

Генетическая гетерогенность восточной ночницы (*Myotis petax*, Hollister 1912)

Шаяхметова Л.^{1, 2*}, Батурина А.³, Маслов А.⁴, Графодатский А.¹,
Проскурякова А.¹

¹ Институт молекулярной и клеточной биологии СО РАН, Новосибирск, Россия

² Новосибирский государственный университет, Новосибирск, Россия

³ Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова, Москва, Россия

⁴ Институт систематики и экологии животных СО РАН, Новосибирск, Россия

* l.shayakhmetova@g.nsu.ru

Ключевые слова: *Myotis petax*; митохондриальная ДНК; генетическое разнообразие; филогенетическое древо; гаплотипическая сеть

Мотивация и цель: Летучие мыши рода *Myotis* представляют собой богатый видами таксон летучих мышей и имеют практически глобальное распространение. Обитающая в Западной Сибири *Myotis petax* Hollister, 1912, характеризуется широким ареалом, включающим островные популяции, и высокой плотностью на зимовках. Кроме того, *Myotis petax* демонстрирует роение – поведение, при котором большие многовидовые скопления собираются для спаривания. Это явление наблюдается в период с августа по октябрь, когда каждую ночь у входов в пещеры собираются тысячи летучих мышей разных родов [1]. Данные особенности делают *Myotis petax* интересным объектом с точки зрения изучения внутривидовой изменчивости. Ранее были проведены работы по описанию генетического разнообразия этого вида на территории Восточной Сибири [2, 3]. Исследования генетического разнообразия *Myotis petax* на территории Западной Сибири позволяют оценить, насколько вид массовый и процветающий на данной территории.

Методы и алгоритмы: Была получена выборка, состоящая из 65 образцов *Myotis petax*, собранных на территории Западной Сибири (Новосибирская и Кемеровская области, Республика Алтай). Для образцов была выделена ДНК и методом ПЦР получены последовательности контрольного участка D петли митохондриальной ДНК [4]. На следующем этапе мы провели филогенетический анализ, основанный на выравнивании нуклеотидных последовательностей участка мтДНК в программе MEGA [5]. Для анализа дополнительно были включены последовательности контрольного региона 32 особей, отловленных в разных географических регионах, из базы данных GenBank. Филогенетические отношения были реконструированы с помощью метода максимального правдоподобия (ML) [5]. В качестве внешней группы были выбраны 6 образцов из Кореи и Китая. Построение гаплотипической сети осуществлено с использованием программы POPART [6].

Результаты: В результате работы была построена гаплотипическая сеть, которая отличалась звездчатым типом. На территории Западной Сибири и Дальнего Востока популяции *Myotis petax* характеризуются высоким генетическим разнообразием. На территории от Новосибирской области и до Дальнего Востока не наблюдается кластеризации отдельных групп по географическим характеристикам, поэтому мы можем предположить, что внутри вида восточной

ночники отсутствуют репродуктивные преграды. Образцы из Кореи образовали сильно поддерживаемую кладу, более отдаленную, чем дальневосточные. Это может свидетельствовать о том, что существует поток генов между Западной Сибирью и Дальним Востоком, при этом популяция из Кореи имеет тенденцию к большей изолированности.

Выводы: Звездчатая структура гаплотипической сети свидетельствует о высоком уровне генетического полиморфизма у восточных ночниц на территории Западной Сибири и может указывать на то, что в недавней истории вида *Myotis petax* не происходило резкого сокращения численности и снижения разнообразия.

Финансирование: Исследование поддержано грантом РФФ (№ 19-14-00034-П).

Genetic heterogeneity of *Myotis petax*, Hollister 1912

Shayakhmetova L.^{1, 2*}, Baturina A.³, Maslov A.⁴, Graphodatsky A.¹, Proskuryakova A.¹

¹ Institute of Molecular and Cellular Biology, SB RAS, Novosibirsk, Russia

² Novosibirsk State University, Novosibirsk, Russia

³ Lomonosov Moscow State University, Moscow, Russia

⁴ Institute of Systematics and Ecology of Animals, SB RAS, Novosibirsk, Russia

* l.shayakhmetova@g.nsu.ru

Key words: *Myotis petax*; mitochondrial DNA; genetic diversity; phylogenetic tree; haplotype network

Motivation and Aim: *Myotis* bats comprise the most species-rich bat genus and have an almost global distribution. *Myotis petax* Hollister, 1912, living in Siberia, is characterized by a wide habitat, including island populations, and high density in hibernation sites. Also, *Myotis petax* exhibit autumnal swarming, a behavior where large, multi-species assemblages gather for mating. This phenomenon occurs between August and October, with thousands of bats from various genera gathering at cave entrances each night [1]. These characteristics make *Myotis petax* a fascinating subject for exploring intraspecific variability. Previously, work was carried out to describe the genetic diversity of this species in Eastern Siberia [2, 3]. Studies of the genetic diversity of *Myotis petax* in Western Siberia make it possible to assess how widespread and flourishing the species is in this territory.

Methods and Algorithms: During the study, 65 samples of *Myotis petax* were collected in Western Siberia (Novosibirsk and Kemerovo regions, Altai Republic). DNA was isolated for the samples and the sequences of the control region D loop of mitochondrial DNA were obtained by PCR [4]. At the next stage, we carried out a phylogenetic analysis based on the alignment of nucleotide sequences of the mtDNA region in the MEGA program. The control region sequences of 32 individuals from different geographic regions sourced from the GenBank database were additionally included for analysis. Phylogenetic relationships were reconstructed using the maximum likelihood (ML) method [5]. Additionally, 6 samples from Korea and China were selected as the outgroup. The haplotype network was constructed using the POPART program [6].

Results: As a result of the work, a haplotype network was constructed, which was distinguished by a star type. In Western Siberia and the Far East populations of *Myotis petax* are characterized by a high genetic diversity. Over the territory from Novosibirsk to the Far East no clustering of individual groups according to geographical

characteristics has been observed. We can assume that there are no reproductive barriers within the species of *Myotis petax*. Samples from Korea formed a strongly supported clade, more distant than those from the Far East. This may indicate that there is a gene flow between Siberia and the Far East, with the population from Korea tending to be more isolated.

Conclusion: In general, the star-shaped structure of the haplotype network indicates a high level of genetic polymorphism in *Myotis petax* in Western Siberia and may indicate that in recent history of the *Myotis petax* species there hasn't been a sharp decline in number and diversity.

Funding: The study is supported by the Russian Science Foundation (No. 19-14-00034-П).

Список литературы/References

1. Foley N.M., Harris A.J., Bredemeyer K.R. et al. Karyotypic stasis and swarming influenced the evolution of viral tolerance in a species-rich bat radiation. *Cell Genomics*. 2024;4(2):100482. doi 10.1016/J.XGEN.2023.100482
2. Gorobeyko U.V., Kartavtseva I.V., Sheremetyeva I.N., Kazakov D.V., Guskov V.Y. DNA-barcoding and a new data about the karyotype of *Myotis petax* (Chiroptera, Vespertilionidae) in the Russian Far East. *Comp Cytogenet*. 2020;14(4):483-500. doi 10.3897/CompCytogen.v14i4.54955
3. Gorobeyko U.V. et al. A new type of tandem repeats in *Myotis petax* (Chiroptera, Vespertilionidae) mitochondrial control region. *Mol Biol Rep*. 2023;50(6):5137-5146. doi 10.1007/s11033-023-08468-4
4. Горобейко У.В. Морфологическая и генетическая изменчивость восточной ночицы *Myotis petax* Hollister, 1912 на юге Дальнего Востока России. Дисс. канд. биол. наук. 2021 [Gorobeyko U.V. Morphological and genetic variability of the eastern noctule *Myotis petax* Hollister, 1912 in the south of the Russian Far East. Diss. Ph. D. biol. Sci. 2021 (in Russian)]
5. Tamura K., Stecher G., Kumar S. MEGA11: Molecular evolutionary genetics analysis version 11. *Mol Biol Evol*. 2021;38(7):3022-3027. doi 10.1093/MOLBEV/MSAB120
6. Leigh J.W., Bryant D. POPART: full-feature software for haplotype network construction. *Methods Ecol Evol*. 2015;6:1110-1116. doi 10.1111/2041-210X.12410