

МОЛЕКУЛЯРНА ФІЛОГЕОГРАФІЯ ТОНКОХВІСТКИ КІЛЬЧАСТОЇ (*LEPTURA ANNULARIS* FABRICIUS, 1801)

Надія Вережак, Андрій Замолока

Прикарпатський національний університет імені Василя Стефаника, Івано-Франківськ, Україна

Родина скрипунових жуків (Cerambycidae) є однією з найрізноманітніших родин у ряді твердокрилих, налічуючи понад 33 тисяч описаних видів (Slipinski & Escalona, 2013; Zamoroка, 2022a). Надзвичайне видове розмаїття скрипунових ускладнює їх таксономію та становить серйозну проблему для систематики. В даний час систематика скрипунових критично переглядається у світлі молекулярної філогенії (Zamoroка, 2022b). Це викликано тим, що класична морфологічна систематика не завжди адекватно відображає філогенетичні зв'язки між таксонами через численні випадки паралельної еволюції, коеволюції, гомоплазії тощо. Впровадження нової молекулярної системи скрипунових відбувається на різних рівнях, починаючи з видів (Torres-Vila & Bonal, 2019; Zamoroка et al., 2019; Kajtoch et al., 2022) і родів (Kim et al., 2018; Karpiński et al., 2021; Zamoroка et al., 2022), і закінчуючи переглядом вищих таксонів: трибів (Dascălu et al., 2021; Sutherland et al., 2021; Zamoroка, 2021), підродини (de Santana Souza et al., 2020; Lee & Lee, 2020) і родини назагал (Nie et al., 2020). Однак не тільки надвидові таксони зазнають перегляду, важливим є також вивчення внутрішньовидової різноманітності. Такі дослідження дають змогу розплутувати складні філогенетичні взаємозв'язки між популяціями, їх групами та підвидами, розкриваючи історичний розвиток, еволюційні механізми та льодовикові рефугіуми й післяльодовикову реколонізацію територій. У світлі сказаного наше дослідження з вивчення філогенії тонкохвістки кільчастої (*Leptura annularis* Fabricius 1801) є актуальним і проливає світло на історичний розвиток цього виду. Тонкохвістка кільчаста – темперантний палеарктичний вид, ареал якого охоплює Євразію від Атлантичного до Тихого океанів. Вважається, що вид складений із двох морфологічно дещо відмінних підвидів: *Leptura annularis annularis* Fabricius, 1801 (материкова частина Євразії) і *Leptura annularis mimica* Bates, 1884 (Японські острови) (Данилевський, 2014).

У дослідженні використано 54 секвенси І субодиниці цитохром оксидази (COI), завантажені із GenBank у якості FASTA-файлу. В якості аутгрупи використали секвенси *Anoplophora glabripennis*. Вирівнювання секвенсів здійснювали у додатку Muscle у програмному середовищі SeaView. Філогенетичні дерева будували методами максимальної ймовірності (ML) і байєсівських методів з PhyML з використанням general time-reversible (GTR) моделі. Оптимальну структуру дерев визначали за алгоритмом best of NNI & SPR, типологію – BioNJ. Тест правдоподібності здійснено за допомогою алгоритму aLRT.

В результаті нашого аналізу встановлено, що COI у *Leptura annularis* містить 77 точкових замін, які дуже нерівномірно розподілені в межах усього ареалу. Загалом, ми виділили 5 гаплогруп (GGR-1.1, GGR-2.2, GGR-3.1, GGR-4.11, GGR-5.11), що сумарно об'єднують 26 гаплотипів. Гаплогрупа GGR-1.1 (1 гаплотип) розповсюджена на Японських островах (зх Хонсю); GGR-2.2 (2 гаплотипи) – Європа, Сибір; GGR-3.1 (1 гаплотип) – Корейський півострів; GGR-4.11 (11 гаплотипів) – Японські острови (Кюсю, Якусіма, Цусіма, Окі, пд-сх Хонсю) і Східний Китай; GGR-5.11 (11 гаплотипів) – Японські острови (пн-сх Хонсю, Хокаїдо).

Філогеографічний аналіз *Leptura annularis* демонструє різкий контраст генетичної варіативності в межах її ареалу. Наші результати показують, що на більшій території

Північної Євразії – від Європи до Далекого Сходу – розповсюджена лише гаплогрупа GGR-2.2 з двома гаплотипами: GTP-2.4 (Європа) і GTP-2.2 (Сибір). Обидва ці гаплотипи відрізняються лише однією нуклеотидовою заміною у положенні 363 COI. Така однорідність свідчить про єдність ареалу *Leptura annularis* у дольодовиковий час, а варіативність – про дивергенцію у період зденіння і наявність щонайменше двох льодовикових рефугіумів – західного і східного.

На території Корейського півострова сформувалась специфічна гаплогрупа GGR-31, яка не трапляється більше ніде за його межами. Її особливістю є дві точкові мутації у положеннях 90 (гуанін) та 282 (аденін). Така локалізованість свідчить про льодовикову ізоляцію місцевих популяцій і їх незалежну еволюцію від решти виду.

На протигагу корейським популяціям, популяції із південної групи Японських островів (Кюсю, Якусіма, Цусіма, Окі, пд-сх Хонсю) проявляють спорідненість із материковими популяціями зі Східного Китаю, утворюючи спільну гаплогрупу GGR-4.11. Однак, на материку (1) і на островах (10) сформувались різні гаплотипи. Це свідчить про потік генів між цими територіями у минулому, можливо ще у дольодовиковий час попереднього інтерстадіалу.

Ще одна різноманітна гаплогрупа – GGR-5.11 представлена у популяціях північної групи Японських островів (пн-сх Хонсю, Хокаїдо), яка налічує щонайменше 11 різних гаплотипів. Ця гаплогрупа також виникла в умовах тривалої ізоляції і не трапляється на інших островах Японського архіпелагу. У той же час у західній частині о. Хонсю розповсюджена гаплогрупа GGR-1.1, яка проте відзначається низькою генетичною варіативністю.

Інтрогресія гаплогруп GGR-1.1, GGR-4.11 і GGR-5.11 в межах о. Хонсю і їх складна генетична структура, свідчать про тривалу і заплутану еволюційну історію тонкохвістки кільчастої у льодовикову і польодовикову епохи. Зокрема, численні гаплотипи ймовірно відображають конфігурацію гірських льодовиків та періоди коливання рівня моря у плейстоцені, а також реколонізацію у голоцені.

Загалом, центр генетичного різноманіття тонкохвістки кільчастої зміщений у східну частину Євразії, де збереглись реліктові третинні (дольодовикові) екосистеми. Значний рівень генетичної варіативності свідчить про тривалий період ізоляції популяцій, що спричинило їх значну дивергенцію. У той же час, генетична однорідність популяцій в усій Північній Азії та Європі є індикатором їх спільного походження з єдиного дольодовикового рефугіуму і наслідком масового вимирання у льодовиковий час.

1. Данилевский М.Л. (2014) Жуки-усачи (Coleoptera, Cerambycoidea) России и соседних стран. Часть 1. М., HSC, 1-518.
2. Dascălu, M.M., Caba, F.G., Fusu L. (2021) DNA barcoding in Dorcadionini (Coleoptera, Cerambycidae) uncovers mitochondrial morphological discordance and the hybridogenic origin of several subspecies. *Organisms Diversity & Evolution*, 22, 205–229. Doi: <https://doi.org/10.1007/s13127-021-00531-x>
3. de Santana Souza, D., Marinoni, L., Laura Monné, M., Gómez-Zurita, J. (2020). Molecular phylogenetic assessment of the tribal classification of Lamiinae (Coleoptera: Cerambycidae), *Molecular Phylogenetics and Evolution* 145, 106736. Doi: <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2020.106736>
4. Kajtoch, Ł., Gronowska, M., Plewa, R., Kadej, M., Smolis, A., Jaworski, T., Gutowski, J.M. (2022) A review of saproxylic beetle intra- and interspecific genetics: current state of the knowledge and

- perspectives, *The European Zoological Journal*, 89(1), 481-501. Doi: <https://doi.org/10.1080/24750263.2022.2048717>
5. Karpiński, L., Szczepański, W. T., Plewa, R., Kruszelnicki, L., Koszela, K., Hilszczański, J. (2021) The first molecular insight into the genus *Turanium* Baeckmann, 1922 (Coleoptera: Cerambycidae: Callidiini) with a description of a new species from Middle Asia. *Arthropod Systematics & Phylogeny* 79: 465–484. Doi: <https://doi.org/10.3897/asp.79.e65325>
 6. Kim, S., de Medeiros, B. A. S., Byun, B.-K., Lee, S., Kang, J.-H., Lee, B., Farrell, B.D. (2018) West meets East: How do rainforest beetles become circum-Pacific? Evolutionary origin of *Callipogon relictus* and allied species (Cerambycidae: Prioninae) in the New and Old Worlds, *Molecular Phylogenetics and Evolution*, Volume 125, 163–176, Doi: <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2018.02.019>
 7. Lee, S., Lee, S. (2020) Multigene phylogeny uncovers oviposition-related evolutionary history of Cerambycinae (Coleoptera: Cerambycidae). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 145, 106707. Doi: <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2019.106707>
 8. Nie, R., Vogler, A. P., Yang, X.-K., Lin, M. (2021) Higher-level phylogeny of longhorn beetles (Coleoptera: Chrysomeloidea) inferred from mitochondrial genomes. *Systematic Entomology*, 46, 56–70. Doi: <https://doi.org/10.1111/syen.12447>
 9. Slipinski, A., Escalona, H. (2013) *Australian Longhorn Beetles (Coleoptera: Cerambycidae) Volume 1: Introduction and Subfamily Lamiinae*. Csiro Publishing, Collingwood, Australia. Doi: <https://doi.org/10.1071/9781486300044>
 10. Sutherland, L.N., Schnepf, K.E., Powell, G.S., Bybee, S.M. (2021) Phylogenetic Placement of the Plesioclytini (Coleoptera: Cerambycidae: Cerambycinae). *Diversity*, 13, 597. Doi: <https://doi.org/10.3390/d13110597>
 11. Torres-Vila, L., Bonal, R. (2019) DNA barcoding of large oak-living cerambycids: Diagnostic tool, phylogenetic insights and natural hybridization between *Cerambyx cerdo* and *Cerambyx welensii* (Coleoptera: Cerambycidae). *Bulletin of Entomological Research*, 109(5), 583–594. Doi: <https://doi.org/10.1017/S0007485318000925>
 12. Zamoroka A.M. (2022a) The longhorn beetles (Coleoptera, Cerambycidae) of Ukraine: Results of two centuries of research. *Biosystem diversity*, 30 (1): 46-74. Doi: <https://doi.org/10.15421/012206>
 13. Zamoroka A.M. (2022b) Molecular revision of Rhagiini sensu lato (Coleoptera, Cerambycidae): Paraphyly, intricate evolution and novel taxonomy. *Biosystem diversity*, 30 (3): 295–309. Doi: <https://doi.org/10.15421/012232>
 14. Zamoroka A.M., Trócoli S., Shparyk V.Yu., Semaniuk D.V. (2022) Polyphyly of the genus *Stenurella* (Coleoptera, Cerambycidae): Consensus of morphological and molecular data. *Biosystem diversity*, 30 (2): 119-136. Doi: <https://doi.org/10.15421/012212>
 15. Zamoroka, A.M. (2021) Is Clytini monophyletic? The evidence from five-gene phylogenetic analysis. *Proceedings of the State Natural History Museum*, 37, 191–214. Doi: <https://doi.org/10.36885/nzdpm.2021.37.191-214>
 16. Zamoroka, A.M. Semaniuk, D.V., Shparyk, V.Yu., Mykytyn, T.V., Skrypnyk, S.V. (2019) Taxonomic position of *Anastrangalia reyi* and *A. sequensi* (Coleoptera, Cerambycidae) based on molecular and morphological data. *Vestnik Zoologii*, 53(3), 209–226. Doi: <http://doi.org/10.2478/vzoo-2019-0021>