

ГАПЛОТИПИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ БЕЛЯНОЧКИ *Leptidea morsei* (Fenton, 1882) (Lepidoptera, Pieridae) НА СЕВЕРО-ЗАПАДНОЙ ПЕРИФЕРИИ АРЕАЛА

© 2024 г. О. И. Кулакова^{1, *}, Д. М. Шадрин¹, А. Г. Татарин¹

¹Институт биологии Коми научного центра Уральского отделения Российской академии наук, Сыктывкар, 167982 Россия

*e-mail: kulakova@ib.komisc.ru

Поступила в редакцию 11.03.2024 г.

После доработки 11.04.2024 г.

Принята к публикации 18.04.2024 г.

Получены первые сведения о гаплотипическом разнообразии в природных популяциях беляночки *L. morsei* на северо-востоке Русской равнины и в северных областях Урала, где проходит северо-западная граница распространения вида. Было выявлено шесть гаплотипов, из них пять обнаружены только в изучаемом регионе. Сравнительный анализ гаплотипического разнообразия в разных частях видового ареала и географическое распределение гаплотипов позволили сделать предварительный вывод о том, что популяционные группировки *L. morsei* на северо-западе ареала имеют большее генетическое сходство с азиатскими популяциями, чем с изолированными центральноевропейскими. Расселение данного вида на север Русской равнины и Урала в послеледниковую эпоху, очевидно, происходило по югу Западно-Сибирской равнины через Южное Зауралье.

Ключевые слова: *Leptidea morsei*, северо-запад, ареал, гаплотипы, COI.

DOI: 10.31857/S0016675824090071 **EDN:** ADRSOS

Беляночка *Leptidea morsei* (Fenton, 1882) — центральноевро-трансзиатский температный вид, основная часть ареала которого располагается в лесной зоне и лесостепи Сибири, Монголии, Китая и Дальнего Востока до Сахалина, о. Хоккайдо и Корейского п-ова включительно [1–3]. Достоверно установлено, что *L. morsei* встречается на всем протяжении от Южного до Полярного Урала [4, 5] и в таежной зоне северо-востока Русской равнины (Республика Коми, Кировская область, Пермский край) [6–8]. Локальные видовые популяции обнаружены на северо-западе Архангельской области [9], в Среднем и Нижнем Поволжье (Ульяновская, Саратовская, Пензенская области, Чувашия, Удмуртия, Марий-Эл) [10–12], Белгородской, Нижегородской и Ярославской областях России [13–15], Черниговской и Житомирской областях Украины [16], возможно, и в Тульской области [17]. Центральноевропейская географически изолированная часть ареала *L. morsei* включает Карпаты и Прикарпатье, восток Альпийской области и север Балкан [18, 19].

Фрагментированное распространение беляночки *L. morsei* и определенные фенотипические отличия изолированных популяций в рамках обширного ареала обусловили описание исследователями нескольких подвидовых форм, валидность которых

остается дискуссионной. Центральноевропейские популяционные группировки относят к подвиду *L. morsei major* Grund, 1905, описанному с территории Хорватии [12, 19]. Восточноевропейские популяции также относили к этому подвиду [1, 2, 12, 19] или отождествляли с подвидом *L. morsei morseides* Verity, 1911, описанным с Восточных Саян [20]. Во втором издании Каталога чешуекрылых России [3] для российской фауны указывается только один номинативный подвид *L. morsei morsei*, типовым местонахождением которого является о. Хоккайдо в Японии.

Несомненно, что фрагментированное распространение и образование популяционных изолятов беляночки *L. morsei*, особенно в западной части ареала, имеет историческую основу. Глобальные климатические колебания в позднем плейстоцене и голоцене вызывали неоднократные смещения природных зон в Евразии, что определяло пути расселения вида и в конечном итоге отражалось на генетической структуре вида.

Для реконструкции процесса становления современных ареалов видов и решения вопросов подвидовой систематики чешуекрылых все шире привлекаются молекулярно-филогенетические методы, в том числе посредством изучения их гаплотипического разнообразия на основании

нуклеотидной последовательности митохондриального гена, кодирующего первую субъединицу фермента цитохромоксидазы (*COI*). В современных представлениях экологов и генетиков жизнеспособность популяций в процессе расселения видов или в условиях географической изоляции во многом определяется их генетическим разнообразием. Снижение генетического разнообразия популяций, как правило, сопровождается снижением их адаптационных возможностей к стрессовым воздействиям окружающей среды, которые наиболее остро проявляются на периферии ареала [21, 22]. В то же время известно, что у некоторых видов чешуекрылых популяции генетически не дифференцированы и могут относиться к одной гаплогруппе (генетической линии), у других имеют свои уникальные гаплотипы на краю ареала [23]. В связи с этим исследования по выявлению и изучению гаплотипов видов чешуекрылых на границах распространения приобретают особую актуальность.

Материалов по гаплотипическому разнообразию *L. morsei* практически нет. Единственное упоминание об этом можно найти в Атласе митохондриального генетического разнообразия чешуекрылых Западной Палеарктики [24], но в связи с малым количеством образцов (8 шт.) авторы не смогли провести полноценный анализ генетического разнообразия. Также крайне мало работ, посвященных молекулярно-филогенетическому анализу вида *L. morsei* [25, 26].

Настоящая статья посвящена описанию гаплотипического разнообразия беляночки *L. morsei* на северо-западной границе распространения, выявлению возможных путей расселения вида на северо-восток Европы.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Материалом послужили полевые сборы имаго *Leptidea morsei*, сделанные авторами в период с 2007 г. по 2016 г. на северо-востоке Русской равнины и Приполярном Урале. Для молекулярно-филогенетического анализа были использованы образцы 22 экз. имаго из шести выборок. Все полученные последовательности исследуемых образцов депонированы в базу данных GenBank с присвоенными номерами (табл. 1). Дополнительно был проанализирован доступный материал по *L. morsei* (22 образца) из генетических баз.

Биологический материал — брюшко бабочки — фиксировали в очищенном 96%-ном этаноле. Выделение геномной ДНК из 22 образцов проводилось с помощью ионообменной смолы Chelex-100 (Sigma-Aldrich, США). Образец помещали в 15 мкл 10%-ного раствора Chelex-100 и инкубировали в твердотельном термостате при температуре 55 °C в течение 30 мин при периодическом перемешивании. Далее в течение 10 мин инкубировали при

температуре 99 °C. Выделенная ДНК хранилась при температуре –20 °C.

В качестве молекулярного маркера для анализа гаплотипического разнообразия был выбран стандартный ДНК-баркод (фрагмент гена *COI* длиной 658 пн). Для амплификации фрагмента *COI* использовались праймеры HCO2198 (5'-TAA ACTTCAGGGTGACCAAAAAATCA-3') и LCO1490 (5'-GGTCAACAAATCATAAAGATATGG-3') [27]. Амплификацию фрагмента проводили в реакционной смеси объемом 50 мкл, содержащей 10 мкл ScreenMix (Евроген, Россия), 10 мкл каждого праймера (0.3 мкМ) (Евроген, Россия), 18.0 мкл ddH₂O ("Ambion", США) и 2.0 мкл геномной ДНК (1–100 нг). Амплификацию проводили в термоциклере T-100 ("Биорад", США) по следующей схеме: предварительная денатурация – 95 °C (5 мин); следующие пять циклов: денатурация – 90 °C (30 сек), отжиг – 45 °C (60 сек), элонгация – 72 °C (90 сек); затем 27 циклов: денатурация – 90 °C (30 сек), отжиг – 55 °C (45 сек), элонгация – 72 °C (60 сек) и финальная элонгация – 72 °C (2 мин).

Продукты реакции амплификации разгонялись электрофорезом в 1.3%-ном агарозном геле с 1х трисацетатным буферным раствором с бромистым этидием и визуализировались при помощи трансиллюминатора UVT-1 (Биоком, Москва). Для очистки полученного ПЦР продукта использовался набор CleanUp Standart (Евроген). Концентрацию ДНК и ПЦР-продуктов измеряли на флуориметре Qubit 3 (Invitrogen, США). Секвенирование проводилось на базе Центра коллективного пользования "Молекулярная биология" ИБ ФИЦ Коми НЦ УрО РАН на приборе НАНОФОР 05 (Синтол, Россия) с использованием набора реагентов BigDye Terminator v. 3.1 (Invitrogen). Выравнивание нуклеотидных последовательностей проводили с применением алгоритма ClustalW в программе Mega X [28, 29]. Идентификация полученных последовательностей проводилась с использованием ресурсов GenBank, BLAST [30] и BOLD Systems [31]. Гаплотипическое (*h*) и нуклеотидное (*π*) разнообразие, число вариабельных (полиморфных) сайтов (*S*), стандартное отклонение разнообразия гаплотипов (*SD*) оценивались с помощью программы DNAsp 6 [32]. Медианная сеть митохондриальных гаплотипов была построена в программе Network 10200 с использованием алгоритма Median-Joining [33]. Каждый гаплотип в медианной сети представлен кругом, и его размер пропорционален количеству образцов, показывающих его уникальную последовательность, таким образом распространенные гаплотипы кажутся крупнее, а редкие — мельче (рис. 1). Количество мутаций между гаплотипами обозначено цифрами над соединениями, а гаплотипы изображены с использованием цветов, полученных после анализа основных координат.

Таблица 1. Материал, использованный при изучении гаплотипического разнообразия беляночки *Leptidea morsei* (Fent.)

Место и год сбора оригинального материала, данные Genbank	Номер образца в Genbank (число образцов)	Автор коллекции (идентификатор в коллекции)
Россия, Республика Коми, Койгородский р-н, ур. Кобра, 60.05° с. ш., 50.78° в. д., 2016 г.	MG491397 (1)	Кулакова О.И. (Komi Kobra)
Россия, Республика Коми, Койгородский р-н, с. Дон, 61.64° с. ш., 53.89° в. д., 2008 г.	ON175841–ON175843 (3)	Кулакова О.И. (Komi Don)
Россия, Республика Коми, Прилузский р-н, д. Прокопьевка, 59.28° с. ш., 49.67° в. д., 2007 г.	ON175844 (1)	Кулакова О.И. (Komi Prokopievka)
Россия, Республика Коми, Приполярный Урал, оз. Пономаревское, 64.89° с. ш., 59.26° в. д., 2011 г.	MG491399, MG491400 (2)	Кулакова О.И. (Prepolar_Ural)
Россия, Республика Коми, Усть-Куломский р-н, ур. Красный Яр, 61.57° с. ш., 55.01° в. д., 2012 г.	MG491440, MG491443, MG491444, MG491448, MG491453, MG491454 (6)	Кулакова О.И. (Komi Krasny_Yar)
Россия, Республика Коми, г. о. Ухта, р. Чуть, 63.75° с. ш., 53.37° в. д., 2013 г.	MG491460, MG491474–MG491477, MG491481–MG491483, MG491485 (9)	Кулакова О.И. (Komi Chud)
Russia:West Siberia, Novosibirsk	HG969241–HG9692501 (11)	Solovyev et al. (L60-70)
Romania: Transylvania, Cluj, Badeni	HQ004590–HQ004593, MW501236 (5)	Dinca et al. (RV-08-A026, RV-07-C176, RV coll.-08-M498, RV coll.-08-M499, RV coll.140558)
Казахстан	FJ663714, FJ663715 (2)	Lukhtanov et al. (2005-LOWA-181, 2005-LOWA-182)
Казахстан	JF512618, JF512619 (2)	Dinca et al. (RV coll.-07-Z083, RV coll.-07-Z124)
Словения	MN140234 (1)	Dapporto et al. (RV coll.14-U867)
Южная Корея	GU372563 (1)	Kim et al. (No)

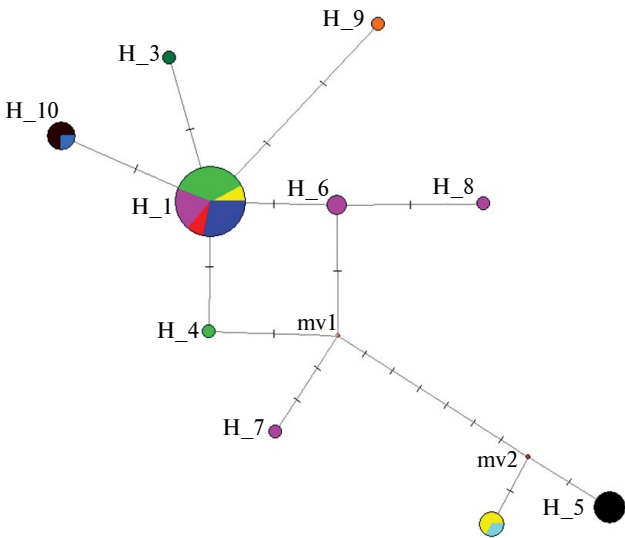


Рис. 1. Медианная сеть митохондриальных гаплотипов (митотипов), идентифицированных в изученных выборках беляночки *L. morsei* (Fent.) на основе анализа нуклеотидной последовательности фрагмента гена *COI*. Цветовые обозначения гаплотипов: фуксия – Чуть: Н1 (*n* = 5), Н6 (2), Н7 (1), Н8 (1); черный – Румыния: Н5 (5); бирюзовый – Словения: Н2 (1); голубой – Прокопьевка: Н10 (1); желтый – Казахстан: Н1 (2), Н2 (2); коричневый – Дон: Н10 (3); оранжевый – Кобра: Н9 (1); салатовый – Новосибирск: Н1 (10), Н4 (1); красный – Приполярный Урал: Н1 (2); синий – Красный Яр: Н1(6); зеленый – Ю. Корея: Н3 (1).

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

На общую длину (*l*) сравниваемых последовательностей 639 пн пришлось 16 вариабельных сайтов, из которых семь характерны только для выборки бабочек-беляночек *L. morsei* с северо-запада ареала распространения исследуемого вида. Гаплотипическое разнообразие (*h*) всех 44 образцов, включенных в анализ, составило 0.654;

разнообразие 22 образцов, собранных на северо-западе видового ареала, составило 0.617 (табл. 2).

Анализ нуклеотидных последовательностей фрагмента гена *COI* мтДНК всех полученных нами и имеющихся в базах данных образцов позволил выявить 10 гаплотипов (Н1–Н10) (рис. 1, табл. 3). Показано, что из 10 гаплотипов шесть (Н1, Н6–Н10) включают образцы бабочек-беляночек *L. morsei* с северо-запада видового ареала, из них пять (Н6–Н10) обнаружены только в изучаемом регионе (табл. 2). Проанализировав нуклеотидные последовательности каждого из гаплотипов, было выявлено, что в гаплотипах Н1, Н4 и Н6 нет уникальных сайтов в сравнении с другими гаплотипами или, другими словами, в образцах, вошедших в данные гаплотипические группы, в процессе эволюции не возникло изменений в последовательности гена *COI*, характерных только для данных образцов (табл. 3).

Самым распространенным является гаплотип Н1, который включил в себя 25 из 44 образцов *L. morsei*, из которых 13 собраны в изучаемом регионе: ур. Красный Яр (6), р. Чуть (5), Приполярный Урал (2), что составляет 55% от всего количества образцов в данном гаплотипе. Остальные образцы, попавшие в данную группу (12 шт.), взяты из базы данных GenBank (NCBI, 2023) и принадлежат к двум регионам: Новосибирск (10) и Казахстан (2) (табл. 1). Гаплотип Н3 имел только один образец из Южной Кореи, Н4 – один образец из Новосибирска, Н5 – пять образцов из Румынии, наконец гаплотип Н6 имел два образца беляночек *L. morsei* с р. Чути.

Анализ нуклеотидных последовательностей гаплотипов Н2, Н3, Н5, Н8 и Н10 показал наличие в них по одной замене в положениях 97 (А/Г), 439 (С/Т), 622 (Г/А), 497 (С/Т) и 31 (Т/А) соответственно для каждого гаплотипа относительно остальной выборки образцов, включенных в анализ. Образцы, вошедшие в гаплотипы Н2, Н3, Н5,

Таблица 2. Генетическое разнообразие в исследуемых выборках беляночки *Leptidea morsei* (Fent.)

Образцы	<i>l</i>	<i>n</i>	<i>h</i>	<i>SD</i>	<i>S</i>	π
С западной границы региона (<i>N</i> = 22)	639	6	0.617	0.072	7	0.00178
Весь набор образцов (<i>N</i> = 44)	639	10	0.654	0.053	16	0.00521

Примечание. *N* – число индивидуальных образцов; *l* – длина сравниваемых последовательностей, пн; *n* – число гаплотипов; *SD* – стандартное отклонение разнообразия гаплотипов; *S* – число полиморфных сайтов; π – нуклеотидное разнообразие.

Таблица 3. Вариабельные сайты гена цитохромоксидазы (*COI*) мтДНК беляночки *Leptidea morsei* (Fent.) в популяционных группировках на северо-западе видового ареала

Гаплотип (число образцов)	Вариабельные сайты															
	31	73	97	163	202	203	232	265	315	439	497	583	613	622	628	629
H_1 (25)	A	A	G	A	C	C	C	T	T	T	C	T	T	A	A	G
H_2 (3)	A	G	A	G	T	T	T	T	C	T	C	C	C	A	A	G
H_3 (1)	A	A	G	A	C	C	C	T	T	C	C	T	T	A	A	G
H_4 (1)	A	A	G	A	C	C	C	T	Y	T	C	T	T	A	A	G
H_5 (5)	A	G	G	G	T	T	T	T	C	T	C	C	C	G	A	G
H_6 (2)	A	G	G	A	C	C	C	T	T	T	C	T	T	A	A	G
H_7 (1)	A	G	G	A	C	C	C	T	C	T	C	T	T	A	G	A
H_8 (1)	A	G	G	A	C	C	C	T	T	T	T	T	T	A	A	G
H_9 (1)	A	A	G	A	C	C	C	C	T	T	C	T	T	A	A	T
H_10 (4)	T	A	G	A	C	C	C	T	T	T	C	T	T	A	A	G

Примечание. Полужирным шрифтом обозначены уникальные сайты, встречающиеся в гаплотипах. Верхняя строка – пн.

H8 и H10, собраны в Словении, Южной Кореи, Румынии, на р. Чути и в с. Дон соответственно (табл. 3).

В нуклеотидных последовательностях гаплотипов H7 и H9 имеются по две замены в положениях 628 (A/G), 629 (G/A или T) и 265 (C/T), 629 (T/A или G) соответственно для каждого гаплотипа относительно остальной выборки (табл. 3). Каждый из гаплотипов представлен одним образцом: гаплотип H7 – Чуть, H9 – Кобра (табл. 1). Наличие двух замен, отмеченных для каждого из этих двух гаплотипов (образцов), отсутствующих во всей оставшейся выборке, свидетельствует о наличии специфической мутации или вариации в геноме бабочки. Такие уникальные замены могут быть связаны с генетическими отличиями, которые могут влиять на фенотип или на определенные биологические процессы (сроки лёта, питание, размножение и откладка яиц).

Группирование гаплотипов в медианной сети в целом подтверждает и уточняет характер взаимоотношений, характер и миграционные пути распространения исследуемой бабочки. Центральноевропейские образцы с гаплотипами H5 (Румыния, пять образцов), H2 (Словения, один образец) и два образца с гаплотипом H2 из Казахстана выделились в отдельный кластер. Остальные гаплотипы, среди которых все найденные на северо-западе видового ареала *L. morsei*, сгруппировались вокруг наиболее распространенного гаплотипа H1 и могут считаться его производными (рис. 1).

Объем доступного для анализа материала по гаплотипическому разнообразию беляночки *L. morsei*

не позволяет пока точно установить характер микроэволюционных событий, которые привели к формированию наблюдаемого распределения гаплотипов на географической карте (рис. 2). Однако совершенно очевидно, что популяционные группировки беляночки *L. morsei* на северо-западе ареала имеют большее генетическое сходство с азиатскими популяциями, чем с изолированными центральноевропейскими.

Надо отметить, что по биопреферендуму *L. morsei* – опушечно-лесной гелиофил, топически связанный с лиственными и смешанными лесами, травянистыми перелесками и разнотравными лесными опушками. В связи с этим, опираясь на палеогеографические материалы и полученные данные по гаплотипическому разнообразию *L. morsei*, логично предположить, что расселение данного вида на север Русской равнины и Урала происходило в послеледниковую эпоху с юго-восточного направления, а именно по югу Западносибирской равнины, через Южное Зауралье одновременно с распространением по региону смешанных и широколиственных лесов в какой-либо из климатических оптимумов голоцена. Создается впечатление, что после очередной смены зон растительности в результате похолодания климата на рубеже голоцена и антропоцена к настоящему времени здесь сохранились лишь остаточные популяционные изоляты некогда крупной географической популяции вида. С этого времени их гаплотипическое разнообразие формировалось независимо, а микроэволюционная история отлична от азиатских и тем более центральноевропейских группировок вида.

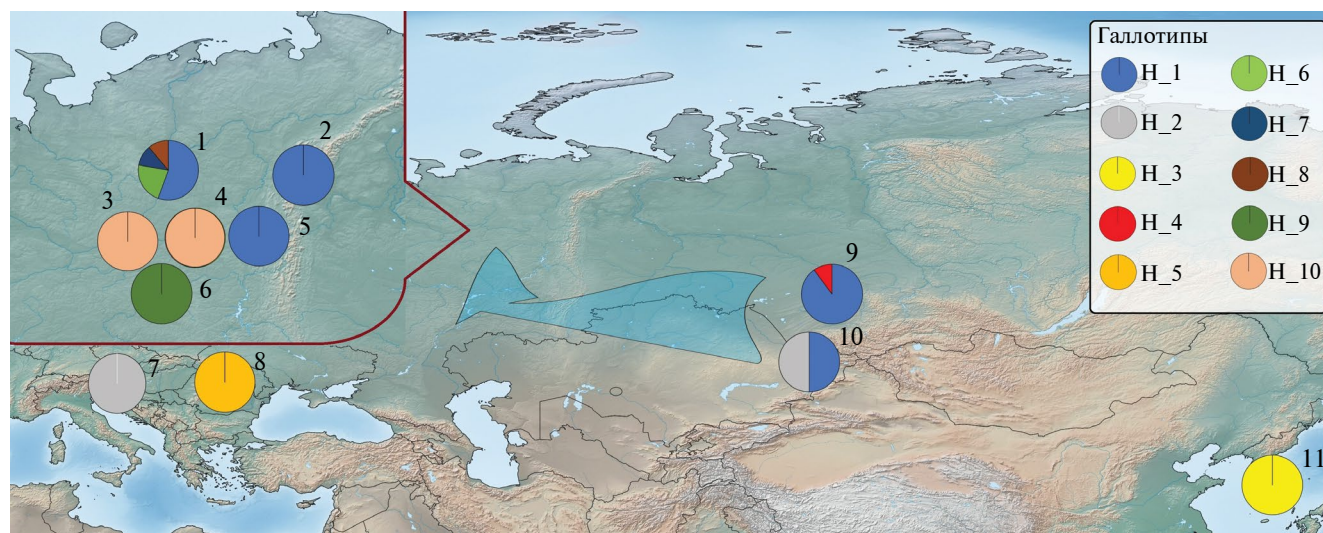


Рис. 2. Карта-схема распределения гаплотипов в выборках *L. morsei* (Fent.) и вероятные пути расселения вида в постледниковую эпоху. Места сбора образцов: 1 – Чуть, 2 – Приполярный Урал, 3 – Прокопьевка, 4 – Дон, 5 – Красный Яр, 6 – Кобра, 7 – Словения, 8 – Румыния, 9 – Новосибирск, 10 – Казахстан, 11 – Южная Корея. Стрелкой обозначено вероятное направление миграции вида на европейский северо-восток России.

Таким образом, полученные результаты позволили дать предварительную оценку гаплотипическому разнообразию бабочек *L. morsei* на северо-западной периферии ареала. Было выявлено шесть гаплотипов, из них пять обнаружены только в изучаемом регионе. Для большего понимания филогенетической истории и филогеографии исследуемого вида необходимо больше данных об их последовательностях с других территорий. Это в дальнейшем позволит перейти от оценки разнообразия на основе мтДНК и филогеографии бабочек рассматриваемого региона к более обширным сравнительным исследованиям популяций данного вида и более глубокому пониманию видообразования путем секвенирования всего генома, а также с привлечением изучения морфологических и экологических признаков в популяциях из других регионов.

Работа выполнена в Институте биологии Коми НЦ УрО РАН в рамках Государственного задания по теме “Разнообразие фауны и пространственно-экологическая структура животного населения европейского северо-востока России и сопредельных территорий в условиях изменения окружающей среды и хозяйственного освоения”, № гос. регистрации 122040600025-2.

Исследование одобрено Этическим комитетом Института биологии Коми НЦ УрО РАН (протокол №2/2024 от 10.04.2024). Все применимые международные, национальные и/или институциональные принципы ухода и использования животных были соблюдены.

Авторы данной работы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Коршунов Ю.П. Булавоусые чешуекрылые Северной Азии. М.: Т-во науч. изданий КМК, 2002. 424 с. (Korshunov Yu.P. Butterflies of Northern Asia. Moscow: KMK Scientific Press, 2002. 424 p.)
2. Gorbunov P., Kosterin O. The Butterflies (Hesperioidea and Papilionoidea) of North Asia (Asian part of Russia) in Nature. М.: Rodina and Fodio; Cheliabinsk: Gallery Fund, 2003. V1. 392 p.
3. Дубатов В.В., Львовский А.Л., Стрельцов А.Н. Pieridae // Каталог чешуекрылых (Lepidoptera) России. Изд. 2. СПб.: Зоол. ин-т РАН, 2019. С. 201–204. (Dubatolov V.V., Lvovsky A.L., Streltsov A.N. Pieridae // Catalogue of the Lepidoptera of Russia. Edition 2. St. Petersburg: Zoological Institute RAS, 2019. P201–204.)
4. Татаринов А.Г., Горбунов П.Ю. Структура и пространственная организация фауны булавоусых чешуекрылых (Lepidoptera, Rhopalocera) Урала // Зоол. журн. 2014. Т. 93. Вып. 1. С. 108–128. (Tatarinov A.G., Gorbunov P.Yu. Structure and spatial organization of the Butterfly fauna (Lepidoptera, Rhopalocera) of the Ural Mountains // Rus. J. Zoology. 2014. V. 93. № 1. P. 108–128.)
5. Моргунов Д.В. Новые данные о распространении булавоусых чешуекрылых арктической тундры в бассейне р. Кара (Полярный Урал) // Russ. Entomol. J. 2017. V. 26 (4). P. 343–347. (Morgun D.V. New data on the distribution of Butterflies of the Arctic tundra in the Kara River basin (Polar Ural) // Russian Entomological Journal. 2017. V. 26 (4). P. 343–347.)
6. Большаков Л.В., Татаринов А.Г., Кулакова О.И. Самые северные местонахождения видов рода *Leptidea* Billberg, 1820 (Lepidoptera: Pieridae) в

- Республике Коми // Эверсманния. Энтомологические исследования в России и соседних регионах. 2007. Вып. 11–12. С. 88–89. (*Bolshakov L.V., Tatarinov A.G., Kulakova O.I.* The most northern localities of species of the genus *Leptidea* Billberg, 1820 (Lepidoptera: Pieridae) in the Komi Republic // Eversmannia. Entomological research in the Russia and adjacent region. 2007. № 11–12. P. 88–89.)
7. *Татаринов А.Г.* География дневных чешуекрылых европейского Северо-Востока России. М.: Т-во науч. изданий КМК, 2016. 255 с. (*Tatarinov A.G.* Geography of Butterflies of the European North-East of Russia. Moscow: KMK Scientific Press, 2016. 255 p.)
 8. *Адаховский Д.А.* Дополнения к фауне дневных чешуекрылых (Lepidoptera: Hesperioidea, Papilionoidea) Удмуртии и Кировской области с замечаниями по фауне Вятско-Камского междуречья в целом // Вестн. Удмуртского ун-та. Серия Биология. Науки о Земле. 2019. Т. 29. Вып. 4. С. 544–548. (*Adakhovsky D.A.* Additions to the Butterfly fauna (Lepidoptera: Hesperioidea, Papilionoidea) Udmurtia and the Kirov Regions with comments on the history of the Vyatka-Kama interfluvium as a whole // Bulletin of the Udmurt University. Biology series. Earth Sciences. 2019. V. 29. № 4. P. 544–548.)
 9. *Большаков Л.В., Татаринов А.Г., Кулакова О.И., Болотов И.Н.* Самые северные местонахождения видов рода *Leptidea* Billberg, 1820 (Lepidoptera: Pieridae) в Архангельской области // Эверсманния. Энтомологические исследования в России и соседних регионах. 2008. Вып. 15–16. С. 90–91. (*Bolshakov L.V., Tatarinov A.G., Kulakova O.I., Bolotov I.N.* The northernmost localities of species of the genus *Leptidea* Billberg, 1820 (Lepidoptera: Pieridae) in the Arkhangelsk Province // Eversmannia. Entomological research in the Russia and adjacent region. 2008. № 15–16. P. 90–91.)
 10. *Большаков Л.В., Лосманов В.П.* К фауне белянок рода *Leptidea* Billberg, 1820 (Lepidoptera: Pieridae) Чувашии и некоторых сопредельных территорий // Эверсманния. Энтомологические исследования в России и соседних регионах. 2005. Вып. 1. С. 36–38. (*Bolshakov L.V., Losmanov V.P.* On the fauna of white butterflies of the genus *Leptidea* Billberg, 1820 (Lepidoptera: Pieridae) of Chuvashia and some adjacent territories // Eversmannia. Entomological research in the Russia and adjacent region. 2005. № 1. P. 36–38.)
 11. *Большаков Л.В., Подумордвинов О.А.* Нахождение *Leptidea morsei* (Fenton, 1882) (Lepidoptera: Pieridae) в Пензенской области // Эверсманния. Энтомологические исследования в России и соседних регионах. 2006. Вып. 5. С. 36–37. (*Bolshakov L.V., Podumordvinov O.A.* The finding of *Leptidea morsei* (Fenton, 1882) (Lepidoptera: Pieridae) in the Penza Area // Eversmannia. Entomological research in the Russia and adjacent region. 2006. № 5. P. 36–37.)
 12. *Львовский А.Л., Моргун Д.В.* Булавоусые чешуекрылые Восточной Европы. М.: Т-во науч. изданий КМК, 2007. 443 с. 8 цв. вкладок. (*Lyovskiy A.L., Morgun D.V.* Butterflies of the Eastern Europe. Moscow: KMK Scientific Press, 2007. 443 p., 8 col. pl.)
 13. *Большаков Л.В., Клепиков М.А., Целебровский М.В.* О нахождении белянки *Leptidea reali* Reissinger 1989 (Lepidoptera: Pieridae) в Ярославской области // Эверсманния. Энтомологические исследования в России и соседних регионах. 2005. Вып. 1. С. 53–64. (*Bolshakov L.V., Klepikov M.A., Celebrovskiy M.V.* On the finding of white butterfly *Leptidea reali* Reissinger, 1989 (Lepidoptera: Pieridae) in the Yaroslavl Area // Eversmannia. Entomological research in the Russia and adjacent region. 2005. № 1. P. 53–64.)
 14. *Корб С.К., Пожогин Д.А., Затакова А.А.* Фауна чешуекрылых (Lepidoptera) Нижегородской области // Тр. Мордовского гос. природного заповедника им. П.Г. Смидовича. 2020. Вып. 25. С. 123–287. (*Korb S.K., Pozhogin, D.A. Zakatova A.A.* Lepidoptera fauna Nizhny Novgorod region // Proceedings of the Mordovian State Nature Reserve. № 25. P. 123–287.)
 15. *Годин А.Е.* К фауне чешуекрылых (Lepidoptera) в Белгородской области // Полевой журн. биолога. 2021. Т. 3. № 1. С. 18–24. (*Godin A.E.* To the Lepidoptera fauna in the Belgorod region // Field Biologist Journal. 2021. V. 3. № 1. P. 18–24.)
 16. *Кавурка В.В., Шешурак П.Н.* О распространении в Украине бабочек рода *Leptidea* Billberg, 1820 (Lepidoptera: Pieridae) // Міжнародні Новорічні біологічні читання. Николаев, 2006. С. 113–117. (*Kavurka V.V., Sheshurak P.N.* On the distribution of white butterfly *Leptidea* Billberg, 1820 (Lepidoptera: Pieridae) in Ukraine // International New Year's biologic readings. Nikolaev, 2006. P. 113–117.)
 17. *Большаков Л.В., Ньюкеркен ван Э.Й., Пискунов В.И., Ловцова Ю.А.* Дополнения и уточнения к фауне чешуекрылых (Lepidoptera) Тульской области. 1 // Эверсманния. Энтомологические исследования в России и соседних регионах. 2008. Вып. 13–14. С. 53–64. (*Bolshakov L.V., Nyukerken van E.Y., Piskunov V.I., Lovtsova Yu.A.* Additions and clarifications to the Lepidoptera fauna Tula region. 1 // Eversmannia. Entomological research in the Russia and adjacent region. 2008. № 13–14. P. 53–64.)
 18. *Kudrna O., Harpke A., Lux K. et al.* Distribution Atlas of Butterflies in Europe // Gesellschaft für Schmetterlingsschutz. V.Halle, 2011. 576 p.
 19. *Tshikolovets V.V.* Butterflies of Europe and the Mediterranean area. Pardubice: Tshikolovets Publ., 2011. 544 p.
 20. *Корб С.К., Большаков Л.Г.* Каталог булавоусых чешуекрылых (Lepidoptera: Papilioniformes) бывшего СССР. 2-е издание, переработанное и дополненное // Эверсманния. Энтомологические исследования в России и соседних регионах. Отдельный выпуск 2. Тула: Гриф и К°, 2011. 124 с. (*Korb S.K.,*

- Bolshakov L.V.* A catalogue of Butterflies (Lepidoptera: Papilionoformes) of the former USSR. Second Edition, reformatted and updated // Eversmannia. Entomological research in the Russia and adjacent region. 2016. Supplement № 2. P. 53–64.)
21. *Шварц С.С.* Экспериментальные методы исследования начальных стадий микроэволюционного процесса // Внутривидовая изменчивость наземных позвоночных животных и микроэволюция. Свердловск, 1966. С. 21–32. (*Schwartz S.S.* Experimental methods for the study of the initial stages of the microevolutionary process // Intraspecific variability of terrestrial vertebrates and microevolution. Sverdlovsk, 1966. P. 21–32.)
22. *Avise J.C.* Phylogeography: The History and Formation of Species. Cambridge, MA: Harvard Univ. Press, 2000. 464 p.
23. *Todisco V., Vodă R., Prosser S.W., Nazari V.* Next generation sequencing-aided comprehensive geographic coverage sheds light on the status of rare and extinct populations of *Aporia* butterflies (Lepidoptera: Pieridae) [Electronic resource] // Scientific Reports. 2020. V. 10. Режим доступа: <https://doi.org/10.1038/s41598-020-70957-4>
24. *Dapporto L., Menchetti M., Vodă R. et al.* The atlas of mitochondrial genetic diversity for Western Palearctic butterflies // Global Ecol. Biogeogr. 2022. P. 1–7. DOI: 10.1111/geb.13579
25. *Gascoigne-Pees M., Trew D., Pateman J., Verovnik R.* The distribution, life cycle, ecology and present status of *Leptidea morsei* (Fenton 1882) in Slovenia with additional observations from Romania (Lepidoptera: Pieridae) // Nachrichten des Entomologischen Vereins Apollo. 2008. V. 29 (3). P. 113–121.
26. *Kulakova O.I., Tatarinov A.G., Shadrin D.M.* Species composition of wood whites of the genus *Leptidea* Billberg (Lepidoptera, Pieridae) in Northeastern Europe based on DNA barcoding // Entomol. Review. 2022. V. 102. № 7. P. 2–9.
27. *Folmer O., Black M., Hoeh W. et al.* DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates // Mol. Marine Biology and Biotechnology. 1994. V. 3. P. 294–299.
28. *Thompson J.D., Higgins D.G., Gibson T.J.* Clustal W: Improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice // Nucl. Acids Res. 1994. V. 22 (22). P. 4673–4680. DOI: 10.1093/nar/22.22.4673
29. *Kumar S., Stecher G., Li M. et al.* MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across computing platforms // Mol. Biology and Evolution. 2018. V. 35(1). P. 1547–1549. DOI: 10.1093/molbev/msy096
30. NCBI. National Center for Biotechnology Information. Publ. on the Internet. 2024. [URL: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>] (Accessed 25 February 2024).
31. BOLD Systems. Published on the Internet. 2024. [URL: <http://www.boldsystems.org/>] (Accessed 15 February 2024).
32. *Rozas J., Ferrer-Mata A., Sánchez-DelBarrio J.C. et al.* DnaSP 6: DNA Sequence Polymorphism analysis of large data sets // Mol. Biology and Evolution. 2017. V. 34. Iss. 12. P. 3299–3302. <https://doi.org/10.1093/molbev/msx248>
33. *Bandelt H.J., Forster P., Röhl A.* Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies // Mol. Biology and Evolution. 1999. V. 16. Iss. 1. P. 37–48. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a026036>

Haplotypic Diversity of *Leptidea morsei* (Fenton, 1882) (Lepidoptera, Pieridae) on the Northwestern Periphery of the Area

O. I. Kulakova¹, *, D. M. Shadrin¹, A. G. Tatarinov¹

¹*Institute of Biology of Komi Science Centre of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, Syktyvkar, 167982 Russia*

**e-mail: kulakova@ib.komisc.ru*

The first data on haplotypic diversity in natural populations of the *L. morsei* in the north-east of the Russian plain and in the northern regions of the Urals have been obtained. Our interest is caused by the fact that the northwestern border of this species distribution passes here. Six haplotypes were identified, of which five were found only in the studied region. A comparative analysis of haplotypic diversity in different parts of the species range and the geographical distribution of haplotypes allowed us to draw a preliminary conclusion that the population groupings of *L. morsei* in the north-west of the range have greater genetic similarity with Asian populations than with isolated Central European ones. The settlement of this species to the north of the Russian Plain and the Urals in the post-Glacial epoch obviously took place along the south of the West Siberian Plain through the Southern Trans-Urals.

Keywords: *Leptidea morsei*, north-west, area, haplotypes, *COI*.