

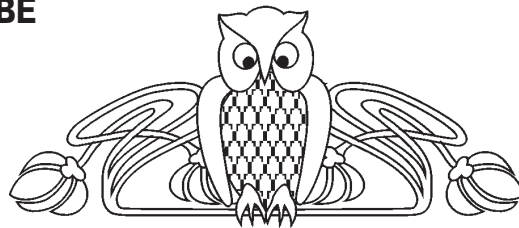


УДК: 575.17:598.126.3

ФИЛОГЕНИЯ МОЛЕЙ-ЧЕХЛОНОСОК ТРИБЫ CASIGNETELLINI (LEPIDOPTERA, COLEOPHORIDAE) НА ОСНОВЕ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ ДАННЫХ

В. В. Аникин, А. Г. Дёмин, М. В. Кнушевицкая

Саратовский государственный университет
E-mail: anikinvasiliiv@mail.ru



Ранее проведенные авторами исследования показали эволюционную близость родов *Perygra*, *Casignetella* и *Ecebalia*, а также на молекулярно-генетическом уровне подтвердили валидность трибы Casignetellini в границах, предложенных ранее специалистами энтомологами [1, 2].

Ключевые слова: филогения, моли-чехлоноски, Casignetellini, COI, триба, молекулярная систематика.

Phylogeny of Casebearer Moths of Tribe Casignetellini (Lepidoptera, Coleophoridae) on the Basis of Molecular-genetic Data

V. V. Anikin, A. G. Demin, M. V. Knushevitsky

Previously conducted research by the authors showed evolutionary proximity between the genus of *Perygra*, *Casignetella* and *Ecebalia*, as well as on molecular-genetic level have confirmed the validity of the tribe Casignetellini in the borders, previously proposed by the entomologists [1, 2].

Key words: phylogeny, casebearer moths, Lepidoptera, Coleophoridae, tribe Casignetellini, COI sequence data analysis.

Введение

Объектом исследования данной работы является рода трибы Casignetellini из семейства молей-чехлоносок – Coleophoridae, принадлежащее к надсемейству выемчатокрылых молей (Gelechioidea). Coleophoridae – исключительно сложная в таксономическом отношении группа чешуекрылых. Новой вехой изучения молей-чехлоносок стало применение методов молекулярной филогении. У современных систематиков на вооружении имеется метод, который позволяет избегать излишней предвзятости и реконструировать последовательность эволюционных событий, искать молекулярные границы таксонов, в частности в границах семейства молей-чехлоносок.

Материал и методы

Определение нуклеотидной последовательности гена *COI* было проведено для 23 видов молей-чехлоносок трибы Casignetellini на основании типового материала из коллекции лаборатории систематики насекомых Зоологического института РАН (г. Санкт-Пе-

тербург) и фондов Зоологического музея Саратовского государственного университета (сборы В. В. Аникина).

Для проведения молекулярно-генетического анализа использовались коллекционные образцы молей-чехлоносок возрастом от 3 до 50 лет. Часть образцов была фиксирована в 70% этиловом спирте, часть хранилась в высушенном состоянии без фиксатора.

Секвенирование 5'-концевого фрагмента гена *COI* выполнялось на базе Канадского центра ДНК-штрихкодирования Института биоразнообразия Университета штата Онтарио в городе Гуэльфе (Canadian Centre for DNA Barcoding Biodiversity Institute of Ontario University of Guelph) в рамках научной программы «Barcode of Life», проекты: «Coleophoridae of the Old World» [МРАЕВ], «Microlepidoptera of the Palearctic 1» [МРЕА] и «Microlepidoptera of the Palearctic 2» [МРЕВ], руководитель – Дж.-Ф. Ландри (Jean-Francois Landry). Выделение ДНК, амплификация гена *COI* и его секвенирование проводили по стандартным методикам [3] с использованием праймеров LepF1-LepR1 [4]. При сравнении видов использованы данные GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>) и Канадского центра ДНК-штрихкодирования по гену *COI*.

Коррекцию полученных последовательностей выполняли в программе BioEdit Sequence Alignment Editor (<http://www.mbio.ncsu.edu/bioedit/bioedit.html>). Для множественного выравнивания использовали программу ClustalW (www.genebee.ru).

При проведении филогенетической реконструкции использовалось 44 сиквена гена *COI*. Авторами лично были получены сиквенсы гена 23 видов молей-чехлоносок (таблица). Сиквенсы гена 21 представителя чешуекрылых были привлечены из общедоступной базы данных – GenBank (таблица). Названия видов, приведенные в таблице, соответствуют дробной классификации по авторам Капуше [5], Фальковичу [6] и Аникину [7]. Буквой «С» обозначены виды, родовое название которых имеет синоним *Coleophora*. In



press – обозначены виды, ранее описанные как *Coleophora*, но в настоящий момент выводимые нами в обособленные от *Coleophora* рода.

Выбор наиболее оптимальной эволюционной модели и филогенетические реконструкции

проводили в пакете программ MEGA5.2 (<http://www.megasoftware.net/index.php>). Оценка достоверности полученной топологии выполнялась с использованием bootstrap-теста в 1000 повторностях [8].

Сиквенсы гена *COI*, использованные для построения филограммы

Видовое название	Номер	Видовое название	Номер	Видовое название	Номер
Сиквенсы гена <i>COI</i> , полученные авторами лично					
<i>Casignetella absinthii</i> C	MPEA377-08	<i>Casignetella nutantella</i> C	MPEA263-08	<i>Ecebalia versurella</i> in press	MPEA268-08
<i>Casignetella argentula</i> C	MPEA399-08	<i>Casignetella peribenanderi</i> C	MPEA575-08	<i>Ecebalia vestianella</i> C	MPEA259-08
<i>Casignetella corsicella</i> C	MPEA443-08	<i>Casignetella silenella</i> C	MPEA616-08	<i>Ecebalia virgaureae</i> C	MPEA058-07
<i>Casignetella directella</i> C	MPEA456-08	<i>Casignetella striatipennella</i> C	MPEA629-08	<i>Perygra adjunctella</i> C	MPEA378-08
<i>Casignetella graminicolella</i> C	MPEA480-08	<i>Ecebalia pappiferella</i> C	MPEA567-08	<i>Perygra glaucicolella</i> in press	MPEA257-08
<i>Casignetella kyffhusana</i> C	MPEA746-08	<i>Ecebalia saxicolella</i> C	MPEA301-08	<i>Perygra maritimella</i> C	MPEA281-08
<i>Casignetella lineosyridella</i> in press	MPEA522-08	<i>Ecebalia squamosella</i> C	MPEA622-08	<i>Perygra otidipennella</i> C	MPEA048-07
<i>Casignetella nubivagella</i> C	MPEA035-07	<i>Ecebalia therinella</i> C	MPEA809-08		
Заимствованные сиквенсы гена <i>COI</i>					
<i>Ecebalia acutipennella</i> in press	EU409076	<i>Ecebalia detractella</i> in press	GU091005	<i>Ecebalia simulans</i> in press	GU096381
<i>Ecebalia asterophagella</i> in press	GU096286	<i>Ecebalia dextrella</i> C	EU409086	<i>Perygra bispin角度ella</i> in press	GU095706
<i>Ecebalia atriplicis</i> C	EU409107	<i>Ecebalia duplicis</i> in press	EU409088	<i>Perygra fagicorticella</i> in press	GU095714
<i>Ecebalia benestrigatella</i> in press	GU095757	<i>Ecebalia lineapulvella</i> in press	GU091010	<i>Perygra glissandella</i> in press	GU096309
<i>Ecebalia bidens</i> in press	EU409078	<i>Ecebalia puberuloides</i> in press	EU409094	<i>Perygra latronella</i> in press	GU095727
<i>Ecebalia borea</i> in press	GU096290	<i>Ecebalia salinoidella</i> in press	EU409096	<i>Perygra quadrilineella</i> in press	GU095752
<i>Ecebalia brunneipennis</i> in press	GU096291	<i>Ecebalia sexdentatella</i> in press	GU096379	<i>Casignetella mcdunnoughiella</i> in press	GU096329

Результаты и их обсуждение

Длина анализируемого фрагмента гена *COI* составила 648 п.о. (с 49 по 697 п.о.). Из анализируемых 648 нуклеотидных сайтов 218 оказались варибельными, 149 парсимониально информативными. Среднее соотношение транзаций к трансверсиям внутри семейства Coleo-

phoridae равно 1,29. Преобладание транзаций над трансверсиями свидетельствует об отсутствии насыщения последовательности заменами, что позволяет использовать все положения кодона для реконструкции родственных связей.

Филогенетическая схема реконструирована методом Minimum Evolution (ME) [9], для расчета



генетических дистанций использовался алгоритм Maximum Composite Likelihood (MCL) [10], специализированный для построения больших филогенетических схем с использованием дистантных методов. Вариация скоростей эволюции между сайтами моделировалась с использованием гамма-распределения G (параметр распределения = 1). Для получения иницирующего дерева использовался алгоритм объединения ближайших соседей (Neighbor-joining). Финальное дерево было вычислено методом Close-Neighbor-Interchange (CNI).

Полученная филограмма описывает родственные связи представителей трех родов *Ecebalia*, *Perygra* и *Casignetella* – в границах трибы Casignetellini, выделенных ранее исследователями на основе морфологических и молекулярных признаков [1, 2, 7], но не используемых в системе семейства энтомологами западноевропейской школы лепидоптерологов. На филограмме виды *Ecebalia*, *Perygra* и *Casignetella* формируют обособленные друг от друга монофилетические кластеры, что подтверждает эволюционную и

таксономическую значимость морфологических признаков, лежащих в основе выделения этих родов (рис. 1). Наибольшую статистическую поддержку имеют кластеры, образованные представителями родов *Perygra* (99) и *Casignetella* (97). Кластер рода *Ecebalia* выделен менее четко (поддержка 54), что свидетельствует о вероятности существования нескольких эволюционных линий в пределах данного рода. Базальное положение на филограмме занимают представители рода *Perygra*. Их личинки обитают только на растениях рода Ситник (*Juncus*, Juncaceae) (рис. 2). Исключение составляют личинки вида *P. otidipennella*, обитающего на растениях рода *Lusula* – наиболее близком родственнике рода *Juncus* в семействе Juncaceae. Предковый вид, давший начало роду *Perygra*, вероятно, являлся моно- или олигофагом, обитавшим исключительно на растениях рода *Juncus*. Подобное предположение объясняет высокую генетическую обособленность представителей *Perygra* от остальных родов Casignetellini, а также исключительно узкую трофическую специализацию (большинство видов моно- или олигофаги).

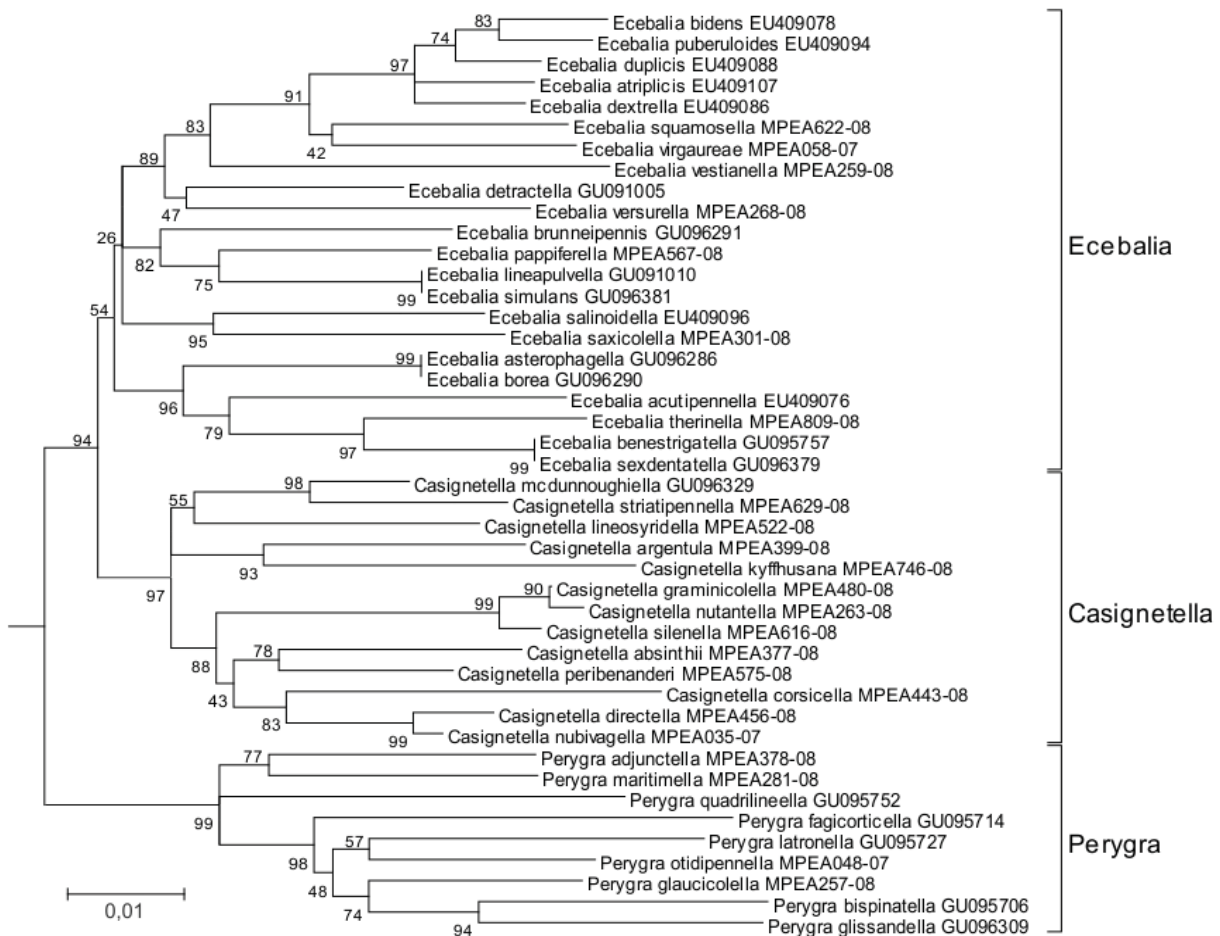


Рис. 1. МЕ-филограмма трибы Casignetellini, демонстрирующая эволюционные связи представителей родов *Ecebalia*, *Perygra* и *Casignetella*, основанная на данных анализа изменчивости частичной нуклеотидной последовательности гена *COI*

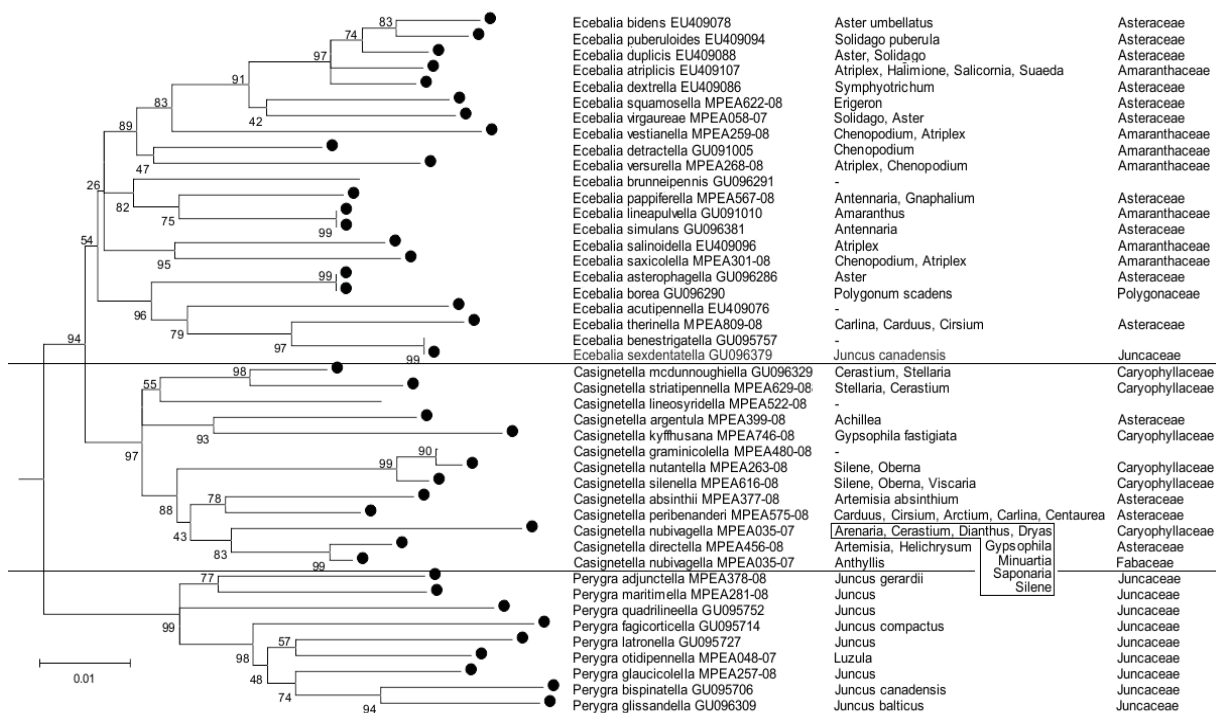


Рис. 2. Связь представителей трибы *Casignetellini* с растениями-хозяевами

Виды рода *Casignetella* отличает более широкая трофическая специализация (см. рис. 2). Большая их часть обитает на травянистых растениях из одного или нескольких родов, относящихся либо к семейству Caryophyllaceae либо Asteraceae. Исключение составляет *C. nubivagella*, обитающий на травянистых растениях семейства Fabaceae. При этом виды, обитающие на растениях одного семейства, часто группируются вместе: *C. mcdunnoughiella* и *C. striatipennella* (Caryophyllaceae), *C. nutantella* и *C. silenella* (Caryophyllaceae), *C. absinthii* и *C. peribenanderi* (Asteraceae), что свидетельствует о существовании тесной связи между эволюцией этих видов и приуроченностью их предковых форм к определенной таксономической группе растений.

Виды рода *Ecebalia* на стадии личинки являются как моно-, так и полифагами. Кластер данного рода условно можно разделить на два подкластера: *E. bidens* – *E. saxicolella* и *E. asterophagella* – *E. sexdentatella* (см. рис. 1, 2). Личинки видов, входящих в первый подкластер, обитают на травянистых растениях из семейств Asteraceae и Amaranthaceae. Экологическая специализация видов (для личинок которых достоверно известны растения-хозяева), входящих во второй подкластер, шире. Их личинки обитают на растениях из семейств Polygonaceae, Asteraceae и Juncaceae. Кроме того, личинки *E. sexdentatella*

и *E. therinella* обитают на растениях-хозяевах из родов *Juncus* и *Carlina*, *Carduus*, *Cirsium*, что сближает их соответственно с видами родов *Perygra* и *Casignetella*. Возможно, подкластер *E. asterophagella* – *E. sexdentatella* с генетической точки зрения представляет собой отдельную эволюционную линию, занимающую промежуточное положение между видами *E. bidens* – *E. saxicolella*, с одной стороны, и видами родов *Casignetella* и *Perygra* – с другой.

Полученные данные позволяют выдвинуть предположения относительно экологической специализации предковой группы видов, давшей начало современным таксонам трибы *Casignetellini*. Личиночные стадии всех представителей, относящихся к трибе *Casignetellini*, в описанных нами ранее границах (статья № 1) обитают только на травянистых растениях. Очевидно, предполагаемые предковые виды *Casignetellini* также были связаны исключительно с травянистыми растениями. Учитывая наличие в кластерах родов *Perygra* и *Ecebalia* видов, личинки которых обитают на растениях рода *Juncus* (Asteraceae) (моли-чехлоноски других родов не связаны с родом *Juncus*), а также видов, личинки которых обитают на растениях из родов *Carlina*, *Carduus* и *Cirsium*, можно предположить, что предковая для трибы *Casignetellini* группа видов могла быть связана с растениями из семейств Asteraceae и Juncaceae.



Список литературы

1. Strand E. Miscellanea nomenclatorica zoologica et palaeontologica // Archiv für Naturgeschichte. 1928 [1926]. Bd. 92 A, № 8. P. 30–75.
2. Аникин В. В. Эколого-географический анализ фауны чехлоносок (Lepidoptera, Coleophoridae) России : автореф. дис. ... д-ра биол. наук. Тольятти, 2002. 38 с.
3. Hebert P. D. N., Cywinska A., Ball Sh. L., Waard de J. R. Biological identifications through DNA barcodes // Proc. R. Soc. London B. 2003. Vol. 270. P. 313–321.
4. Ivanova N. V., deWaard J., Hebert P. D. N. An inexpensive, automation-friendly protocol for recovering high-quality DNA // Molecular Ecology Notes. 2006. Vol. 6. P. 998–1002.
5. Căpușe I. Recherches morphologiques et systématiques sur la famille des Coleophoridae (Lepidoptera). Bucarest, 1971. 116 p.
6. Фалькович М. И. Новые роды палеарктических чехлоносок (Lepidoptera, Coleophoridae) // Энтомол. обозр. 1972. Т. 51, вып. 2. С. 369–386.
7. Аникин В. В. Эколого-географические особенности распространения чехлоносок (Lepidoptera, Coleophoridae) фауны России // Поволж. экол. журн. 2002. № 3. С. 187–198.
8. Felsenstein J. Confidence limits on phylogenies : An approach using the bootstrap // Evolution. 1985. Vol. 39. P. 783–791.
9. Rzhetsky A., Nei M. A simple method for estimating and testing minimum evolution trees // Molecular Biology and Evolution. 1992. Vol. 9. P. 945–967.
10. Tamura K., Nei M., Kumar S. Prospects for inferring very large phylogenies by using the neighbor-joining method // Proc. of the National Academy of Sciences (USA). 2004. Vol. 101. P. 11030–11035.

УДК 598.8(470.44)

МОРФОМЕТРИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ ЗИМОРОДКА ОБЫКНОВЕННОГО (*ALCEDO ATTHIS*) НА СЕВЕРЕ НИЖНЕГО ПОВОЛЖЬЯ

В. Г. Табачишин¹, Н. М. Силкина², М. В. Ермохин²

¹Саратовский филиал Института проблем экологии и эволюции им. А. Н. Северцова РАН
E-mail: tabachishinvg@sevin.ru

²Саратовский государственный университет
E-mail: ecoton@rambler.ru

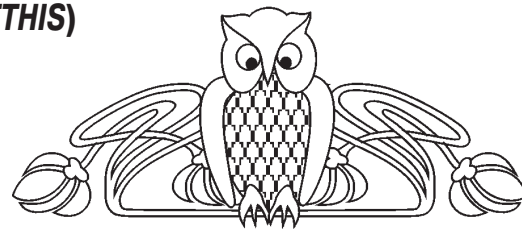
Проанализированы морфометрические параметры зимородка обыкновенного (*Alcedo atthis* (Linnaeus, 1758)) из гнездовых популяций в долинах рек бассейнов Дона и Волги на территории северной части Нижнего Поволжья. Половой диморфизм *A. atthis* выражен слабо и только в популяциях в бассейне реки Дон (по длине цевки). Установлено значительное сходство этих параметров в исследованных популяциях с таковыми в Западной Европе и европейской части России. Исследованные популяции *A. atthis* отличаются меньшей длиной крыла самцов и самок, а также большей длиной цевки у самок.

Ключевые слова: *Alcedo atthis*, морфометрические признаки, половой диморфизм, Саратовская область.

Morphometric Features of *Alcedo atthis* in the Northern Lower-Volga Region

V. G. Tabachishin, N. M. Silkina, M. V. Yermokhin

Morphometric parameters of *Alcedo atthis* from its breeding populations in the valleys of the Don and Volga river basins in the northern Lower-Volga region are analyzed. The sexual dimorphism of *A. atthis* is expressed weakly and within the populations in the Don River basin only (by tarsus length). Substantial similarity of these parameters in the populations studied with those in Western Europe and European Russia was found. The surveyed populations of *A. atthis*



feature a shorter wing length in males and females and a longer tarsus in females.

Key words: *Alcedo atthis*, morphometric features, sexual dimorphism, Saratov region.

Зимородок обыкновенный на севере Нижнего Поволжья – обычный вид, гнездящийся в долинах рек бассейна Волги и Дона [1, 2]. Этот вид представлен в регионе номинативным подвидом – *A. a. atthis*. Во многих смежных регионах его морфометрические особенности изучены достаточно хорошо и обобщены в ряде публикаций [3–7]. Однако в Саратовской области такие исследования ранее не проводились.

Цель данного сообщения – анализ межпопуляционных различий зимородка обыкновенного по основным морфологическим признакам в гнездовых популяциях долин рек бассейна Волги и Дона.

Материал и методы

Материалом для данного исследования послужили коллекционные сборы зимородка обык-