

Phylogeography of the Black Kite Based on Mitochondrial Cytochrome B Gene Polymorphism

ФИЛОГЕОГРАФИЯ ЧЁРНОГО КОРШУНА НА ОСНОВЕ ПОЛИМОРФИЗМА МИТОХОНДРИАЛЬНОГО ГЕНА ЦИТОХРОМА В

Andreenkova N.G., Andreenkov O.V. (Institute of Molecular and Cellular Biology SB RAS, Novosibirsk, Russia)

Karyakin I.V. (Sibecocenter LLC, Novosibirsk, Russia)

Starikov I.Yu., Wink M. (Institute of Pharmacy and Molecular Biotechnology – Heidelberg University, Heidelberg, Germany)

Zhimulev I.F. (Institute of Molecular and Cellular Biology SB RAS; Novosibirsk State University, Novosibirsk, Russia)

Андреенкова Н.Г., Андреенков О.В. (ФГБУН Институт молекулярной и клеточной биологии СО РАН, Новосибирск, Россия)

Карякин И.В. (ООО «Сибэкоцентр», Новосибирск, Россия)

Стариков И.Ю., Винк М. (Институт фармацевтики и молекулярной биотехнологии – Университет Гейдельберга, Гейдельберг, Германия)

Жимулёв И.Ф. (ФГБУН Институт молекулярной и клеточной биологии СО РАН; Новосибирский государственный университет, Новосибирск, Россия)

Контакт:

Наталья Андреенкова
ИМКБ СО РАН
пр. Ак. Лаврентьева, 8/2
Новосибирск,
Россия, 630090
cykuta@ngs.ru

Олег Андреенков
oleg_andreenkov@
mail.ru

Иван Стариков
silberalk@gmail.com

Игорь Карякин
ikar_research@mail.ru

Игорь Жимулёв
zhimulev@mcb.nsc.ru

Contact:

Natalya Andreenkova
Institute of Molecular
and Cellular Biology
SB RAS
Acad. Lavrentiev Ave.
8/2
Novosibirsk
Russia, 630090
cykuta@ngs.ru

Oleg Andreenkov
oleg_andreenkov@
mail.ru

Igor Karyakin
ikar_research@mail.ru

Ivan Starikov
silberalk@gmail.com

Чёрный коршун (*Milvus migrans*) распространён на Евразийском континенте, в Африке и Австралии. Он интересен тем, что успешно приспосабливается к антропогенному ландшафту, и его численность в последнее время растёт. Выделяют несколько подвидов чёрного коршуна, однако информация о филогении и структуре популяции вида до сих пор оставалась крайне скудной. Попытки выяснить филогенетические отношения между подвидами на основе последовательностей ДНК до сих пор ограничивались очень небольшими выборками особей, в основном из Европы.

Мы собрали образцы тканей около 550 особей чёрного коршуна 4-х подвидов из разных точек Евразии (включая страны Европы, Россию, Казахстан, Монголию, Пакистан и Индию), а также из Австралии. Используя данные по полиморфизму митохондриального гена *cytochrome b* (*CytB*), мы показали, что географическое распределение гаплотипов евразийских коршунов хорошо согласуется с данными фенотипического анализа и соответствует ареалам трёх подвидов: *M. m. migrans*, *M. m. lineatus*, *M. m. govinda*. Таким образом, можно утверждать, что полиморфизм *CytB* позволяет разделить эти подвиды.

Анализ сети гаплотипов *CytB* показал, что популяция чёрных коршунов Северной Евразии, по-видимому, была разделена на восточный и западный фрагменты во время последнего оледенения. После

The Black Kite (*Milvus migrans*) is common on the Eurasian continent, in Africa and Australia. This raptor's successful adaptation to the anthropogenic landscape is intriguing, and the Black Kite's abundance had recently been increasing. There are several subspecies of the Black Kite, but information about the phylogeny and structure of the species population remains extremely scarce. Attempts to clarify the phylogenetic relationships between subspecies based on DNA sequences have so far been confined to a very small sample of individuals, a majority of which were obtained in Europe.

We collected tissue samples of about 550 Black Kite individuals of four subspecies from different locations in Eurasia (including the countries of Europe, Russia, Kazakhstan, Mongolia, Pakistan, and India), as well as from Australia. Using the data on the mitochondrial *cytochrome b* gene (*CytB*) polymorphism, we showed that the geographical distribution of haplotypes corresponds to the distribution of three subspecies of Black Kite in Eurasia (*M. m. migrans*, *M. m. lineatus*, *M. m. govinda*) and is in good agreement with phenotypic analysis of Eurasian Black Kites. Thus, it can be stated that *CytB* polymorphism allows to clearly separate these subspecies.

Analysis of the *CytB* haplotypes network showed that the Black Kite population in Northern Eurasia was divided into eastern and western groups during the Pleistocene

Michael Wink
wink@uni-heidelberg.de

Igor Zhimulev
zhimulev@mcb.nsc.ru

потепления и распространения лесной растительности ареалы этих популяций стали расширяться и на данный момент образовали широкую зону интерградации в Западной Сибири (фактически от Средней Волги до Алтая включительно). В то же время оказалось, что *M. m. govinda* и *M. m. affinis* принадлежат к одной ветви филогенетического дерева, хотя на данный момент считается, что они не контактируют друг с другом. По всей видимости, эта ветвь чёрных коршунов за небольшой срок расселилась на территории Южной Азии и Австралии в конце Плейстоцена.

Работа поддержана бюджетным проектом 0310-2018-0010.

glaciations. Due to warming and forest expansion, the areas of these populations began to grow intensively and to date have formed a wide intergradations zone in Western Siberia (from the Middle Volga to Altai). It also turned out that the South Asian subspecies *M. m. govinda* and the Australian *M. m. affinis* belong to the same branch of the phylogenetic tree, although it is now considered that these populations have no contact with each other. Apparently, this branch of the Black Kite has settled in South Asia and Australia in a short period of time at the end of the Pleistocene.

The work is supported by the budget project 0310-2018-0010.

Рис. 1. Места сбора образцов.

Fig. 1. Sample collection locations.

