

УДК 599.426:575.174.015.3(571.6)

DOI: 10.31433/978-5-904121-45-7-2026-64-69

**ВНУТРИВИДОВАЯ ИЗМЕНЧИВОСТЬ *MYOTIS PETAX*
И *MURINA HILGENDORFI* (VESPERTILIONIDAE, CHIROPTERA)
НА ЮГЕ ДАЛЬНЕГО ВОСТОКА РОССИИ**

У.В. Горобейко

ФНЦ биоразнообразия наземной биоты Восточной Азии ДВО РАН,
пр-т 100 летия Владивостока 159, г. Владивосток, 690022,
e-mail: ekz.bio@ya.ru, <https://orcid.org/0000-0001-8059-140X>

Исследована изменчивость последовательностей гена цитохрома Б митохондриальной ДНК для двух массовых широкоареальных видов рукокрылых Дальнего Востока России – *Myotis petax* и *Murina hilgendorfi*. Впервые выявлена генетическая неоднородность данных видов на территории Приморского края. Показано присутствие нескольких хорошо дифференцированных генетических линий на юге региона.

Ключевые слова: внутривидовая структура, восточная ночница, мтДНК, сибирский трубконос, цитохром Б.

**INTRASPECIFIC VARIABILITY OF *MYOTIS PETAX*
AND *MURINA HILGENDORFI* (VESPERTILIONIDAE,
CHIROPTERA) ON THE SOUTHERN RUSSIAN FAR EAST**

U.V. Gorobeyko

Variability in the mitochondrial DNA cytochrome B gene sequences was studied for two common and widespread bat species in the Russian Far East, *Myotis petax* and *Murina hilgendorfi*. Genetic heterogeneity was identified for the first time among these species in Primorsky Krai. The presence of several well-differentiated genetic lineages in the southern part of the region was demonstrated.

Keywords: cytB, Eastern Water bat, Hilgendorf's tube-nosed bat, intraspecific structure, mtDNA.

Отряд Chiroptera (Рукокрылые) – единственная группа млекопитающих, освоившая активный машущий полет [4], что способствует высокой мобильности ее представителей. Учитывая, что особенности иммунитета делают летучих мышей естественными резервуарами многих вирусов [4], крайне важным оказывается мониторинг природных популяций рукокрылых и отслеживание потенциального трансграничного переноса инфекционных агентов. В связи с чем, изучение внутривидовой генетической изменчивости на приграничных территориях может оказаться хорошим инструментом для выявления родственных связей дальневосточных рукокрылых.

Наиболее массовым видом в летний период и вторым по численности на зимовках на юге Дальнего Востока России является восточная ночница *Myotis*

petax Hollister, 1912 [2–4], в то время как в зимний период в подземных полостях численно преобладает сибирский трубконос *Murina hilgendorfi* (Peters, 1880) [2–4]. Сибирский трубконос и восточная ночница являются широкоареальными видами с трансграничным распространением: за пределами России их ареал включает Монголию, Китай, Японские о-ва и Корейский п-ов, что делает актуальным генетический мониторинг их природных популяций. Ранее была установлена генетическая структура восточной ночницы на основе последовательностей контрольного региона митохондриальной ДНК (мтДНК) и показано присутствие нескольких генетических линий на территории Дальнего Востока России [5]. Кроме того, выявлена неоднородность по последовательностям гена цитохрома Б (*cytB*) мтДНК зимовочных колоний восточной ночницы и сибирского трубконоса на юге Приморского края [1].

Продолжая данные исследования, целью настоящей работы было оценить внутривидовую изменчивость *Mu. petax* и *Mu. hilgendorfi* по последовательностям гена *cytB* мтДНК и соотнести выявленную изменчивость с ранее опубликованными данными. Для достижения данной цели с использованием стандартных методик получены полные последовательности гена *cytB* для 10 особей *Mu. hilgendorfi* и 7 особей *Mu. petax*, отловленных на территории Приморского края. Все работы были проведены на базе ЦКП ФНЦ Биоразнообразия ДВО РАН (г. Владивосток). Выравнивание полученных последовательностей проведено в программе BioEdit 7.0.9.0. [6]. Для сравнительного анализа использованы последовательности *cytB* мтДНК, депонированные в GenBank: 32 последовательности для *Mu. hilgendorfi* и 14 последовательностей для *Mu. petax* из России, Китая и Южной Кореи [7–14]. При построении сети гаплотипов *cytB* использовано программное обеспечение Network 10 (fluxus-engineering.com), для расчета использован метод «median-joining» и MP-calculation.

В общей сложности в анализ вошли 21 особь восточной ночницы, для которых было выделено 17 гаплотипов пяти генетических линий (рис. 1). Данные линии отчасти коррелируют с ранее описанными линиями по контрольному региону: S = Siberia, O = Okhotsk, K = Korea, J = Kunashir [5]. К линии S относится большинство особей из Приморского края и Новосибирска, а также особь из провинции Цзилинь (Китай). Помимо этого в Приморском крае спорадически отмечается линия O. Линия J обнаружена только в Японии и на о-ве Кунашир, линия K – исключительно в Южной Корее. Линия C (China) выделена нами впервые. Ареал ее охватывает как самые южные части ареала восточной ночницы (провинция Цзянси), так и более северную провинцию Цзилинь, где мы также находим особей линии S.

Среди проанализированных 42 особей сибирского трубконоса выявлен 31 гаплотип шести генетических линий (рис. 2). Большинство исследованных особей из Приморского края относятся к выделенной нами ранее центральной линии A [1], которая также выявлена у особи из Китая. Сильно дифференцированные генетические линии (B–F) представлены единичными особями. При этом разли-

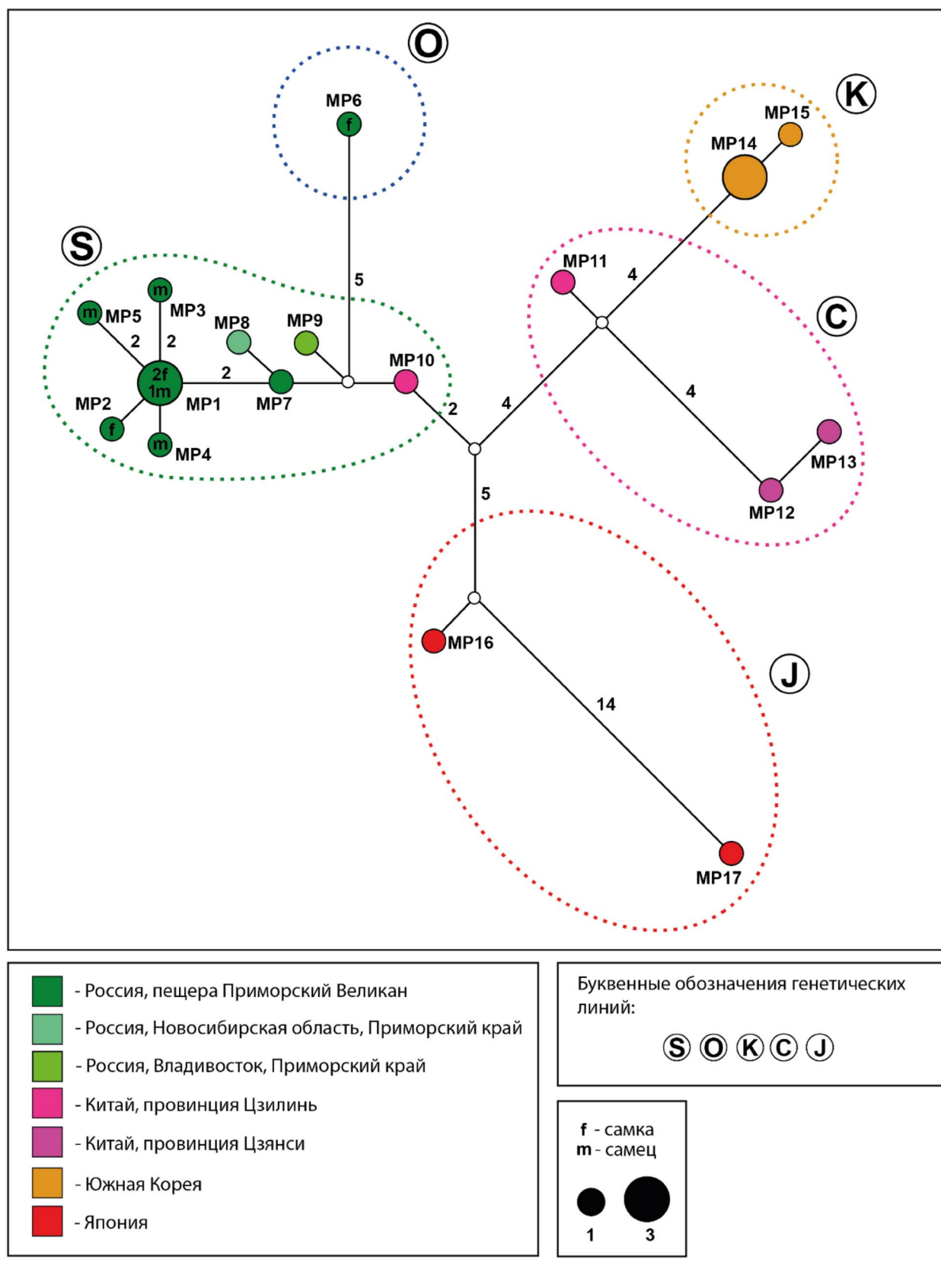


Рис. 1. Median-joining сеть гаплотипов *Myotis petax*

Fug. 1. Median-joining haplotype network for *Myotis petax*

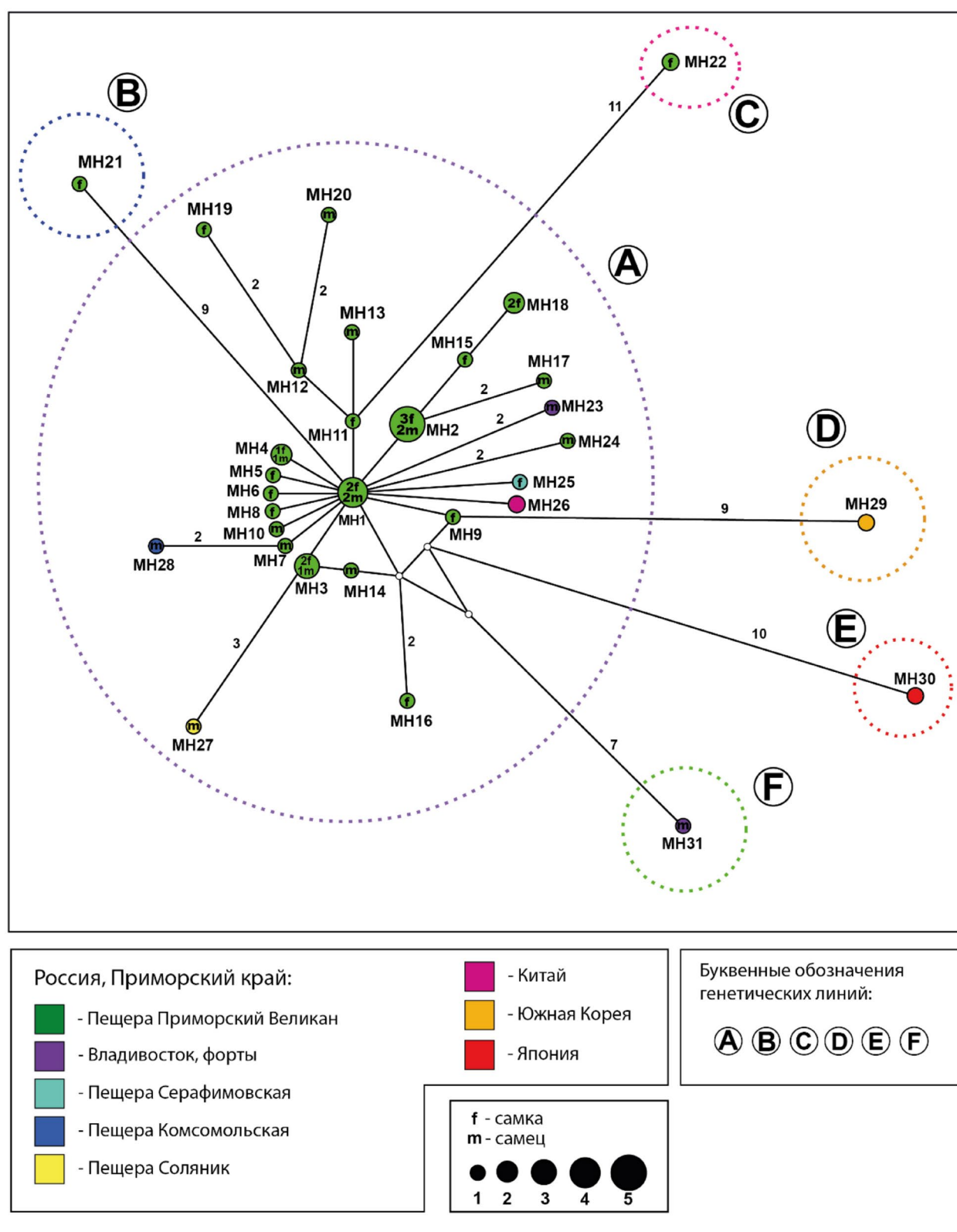


Рис. 2. Median-joining сеть гаплотипов *Murina hilgendorfi*

Fug. 2. Median-joining haplotype network for *Murina hilgendorfi*

чия между центральной линией А и географически удаленными линиями D и E (Япония и Южная Корея, соответственно) сопоставимы с различиями между линией А и линиями В, С и F, выявленными исключительно на территории Приморского края.

Полученные результаты свидетельствуют о высоком генетическом разнообразии сибирского трубконоса в Приморском крае, где присутствуют четыре сильно дифференцированные друг от друга линии мтДНК. Возможным объяснением наблюдаемой картины изменчивости может быть как существование на территории края множественных рефугиумов, так и недостаточный объем выборки, поскольку материал с большей части ареала сибирского трубконоса отсутствует. В силу этого нельзя исключить, что данные генетические линии в дальнейшем будут обнаружены на еще не исследованных территориях.

В настоящей работе мы не только находим подтверждение, что восточная ночница в Приморском крае представлена, по меньшей мере, двумя близкими генетическими линиями мтДНК, но и впервые показали, что особи линии S, по-видимому, проникают в провинцию Цзилинь Китая. Также впервые выделена еще одна обособленная генетическая линия С в самой южной части ареала восточной ночницы (провинция Цзянси), проникающая на север вплоть до провинции Цзилинь.

ЛИТЕРАТУРА:

1. Горобейко У.В., Шибаева В.В. Первые данные о генетической структуре зимовочных колоний *Murina hilgendorfi* (Peters, 1880) и *Myotis petax* Hollister, 1912 (Vespertilionidae: Chiroptera) в пещере Приморский Великан // Амурский зоологический журнал. 2025. Т. 17, № 2. С. 238–249. DOI: 10.33910/2686-9519-2025-17-2-238-249.
2. Тиунов М.П. Зимующие рукокрылые (Chiroptera) юга Дальнего Востока СССР // Зоологический журнал. 1985. Т. 64, № 10. С. 1595–1599.
3. Тиунов М.П. Рукокрылые Дальнего Востока России. Владивосток: Дальнаука, 1997. 134 с.
4. Тиунов М.П., Крускоп С. В., Орлова М.В. Рукокрылые Дальнего Востока России и их эктопаразиты. М.: Издательство «Перо», 2021. 191 с.
5. Gorobeyko U.V., Kazakov D.V., Kadetova A.A., Sheremetyeva I.N., Guskov V.Yu., Kartavtseva I.V., Dokuchaev N.E., Zakharov E.S., Krusko S.V. Intraspecific structure of *Myotis petax* Hollister, 1912 (Chiroptera: Vespertilionidae) based on mitochondrial DNA and morphological data // Vertebrate Zoology. 2025. Vol. 75. P. 87–106. DOI: 10.3897/vz.75.e134683.
6. Hall T.A. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT // Nucleic Acids Symposium Series. 1999. Vol. 41. P. 95–98.
7. Hwang J.Y., Jin G.D., Park J., Lee S.G., Kim E.B. Complete sequences of eastern water bat, *Myotis petax* (Chiroptera; Microchiroptera; Vespertilionidae) mitogenome // Mitochondrial DNA Part A. 2016. Vol. 27. P. 3715–3716. DOI:

- 10.3109/19401736.2015.1079871.
8. Kawai K., Nikaido M., Harada M., Matsumura S., Lin L.K., Wu Y., Hasegawa M., Okada N. The status of the Japanese and East Asian bats of the genus *Myotis* (Vespertilionidae) based on mitochondrial sequences // Molecular Phylogenetics and Evolution. 2003. Vol. 28, No. 2. P. 297–307. DOI: 10.1016/S1055-7903(03)00121-0.
 9. Kovacova V., Zukal J., Bandouchova H., Botvinkin A.D., Harazim M., Martínková N., Orlov O.L., Piacek V., Shumkina A.P., Tiunov M.P., Pikula J. White-nose syndrome detected in bats over an extensive area of Russia // BMC Veterinary Research. 2018. Vol. 14. P. 192. DOI: 10.1186/s12917-018-1521-1.
 10. Liu T., Jia J., Liu L., Wang J., Chen W., Miao G., Niu Y., Guo W., Zhang K., Sun K., Yu W., Zhou J., Feng J. New Insights into the Taxonomy of *Myotis* Bats in China Based on Morphology and Multilocus Phylogeny // Diversity. 2023. Vol. 15, No. 7. P. 805. DOI: 10.3390/d15070805.
 11. Sakai T., Kikkawa Y., Tsuchiya K., Harada M., Kanoe M., Yoshiyuki M., Yonekawa H. Molecular phylogeny of Japanese Rhinolophidae based on variations in the complete sequence of the mitochondrial cytochrome b gene // Genes & Genetic Systems. 2003. Vol. 78. P. 179–188. DOI: 10.1266/ggs.78.179.
 12. Tsytsulina K., Dick M.H., Maeda K., Masuda R. Systematics and phylogeography of the steppe whiskered bat *Myotis aurascens* Kuzyakin, 1935 (Chiroptera, Vespertilionidae) // Russian Journal of Theriology. 2012. Vol. 11. P. 1–20.
 13. Wu Z., Han Y., Wang Y., Liu B., Zhao L., Zhang J., Su H., Zhao W., Liu L., Bai S., Dong J., Sun L., Zhu Y., Zhou S., Song Y., Sui H., Yang J., Wang J., Zhang S., Qian Z., Jin Q. A comprehensive survey of bat sarbecoviruses across China in relation to the origins of SARS-CoV and SARS-CoV-2 // National science review. 2022. Vol. 10. P. nwac213. DOI: 10.1093/nsr/nwac213.
 14. Yoon G.B., Park Y.C. The complete mitogenome of the Korean greater tube-nosed bat, *Murina leucogaster* (Chiroptera: Vespertilionidae) // Mitochondrial DNA Part A. 2014. Vol. 27, No. 3. P. 2145–2146. DOI: 10.3109/19401736.2014.982598.