

Аннотация

В настоящей работе проведена оценка изменчивости последовательностей ДНК фрагментов гена первой субъединицы цитохром-с-оксидазы (*COI*) в разных частях дизъюнктивных ареалов у трех видов палеарктических переливниц *Apatura iris*, *A. ilia*, *A. metis*. Фрагмент гена *COI* был расшифрован у 31 образца трех видов *Apatura* из разных дизъюнктивных частей их ареалов и был использован для построения гаплотипических сетей. В дальнейшем планируется использовать его для получения оценки времени формирования дизъюнктивных ареалов с использованием байесовского подхода.

1. Тема работы:

Оценка времени формирования дизъюнктивных ареалов у неморальных чешуекрылых в Палеарктике.

2. Состав коллектива:

Костерин Олег Энгельсович, д.б.н., зав. лабораторией, Институт Цитологии и генетики СО РАН, доцент кафедры цитологии и генетики ФЕН НГУ;

Соловьев Владимир Игоревич, ст. преподаватель НГУ

Богданова Вера Сергеевна, д.б.н., с.н.с., Институт Цитологии и генетики СО РАН.

3. Информация о гранте:

на текущий момент нет

4. Научное содержание работы.

4.1. Постановка задачи.

В ходе климатических изменений происходят движения границ ареалов видов растений и животных, в ряде случаев единые ареалы могут разрываться, при этом формируются так называемые дизъюнктивные (разорванные) ареалы. Ареалы подобного типа характерны для целого ряда неморальных (связанных с зоной широколиственных лесов) чешуекрылых в Евразии. Ранее рядом авторов полагалось, что данные разрывы сформировались в Плейстоцене, т.е. 1,6- 2,5 млн. лет назад (Матушкин, 1976; Бельшев и Харитонов, 1981; Положий и Крапивкина, 1985; Mikkola 1987; Логунов 1996; Ермаков 1998; Крапивкина, 2007). Однако, имеющиеся данные о существовании единого пояса широколиственных лесов в Евразии в эпоху климатического оптимума Голоцена, т. е. около 5–7,5 тыс. лет назад (см. Dubatolov, Kosterin, 2000), позволило предполагать сравнительно недавний характер данных дизъюнкций. Верификация данного предположения возможна с использованием молекулярных маркеров. Род Переливница (*Apatura*) интересен тем, что целых три вида рода имеют подобные дизъюнктивные ареалы: *Apatura iris* и *Apatura ilia* имеют амфипалеарктический ареал, а у *Apatura metis* ареал разделен на три части (Европа, Сибирь, Дальний восток). Оценка изменчивости в гене *COI* между частями дизъюнктивных ареалов у трех вышеуказанных видов позволяет подтвердить или опровергнуть гипотезу о недавнем, голоценовом происхождении данных дизъюнкций. Целью настоящего исследования является изучение истории формирования разорванных ареалов у видов рода *Apatura* с помощью анализа аллельного состава гена *COI*.

4.2. Современное состояние проблемы

В последние годы активно исследуется молекулярная филогеография и таксономия арктоальпийских видов чешуекрылых (Schmitt, Hewitt 2004; Schmitt et al., 2006; Huemer, Hausmann, 2009, Huemer, Hebert, 2011; Mutanen et al., 2012, Todisco et al., 2012, Huemer, Mutanen, 2012; Huemer et al, 2014; Kirichenko et al., 2015). Ныне существующие арктоальпийские дизъюнкции чаще всего привлекают исследователей, во-первых, в таксономическом отношении, например, выявление криптических видов, разделение единых дизъюнктивных видов на аллопатрические (Mutanen et al, 2012, Huemer et al., 2014, Kirichenko et al., 2015), во-вторых, в филогеографическом аспекте, т.е. в связи с вопросами о движениях биоты, границах ареалов этих видов в периоды оледенений, наличия дополнительных рефугиумов (например Schmitt et al., 2006, для обзора см. Schmitt, 2007, Shmitt, 2009, Varga & Schmitt, 2008; Schmitt, 2017).

Большое количество исследований посвящено филогеографии видов, обладающих огромными транспалеарктическими ареалами, преимущественно в таежной зоне. При этом особое внимание уделялось фрагментации ареалов в прошлом, во время последних похолоданий климата, а именно выяснению местоположения «ледниковых рефугиумов» и путей заселения современных ареалов в голоцене (de Lattin, 1967; Babik et al., 2004; Ursenbacher et al., 2006; Zink et al., 2002; Oshida et al., 2005; Fedorov et al., 2005; Saitoh et al., 2010; Uimaniemi et al., 2000; Hundertmark et al., 2002; Goropashnaya et al., 2004; Joedicke et al, 2004; Bernard et al., 2011; Schmitt, Varga, 2012).

Исследований, посвященных молекулярной филогеографии бореальных видов с дизъюнктивными ареалами известно не так много: для бореомонтанных жуков-листоедов (Mardulyn et al., 2009, Quinzin & Mardulyn, 2014, Quinzin et al., 2017), для амфипалеарктической бореальной стрекозы, *Nehalennia speciosa* (Bernard et al., 2011, Suvorov, 2011), для амфиберенгийской толстоголовки *Hesperia comma* (Forister et al., 2004). Генетическая изменчивость между популяциями исследовалась между изолятами бореомонтанного вида с фрагментированным ареалом *Lycaena helle* (Finger et.al, 2009, Habel et al, 2011).

Исследований же дизъюнкций неморальных видов практически не проводилось, в качестве исключения можно привести наши собственные работы, где мы получили оценки времени формирования дизъюнкций у субнеморального вида *Eversmannia exornata* и комплекса палеарктических видов *Limenitis* (Solovyev et al., 2015, Solovyev et al., 2022), которые оказались сравнительно малым (менее 100 тыс. лет), а также исследования неморального вида *Lythosia quadra* (Dubatolov et. al, 2016). Таким образом, исследование дизъюнкций у неморальных видов и оценка времени их возникновения представляет собой актуальную научную задачу.

4.3. Подробное описание работы, включая используемые алгоритмы.

Выравнивание полученных последовательностей для филогенетического анализа проводилось с использованием алгоритма ClustalW (Larkin, 2007) в составе пакета MEGA 6 (Tamura et al., 2013), гаплотипические сети строили с помощью программы Network 5 (<http://www.fuxus-engineering.com/sharenet.htm>) с использованием последовательностей из баз данных GeneBank. Программа BEAST 1.8.4 (Drummond, Rambaut, 2007) будет использована для: (i) построения филогенетического дерева (ii) для формальной оценки времени формирования дизъюнктивных ареалов у трех видов переливниц на основе последовательности фрагмента гена первой субъединицы цитохром-с-оксидазы (*COI*).

4.4. Полученные результаты.

(i) Фрагмент гена *COI* был расшифрован у 31 образца трех видов *Apatura* из разных дизъюнктивных частей их ареалов и был использован для построения гаплотипических сетей. Наличие единственной замены в последовательности фрагмента гена *COI* между восточной и западной частями ареала *A. iris* свидетельствует в пользу недавнего разрыва ареала.

(ii) Отсутствие разнообразия гаплотипических вариантов в восточной части при высоком разнообразии в западной части указывает на то, что *A. iris* могла распространяться с запада на восток.

(iii) Гаплотипы *COI* видов *A. ilia* и *A. metis* не дивергировали друг от друга, что указывает либо на крайнюю молодость этих видов (а значит и дизъюнкций их ареалов), либо на событие межвидовой интрогрессии.

(iv) Обнаруженная гетерогенность в гене *COI* у образцов из восточной части дизъюнктивного ареала у *A. metis* скорее всего связана с наличием ядерного псевдогена (NUMT)

4.5. Иллюстрации, визуализация результатов.

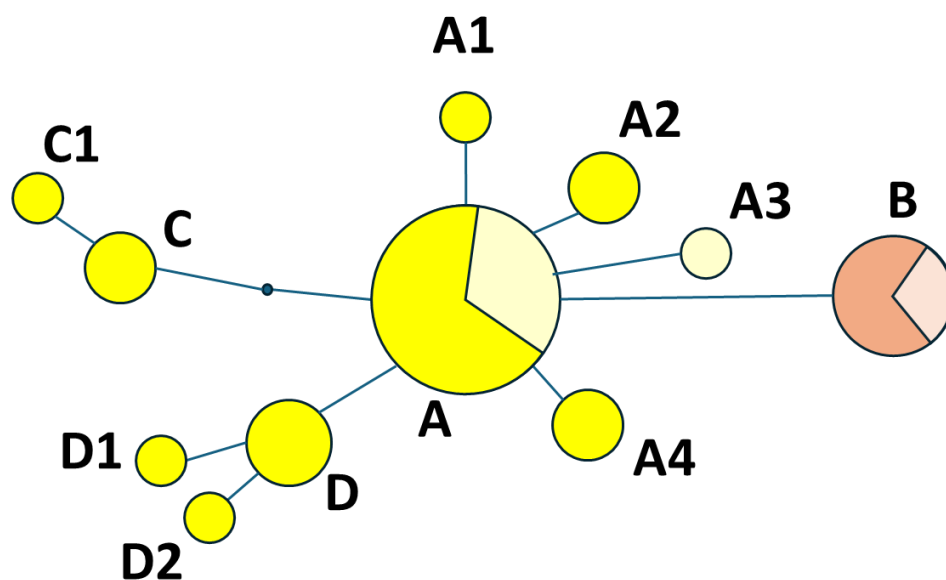


Рис. 1. Гаплотипическая сеть на основе фрагмента гена *COI A. iris*. Желтым цветом обозначены образцы из западной части дизъюнктивного ареала, коричневым цветом - из восточной части. Темные цвета – последовательности из баз данных, светлые цвета – наши данные.

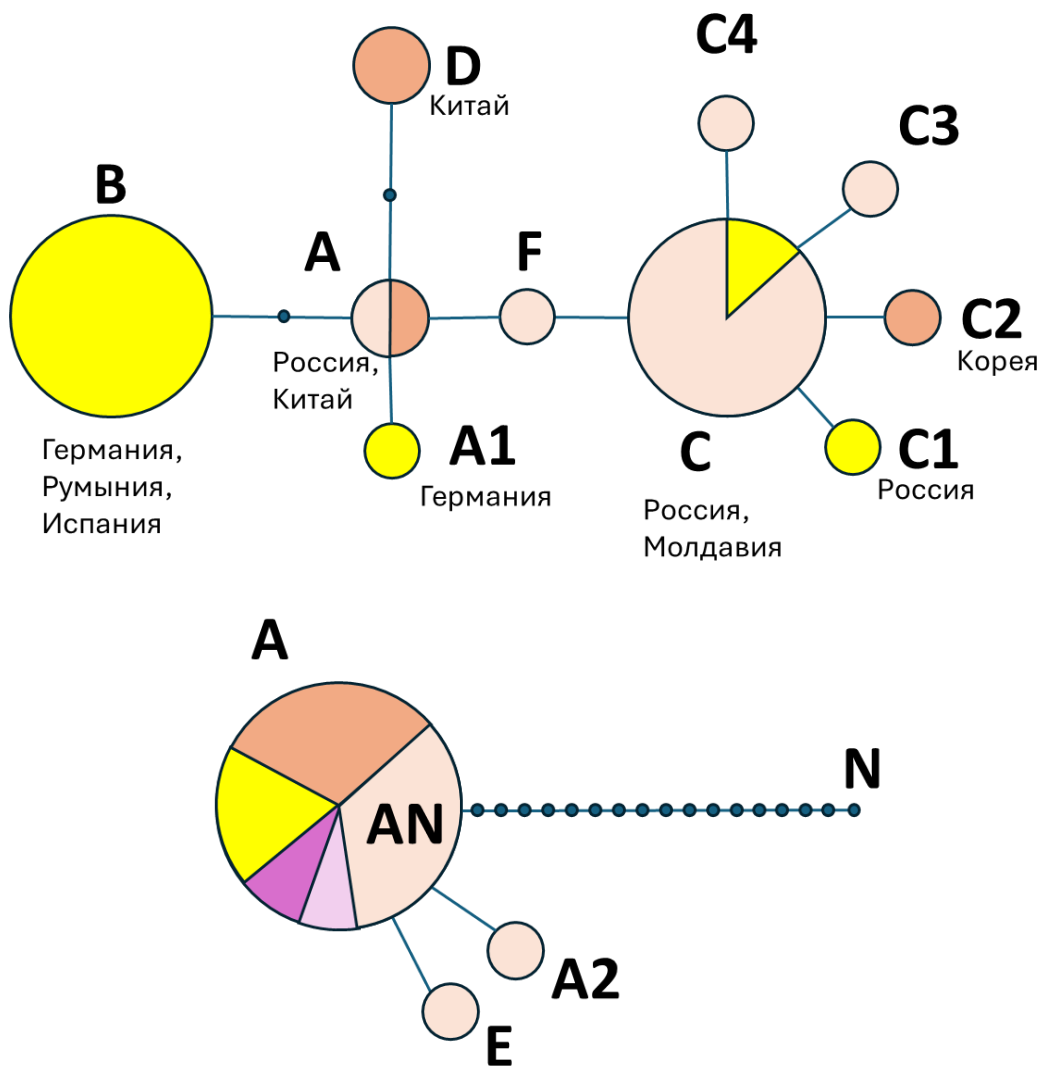


Рис. 2. Гаплотипические сети на основе фрагмента гена COI для *A. ilia* (сверху) и *A. metis* (снизу). Желтым цветом обозначены образцы из западной части дизъюнктивного ареала, коричневым цветом - из восточной части, фиолетовым – из сибирской части. Темные цвета – последовательности из баз данных, светлые цвета – наши данные. N- предположительно, ядерная копия гена COI.

5. Эффект от использования кластера в достижении целей работы.

Байесовские алгоритмы для реконструкции филогенетических отношений между видами подразумевает численные расчеты с помощью марковских цепей (MCMC) и позволяют достичь хороших результатов при проведении десятков и сотен миллионов испытаний, что и делает необходимым использование высокопроизводительных компьютеров. На следующем этапе планируется оценка времени дивергенции каждого из трех видов *Apatura* с применением байесовских алгоритмов.

6. Перечень публикаций, содержащих результаты работы

По материалам проведенной работы готовится статья