

С. К. Корб, Д. А. Пожогин
г. Нижний Новгород, Русское энтомологическое общество (Нижегородское отделение)

О молекулярном исследовании *Lymantria storozhenkoae* Korb et Pozhagin, 2012 (Lepidoptera: Lymantriidae)

S.K.Korb, D.A.Pozhagin. Molecular investigation of *Lymantria storozhenkoae* Korb et Pozhagin, 2012 (Lepidoptera: Lymantriidae).

SUMMARY. Recently described *Lymantria storozhenkoae* Korb et Pozhagin, 2012 has been molecularly investigated. The COI gene was sequenced and compared to the closely located *L. dispar* populations. Differences on 415bp fragment of COI for *L. dispar dispar* (Linnaeus, 1758) are about 2,1 – 2,3%, for *L. dispar asiatica* Wnukowsky, 1926 are about 1,75%.

urn:lsid:zoobank.org:pub:A32792BC-7A23-4167-AAF4-992EF0E7900D

Описанный по морфологическим признакам таксон *Lymantria storozhenkoae* Korb et Pozhagin, 2012 [Корб, Пожогин, 2012] подвергнут молекулярно-генетическому исследованию. Было произведено секвенирование тканей голотипа ♂ (собран: 03.07.2010, Казахстан, мост через р. Или в 35 км ЮВ с. Коктал, N43 58.004, E79 35.905, 600 м (leg. Корб, Пожогин)) и паратипа ♀ (собран там же, тогда же, теми же). Секвенирование самца производилось в Университете провинции Гуэньфу, Канада (University of Guelph) в рамках программы «Barcode of Life»; секвенирование самки производилось в Biology Centre of the Czech Academy of Sciences, Ceske Budejovice, Чехия. Полученный участок гена COI сравнивался с последовательностями *L. dispar dispar* (Linnaeus, 1758) (GenBank Accession Numbers: KT622374, KT621913) и *L. dispar asiatica* Wnukowsky, 1926 (GenBank Accession Numbers: KF746212, KF746213, KF746214, KF746215, KF746216, KF746217, KF746218, KF746219, KF746220, KF746221, KF746222), выровненными в программе MEGA 6.06 по алгоритму Muscle [Edgar, 2004].

Полученная последовательность голотипа (GenBank Accession Number: KT989873):

```
GAATAATCTAACATTTTCCTTACCACCCCTAATTAACCCTTTTAAATTTCAAGAAGAAATTGTAGAAAATGGAG  
CAGGAACAGGATGAACTGTTTCCCCCCTTTATCTTCTAATATTGCTCATGGAGGTAGATCTGTTGATTTGGCTATT  
TTTTCTTCTCACTTAGCTGGTATTTTCATCAATTTTAGGAGCAATTAATTTTATTACTACCATTATTAATATACGATTA  
AGAAATTTATCGTTTGATCAAATACCTTTATTTGTTTGAAGAGTTGGAATTACAGCTTTCCTTCTACTTTTATCTTTA  
TTGTTTATAGCAGGTGCTATTACAATATTAACTGACCGAAATTTAAATACATCCTTTTTTGACCTGCAGGAGG  
AGGGGATCCAATCCTTTATCAACATTTATTT
```

Полученная последовательность паратипа (GenBank Accession Number: XXXXXXXXXXXX):

```
ACCCCTCATTAACCCTTTTAAATTTCAAGAAGAAATTGTAGAAAATGGAGCAGGAACAGGATGAACTGTTTAC  
CCTCCTCTATCTTCTAATATTGCTCATGGAGGTAGATCTGTTGATTTAGCTATTTTTTCTTCTCACTTAGCTGGTATT  
TCATCAATTTTAGGAGCAATTAATTTTATTACTACCATTATTAATATACGATTAAGAAATTTATCGTTTGATCAAAT  
ACSTTTATTTGTTTGAAGAGTTGGAATTACAGCTTTCCTTCTACTTTTATCTTTACCTGTTTATAGCAGGTGCTATTAC  
AATATTATTAAGTACCGAAATTTAAATACATCCTTTTTTGACCTGCAGGAGGAGGAGATCCAATCCTTTATCAA  
CATTTATTTTGATTTTTTTGGTCAACCCT
```

Последовательность голотипа *L. storozhenkoae* отличается от последовательностей *Lymantria dispar asiatica* (Wnukowsky, 1926) в среднем на 1,75%, от последовательностей *L. dispar dispar* (Linnaeus, 1758) – на 2,1 – 2,3% (расчеты производились в ПО MEGA версии 6.06), что подтверждает видовой статус таксона *L. storozhenkoae*; последовательность паратипа *L. storozhenkoae* идентична последовательности *L. dispar asiatica*. Это означает, что паратип ♀ *L. storozhenkoae* на самом деле является *L. dispar asiatica*, диагностические признаки вида *L. storozhenkoae* по самкам не работают, и единственными надежными отличиями *L. storozhenkoae* от *L. dispar* являются строение антенны и генитальных структур самца.

Литература

- Корб С.К., Пожогин Д.А. 2012. Новый вид рода *Lymantria* Hübner, [1819] из Юго-Восточного Казахстана с заметками по систематике *Lymantria dispar* (Linnaeus, 1758) (Lepidoptera: Lymantriidae) // Эверсманния. Вып. 31-32. Тула. С. 62–66.
Edgar R.C. 2004. MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput // Nucleic Acids Research. Vol. 32 (5). P. 1792 – 1797.

Поступила в редакцию 23.10.2015.

РЕЗЮМЕ. *Lymantria storozhenkoae* Korb et Pozhagin, 2012 подвергнут молекулярно-генетическому исследованию. Секвенированная последовательность гена COI сравнивалась с расположенными неподалеку популяциями *L. dispar*. Различия фрагмента COI (415bp) от *L. dispar dispar* (Linnaeus, 1758) составляют 2,1 – 2,3%, от *L. dispar asiatica* Wnukowsky, 1926 – 1,75%. Библ. 2.