

Систематика и зоогеография

С.К. Корб

г. Нижний Новгород, Русское энтомологическое общество (Нижегородское отделение)

***Bryophila orthogramma* (Boursin, 1954) в Средней Азии и проблемы неверной идентификации материала в геномных базах данных (Lepidoptera: Noctuidae)**

S.K. Korb. *Bryophila orthogramma* (Boursin, 1954) in Middle Asia and material misidentification problems in genomic databases (Lepidoptera: Noctuidae).

SUMMARY. It is stated that *Bryophila orthogramma* (Boursin, 1954) was erroneously removed from the Lepidoptera fauna of Middle Asia. This species confirmed from Middle Asia both by molecular and morphology methods as far as the data about external and genital differences between closely related species *B. orthogramma* and *B. raptricula* ([Denis et Schiffermüller], 1775) are listed. It is shown that COI-sequence (mtDNA) of *B. orthogramma* from Siberia, South Kazakhstan, China and Kyrgyzstan has zero variability. Due to this reason the subspecific composition of *B. orthogramma* populations cannot be determined using COI-sequence, nuclear genes must be used. The following nomenclatural acts are proposed: *B. orthogramma montanotricula* Korb, 2020, **stat. rev.**, *B. orthogramma aksuensis* (Boursin, 1954), **stat. rev.** The updated information on the distribution of *B. orthogramma* in Middle Asia and new information on the ecology of this species are given. The problem of misidentification of the materials from the genomic databases is discussed. I offer following recommendations to the genomic databases administrators: 1) to make mandatory and publicly accessible data field "Identified by" when the sequence registered in the database; to add a special mark "Reference sequence" for those sequences which material has been identified by an expert in this group. I also offer the following recommendations to researchers: 1) if the group of organisms is difficult for identification, to take 1 – 2 fragments of every possible species for DNA analysis, and the specimen itself to send to an expert in this group; 2) when registered in genomic databases always mark who determined the material.

urn:lsid:zoobank.org:pub:968283F9-8690-4B92-9FAF-44B63E8D2147

Введение

Bryophila orthogramma (Boursin, 1954) описан из «Irkutsk (Sibirien)» [Boursin, 1954: 81; Taf. 5, Fig. 1–4, 13; Taf. 6, Fig. 15–18]. Вид неоднократно указывался из Средней Азии [Lehmann et al., 1998; Lehmann, Bergmann, 2005; Korb et al., 2016]. Но С.К. Корб [Korb, 2020] на основании молекулярно-генетического анализа исключил данный вид из среднеазиатской фауны. Этот вывод основывался на том, что последовательности COI *B. orthogramma*, использованные в анализе (LTOLB1152-11 и GBMNC55145-20), на результирующей кладограмме оказались в базальном положении относительно кластера, в который попали среднеазиатские *B. raptricula* ([Denis et Schiffermüller], 1775) и определенные ранее как *B. orthogramma* бабочки; кроме того, *B. raptricula* и определенные ранее как *B. orthogramma* бабочки из Средней Азии сформировали две ветви одного и того же кластера.

Проверка материала, на котором базировались наши выводы, показала его неверное независимое определение двумя разными специалистами. Последовательность LTOLB1152-11 получена от экземпляра, ошибочно определенного как *B. orthogramma*, но принадлежавшего *B. parva* Sugi, 1980 (Цв. таб. 1: 1–3); экземпляр с последовательностью GBMNC55145-20 также относится к этому виду. Таким образом, оказалось, что в нашем анализе отсутствовали последовательности *B. orthogramma*, следовательно, сделанные нами сравнения и основанные на них выводы неверны. Настоящей работой мы исправляем эту ошибку. Кроме того, приводим новые сведения о распространении и биологии вида в Средней Азии, вводим в научный оборот последовательности COI корректно определенных *B. orthogramma* и исправляем некоторые проблемы его систематики.

Проблема использования хранящихся в открытом доступе в геномных базах данных (GenBank и BOLD) последовательностей ДНК от неверно определенных организмов имеет весьма неприятные последствия. Неправильная идентификация приводит к неверным выводам, которые требуется исправлять. Это не только обесценивает результаты сложных исследований, но и генерирует новые, в которых эти результаты исправляются, а также те, в которых продолжается эстафетное использование неверных данных, что может приводить к серьезным ошибкам в построении систем и филогений. Эта проблема не раз затрагивалась исследователями разных групп организмов [например: Korb et al., 2016; Piemontese et al., 2020; и т. д.]. В настоящей работе мы коснемся этой проблемы в разрезе изучения совок Средней Азии.

Материал и методы исследования

Материалом для нашего исследования послужили последовательности, как полученные нами, так и хранящиеся в геномных базах данных со свободным доступом (GenBank, BOLD) (Таб. 1). Для обеспечения достоверности результатов в анализ добавлены последовательности COI из окрестностей Иркутска (типичное местонахождение *B. orthogramma*). В качестве внешней группы использована последовательность COI *Papilio machaon* Linnaeus 1758 (ABOLD047-16); в анализ также включены три последовательности *B. felina* (Eversmann, 1852) для визуализации того, насколько далеко от *B. raptricula* находятся последовательности *B. parva*, неверно определенного как *B. orthogramma*.

Таблица 1
Последовательности COI, использованные в настоящей работе

№	Последовательность	Вид	Страна	Местонахождение	Источник
1	ABOLD277-16	<i>B. raptricula</i>	Австрия	Vorarlberg	BOLD
2	DEEUR549-15	<i>B. raptricula</i>	Австрия	Niederösterreich	BOLD
3	DEEUR550-15	<i>B. felina</i>	Австрия	Niederösterreich	BOLD
4	DEEUR551-15	<i>B. felina</i>	Австрия	Niederösterreich	BOLD
5	FGMLF393-15	<i>B. raptricula</i>	Германия	Бавария	BOLD
6	GWOTP351-15	<i>B. raptricula</i>	Германия	Бавария	BOLD
7	NM875378	<i>B. raptricula</i>	Финляндия	Vyholmen	BOLD
8	NM875379	<i>B. raptricula</i>	Финляндия	Vyholmen	BOLD
9	HQ565501	<i>B. raptricula</i>	Германия	Бавария	Hausmann et al., 2011
10	JF415768	<i>B. raptricula</i>	Германия	Бавария	Hausmann et al., 2011
11	JX411858	<i>B. orthogramma</i>	Китай	Тибет	Jin et al., 2013
12	JX411859	<i>B. orthogramma</i>	Китай	Тибет	Jin et al., 2013
13	JX509742	<i>B. orthogramma</i>	Китай	Тибет	Jin et al., 2013
14	LEATB619-13	<i>B. raptricula</i>	Италия	Южный Тироль	BOLD
15	LEATB686-13	<i>B. raptricula</i>	Италия	Южный Тироль	BOLD
16	LEFIF220-10	<i>B. raptricula</i>	Финляндия	Ниландия	BOLD
17	LEFIA1073-10	<i>B. raptricula</i>	Финляндия	Regio Aborensis	BOLD
18	LON3917-16	<i>B. raptricula</i>	Норвегия	Vest-Agder	BOLD
19	LTOLB1152-11	<i>B. parva</i>	Япония	Chubu	BOLD
20	MF050746	<i>B. orthogramma</i>	Китай	Пекин	Hao et al., 2020
21	MF055533	<i>B. parva</i>	Китай	Пекин	Hao et al., 2020
22	MT293777	<i>B. raptricula</i>	Казахстан	Боро-Хоро	Наши данные
23	MT293784	<i>B. orthogramma</i>	Кыргызстан	Джумгалтоо	Наши данные
24	MT293788	<i>B. raptricula</i>	Кыргызстан	Ферганский хр.	Наши данные
25	MT293792	<i>B. raptricula</i>	Кыргызстан	Ферганский хр.	Наши данные
26	MT293798	<i>B. orthogramma</i>	Кыргызстан	Иньльчек	Наши данные
27	MT293800	<i>B. orthogramma</i>	Кыргызстан	Джумгалтоо	Наши данные
28	MT293801	<i>B. orthogramma</i>	Кыргызстан	Иньльчек	Наши данные
29	MT293802	<i>B. raptricula</i>	Кыргызстан	Молдо-Тоо	Наши данные
30	MZ150773	<i>B. orthogramma</i>	Россия	Иркутск	Наши данные
31	MZ150774	<i>B. orthogramma</i>	Россия	Иркутск	Наши данные
32	MZ150775	<i>B. orthogramma</i>	Казахстан	Джунгарский Алатау	Наши данные
33	MZ150776	<i>B. orthogramma</i>	Казахстан	Джунгарский Алатау	Наши данные
34	PHLAJ560-15	<i>B. raptricula</i>	Греция	Самос	BOLD
35	PHLAJ561-15	<i>B. raptricula</i>	Греция	Самос	BOLD
36	PHLAJ570-15	<i>B. raptricula</i>	Греция	Самос	BOLD
37	PHLAN179-12	<i>B. felina</i>	Австрия	Burgenland	BOLD

Материал собирался на свет, в автоматические автономные светоловушки, конструкция которых описана в [Korb, 2018]. Исследования морфологии собранного материала выполнялись традиционными методами с помощью бинокулярного микроскопа MC-BP.

Секвенирование было выполнено в рамках проекта BOLD в Университете Гуэлфа (Канада) [Ratnasingham, Hebert, 2007]. Использованные праймеры: LepF1 (ATTCAACCAATCATAAAGATATTGG) и LepR1 (TAAACTTCTGGATGTCC-AAAAAATCA) [Hebert et al., 2004]. Последовательности выравнивали в ПО BioEdit ver. 7.0.9.0. Для построения филогенетического дерева использован принцип максимального сходства с 10000 бутстрап-репликациями по параметрической модели Tamura-3 [Tamura, 1992], в ПО MEGA X [Kumar et al., 2018]. Некоторые расчеты производились в ПО Microsoft Excel 2016. Обработка иллюстраций производилась в Corel Draw X8 и Adobe Photoshop CC.

Исследованный материал. *Россия.* 2 ♂♂, 16.07.2019, окр. г. Иркутск (Обечайкин). *Казахстан.* 1 ♂, 1-10.08.2015, Талдыкорган (Белюсов); 2 ♂♂, 20.06.2017, хр. Боро-Хоро, долина р. Усек, N44° 28.082' E79° 49.760', 1260 м (Корб); 1 ♂, 20.06.2010, хр. Боро-Хоро, 8 км к С от пос. Сарымбель, N44° 29.765' E80° 03.848', 1830 м (Корб); 2 ♂♂, 1 ♀, 7.07.2015, хр. Богуты, уш. Чингельсу, N43° 34.825' E78° 39.847', 851 м (Корб) (SK); 1 ♂, 30.06.2015, хр. Заилийский Алатау, Корам, N43° 29.358' E78° 10.242', 787 м (Корб); 2 ♂♂, 1 ♀, 10.07.2015, хр. Заилийский Алатау, близ Алматы, N43° 06.108' E76° 56.119', 1583 м (Корб). *Китай.* 2 ♂♂, 3 ♀♀, Aksu (голотип и паратипы ssp. *aksuensis*). *Киргизия.* 13 ♂♂, 5 ♀♀, 7.07.2018, 3-8.07.2018, хр. Катта-Кайнды, 8.5 км Ю от пос. Иньльчек, 2509 м, N 41°57'518 E 79° 7'782 (Корб); 4 ♂♂, 9.07.2014, хр. Суусамыртоо, долина р. Кекемерен, N 41° 59.211' E 74° 9.396', 1808 м (Корб); 23 ♂♂, 12 ♀♀, 10.07.2014, хр. Молдо-Тоо, близ пер. Коро-Гоо, N 41 ° 31.303' E 74 ° 45.824', 1997 м (Корб); 1 ♂, 11.07.2016, хр. Джумгалтоо, отрог Сары-Кайкы, 42.19005 N, 74.05321 E, 2107 м (Корб); 3 ♂♂, 1 ♀, 26.07.2016, хр. Суусамыртоо, долина р. Кекемерен, 3,6 км к С от пос. Кызыл-Ой, N 41° 59.211' E 74° 9.396', 1808 м (Корб); 12 ♂♂, 29.07.2019, хр. Суусамыртоо, долина р. Кекемерен, 12 км к Ю от пос. Кожомкул, 42.046225 N, 74.154575 E, 1874 м (Корб) (голотип и паратипы ssp. *montanotricula*).

Результаты и их обсуждение

Внешние различия *B. parva* (Цв. таб. 1: 1–3) и *B. orthogramma* (Цв. таб. 1: 4–6): черный штрих на переднем крыле *B. parva* или не выражен вовсе, или, если выражен, не достигает внешнего края крыла; почковидное и дискальное («диск» в терминологии Бурсина) пятна у *B. parva*, в отличие от *B. orthogramma*, отсутствуют; срединная перевязь *B. parva* заметно темнее основного фона, тогда как у *B. orthogramma* она одного цвета с фоном. Внешние различия *B. orthogramma* и *B. raptricula* (Цв. таб. 1: 4–9): внутренняя линия, ограничивающая срединную перевязь, у *B. raptricula* с треугольным выступом примерно посередине, тогда как у *B. orthogramma* этот выступ или отсутствует, или округлый; в базальной части переднего крыла *B. raptricula* имеется хорошо видимый черный штрих, отсутствующий у *B. orthogramma*; наконец, главный признак, по которому легче всего определять *B. orthogramma*: расстояние между линиями, ограничивающими срединную перевязь на переднем крыле у анального края *B. orthogramma* в среднем в 1.5–2.0 раза больше, чем у *B. raptricula*.

Различия между *B. raptricula* и *B. orthogramma* в гениталиях самок: антрум и остиум *B. raptricula* склеротизированы сильнее, чем у *B. orthogramma*; копулятивная сумка *B. raptricula* удлиненная и узкая (у *B. orthogramma* она широкая и короткая) (Цв. таб. 1: 10, 11). В гениталиях самцов эти виды различаются строением везики: у *B. raptricula* при вывернутой везике корнугус загнут внутрь, у *B. orthogramma* – наружу (Цв. таб. 1: 12–15).

Сравнение последовательностей COI *B. orthogramma* из всех исследованных локалитетов показало их идентичность: в отличие от близкого *B. raptricula*, последовательность COI у *B. orthogramma* в рамках нашего исследования имеет нулевую вариабельность (Таб. 2). На кладограмме (Рис. 1) все последовательности *B. orthogramma* легли в один кластер, а бутстреп-поддержка этого кластера составила 100%. Данный факт (идентичность последовательностей COI из Сибири, Джунгарии, Китая и двух регионов Тянь-Шаня) не позволяет выделять подвиды этого вида на основании различий мтДНК (COI); для обоснования подвидового статуса среднеазиатских популяций вида, скорее всего, необходимо исследование ядерных генов. В настоящее время для разделения подвидов *B. orthogramma* используются только морфологические признаки.

Бурсин [Boursin, 1954] разделил *B. orthogramma* на следующие подвиды: номинативный (юг Дальнего Востока, Южная Сибирь, Средний и Южный Урал, Джунгария, Восточный Тянь-Шань (в районе Кульджи) и Польша), *aksuensis* Boursin, 1954 (= *ammochroa* Boursin, 1954) (описан из «Aksu (Chinesisch-Turkestan)» и распространенный в типовом местонахождении; подвид *ammochroa* описан из того же типового местонахождения, что *aksuensis* («Aksu Ust-Kasanak (Chinesisch-Turkestan)»), и поэтому является его младшим объективным синонимом) и *taishanensis* Boursin, 1954 (типичное местонахождение: «Tai-shan (Shantung), 1550 m»; распространение: Восточный Китай).

Диагнозы этих таксонов достаточно короткие, что позволяет нам привести их здесь полностью.

B. orthogramma aksuensis: «Stellt ein Mittelding zwischen der typischen Form und der nachstehenden blassen hellgrauen Form dar; die kupferigen Partien sind sehr abgeblaßt, dagegen bleibt der schieferblaue Anflug erhalten, besonders am Apex» [Представляет собой нечто среднее между типичной формой и следующей бледно-светло-серой формой <*ammochroa*>; медные части <рисунок> очень бледные, но остается грифельно-голубой оттенок, особенно на вершине <крыла>] [Boursin, 1954: 83].

B. orthogramma ammochroa: «Grundfarbe hellgrau, mit braunen Schattierungen im Postmedianfeld, entspricht etwa der Form *oxybiensis* Mill. von *raptricula* Schiff.» [«Фоновый цвет <крыльев> светло-серый, с коричневым оттенком в постмедианном поле, примерно как у формы *oxybiensis* Mill. вида *raptricula* Schiff.»] [op. cit.].

B. orthogramma taishanensis: «Vorderflügel stark marmoriert, die kupferförmige Farbe vorhanden und ziemlich stark ausgeprägt; im Diskus, dicht an der Postmedianlinie und zwischen der Nierenmakel und der Submedianfalte liegen zwischen den Adern einige längliche dunkle Striche, welche den Diskus an dieser Stelle wie gestreift erscheinen lassen.» [«Передние крылья сильно «мраморизованы» <имеется ввиду пестрота окраски>, медно-красноватый цвет присутствует и довольно ярко выражен; на диске, ближе к постмедиане и между почковидным пятном и субмедианной линией, есть несколько вытянутых темных линий между жилками, из-за которых диск в этом месте выглядит как полосатый»] [op. cit.].

Как видно из этих диагнозов, основной признак, по которому Бурсин разделял подвиды *B. orthogramma* – насыщенность и оттенок основного фона окраски крыльев. Размер типовых серий *B. orthogramma* двух описанных Бурсином подвидов из трех крайне невелик (номинативный подвид: 6 ♂♂, 3 ♀♀; ssp. *aksuensis*: 2 ♂♂, 3 ♀♀), только для подвида *taishanensis* размер типовой серии – более 100 экземпляров. Очевидно, что для первых двух подвидов на столь незначительном материале проследить индивидуальную изменчивость невозможно, и существует вероятность, что они являются синонимами. Наш материал из Средней Азии и Южного Казахстана (85 экземпляров) показывает высокий уровень изменчивости как по основному диагностическому признаку подвидов, выделенному Бурсином, так и по другим признакам крылового рисунка (форма и размеры почковидного пятна, интенсивность окраски перевязей, выраженность белого пятна на переднем крыле, и т.п.). С учетом этих фактов, для определения таксономического статуса подвида *aksuensis* требуется сбор репрезентативной серии из типового местонахождения и прилегающих территорий и сравнение его с материалами из Южного Казахстана и Киргизии.

Различия в последовательности COI между *B. raptricula* и *B. orthogramma* 0.031–0.034, что исключает их конспецифичность. Таким образом, высказанное в нашей статье [Korb, 2020] мнение об отсутствии *B. orthogramma* в Средней Азии является ошибочным и должно быть исправлено: данный вид в Средней Азии встречается. Он был описан под названием *B. raptricula montanotricula* Korb, 2020; систематическая позиция этого таксона требует изменения в свете новых данных: *B. orthogramma montanotricula* Korb, 2020, **stat. rev.** Для уточнения его статуса требуется исследовать репрезентативную серию *B. orthogramma aksuensis* (см. выше). Также следует исправить систематическое положение таксона *aksuensis*, ошибочно включенного нами в ранге подвида в *B. raptricula*; возвращаем этому таксону статус подвида *B. orthogramma aksuensis*: *B. orthogramma aksuensis* (Boursin, 1954), **stat. rev.**

Распространение вида на территории ареала, в отличие от распространения *B. raptricula*, имеет локальный характер. Наши экспедиции исследовали большую часть территории Киргизии, а также прилегающие районы Таджикистана и Казахстана. *B. raptricula* фиксировалась почти во всех исследованных локалитетах [Korb, 2020]. *B. orthogramma* обнаружен в следующих местах: крайние западные части хр. Джунгарский Алатау и Боро-Хоро, хр.

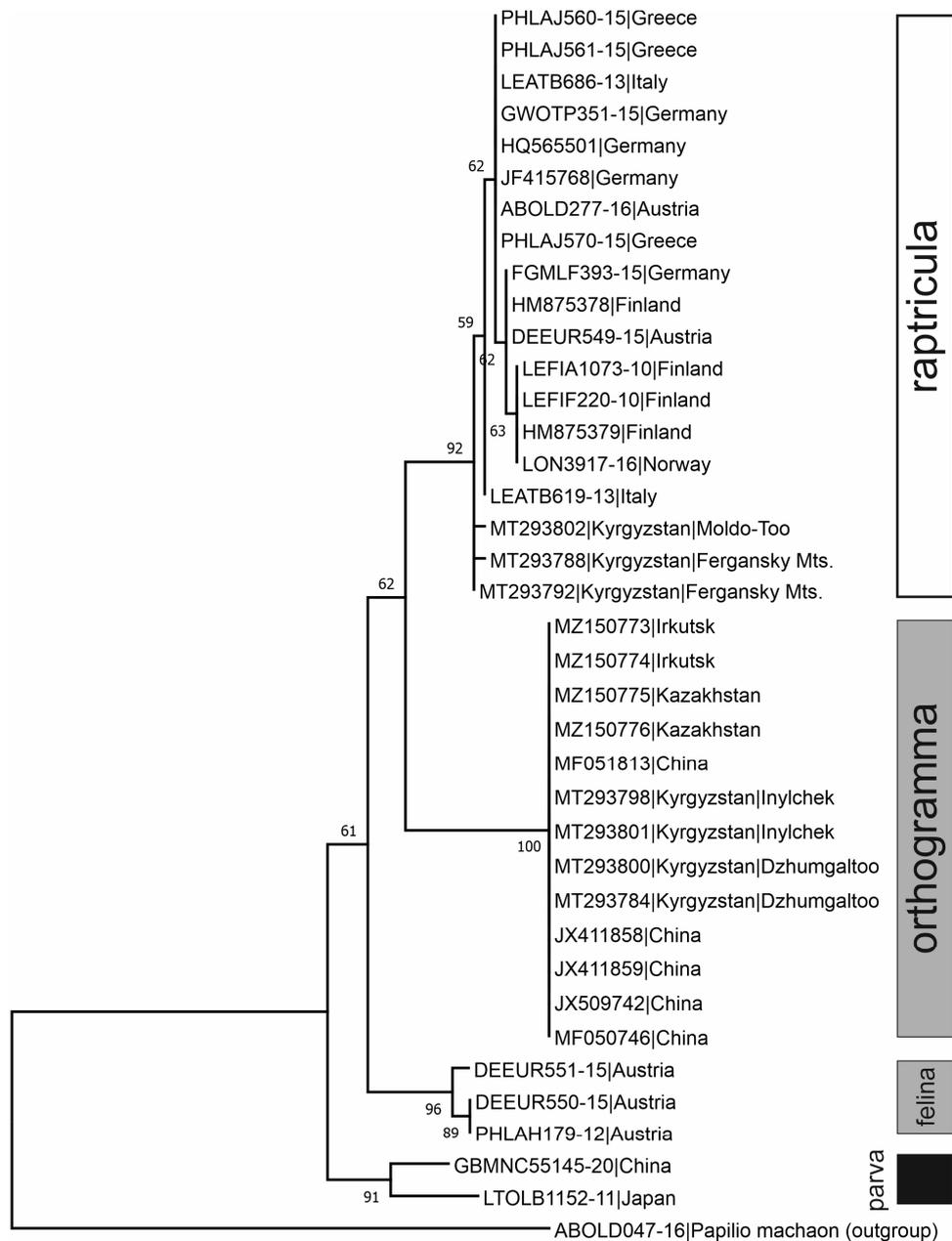


Рис. 1. Кладогамма *Bryophila* группы *raptricula* по последовательности COI. ML, Tamura-3, 10000 бутстрап-репликаций.

Богуты, центральная часть хр. Заилийский Алатау (Казахстан), хр. Катта-Каинды в Центральном Тянь-Шане, западная часть хр. Джумгалтоо и восточная часть хр. Суусамыртоо, центральная часть хр. Молдо-Тоо во Внутреннем Тянь-Шане (Киргизия). В Северном Тянь-Шане, не смотря на активные поиски, вид не обнаружен, также, как и в Западном Тянь-Шане. Скорее всего, граница распространения вида в Средней Азии проходит по р. Нарын.

Биология. На территории Киргизии вид встречен в вертикальном профиле 1800–2500 м н.у.м.; в Казахстане – 800–1800 м н.у.м. Предпочитаемые биотопы: каменистые выровненные степи или полупустыни вблизи горных рек и ручьев (Цв. таб. 2: 16, 17). На удалении более 100 м от русел рек и ручьев бабочки не отмечались. Хорошо летят на свет. В местах, где вблизи мест установки светоловушек имелись деревья с вытекающим соком, бабочки фиксировались пьющими этот сок, иногда в довольно большом числе. В целом, это свойственно не только для *B. orthogramma*, но и для других среднеазиатских представителей рода *Bryophila* Treitschke, 1825; например, в долине р. Кара-Буура (Таласский хр.) нами наблюдалось скопление сразу 3 видов *Bryophila* на стволе дерева с вытекающим соком (Цв. таб. 2: 18).

Проблема неверной идентификации материала в геномных базах данных

Возможности таксономической идентификации живых организмов с помощью последовательности мтДНК (COI) как надежный метод определения обсуждаются в печати довольно давно [Mejkleiohn et al., 2019]. Бесспорно, в случае удешевления методов секвенирования за этой технологией будущее идентификации биологических объектов. Однако для того, чтобы иметь возможность определять, скажем, насекомых, нужно иметь эталонную базу данных

последовательностей COI с полным охватом известных таксонов. Как следует из этого постулата, для реализации такого подхода требуется решить две задачи: 1) создать эталонную базу данных, все организмы в которой должны быть правильно определены; 2) эта база данных должна быть полной, то есть содержать записи обо всех описанных таксонах.

Создание такой базы даже в рамках одного отряда насекомых на текущий момент видится нереальным в силу огромных финансовых и временных затрат, необходимых для осуществления этого намерения. Попытки создать такие базы предпринимаются для небольших групп организмов – например, для некоторых групп вирусов [Watanabe et al., 2002]. Однако, без всяких сомнений, со временем, накопление геномного материала приведет к тому, что такие эталонные базы данных будут создаваться [Lathé III et al., 2008].

В настоящее время геномные базы данных активно растут и активно используются исследователями. К сожалению, вопросы правильной идентификации организмов в работах некоторых авторов остаются на втором плане, особенно это касается сложных групп. Авторы современных филогенетических исследований часто не обращаются за помощью с определением к специалистам по группам, которые они секвенируют и используют в своей работе, что неизбежно порождает неверные определения, а вслед за ними – неверные выводы и результаты. Пример этого – наша текущая работа, в которой нам пришлось из-за неверного определения двумя независимыми специалистами одного и того же вида исправлять уже наши ошибки, являющиеся следствием ошибок предыдущих исследователей.

Работа по секвенированию генома, которая ведется таксономистами – специалистами по определенным группам насекомых, идет очень медленно и не способствует быстрому и полному покрытию потребностей ДНК-идентификации. К сожалению, увеличение скорости такой работы маловероятно в силу ограниченности числа таких специалистов и их высокой загруженности. И это является одной из причин не только медленного роста числа эталонных последовательностей, но также и ошибок в определении секвенированного материала: далеко не каждый автор (или коллектив авторов) будет ожидать результатов определения материала, отправленного специалисту, ведь эта работа может занимать годы.

С учетом того, что создание эталонных наборов последовательностей COI для, как минимум, хозяйственно значимых групп организмов (включая насекомых, среди которых совки часто являются вредителями сельскохозяйственных культур) – уже недалекая перспектива, и желая ускорить процесс их создания, я бы хотел предложить следующие рекомендации администраторам геномных баз данных:

1) Сделать обязательным и публично доступным (не скрытым) при регистрации в геномной базе данных поле «Кем определен таксон» (Identified by). В настоящий момент это поле не является обязательным ни в GenBank, ни в BOLD.

2) Ввести специальное обозначение «Эталонная последовательность» (Reference sequence) для последовательностей, материал для извлечения которых определен специалистом по данной группе.

Для исследователей, получающих свежий материал для обработки, если планируется его секвенирование, также хотелось бы предложить две рекомендации:

1) Если группа является сложно диагностируемой, а вы не являетесь специалистом в этой группе, оставлять по 1 – 2 сажки от экземпляра каждого предполагаемого вида (упаковывая их в пробирки Эппендорфа соответствующего объема), а сам этот экземпляр направлять для идентификации специалисту по группе.

2) При регистрации в геномных базах данных указывать, кем был определен материал.

Благодарности. Автор сердечно признателен О. Пекарскому (Будапешт, Венгрия) и А.Ю. Матову (Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург) за помощь с определением материала, А. Хаусманну (Dr. A. Hausmann, Zoologische Staatssammlung Munchen, Мюнхен, Германия) – за помощь с секвенированием материала. За помощь в экспедиционной работе выражаю благодарность А.А. Белику (Саратов), А.Н. Самую (Волгоград), А.А. Шапошникову (Московская обл., Подольск), Е.В. Комарову и О.П. Комаровой (Волгоград), А.А. Затакову, Д.А. Пожогину и Д.В. Потанину (Нижний Новгород), П.В. Егорову (Алматы, Казахстан), Р. Хаверинену (Mr. R. Haverinen, Вантаа, Финляндия), К. Нуппонену (Mr. K. Nurponen, Эспоо, Финляндия) и Ю. Пакалену (Mr. J. Paakalen, Хельсинки, Финляндия). Отдельная благодарность Р. Хаверинену (Mr. R. Haverinen, Вантаа, Финляндия) за предоставление автоматических автономных световых ловушек.

Литература

- Boursin C. 1954. Eine neue paläarktische (und europäische) *Cryphia* Hb. (Bryophila)-Art // Z. Wien. Entomol. Ges. Bd. 39. S. 78–85.
- Hao M., Jin Q., Meng G., Yang C., Yang S., Shi Z., Tang M., Liu S., Li Y., Li J., Zhang D., Su X., Shih C., Sun Y., Wilson J.-J., Zhou X., Zhang A.-b. 2020. Using full-length metabarcoding and DNA barcoding to infer community assembly for speciose taxonomic groups: a case study // Evolutionary Ecology. Vol. 34. P. 1063–1088.
- Hausmann A., Haszprunar G., Segerer A.H., Speidel W., Behounek G., Hebert P.N.D. 2011. Now DNA-barcoded: the butterflies and larger moths of Germany (Lepidoptera: Rhopalocera, Macroheterocera) // Spixiana. Vol. 34. P. 47–58.
- Hebert P.D., Penton E.H., Burns J.M., Janzen D.H., Hallwachs W. 2004. Ten species in one: DNA barcoding reveals cryptic species in the neotropical skipper butterfly *Astraptes fulgerator* // Proc. National Acad. Sci. U. S. A. Vol. 101. P. 14812–14817.
- Jin Q., Han H., Hu X., Li X., Zhu C., Ho S., Ward R.D., Zhang A.-b. 2013. Quantifying species diversity with a DNA barcoding-based method: Tibetan moth species (Noctuidae) on the Qinghai-Tibetan Plateau // PLoS ONE. Vol. 8 (5): e64428. DOI: 10.1371/journal.pone.0064428
- Korb S.K., 2018. Automatic autonomous light traps and their usage for the quantitative accounting on example of hawkmoths of Kyrgyzstan (Lepidoptera: Sphingidae) // Nature Conservation Research. Vol. 3 (3). P. 80–85.
- Korb S.K. 2020. A review of genera *Cryphia* Hübner, 1818 and *Bryophila* Treitschke, 1825 within the mountainous Central Asia: a case of too many poorly described species (Lepidoptera: Noctuidae) // Zootaxa. Vol. 4859 (4). P. 545–595.
- Korb S.K., Matov A.Y., Pliushch I.G., Klyuchko Z.F., Poltavsky A.N. 2016. The Noctuid moths of Kyrgyzstan. Moscow: KMK Scientific Press. 230 p.
- Korb S.K., Fric Z., Bartoňová A. 2016. Phylogeography of *Koramius charltonius* (Gray, 1853) (Lepidoptera: Papilionidae): a case of too many poorly circumscribed subspecies // Nota Lepid. Vol. 39 (2). P. 169–191.

- Lathe III W., Williams J.M., Mangan M.E., Karolchik D. 2008. Genomic data resources: challenges and promises // Nature Education. Vol. 1 (2). P. 2.
- Lehmann L., Bergmann A. 2005. The Noctuidae of Kyrgyzstan. A systematic and distributional list (Lepidoptera, Heterocera). Eisenhüttenstadt: Forst. Lausitz. 99 p.
- Lehmann L., Hacker H., Kallies A., Kljutschko Z., Petersen M. 1998. Noctuoidea (Lepidoptera) aus Zentralasien // Esperiana. Bd. 6. S. 472–532.
- Mejkleiohn K.A., Damaso N., Robertson J.M. 2019. Assessment of BOLD and GenBank – their accuracy and reliability for the identification of biological materials // PLOS One. Vol. 14 (6): e0217084.
- Piemontese L., Giovannini I., Guidetti R., Pellegrini G., Dioli P., Maistrello L., Rebecchi L., Cesari M. 2020. The species identification problem in mirids (Hemiptera: Heteroptera) highlighted by DNA barcoding and species delimitation studies // Eur. Zool. J. Vol. 87 (1). P. 310–324.
- Ratnasingham S., Hebert P. 2007. BOLD: The Barcode of Life Data System // Molecular ecology notes. Vol. 7. P. 355–364.
- Tamura K. 1992. Estimation of the number of nucleotide substitutions when there are strong transition-transversion and G + C-content biases // Molecular Biology and Evolution. Vol. 9. P. 678–687.
- Watanabe T., Saito A., Takeuchi Y., Naimuddin M., Nishigaki K. 2002. A database for the provisional identification of species using only genotypes: web-based genome profiling // Genome Biology. Vol. 3 (2): research0010.1–0010.8.

Поступила в редакцию 29.05.2021.

РЕЗЮМЕ. Показано, что *Bryophila orthogramma* (Boursin, 1954) был ошибочно исключен из фауны чешуекрылых Средней Азии. Данный вид подтверждается для Средней Азии молекулярными и морфологическими методами, приводятся внешние и генитальные различия между близкими видами *B. orthogramma* и *B. raptricula* ([Denis et Schiffermüller], 1775). Показано, что последовательность COI (мтДНК) *B. orthogramma* из Сибири, Южного Казахстана, Китая и Киргизии имеет нулевую изменчивость. Подвидовая принадлежность популяций вида не может определяться с использованием последовательности COI, для этого необходимо использовать ядерную ДНК. Предлагаются следующие номенклатурные акты: *B. orthogramma montanotricula* Korb, 2020, **stat. rev.**, *B. orthogramma aksuensis* (Boursin, 1954), **stat. rev.** Приводятся уточненные сведения о распространении *B. orthogramma* в Средней Азии и новые сведения по экологии этого вида. Обсуждаются проблемы неверной идентификации материала, хранящегося в геномных базах данных. Предлагаются следующие рекомендации администраторам геномных баз данных: 1) сделать обязательным и публично доступным при регистрации в геномной базе данных поле «Кем определен таксон» (Identified by); 2) ввести специальное обозначение «Эталонная последовательность» (Reference sequence) для последовательностей, материал для извлечения которых определен специалистом по данной группе. Предлагаются следующие рекомендации исследователям: 1) если группа является сложно диагностируемой, оставлять по 1 – 2 сяжки от экземпляра каждого предполагаемого вида для анализа ДНК, а сам этот экземпляр направлять для идентификации специалисту по группе; 2) при регистрации в геномных базах данных указывать, кем был определен материал. Библ. 17.



1. Бабочки рода *Bryophila*. Фото: BOLD (1–3), С.К. Корб (4–15) (к статье на с. 3–8).

1–3. *B. parva*. 1, 2: голотип (1) и его этикетки (2). 3: *B. parva*, проба COI LTOLB1152-11.

4–6, 10, 12, 13. *B. orthogramma*. 4: 11.07.2016, Киргизия, хр. Джумгалтоо, массив Сары-Кайкы, 2200 м (проба MT293784). 5, 10: 30.07.2019, Киргизия, хр. Джумгалтоо, долина р. Кекемерен, 2000 м (проба MT293800)

6: 13.07.2016, Киргизия, Центральный Тянь-Шань, хр. Катта-Каинды, 11 км Ю пос. Иньльчек, 2500 м (проба MT293801). 11: Казахстан, 20.06.2017, хр Боро-Хоро, Усек, 1260 м (проба MT293776). 12, 13: 29.07.2019, Киргизия, хр. Суусамыртоо, р. Кекемерен, 2000 м (проба MT293800). (5–7 – имаго, 10 – гениталии ♀, 12, 13 – гениталии ♂).

7–9, 11, 14, 15. *B. raptricula*. 7: 20.07.2017, Киргизия, Ферганский хр., пер. Урум-Баш, 1655 м (проба MT293788). 8: 14.08.2009, Германия, Бавария, Мурнау, 700 м (проба GWOSA799-10). 9: 5.08.2013, Австрия, Нижняя Австрия, Хундшайм, 270 м (проба DEEUR549-15). 14, 15: Казахстан, 20.06.2017, хр Боро-Хоро, Усек, 1260 м (проба MT293777) (7 – 9 – имаго, 11 – гениталии ♀, 14, 15 – гениталии ♂).



2. Биотопы (16, 17) и имаго *Bryophila* в природе (18). Фото: С.К. Корб (к статье на с. 3–8).

16: Казахстан, хр Боро-Хоро, Усек, 1260 м, биотоп *B. orthogramma*, *B. raptricula*.

17: Киргизия, хр. Джумгалтоо, массив Сары-Кайкы, 2200 м, биотоп *B. orthogramma*, *B. raptricula*, *B. plumbeola* (Staudinger 1881).

18: скопление *Bryophila* на вытекающем соке дерева в долине р. Кара-Буура (Киргизия, Таласский хр.): *B. plumbeola*, *B. istaravshana* Pekarsky 2020 и *B. raptricula*.