



UDK: 595.78:575.174.015.3

Davronbek YAVKACHEV,

Katta o'qituvchi, Urganch davlat pedagogika instituti, Urganch, O'zbekiston

E-mail: davron10@yandex.ru, ORCID- 0000-0002-1304-7284

PhD M.Bekchanov taqrizi asosida

O'ZBEKISTONDA TARQALGAN CATOCALA (LEPIDOPTERA, EREBIDAE) AVLODIGA MANSUB AYRIM TURLARNING MOLEKULAR-GENETIK TAVSIFI

Annotatsiya

Ushbu tadqiqotda O'zbekistonning g'arbiy va janubi-g'arbiy vohalaridan yig'ilgan *Catocalini* tribasining *Catocala* Schrank, 1802 avlodiga mansub *Catocala aestimabilis* Staudinger, 1892, *C. neonympha* Esper, 1805 va *C. nymphaea* Esper, 1787 turlarining molekulyar-genetik xususiyatlari mtDNK COI sohasi asosida tahlil qilindi. Natijalarga ko'ra, *C. aestimabilis_Uzb* va *C. neonympha_Uzb* o'rtasida 22 ta, *C. aestimabilis_Uzb* va *C. nymphaea_Uzb* o'rtasida 8 ta, *C. neonympha_Uzb* va *C. nymphaea_Uzb* o'rtasida esa 15 ta nukleotid farqlanish qayd etildi. Olingan COI ketma-ketliklari GenBank bazasiga joylashtirildi va tegishli kirish raqamlari olindi.

Kalit so'zlar: *Catocalini*, *Catocala aestimabilis*, *Catocala neonympha*, *Catocala nymphaea*, Lepidoptera, Erebidae, COI, DNK barkodlash, mtDNK, filogenetik tahlil, GenBank, O'zbekiston.

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА НЕКОТОРЫХ ВИДОВ РОДА CATOCALA (LEPIDOPTERA, EREBIDAE) РАСПРОСТРАНЕННЫХ В УЗБЕКИСТАНЕ

Аннотация

В данном исследовании на основе анализа участка mtDNK COI были изучены молекулярно-генетические особенности видов *Catocala aestimabilis* Staudinger, 1892, *C. neonympha* Esper, 1805 и *C. nymphaea* Esper, 1787, относящихся к роду *Catocala* Schrank, 1802 (триба *Catocalini*), собранных в западных и юго-западных оазисах Узбекистана. Согласно полученным результатам, зафиксировано 22 нуклеотидных различия между *C. aestimabilis_Uzb* и *C. neonympha_Uzb*, 8 различий между *C. aestimabilis_Uzb* и *C. nymphaea_Uzb*, и 15 различий между *C. neonympha_Uzb* и *C. nymphaea_Uzb*. Полученные последовательности COI были депонированы в базе данных GenBank, для них получены соответствующие инвентарные номера (accession numbers).

Ключевые слова: *Catocalini*, *Catocala aestimabilis*, *Catocala neonympha*, *Catocala nymphaea*, Lepidoptera, Erebidae, COI, ДНК-штрихкодирование, mtDNK, филогенетический анализ, GenBank, Узбекистан.

MOLECULAR-GENETIC CHARACTERIZATION OF SOME SPECIES OF THE GENUS CATOCALA (LEPIDOPTERA, EREBIDAE) DISTRIBUTED IN UZBEKISTAN

Annotation

In this study, the molecular-genetic characteristics of *Catocala aestimabilis* Staudinger, 1892, *C. neonympha* Esper, 1805, and *C. nymphaea* Esper, 1787, belonging to the genus *Catocala* Schrank, 1802 (tribe *Catocalini*) collected from the western and southwestern oases of Uzbekistan, were analyzed based on the mtDNA COI region. According to the results, 22 nucleotide differences were recorded between *C. aestimabilis_Uzb* and *C. neonympha_Uzb*, 8 differences between *C. aestimabilis_Uzb* and *C. nymphaea_Uzb*, and 15 differences between *C. neonympha_Uzb* and *C. nymphaea_Uzb*. The obtained COI sequences were deposited in the GenBank database, and corresponding accession numbers were obtained.

Keywords: *Catocalini*, *Catocala aestimabilis*, *Catocala neonympha*, *Catocala nymphaea*, Lepidoptera, Erebidae, COI, DNA barcoding, mtDNA, phylogenetic analysis, GenBank, Uzbekistan.

Kirish. Hozirgi vaqtga kelib, entomologik tadqiqotlarda tangachaqanotlilar bioxilma-xilligini monitoring qilishda (masalan: Janzen va boshq. 2005, 2009; Lukhtanov va boshq. 2009; Dinca va boshq. 2010; deWaard va boshq. 2011; Hausmann va boshq. 2011a, 2011b, 2013, 2016b; Huemer 2012; Wilson va boshq. 2013; Huemer va boshq. 2014; Liu va boshq. 2014; Zahir va boshq. 2014; Miller va boshq. 2016), sistematik muammolarni hal etishda (masalan: Hajibabaei va boshq. 2006; Burns va boshq. 2008; Hausmann 2011; Hausmann va boshq. 2009a, 2009b, 2014, 2016a; Huemer va Mutanen 2012; Hundsdoerfer va boshq. 2009; Mutanen va boshq. 2012) barkodlar qo'llanilmoqda [1,2,3].

Biroq DNK-barkodingni qo'llash to'liq etalon ma'lumotlar kutubxonasini yaratishni va keyinchalik uning turlarni farqlashdagi samaradorligini baholashni talab qiladi. Ayniqsa, barkod natijalari mavjud taksonomiyaga mos kelmaydigan sistematik birliklar qiziqish uyg'otadi, chunki bunday holatlar e'tibordan chetda qolgan kriptik turlarni, bir-biri bilan chatishib ketuvchi turlarni, sinonimiya holatlarini yoki turlarni tashxis qilish uchun qo'shimcha barkod marker talab etiladigan vaziyatlarni aks ettirishi mumkin.

Ushbu tadqiqot ishining maqsadi – respublikamizning g'arbiy va janubi-g'arbiy vohalaridan yig'ilgan *Catocalini* tribasining *Catocala* avlodiga mansub *Catocala aestimabilis* Staudinger, 1892, *Catocala neonympha* Esper, 1805 va *Catocala nymphaea* Esper, 1787 turlarini molekulyar-genetik tahlil qilishdan iborat.

Materiallar va metodlar. O'rganilgan namunalar O'zbekistonning g'arbiy va janubi-g'arbiy hududlaridan yig'ilgan *Catocala* avlodiga mansub *C. aestimabilis*, *C. neonympha* va *C. nymphaea* turlaridan iborat bo'ldi. Namunalar morfologik belgilar asosida dastlabki aniqlashdan o'tkazildi, so'ngra molekulyar-genetik tahlil uchun foydalanildi.

Catocala avlodi turlari bo'yicha molekulyar-genetik tadqiqotlar natijasida olingan sekvens xromatografiyalari tahlil qilindi. O'rganilgan *C. aestimabilis*, *C. neonympha* va *C. nymphaea* namunalaridan mtDNKning COI sohasiga mansub 619 juft asos uzunligidagi nukleotid ketma-ketliklari ajratib olindi.

Taqqoslash uchun GenBank/NCBI ma'lumotlar bazasidan *C. nymphaea* (kirish raqami: KY370576) va *C. amatrix* (kirish raqami: GU093789) turlarining COI ketma-ketliklari olindi. Nukleotid ketma-ketliklari o'zaro solishtirilib, turlar orasidagi farqlanishlar nukleotid pozitsiyalari bo'yicha qayd etildi.

Filogenetik tahlil uchun o'rganilgan *Catocala* turlarining COI ketma-ketliklari hamda GenBank bazasidan olingan qo'shimcha ketma-ketliklar foydalanildi. Filogenetik shajara maksimal ehtimollik (Maximum Likelihood, ML) usuli asosida tuzildi. Tashqi guruh sifatida *Arctornis Germar*, 1810 avlodiga mansub *Arctornis l-nigrum* (kirish raqami: KX436478) turi tanlandi. Daraxt tarmoqlarining ishonchiligi bootstrap ko'rsatkichlari asosida baholandi.

Natijalar. Bioinformatik tahlil natijalariga ko'ra, *C. aestimabilis*_Uzb turi bilan *C. neonympha*_Uzb turlarining nukleotidlari o'rtasida 22 ta nukleotidda farqlanish bo'lib, ushbu farqlanishlar 52 va 555-nukleotidlarda T-G, 132, 226 va 614-nukleotidlarda A-G, 88, 245, 305, 380 va 581-nukleotidlarda G-T, 104 va 329-nukleotidlarda C-G, 185 va 402-nukleotidlarda T-A, 276, 470, 525 va 603-nukleotidda T-C, 372-nukleotidda A-T, 519-nukleotidda G-T, 427-nukleotidda C-T, 303-nukleotidda G-A nukleotidlari almashganligi aniqlandi.

*C. aestimabilis*_Uzb turi bilan *C. nymphaea*_Uzb turlarining nukleotidlarida esa 8 ta nukleotidlar o'rtasida farqlanishlar aniqlanib, ushbu farqlanishlar, 169, 380, 518 va 581-nukleotidlarda G-T, 303-nukleotidda G-A, 329-nukleotidda C-G, 427-nukleotidda C-T, 614-nukleotidda A-G nukleotidlari almashganligi aniqlandi.

*C. aestimabilis*_Uzb turi bilan Milliy bioinformatik axborotlar markazidan olingan *C. nymphaea* (Kirish raqami: KY370576) turi bilan ham 8 ta nukleotidlarda farqlanishlar bo'lib, umumiy nukleotidlar o'rtasidagi farqlanish, 1,2%ni, *C. aestimabilis*_Uzb turi bilan Milliy bioinformatik axborotlar markazidan olingan *C. amatrix* (Kirish raqami: GU093789) turining nukleotidlari o'rtasida esa 30 ta nukleotidlarda farqlanish bo'lib, bu farqlanishlar 4,8% ni tashkil qildi.

*C. neonympha*_Uzb turi bilan *C. nymphaea*_Uzb turlarining nukleotidlarida esa 15 ta nukleotidlarda farqlanishlar aniqlanib, ushbu farqlanishlar, 52, 169 va 555-nukleotidlarda G-T, 88, 245 va 305-nukleotidlarda T-G, 104-nukleotidda G-C, 132 va 226-nukleotidlarda G-A, 185 va 402-nukleotidlarda A-T, 276, 470, 525 va 603-nukleotidlarda C-T, 372-nukleotidlarda T-A nukleotidlari almashinib, umumiy nukleotidlar o'rtasida, 2,4%, *C. neonympha*_Uzb turi bilan Milliy bioinformatik axborotlar markazidan olingan *C. nymphaea* (Kirish raqami: KY370576) turining nukleotidlari o'rtasida 2 ta farqlanish aniqlanib, ushbu farqlanish turlar topilgan joyning ekologik omillari bilan izohlanishi mumkin.

*C. neonympha*_Uzb turi bilan, Milliy bioinformatik axborotlar markazidan olingan *C. amatrix* (Kirish raqami: GU093789) turining nukleotidlari o'rtasida esa 26 ta nukleotidda farqlanish bo'lib, bu farqlanishlar 4,2% ni tashkil qildi.

Filogenetik shajara. Molekulyar genetik tadqiqot natijalariga, o'rganilgan *Catocala* avlodiga mansub turlarning mDNK COI sohasiga mansub nukleotidlar ketma-ketliklari va GenBank bazasidan olingan nukleotidlar ketma-ketliklarni tahliliga ko'ra ushbu avlod vakillari va tashqi guruh sifatida *Arctornis Germar*, 1810 avlodiga mansub *Arctornis l-nigrum* (Kirish raqami: KX436478) turidan foydalanildi (2-rasm).

Birinchi guruhga *Catocala* avlodiga mansub *C. aestimabilis*, *C. neonympha* va *C. nymphaea* turlar joylashib, ushbu avlod vakillari 61 - 67% li, asosiy bo'g'inga nisbatan 99% li butistrap ko'mak hosil qilib birlashdi.

Ikkinchi guruhga esa, *C. amatrix* turi bo'lib, bu turning ikkita namunasi 99% li, uchinchi guruhda esa, *C. grynea* turining namunalari bo'lib, bu tur 98% li, to'rtinchi guruhga *C. concumbens* va *C. carissima* turlari joylashib, 61-100% li butistrap ko'mak hosil qilib birlashdi.

Beshinchi guruhga *C. relict*a va *C. junctura* turlari 45-100% li, oltinchi va yettinchi guruhlariga *C. borthi* va *C. similis* turining namunalari 100% butistrap ko'mak hosil qilib birlashdi.

Ushbu filogenetik shajara daraxtida *Catocala* avlodi turlarining genetik jihatdan aniq guruhlanishi va turlar o'rtasidagi evolyutsion munosabatlar ishonchli ekanini ko'rsatdi.

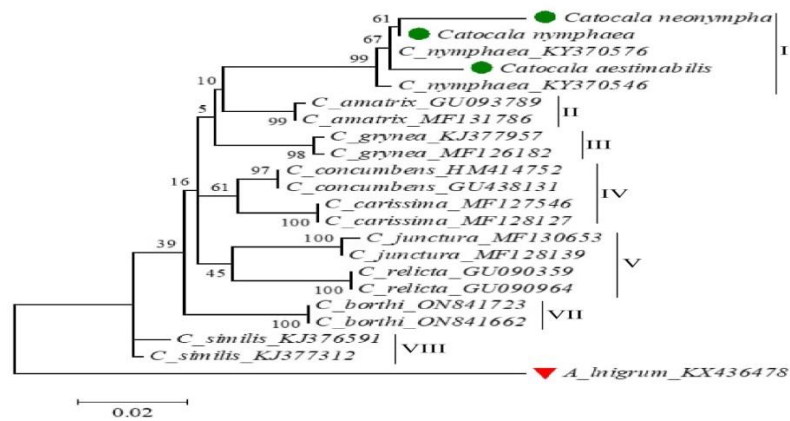
Catocala avlodiga mansub *C. aestimabilis*, *C. neonympha* va *C. nymphaea* turlari bo'yicha o'tkazilgan molekulyar-genetik tadqiqot natijalari asosida olingan mtDNKsini COI sohasiga mansub nukleotidlar ketma-ketliklari Genbank bazasiga joylandi va kirish raqamlari olindi (*Catocala aestimabilis* PX729581, *Catocala nymphaea* PX720694, *Catocala neonympha* PX720677). Genbank bazasiga *C. aestimabilis*, *Catocala nymphaea* va *C. neonympha* turlari ilk marotaba joylandi.

	10	20	30	40	50	60	70
<i>C. aestimabilis</i> Uzb	TTTGGAAATT	GAGCAGGGAT	AGTAGGAAGT	TCACCTAAGAC	TATTGATTCG	ATCTGAATTA	GGAAATCCTG
<i>C. neonympha</i> Uzb						G.....	
<i>C. nymphaea</i> Uzb							
<i>C. nymphaea</i> KY370576						G.....	
<i>C. amatrix</i> GU093789		A.....		T.....	A.....	G.C.....	
	80	90	100	110	120	130	140
<i>C. aestimabilis</i> Uzb	GATCTTTAAT	TGGAGATGAT	CAATCTACA	ATACIATTGT	TACAGCCAT	GCTTTTATTA	TAATTTTTT
<i>C. neonympha</i> Uzb		T.....		G.....			G.....
<i>C. nymphaea</i> Uzb							
<i>C. nymphaea</i> KY370576							
<i>C. amatrix</i> GU093789			T.T.....				
	150	160	170	180	190	200	210
<i>C. aestimabilis</i> Uzb	TATGGTTATA	CCAATTATAA	TTGGGGGAGT	CGGTAATTGA	TTAGTACCCT	TAATATTAGG	AGCACCTGAT
<i>C. neonympha</i> Uzb					A.....		
<i>C. nymphaea</i> Uzb				T.....			
<i>C. nymphaea</i> KY370576				T.....			
<i>C. amatrix</i> GU093789	A.....	C.....	A.....	T.T.....			T.....
	220	230	240	250	260	270	280
<i>C. aestimabilis</i> Uzb	ATAGCTTCC	CCGTATAAA	TAATATAAGT	TTTTGACTTC	TCCCCCCTC	ATTAACTTGA	TTAATTCAA
<i>C. neonympha</i> Uzb		G.....		T.....			C.....
<i>C. nymphaea</i> Uzb							
<i>C. nymphaea</i> KY370576							
<i>C. amatrix</i> GU093789		T.....			T.....		
	290	300	310	320	330	340	350
<i>C. aestimabilis</i> Uzb	GAAGAATTGT	AGAAAATGGA	GCGGGAACTG	GATGAACAGT	ATACCCCCCT	CTCTCTCTA	ATATTGCCCA
<i>C. neonympha</i> Uzb			A.T.....			G.....	
<i>C. nymphaea</i> Uzb			A.....		G.....		
<i>C. nymphaea</i> KY370576			A.....				
<i>C. amatrix</i> GU093789			A.....		T.....	T.....	T.....
	360	370	380	390	400	410	420
<i>C. aestimabilis</i> Uzb	TAGAGGTAGT	TCAGTAGATT	TAGCTATTGT	TTTATTACAT	TTAGCTGGAA	TTTCTTCAAT	TTTAGGAGCT
<i>C. neonympha</i> Uzb		T.....	T.....		A.....		
<i>C. nymphaea</i> Uzb			T.....				
<i>C. nymphaea</i> KY370576			T.....				
<i>C. amatrix</i> GU093789			T.....			C.....	G.....
	430	440	450	460	470	480	490
<i>C. aestimabilis</i> Uzb	ATTAATCTTA	TTACTACAAT	TATTATATA	CGATTAAATA	ATTTAATATT	CGATCAAATA	CCATTATTTA
<i>C. neonympha</i> Uzb		T.....			C.....		
<i>C. nymphaea</i> Uzb		T.....					
<i>C. nymphaea</i> KY370576		T.....					
<i>C. amatrix</i> GU093789		T.....	C.....		T.....	T.....	G.....
	500	510	520	530	540	550	560
<i>C. aestimabilis</i> Uzb	TTTGAAGCTGT	AGGAATTACT	GCATTTCGTC	TCCTCTCTTC	ACTACCTGTA	TTAGCTGGAG	CTATTACTAT
<i>C. neonympha</i> Uzb			T.....	C.....		G.....	
<i>C. nymphaea</i> Uzb			T.....				
<i>C. nymphaea</i> KY370576			T.....	T.....			
<i>C. amatrix</i> GU093789			T.....	T.....	A.....		
	570	580	590	600	610		
<i>C. aestimabilis</i> Uzb	ACTTTTAACT	GATCGAAATT	GAACACTTC	TTTTTTTGAT	CCTGCTGGAG	GAGAAGATC	
<i>C. neonympha</i> Uzb			T.....		C.....		
<i>C. nymphaea</i> Uzb			T.....			G.....	
<i>C. nymphaea</i> KY370576			T.....			G.....	
<i>C. amatrix</i> GU093789			T.....	T.....		G.....	

1-rasm. *Catocala* avlodiga mansub turlarning mtDNK COI sohasi nukleotidlar ketma-ketligini taqqoslash

Muhokama. Olingan natijalar *Catocala* avlodiga mansub o'rganilgan turlarni mtDNK COI sohasi asosida molekulyar-genetik jihatdan farqlash mumkinligini ko'rsatdi. *C. aestimabilis*_Uzb va *C. neonympha*_Uzb o'rtasida 22 ta nukleotid farqlanish, *C. aestimabilis*_Uzb va *C. nymphaea*_Uzb o'rtasida 8 ta farqlanish, *C. neonympha*_Uzb va *C. nymphaea*_Uzb o'rtasida esa 15 ta farqlanish aniqlanishi ushbu turlar orasida genetik tafovut mavjudligini tasdiqlaydi.

GenBank bazasidan olingan *C. nymphaea* va *C. amatrix* ketma-ketliklari bilan solishtirish mahalliy namunalar va xalqaro ma'lumotlar o'rtasidagi genetik farqlarni baholash imkonini berdi. *C. aestimabilis*_Uzb va *C. nymphaea* (KY370576) o'rtasidagi 1,2% farqlanish, shuningdek *C. neonympha*_Uzb va *C. nymphaea* (KY370576) o'rtasidagi 2 ta nukleotid farqlanish ushbu guruhda yaqin genetik munosabat mavjudligini ko'rsatadi. Bunday kichik farqlar populyatsiyalar geografik kelib chiqishi, ekologik sharoitlari yoki namunalar orasidagi ichki tur darajasidagi o'zgaruvchanlik bilan bog'liq bo'lishi mumkin.



2-rasm. *Catocala* avlodi turlarining o'zaro maksimal (maximum likelihood-ML) metodi asosida ishlab chiqilgan filogenetik shajara daraxti

C. amatrix bilan solishtirishda yuqoriroq farqlanish darajasi qayd etildi: *C. aestimabilis_Uzb* bilan 4,8%, *C. neonympha_Uzb* bilan esa 4,2%. Bu holat *C. amatrix* ning o'rganilgan mahalliy turlardan genetik jihatdan ancha uzoqroq joylashganligini ko'rsatadi.

Filogenetik daraxt natijalari o'rganilgan turlar va GenBankdan olingan boshqa *Catocala* turlarining alohida klasterlarga ajralishini ko'rsatdi. Bootstrap ko'rsatkichlarining ayrim guruhlarda yuqori bo'lishi tarmoqlanishning ishonchligini tasdiqlaydi. Shu bilan birga, ayrim bo'g'inlardagi nisbatan past bootstrap qiymatlari kelgusida qo'shimcha namunalar va qo'shimcha genetik markerlar asosida kengroq tahlillar olib borish zarurligini ko'rsatadi.

Ushbu tadqiqot O'zbekiston hududida tarqalgan *Catocala* turlarining molekulyar-genetik tavsifini shakllantirishga hissa qo'shadi. Shuningdek, mahalliy namunalar bo'yicha olingan COI ketma-ketliklarining GenBank bazasiga joylashtirilishi kelgusida Lepidoptera faunasini DNK barkodlash, turlarni aniqlash va filogenetik tadqiqotlar uchun muhim ma'lumot manbai bo'lib xizmat qiladi.

Xulosa. Ushbu tadqiqotda O'zbekistonning g'arbiy va janubi-g'arbiy hududlaridan yig'ilgan *Catocala aestimabilis*, *C. neonympha* va *C. nymphaea* turlarining mtDNK COI sohasi asosida molekulyar-genetik tavsifi berildi. Olingan 619 juft asos uzunligidagi COI ketma-ketliklari turlar orasidagi nukleotid farqlanishlarni aniqlash imkonini berdi.

Tahlillar natijasida *C. aestimabilis_Uzb* va *C. neonympha_Uzb* o'rtasida 22 ta, *C. aestimabilis_Uzb* va *C. nymphaea_Uzb* o'rtasida 8 ta, *C. neonympha_Uzb* va *C. nymphaea_Uzb* o'rtasida esa 15 ta nukleotid farqlanish qayd etildi. GenBank ma'lumotlari bilan solishtirilganda *C. amatrix* turiga nisbatan 4,2–4,8% farqlanish aniqlanishi o'rganilgan turlarni molekulyar darajada ajratish mumkinligini ko'rsatdi.

Filogenetik tahlil natijalari o'rganilgan *Catocala* turlarining yaqin guruhda joylashishini va boshqa *Catocala* turlaridan farqlanishini ko'rsatdi. Olingan natijalar DNK barkodlash usulining *Catocala* turlarini aniqlash va ularning filogenetik munosabatlarini baholashda samarali ekanligini tasdiqlaydi.

Tadqiqot davomida olingan COI ketma-ketliklari GenBank bazasiga joylashtirildi: *Catocala aestimabilis* — PX729581, *Catocala nymphaea* — PX720694, *Catocala neonympha* — PX720677. Ushbu turlar bo'yicha O'zbekistondan olingan ketma-ketliklarning GenBank bazasiga joylashtirilishi mintaqaviy va xalqaro molekulyar-taksonomik tadqiqotlar uchun muhim ilmiy ahamiyatga ega.

ADABIYOTLAR

- Gilligan, T.M., and M. E. Epstein. 2009. LBAM ID, Tools for diagnosing light brown apple moth and related western U.S. leafrollers (Tortricidae: Archipini) [CD-ROM]. Colorado State University, California Department of Food and Agriculture, and Center for Plant Health Science and Technology, and U.S. Department of AgricultureAPHISDPPQ.
- Hajibabaei, M., Jansen, D.H., Burns, J.M., Halwachs W., Hebert, P.D.N. DNA barcodes distinguish species of tropical Lepidoptera. PNAS. January 17, 2006 103 (4) 968-971
<https://doi.org/10.1073/pnas.0510466103>
- Mitter, C., Davis, D. R., & Cummings, M. P. Phylogeny and Evolution of Lepidoptera. *Annual Review of Entomology*, 62, 2017. -P. 265–283. <https://doi.org/10.1146/annurev-ento-031616-035125>
- Mutanen M, Wahlberg N, Kaila L. 2010. Comprehensive gene and taxon coverage elucidates radiation patterns in moths and butterflies. *Proc. R. Soc. B* 277:2839–48
- Swofford DL (1998) PAUP*: Phylogenetic Analysis Using Parsimony (and Other Methods) Sunderland, MA: Sinauer Associates.
- Zahiri R., Holloway J.D., Kitching I.J., Lafontaine J.D., Mutanen M., Wahlberg N. Molecular phylogenetics of Erebidae (Lepidoptera, Noctuoidea) // *Systematic Entomology*, 2012. Vol. 37. -P. 102-124