

ЗООЛОГИЯ

УДК 595.768.23

**РЕКОНСТРУКЦИЯ ФИЛОГЕНИИ ЖУКОВ НАДСЕМЕЙСТВА
Curculionoidea (Coleoptera) МЕТОДОМ SYNAP**

© 2006 г. А. А. Легалов

Институт систематики и экологии животных СО РАН, Зоомузей,
630091 Новосибирск, ул. Фрунзе, 11
E-mail: legalov@ngs.ru

Поступила в редакцию 04.02.2004 г.

Проведена реконструкция филогенетических связей семейств надсемейства Curculionoidea. К аутапоморфиям надсемейства Curculionoidea относятся более или менее явственная головотрубка, усики с ясной булавой и частично склеротизованный или полностью мембранный 9-й тергит у самцов. Семейства долгоносикообразных жуков можно разделить на 3 группы. К первой группе относится самое примитивное семейство Nemonychidae. Вторая группа состоит из 9 семейств (Anthribidae, Belidae, Oxycorynidae, Eucryptarthridae, Allocorynidae, Rhynchitidae, Attelabidae, Ithyiceridae и Brentidae). Третья группа ("высшие семейства") состоит из 6 семейств (Brachyceridae, Cryptolaryngidae, Dryophthoridae, Curculionidae, Scolytidae и Platypodidae).

Проблема филогенетических связей семейств, входящих в надсемейство Curculionoidea, и их количества остаются одними из основных вопросов в изучении долгоносикообразных жуков. С одной стороны, сложности филогенетических реконструкций в Curculionoidea вызваны древностью этой группы, известной с поздней юры (Пономаренко, Кирейчук, 2003), а с другой, огромным числом относящихся к ней таксонов (около 60 тыс. видов и более 6 тыс. родов). Триасовые Obrieniidae были недавно исключены из рассматриваемого надсемейства (Legalov, 2002).

Предпринимались многие попытки разработать естественную систему надсемейства. Практически все авторы признают существование семейств Nemonychidae, Anthribidae, Curculionidae и недавно описанного Eucryptarthridae (Арнольди, 1977; Thompson, 1992; Kuschel, 1995). В большинстве систем фигурируют также семейства Belidae, Oxycorynidae, Attelabidae, Ithyiceridae, Apionidae и Brentidae. Однако объем семейств Belidae, Oxycorynidae, Attelabidae, Apionidae, Brentidae и особенно Curculionidae, как правило, понимается по разному. Некоторые авторы рассматривают в качестве самостоятельных семейств Allocorynidae, Rhynchitidae, Brachyceridae, Dryophthoridae, Scolytidae, Platypodidae, Cimberididae, Urodontidae, Agylycyderidae, Raymondionymidae, Cryptolaryngidae, Antliarhinidae, Eurhynchidae, Pterocolidae, Erirhinidae, Nanophyidae и Barididae.

В разработке систем долгоносикообразных жуков прослеживаются два направления: фенетическое и филогенетическое. Фенетические системы, т.е. основанные на сходстве и определяемые как симплезиоморфиями, так и синапоморфиями, отличаются увеличением числа семейств в надсе-

мействе Curculionoidea, достигающим у современных авторов значительного количества (Thompson, 1992; Zimmermann, 1993а, б; 1994; Zherikhin, Gratshev, 1995; Alonso-Zarazaga, Lyal, 1999). Филогенетические системы, т.е. основанные на родственных связях (Расницын, 2002), определяемых синапоморфиями, берут свое начало с работ Кроусона и обычно сопровождаются уменьшением числа семейств (Crowson, 1955, 1981, 1984, 1985, 1986; Kuschel, 1995; Mortone, 1997; Marvaldi *et al.*, 2002).

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Для решения поставленной задачи нами был применен кладистический анализ (Павлинов, 1989, 1990; Расницын, 2002). Построение кладограмм с использование программ Hennig 86 и Phylip было отвергнуто, поскольку для нас важным являлось объяснение расчетов при построении схем. Результаты в PAUP 2.4.1 и SYNAP 420 получались аналогичные, особенно если применялось взвешивание признаков. Однако, так как SYNAP не только маркировала ветви филогенетическими событиями и позволяла следить за ходом расчетов, но и выдавала два дополнительных параметра (индекс продвинутости и индекс филогенетической связи), было решено реконструировать филогению с ее помощью (Байков, 1999). В работе приняты следующие сокращения: индекс продвинутости (ИП) – сумма продвинутых признаков; индекс филогенетической связи (ИФС) – равен ИП за вычетом уникальных продвинутых признаков. При одинаковом ИФС предпочтение отдавалось политомии (слиянию одинаковых узлов), возникновению уникального нового признака и минимуму реверсий. Матрица не оптимизиро-