.** Определение видовой принадлежности молей-ипономеут по внешним признакам часто затруднено вариабельностью рисунка передних крыльев у ряда видов. Идентификация экземпляров-самок также осложняется однообразной морфологией гениталий с сохранением плезиоморфного строения структур, характерного для ипономеутоидных чешуекрылых в целом. В данном случае целесообразно использование метода сравнения нп митохондриальных фрагментов COI и

СОП, а также проведение анализа генетических дистанций с ближайшими образцами в кластере.

На древе, построенном по нп СОI, образцы 659 и 672, собранные на о. Сахалин, объединились в одну группу с образцами 661 и 664, определенными по гениталиям самца как *Y. polystictus*, с бутстреп поддержкой 98% (рис. 1: кластер 4). Генетические дистанции между образцами этого кластера составляют 0,2%, что указывает на их конспецифичность. Конспецифичность образца 672 виду *Y. polystictus* также подтверждается анализом по фрагменту СОП (рис. 2: кластер 2), где определяемый образец 672 объединился в одну группу с идентифицированным образцом 661 с о. Сахалин и образцом из Японии, взятым из Генбанка, с бутстреп поддержкой 91%. Генетические дистанции между нп СОП этого кластера равны 0%.

На конспецифичность образцов 668 и 670 и образцов, определенных как *Y. spodocrossus*, указывает объединение их в один кластер, как на древе, построенном по фрагменту СОI (рис. 1: кластер 5), с бутстреп поддержкой 99%, так и на древе, построенном по фрагменту СОП (рис. 2: кластер 1), с бутстреп поддержкой 100%. Также видовая принадлежность указанных образцов к *Y. spodocrossus* подтверждается небольшими генетическими дистанциями в обозначенных кластерах, как по СОI, так и по СОП – 0–0,3%.

**Видовая принадлежность образцов из Южной Кореи в международном Генбанке (NCBI).** В ходе проведения анализа нп фрагмента СОI и построения дерева выяснилось, что повидовая серия экземпляров *Y. malinella* в международном генбанке в Национальном центре биотехнологической информации гетерогенна. По результатам анализа нп фрагмента СОI образцы, идентифицированные как *Y. malinella* из Южной Кореи, объединились в один кластер с *Y. orientalis* в построенном древе и имеют генетическую дистанцию с последними 0,2% (рис. 1: кластер 3). Оба вида относятся к комплексу *Y. padella* с небольшими показателями генетических дистанций между видами. Однако генетическая дивергенция дальневосточной яблонной моли, *Y. orientalis*, и викарного вида *Y. malinella* достигает максимальных показателей в комплексе *Y. padella* – 2,1–2,8%. В настоящем исследовании образцы *Y. malinella* из различных популяций Европы (Норвегия, Финляндия, Россия (европейская часть), Австрия, Испания), Центральной Азии (Китай: Синьцзян) и Северной Америки (США, Канада) образовали единый кластер при бутстреп поддержке 99% (рис. 1: кластер 1). На древе кластеры 1 и 2, объединившие образцы *Y. malinella* и *Y. evonymella*, соответственно, противопоставлены кластеру 3, включившему образцы *Y. orientalis* совместно с образцами из Южной Кореи. Генетические дистанции между образцами из Южной Кореи и *Y. malinella* составили 1,9–2,3%, что указывает на их неконспецифичность и сопоставимо с генетической дивергенцией викарных видов *Y. malinella* и *Y. orientalis*. Таким образом, кластеризация образцов из Южной Кореи совместно с образцами *Y. orientalis* и генетические дистанции между образцами этого кластера 0,2% указывают на видовую принадлежность южнокорейских образцов *Y. orientalis* и, соответственно, неправильную идентификацию экземпляров из Южной Кореи в международном Генбанке.

## ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Сравнительный генетический анализ нп митохондриальных фрагментов COI и COII показал, что степень дивергенции молей-ипономеут по обоим фрагментам сопоставима. У исследованных таксонов межвидовые генетические дистанции находятся в пределах 0,2–9,9% по фрагменту COI и 0,5–9,6% по фрагменту COII. Причем при анализе дальневосточных видов по обоим фрагментам минимальные дистанции выявлены между образцами *Y. orientalis* и *Y. evonymella*, а максимальные – между *Y. malinella* и *Y. anaticus*. В группе молей-ипономеут молекулярный метод имеет ограничения в применении для идентификации видов, относящихся к комплексу *Y. padella*, межвидовые дистанции между которыми равны 0% или существенно ниже порога делимитации видов.

По результатам анализа интервал генетических дистанций 0,2–0,5% по фрагменту COI между образцами *Y. refrigeratus* и *Y. evonymella* указывает на их конспецифичность и правомерность синонимизации этих видов С. Мориути (Moriuti, 1977).

Анализ нуклеотидных последовательностей фрагментов COI и COII у экземпляров, собранных на о. Сахалин, а также укоренение их кластеров в группах с конспецифичными видами позволили идентифицировать образцы 659 и 672 как *Y. polystictus*, а 668 и 670 как *Y. spodocrossus*. Полученные данные подтвердили обитание обоих видов на о. Сахалин.

Таким образом, молекулярно-генетический метод, основанный на сравнительном анализе межвидовых генетических дистанций по фрагментам COI и COII эффективен для решения таксономических задач, таких как определение статуса таксона, идентификация экземпляров у слабо дивергировавших и переменных видов, либо у видов, описанных по одному полу с неизвестным другим полом, а также для разграничения видов в гетерогенных сериях.

## 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, ЛЭЭВО) за возможность использовать оборудование Лаборатории экологии и эволюции водных организмов, к.б.н. А. Семенченко (ДВФУ, ЛЭЭВО) за консультации по использованию метода.

Работа выполнена в рамках государственного задания Министерства науки и высшего образования Российской Федерации (тема № 121031000151-3).

## 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.

- Тарасова А.А., Пономаренко М.Г. 2022.** Внутривидовые и межвидовые генетические дистанции у горностаевых молей рода *Yponomeuta* Latr. (Lepidoptera: Yponomeutidae). *Чтения памяти Алексея Ивановича Куренцова*. Вып. 33. Владивосток: Дальнаука. С. 55–68.
- Applied Biosystems. 2005.** Sequence Scanner. Version 1.0; Applied Biosystems: Product Bulletin 106PB13–01.
- Folmer O., Black M., Hoeh W., Lutz R., Vrijenhoek R. 1994.** DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. *Molecular Marine Biology and Biotechnology*, 3: 294–299.
- Gershenson Z.S., Ulenberg S.A. 1998.** *The Yponomeutinae (Lepidoptera) of the World exclusive of the Americas*. North Holland, Amsterdam, Oxford, New York, Tokyo. С. 108–169.
- Huemer P. 2021.** *Scrobipalpa antoniovivesi* Huemer, sp. n., a remarkable new species from Spain (Lepidoptera: Gelechiidae). *SHILAP Revista de lepidopterología*, 49: 685–690.
- Huemer P., Haslberger A., Segerer. A.H. 2023.** Out of East Asia: *Epermenia sinjovi* Gaedike, 1993 (Lepidoptera, Epermeniidae) newly recorded from the European Alps. *Check List*, 19 (2): 155–161.
- 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 I*. Vol. 16. P. 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.
- Kimura M. 1980.** A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *Journal of Molecular Evolution*, 16(2): 111–120.
- 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.
- Monteiro A., Pierce N.E. 2001.** Phylogeny of *Bicyclus* (Lepidoptera: Nymphalidae) inferred from COI, COII and EF-1a gene sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 18: 264–281.
- 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.
- Ponomarenko M.G., Omelko M.M., Omelko N.V. 2021.** New genus of gelechiid moths (Lepidoptera: Gelechiidae) from Borneo, and its four new species. *Zootaxa*, 5005(3): 465–480.
- Šumpich J., Bidzilya O. 2022.** Two new species of the genus *Klimeschiopsis* Povolný, 1967 from southern Siberia discovered as a result of study cryptic diversity in *K. iscontinella* (Rebel, 1899) (Lepidoptera: Gelechiidae). *SHILAP Revista de lepidopterología*, 50: 689–703.