

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ УШАНА ОГНЕВА (*PLECOTUS OGNEVI*) В СИБИРИ И НА ДАЛЬНЕМ ВОСТОКЕКазаков Д.В.¹, Перетолчина Т.Е.²

1 – Иркутский государственный университет, г. Иркутск, Россия

2 – Лимнологический институт СО РАН, г. Иркутск, Россия

kazakov.denis.95@mail.ru

Методы молекулярной биологии и популяционной генетики позволили выявить за последние 15–20 лет огромное криптическое разнообразие рукокрылых в Палеарктике (Spitzenberger et. al, 2006; Benda et. al, 2000; Matveev et. al, 2005). Пересмотру подверглись различные группы рукокрылых; показано существование в северо-восточной Палеарктике по меньшей мере 4-х пар викарирующих видов (Kruskor et. al., 2012). Цель нашего исследования состояла в изучении генетического разнообразия *P. ognevi* в Сибири и на Дальнем Востоке. Сбор материала проводили с июня по сентябрь 2015 г. на территории Иркутской области, Бурятии и Забайкальского края: Верхнее и Нижнее Приангарье, Восточный Саян, Приморский хребет, Баргузинский и Даурский заповедники. В качестве материала для выделения ДНК использовали фрагмент крыловой перепонки и мумифицированные останки. ДНК экстрагировали по модифицированному методу Дойла и Диксон (Doyle, Dickson, 1987), электрофоретическую детекцию проводили в 1%-ном агарозном геле. В качестве генетического маркера использовали фрагмент гена мтДНК, кодирующего CO1. Структура праймеров и параметры амплификации ДНК описаны в работах Н.В. Ивановой (2006, 2012). Нуклеотидные последовательности выравнивали с помощью BioEdit v. 7.2.5.0. Молекулярно-генетический анализ проводили с помощью программ DNASP v.5.10.00, TCS v.1.2.1. В ходе проведенного исследования последовательности CO1 длиной 607 п.н. определены для 42 представителей *P. ognevi* из различных районов Байкальского региона, кроме того, дополнительно из базы данных GenBank (номера доступа: JX008089, JF443104, JF443108–JF443128) использованы 23 последовательности из других районов Сибири и Дальнего Востока. В пределах вида обнаружено 18 варибельных сайтов, среди которых 15 содержат только транзиции, а 3 – только трансверсии. Анализ попарного распределения генетических дистанций показал, что наибольшее число попарных сравнений лежит в области маленьких генетических дистанций ($D=0,002$), что свидетельствует о низком генетическом полиморфизме на уровне митохондриального маркера. График распределения попарных генетических дистанций имеет унимодальную форму и демонстрирует соответствие ожидаемому распределению попарных генетических дистанций при модели популяционного роста. Совокупность статистических тестов таких, как Таджима D-тест, Fs тест и H тест с аутгруппой (*Plecotus kozlovi*) также показали, что генетическое разнообразие ушана Огнева сформировалось благодаря процессу экспансии. Простирающееся древо, построенное для исследуемого вида, показало существование 14 гаплотипов (из них 6 распространены в Байкальском регионе), при этом «центральный» гаплотип, включающий 70% всех нуклеотидных последовательностей окружен большим количеством единичных/синглетных гаплотипов. Географически «центральный» гаплотип встречается по всему ареалу *P. ognevi* от Алтая до Приморья. Наиболее высокое генетическое разнообразие отмечается на юге Забайкальского края – в Даурской степи, что может быть связано с экологическими особенностями местообитания. Климатические условия в Даурской степи резко контрастируют с таковыми в лесной зоне (где ушаны более распространены). Климат приближен к аридному – температура до +49 °С в тени и 150–350мм осадков в год. В Даурской степи ушаны лишены возможности выбирать предпочитаемые ими убежища древесного происхождения. В качестве убежищ в степи могут выступать трещины и скалах и немногочисленные постройки человека.

Таким образом, анализ генетического разнообразия *P. ognevi* показал существование одной большой популяции этого вида на территории Сибири и Дальнего востока, численность которой в настоящее время постоянно растет. Полученный филогеографический паттерн свидетельствует о том, что *P. ognevi* достаточно легко осваивает новые территории и местообитания в экосистемах.