

**ВИДОВОЙ СОСТАВ И СОВРЕМЕННОЕ РАСПРОСТРАНЕНИЕ НОЧНИЦ (*MYOTIS*,
CHIROPTERA) АЛТАЕ-САЯНСКОЙ ГОРНОЙ СТРАНЫ И ЮЖНОГО УРАЛА ПО ДАННЫМ
МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКОГО АНАЛИЗА**

Жигалин А.В.¹, Коробицын И.Г.¹, Харинг Э.^{2,3}

1 – Национальный исследовательский Томский государственный университет, г. Томск, Россия

2 – Музей естественной истории, г. Вена, Австрия

3 – Венский университет, г. Вена, Австрия

alex-zhigalin@mail.ru

В последние несколько десятилетий молекулярно-генетических методы привнесли большие изменения в систематику отряда рукокрылые Chiroptera Blumenbach, 1779. Были уточнены филогенетические связи различных таксонов, обнаружено множество криптических видов. Однако ввиду нехватки материала с различных территорий остается множество вопросов, касающихся видового состава и распространения летучих мышей. Особо остро данная проблема касается ночниц *Myotis* Kaup, 1829 Сибири и Южного Урала, которые составляют ядро фауны рукокрылых этого региона и насчитывают большое количество криптических и редких видов. Так, например, не установлены точные границы распространения ночниц восточной *M. petax*, сибирской *M. sibiricus* и степной *M. davidii*, которые были выделены из состава ночниц водяной *M. daubentonii*, Бранда *M. brandtii* и усатой соответственно (Benda, Tsytulina, 2000; Kruskop et al., 2012; Matveev et al., 2005).

Нами было собрано 34 пробы (фрагмент хвостовой перепонки) на территории северной и центральной части Алтае-Саянской горной страны и 23 пробы от ночниц Южного Урала. В качестве сравнительного материала были взяты нуклеотидные последовательности различных ночниц Сибири из GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>). Выделение ДНК проводилось по протоколу, прилагаемому к DNeasy® Blood & Tissue Kit (250) фирмы QIAGEN. Для проведения ПЦР митохондриального гена ND1 были выбраны праймеры L2985 (5'-CCT CGA TGT TGG ATC AGG-3') и H4419 (5'-GTA TGG GCC CGA TAG CTT-3'). Секвенирование проб осуществлено компанией «Синтол» (Москва). После выравнивания нуклеотидных последовательностей в программе BioEdit v.7.2.5 была выполнена реконструкция филогенетических отношений на основании методов NJ, MP и ML. Подбор оптимальной мутационной модели был основан на критерии Байеса (BCI) (Tamura et al., 2013). Лучшей признана модель TN93. Анализ данных показал обитание в пределах Алтае-Саянской горной страны ночниц восточной *M. petax*, Иконникова *M. ikonnikovi*, сибирской *M. sibiricus*, остроухой *M. blythii* и прудовой *M. dasypneme*. Обнаружение в пределах северной и центральной части Алтае-Саянской горной страны ночницы сибирской позволяет расширить западные пределы ее распространения. Нами не обнаружено существенных генетических отличий между *M. sibiricus* и *M. gracilis*. Аналогичные результаты получены по маркеру Cytb (Kruskop et al., 2012). Большой интерес с точки зрения филогенетики представляет ночница остроухая *M. blythii* с Алтая, где обитает ее изолированная популяция (Стрелков, 1972). Ранее предлагалось выделить животных с этой территории в самостоятельный вид (Дзеверин, Стрелков, 2008). Молекулярно-генетический анализ, основанный на маркере Cytb (Kruskop et al., 2012) показал значительные (4,27%) внутривидовые различия в группе животных с Кавказа, Средней Азии и Алтая. Наши данные указывают на большую близость животных с Алтая и Киргизии (р дистанция 2,1%), нежели с животными из других регионов (р дистанция >5%). На Южном Урале были зарегистрированы ночницы водяная *M. daubentonii*, прудовая *M. dasypneme*, усатая *M. mystacinus* и степная *M. davidii*. Необходимо отметить, что находка *M. davidii*, отловленной на р. Большой Кизил, является первой на Южном Урале, что позволяет отодвинуть известную северную границу ее распространения на этой географической долготе (Tsytsulina et al., 2012) на 500–600 км. Таким образом, проведенная работа позволила уточнить распространение некоторых видов ночниц. Вместе с тем, границы распространения *M. petax* и *M. daubentonii*, а также *M. sibiricus* и *M. brandtii* остаются неизвестны.

Работа выполнена в рамках Госзадания, проект 6.657.2014/К.