

**Скрытое таксономическое разнообразие и границы видов листоносов
Индокитая**

Научный руководитель – Крускоп Сергей Вадимович

Юзефович Александр Павлович

Студент (бакалавр)

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Кафедра зоологии позвоночных, Москва, Россия

E-mail: yuzefovich2015elf@gmail.com

Род *Hipposideros* относится к крупнейшим в классе млекопитающих. Данные баркодинга показали наличие множества криптических форм внутри индокитайских представителей рода, однако сложность таксономической структуры требует комплексного подхода с использованием ядерных маркеров.

Нами произведён филогенетический анализ 14 видов рода *Hipposideros*. Отсеквенированы 7 фрагментов ядерных генов: фрагмент гена ABHD11 (460 п.н.), ACOX2 (569 п.н.), COPS (722 п.н.), RAG2 (1035 п.н.), ROGDI2 (501 п.н.), SORBS2 (594 п.н.), THY (546 п.н.). По ним методом максимального правдоподобия построены филогенетические деревья. Полученная выборка из 7000 деревьев объединена в супердерево с использованием алгоритма matrix representation. Для определения достоверности полученной топологии использовали процедуру stratified bootstrap со 100 репликами. Поддержки узлов внутри деревьев по каждому из генов рассчитаны при помощи bootstrap-процедуры в 1000 реплик.

Монофилия группы *bicolor* s.str. хорошо поддержана всеми генами. Базальное положение занимал *H. halophyllus*, за исключением гена ACOX2. По всем генам деревья, включавшие *H. khaokhouayensis*, показывали его сестринское положение к *H. rotoma*, либо имели низкие поддержки в этих узлах. Гены ABHD11 и ROGDI2 показывают более базальное положение *H. cineraceus* относительно *H. rotoma* и *H. khaokhouayensis*. Такое же положение этого таксона показывает дерево, построенное по всем генам.

Монофилия *H. rotoma* поддержана 4 генами и супердеревом. Формы этого вида с Контумского плато оказались парафилетичны относительно образца из равнинных лесов южного Вьетнама (Бао Лам), что показывает недавнее разделение данных популяций и предшествовавший ему обмен генами. Полученные данные по мтДНК отражают события гибридизации популяции из Контума с *H. khaokhouayensis*. На супердереве была поддержана монофилия форм из Каттиена и Бин Чау, а положения образцов из Центрального Нагорья и острова Кать Ба оказались неразрешёнными.

H. cineraceus строго монофилетичен по 3 генам, а дистанции между особями из центрального и южного Вьетнама оказались незначительны, что не соответствует митохондриальным данным.

Положение *H. galeritus* в нашем анализе остаётся спорным. По RAG2 наиболее близкородственным к *bicolor* s.str. являются африканские *H. ruber* и *H. abae*. Положение другого африканского вида *H. jonesi* в нашем анализе не было разрешено, а на общем дереве оказалось самым базальным внутри рода.

Монофилия крупных представителей рода хорошо поддержана 3 генами. Форма *H. larvatus poutensis* не конспецифична представителям *H. grandis* и *H. cf. larvatus* из Таиланда (последовательности из GenBank). На дереве по всем генам *H. grandis* из Каттиена занимает сестринское положение к конспецификам с Контумского плато. Сестринское положение на супердереве отражает близкородственные отношения *H. armiger* с представителями группы *larvatus* s.str. Филогенетические отношения других видов внутри крупных гипосидерид остаются спорными.

