

**Phylogeny and Phylogeography of Raptors****ФИЛОГЕНИЯ И ФИЛОГЕОГРАФИЯ ХИЩНЫХ ПТИЦ****Жыртқыш құстардың филогениясы және филогеографиясы****GENETIC RELATIONSHIPS IN BLACK KITES (*MILVUS MIGRANS*) FROM NORTHEAST ASIA, JAPAN, TAIWAN, INDIA AND AUSTRALIA: DOES *M. M. FORMOSANUS* EXIST?**

Andreyenkova N.G (Institute of Molecular and Cellular Biology SB RAS, Novosibirsk, Russia)

Hong Sh-Y. (Institute of Wildlife Conservation, College of Veterinary Medicine National Pingtung University of Science and Technology; Raptor Research Group of Taiwan, Taiwan)

Lin H-Sh. (Institute of Wildlife Conservation, College of Veterinary Medicine, National Pingtung University of Science and Technology; Raptor Research Group of Taiwan; Graduate Institute of Bioresources, National Pingtung University of Science and Technology, Taiwan)

Karyakin I.V. (Russian Raptor Research and Conservation Network; Sibecocenter LLC, Novosibirsk, Russia)

Iwami Y. (Yamashina Institute for Ornithology, Abiko, Japan)

Kirillin R.A. (Institute for Biological Problems of Cryolithozone SB RAS, Yakutsk, Russia)

Literák I. (Faculty of Veterinary Hygiene and Ecology, University of Veterinary Sciences Brno, Czech Republic)

**Contact:**

Natalya Andreyenkova  
anata@mcb.nsc.ru

Shiao-Yu Hong  
laughrain@gmail.com

Hui-Shan Lin  
blackkite@gmail.com

Igor Karyakin  
ikar\_research@mail.ru

Yasuko Iwami  
iwami@yamashina.or.jp

Ruslan Kirillin  
ruslan.kirillin@gmail.com

Ivan Literák  
Literaki@VFU.cz

**Recommended citation:** Andreyenkova N.G, Hong Sh-Y, Lin H-Sh, Karyakin I.V., Iwami Y., Kirillin R.A., Literák I. Genetic Relationships in Black Kites (*Milvus migrans*) from Northeast Asia, Japan, Taiwan, India and Australia: Does *M. m. formosanus* Exist? – Raptors Conservation. 2023. S2: 335–339. DOI: 10.19074/1814-8654-2023-2-335-339 URL: <http://rrcn.ru/en/archives/35126>

The range of the Black Kite (*Milvus migrans*) includes vast territories in Eurasia, Africa, and Australia. This raptor demonstrates unique ecological plasticity, inhabiting a variety of biotopes and readily taking the advantages of living close to humans.

According to various sources, the Black Kite has from five to seven subspecies. Two of them inhabit in the Palearctic: the western part is occupied by the European Black Kite (*M. m. migrans*), and the eastern – by the Black-Eared Kite (*M. m. lineatus*). The islands of Japan are also inhabited by *M. m. lineatus*, however, this population is rather isolated from the mainland and may be genetically different. The routes of seasonal movements of these birds do not extend beyond the Japanese islands, while all the mainland kites of the eastern Palearctic make long-distance migrations from north to south and back. India and Indochina are inhabited by the Indo-Malayan subspecies (*M. m. govinda*), while Australia and

adjacent islands are populated by (*M. m. affinis*). In addition, in the eastern part of mainland China, in Taiwan and Hainan, *M. m. formosanus* resembling the smaller form of *M. m. lineatus* was described at the beginning of the 20<sup>th</sup> century. Since then, this subspecies has been officially included in all taxonomic lists, but it has never been specifically studied. Since the first description of *M. m. formosanus*, the populations of the Black kite, like many other birds, have experienced a sharp decline in these areas due to intensive use of pesticides in agriculture. Currently, there is no data confirming the existence of *M. m. formosanus* as an independent genetic branch of the Black Kite.

Previously, we found that Black Kite subspecies of Europe, North Asia, and India are genetically distinct and have their own haplogroups of the mitochondrial cytochrome B (CytB) gene. However, the low variability of the gene made it impossible

to detect differences between the populations of India and Australia. Deciding to investigate the eastern subspecies in more detail, we analyzed the CytB and ND2 mitochondrial genes in the Black Kite populations of northeast Asia, India, Taiwan, Japan, and Australia. We found that Japanese kites carry only one of the two main haplogroups of Asian *M. m. lineatus*, indicating recent isolation from the mainland. The populations of India and Australia turned out to be very close genetically, but clearly separated by mitochondrial markers. Apparently, their common ancestor existed only about 100 thousand years ago, during the Last Glacial Period.

Exploring nesting kites in Taiwan, we found both *M. m. lineatus* mitochondrial haplogroups, and a new haplogroup, which has never been found in other

populations so far. Perhaps, in the recent past, an independent genetic branch of the Black Kite really lived on the island and it was quite isolated from the mainland. However, the recent decline in the local population, as well as the intensive expansion of *M. m. lineatus* led to the fact that the descendants of both subspecies currently inhabit Taiwan. In addition, a sharp decline in the number of kites in the 1970s apparently led to the formation of two genetically different populations in southern and northern Taiwan. The existence of such isolation with a relatively small distance between these populations is surprising and requires further research.

The research is supported by the Russian Science Foundation (project no. 23-24-00185).

## ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РОДСТВО ПОПУЛЯЦИЙ ЧЕРНОГО КОРШУНА (*MILVUS MIGRANS*) ЮГО-ВОСТОЧНОЙ АЗИИ, ЯПОНИИ, ТАЙВАНЯ, ИНДИИ И АВСТРАЛИИ: СУЩЕСТВУЕТ ЛИ *M. M. FORMOSANUS*?

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

Хун Ш.-Ю. (Институт охраны дикой природы, Колледж ветеринарной медицины, Национальный университет науки и технологий Пиндун; Тайваньская исследовательская группа по хищным птицам, Тайвань)

Линь Х.-Ш. (Институт охраны дикой природы, Колледж ветеринарной медицины, Национальный университет науки и технологий Пиндун; Тайваньская исследовательская группа по хищным птицам; Высший институт биоресурсов, Национальный университет науки и технологий Пиндун, Тайвань)

Карякин И.В. (Российская сеть изучения и охраны пернатых хищников; ООО «Сибирский экологический центр», Новосибирск, Россия)

Ивами Я. (Институт орнитологии Ямашины, Абики, Япония)

Кириллин Р.А. (Институт биологических проблем криолитозоны СО РАН, Якутск, Россия)

Литерак И. (Факультет ветеринарной гигиены и экологии, Университет ветеринарных наук Брно, Чехия)

---

Рекомендуемая цитата: Андреенкова Н.Г., Хун Ш.-Ю., Линь Х.-Ш., Карякин И.В., Ивами Я., Кириллин Р.А., Литерак И. Генетическое родство популяций черного коршуна (*Milvus migrans*) юго-восточной Азии, Японии, Тайваня, Индии и Австралии: существует ли *M. m. formosanus*? – Пернатые хищники и их охрана. 2023. Спецвып. 2. С. 335–339. DOI: 10.19074/1814-8654-2023-2-335-339 URL: <http://rrrcn.ru/ru/archives/35126>

---

Ареал чёрного коршуна (*Milvus migrans*) захватывает обширные территории в Евразии, Африке и Австралии. Этот пернатый хищник демонстрирует уни-

кальную экологическую пластичность, населяя самые разные биотопы и охотно используя преимущества проживания рядом с человеком.

**Контакт:**

Наталья Андреевкова  
anata@mcib.nsc.ru

Шиао-Ю Хун  
laughrain@gmail.com

Хуэй-Шань Линь  
blackkite@gmail.com

Игорь Карякин  
ikar\_research@mail.ru

Ясуко Ивами  
iwami@yamashina.or.jp

Руслан Кириллин  
ruslan.kirillin@gmail.com

Иван Литерак  
LiterakI@VFU.cz

По разным данным черный коршун имеет от пяти до семи подвидов. В Палеарктике обитают два из них: западную часть занимает европейский черный коршун (*M. m. migrans*), а восточную – черноухий коршун (*M. m. lineatus*). Острова Японии также населены *M. m. lineatus*, однако эта популяция существует достаточно изолированно от материковой и может отличаться от нее генетически. Маршруты сезонных передвижений этих птиц не выходят за пределы Японских островов, тогда как все материковые коршуны восточной Палеарктики совершают дальние миграции с севера на юг и обратно. Индию и Индокитай населяет индомалайский подвид (*M. m. govinda*), а в Австралии и на прилегающих к ней островах обитает *M. m. affinis*. Кроме того, на территории восточной части материкового Китая, на Тайване и Хайнане, в начале XX века был описан *M. m. formosanus*, напоминающий мелкую форму *M. m. lineatus*. С тех пор этот подвид официально присутствует во всех таксономических списках, однако он никогда прицельно не изучался. С момента описания *M. m. formosanus* популяции чёрного коршуна, как и многих других птиц, на этих территориях пережили резкое сокращение из-за интенсивного применения пестицидов в сельском хозяйстве. В настоящее время нет никаких данных, подтверждающих существование *M.*

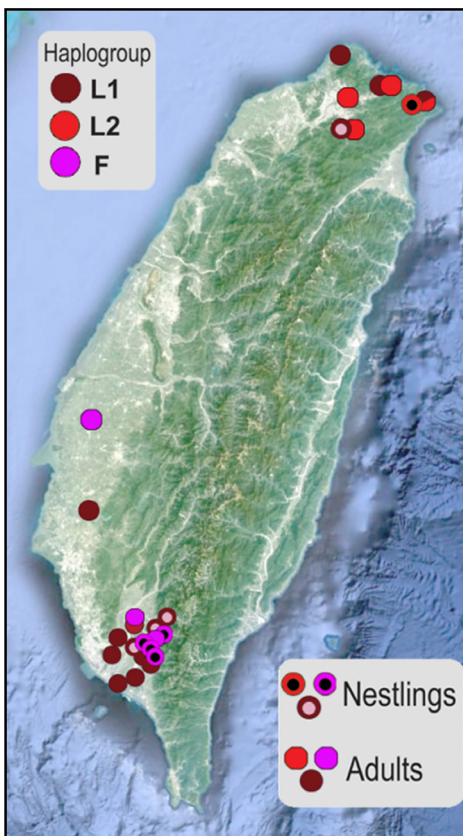
*m. formosanus* как самостоятельной генетической ветви черного коршуна.

Ранее мы обнаружили, что подвиды черного коршуна Европы, Северной Азии и Индии отличаются генетически и имеют собственные гаплогруппы митохондрии.

Однако низкая вариабельность этого гена не позволила обнаружить различия между популяциями Индии и Австралии. Решив более детально исследовать восточные подвиды, мы проанализировали гены CytB и ND2 в популяциях черного коршуна северо-восточной Азии, Индии, Тайваня, Японии и Австралии. Оказалось, что японские коршуны несут только одну из двух основных гаплогрупп азиатских *M. m. lineatus*, что свидетельствует о недавней изоляции от материка. Популяции Индии и Австралии оказались очень близкими генетически, однако чётко разделились по митохондриальным маркерам. По-видимому, их общий предок существовал всего около 100 тысяч лет назад, во время последнего оледенения.

Исследуя гнездящихся коршунов Тайваня, мы обнаружили как носителей митохондриальных гаплогрупп *M. m. lineatus*, так и носителей новой гаплогруппы, которая до сих пор ни разу не встречалась в других популяциях. Возможно, в недавнем прошлом на острове действительно обитала самостоятельная генетическая ветвь черного коршуна, которая была достаточно изолированной от материка. Однако спад численности местной популяции, а также интенсивное расселение *M. m. lineatus* привели к тому, что в настоящее время Тайвань населяют потомки обоих подвидов. Кроме того, резкое снижение численности коршуна в 1970-е годы, по-видимому, привело к формированию двух генетически различных популяций черного коршуна на юге и севере Тайваня. Существование такой изоляции при относительно небольшом расстоянии между этими популяциями вызывает удивление и требует дальнейших исследований.

Исследование выполнено за счёт гранта РФФИ проект № 23-24-00185.



*Distribution of the Black Kite (Milvus migrans) CytB+ND2 haplogroups in Taiwan. Circles represent collection sites. Nestlings and adult birds samples are denoted by circles as shown in the lower legend. Circle colours refer to haplogroups L1, L2 and F as shown in the upper legend (a sample carrying haplotype h6, which is not included in these haplogroups, is colored as L1/L2 in half).*

Распространение гаплогрупп CytB + ND2 чёрного коршуна (Milvus migrans) на Тайване. Круги обозначают места сбора. Образцы птенцов и взрослых птиц обозначены кружками, как показано в нижней легенде. Цвета кружков относятся к гаплогруппам L1, L2 и F, как показано в верхней легенде (образец, несущий гаплотип h6, который не включен в эти гаплогруппы, окрашен пополам как L1/L2).

Тайваньдағы қара кезқұйрықтың (Milvus migrans) CytB + ND2 гаплогрупптарының таралуы. Шенберлер жиналатын орындарды көрсетеді. Балапандар мен ересек құстардың үлгілері төменгі белгіде көрсетілгендей шенберлермен көрсетілген. Шенберлердің түстері жоғарғы белгіде көрсетілгендей L1, L2 және F гаплогрупптарына жатады (осы гаплогрупптарға кірмейтін h6 гаплотипін тасымалдайтын үлгі L1/L2 ретінде жартысы боялған).

## ОҢТҮСТІК-ШЫҒЫС АЗИЯ, ЖАПОНИЯ, ТАЙВАН, ҮНДІСТАН ЖӘНЕ АВСТРАЛИЯ ЕЛДЕРІНДЕ ҚАРА КЕЗҚҰЙРЫҚ (*MILVUS MIGRANS*) ПОПУЛЯЦИЯСЫНЫҢ ГЕНЕТИКАЛЫҚ ТУЫСТЫҒЫ: М. М. FORMOSANUS ТҮРШЕСІ БАР МА?

Андреенкова Н.Г. (Молекулярлық және жасушалық биология институты PFA СБ, Новосибирск, Ресей)

Хун Ш.-Ю. (Жабайы табиғатты қорғау институты, Ветеринарлық медицина колледжі, Пиндун ұлттық ғылым және технология университеті; Тайван жыртқыш құстарды зерттеу тобы, Тайван)

Линь Х.-Ш. (Жабайы табиғатты қорғау институты, Ветеринарлық медицина колледжі, Пиндун ұлттық ғылым және технология университеті; Тайван жыртқыш құстарды зерттеу тобы; Жоғары биоресурс институты Пиндун ұлттық ғылым және технология университеті, Тайван)

Карякин И.В. (Ресейлік қанатты жыртқыштарды зерттеу және қорғау желісі; «Сібір экологиялық орталығы» ЖШҚ)

Ивами Я. (Ямашина орнитология институты, Абикио, Жапония)

Кириллин Р.А. (Криолитозонаның биологиялық проблемалары институты PFA СБ, Якутск, Ресей)

Литерак И. (Брно ветеринария ғылымдары университеті, Ветеринариялық гигиена және экология факультеті, Чехия)

### Контакт:

Наталья Андреенкова  
anata@mcib.nsc.ru

Шио-Ю Хун  
laughrain@gmail.com

Хузэй-Шань Линь  
blackkite@gmail.com

Игорь Карякин  
ikar\_research@mail.ru

Ясуко Ивами  
iwami@yamashina.or.jp

Руслан Кириллин  
ruslan.kirillin@gmail.com

Иван Литерак  
Literaki@VFU.cz

Ұсынылатын дәйексөз: Андреенкова Н.Г., Хонг Ш.-Ю., Линь Х.-Ш., Карякин И.В., Ивами Я., Кириллин Р.А., Литерак И. Оңтүстік-шығыс Азия, Жапония, Тайван, Үндістан және Австралия елдерінде қара кезқұйрық (*Milvus migrans*) популяциясының генетикалық туыстығы: *M. m. formosanus* түршесі бар ма? – Пернатые хищники и их охрана. 2023. Спецвып. 2. С. 335–339. DOI: 10.19074/1814-8654-2023-2-335-339 URL: <http://rrrcn.ru/ru/archives/35126>

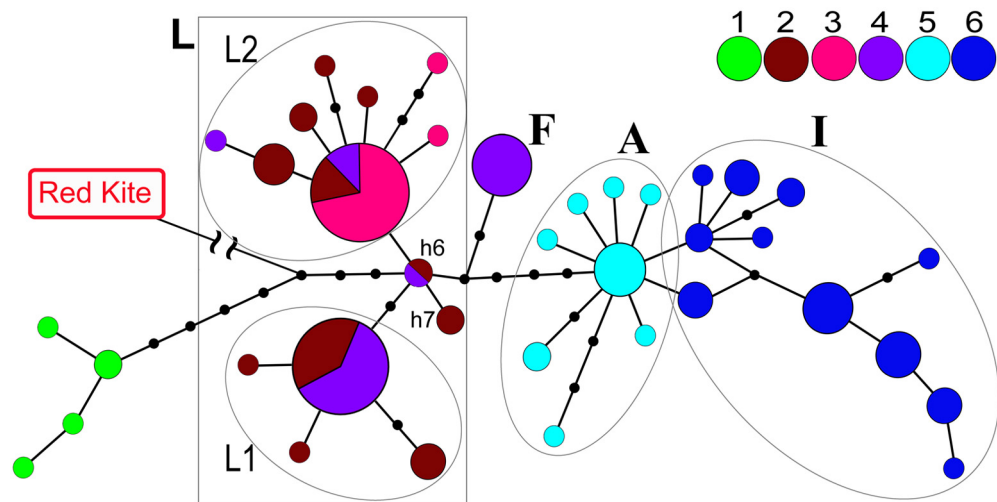
Қара кезқұйрықтың (*Milvus migrans*) таралу аймағы Еуразия, Африка және Австралияның ауқымды көлемін алып жатыр. Бұл қанатты жыртқыш өзінің экологиялық икемділігімен, түрлі биотоптарды қоныстап, адам жанында тіршілік етуді пайдаға асыруда.

Түрлі деректерге сәйкес қара кезқұйрықтың бестен жетіге дейін түршелері бар. Палеарктикада екі түршесі: батыс бөлігін еуропалық қара кезқұйрық (*M. m. migrans*), шығыс бөлігін қара құлақты кезқұйрық (*M. m. lineatus*) мекендейді. Соңғысы *M. m. lineatus* Жапония аралдарын да қоныстайды, алайда бұл популяция материктіктен едәуір оқшауланған, сол себепті генетикалық жағынан ерекшеленуі мүмкін. Бұл құстардың көшіп-қону бағдары Жапония аралдары шегінде ғана, ал шығыс Палеарктикадағы бүкіл материктік кезқұйрық солтүстіктен оңтүстікке және кері қарай ұзақ жолды миграция жасайды. Үндістан және Үндіқы-

тай аумағын үндімалай түршесі (*M. m. govinda*), ал Австралия және оған іргелес аралдарды (*M. m. affinis*) түршесі мекен етеді. Сонымен қатар, XX ғасыр басында материктік Қытайдың шығыс жақ бөлігінде, Тайван және Хайнан аралдарында ұсақ пішінді *M. m. lineatus* түршеге ұқсас *M. m. formosanus* түршесі сипатталды. Сол кезден бері бұл түрше нақты зерттелмегенімен, ресми түрде барлық таксономиялық тізімдерге енгізілді. Қара кезқұйрықтың *M. m. formosanus* популяциясы сипатталғаннан бері, басқа көптеген құстар секілді, осы аумақ ауыл шаруашылығында пестицидтердің қарқынды қолданылуы әсерінен күрт азайды. Қазіргі таңда Қара кезқұйрық *M. m. formosanus* түршесінің өзара генетикалық тарам ретінде болуын растайтын еш мәлімет жоқ.

Алдында қара кезқұйрықтың Еуропа, Солтүстік Азия және Үндістан аумағындағы түршелерінде гене-





Haplotype network based on Black Kite (*Milvus migrans*) CytB and ND2 gene fragments (1740 bp in total). Each circle denotes a haplotype, with area proportional to the number of carriers identified. Small black circles represent missing haplotypes and the connecting lines represent single-mutation steps. Sector/circle colour refers to specimen provenance, as shown in the upper right legend: 1 – Europe, 2 – northeast Asia, 3 – Japan, 4 – Taiwan, 5 – Australia and adjacent islands, 6 – India. Clades L (including L1, L2) F, A and I are circled and marked.

Сеть гаплотипов на основе фрагментов генов чёрного коршуна (*Milvus migrans*) CytB и ND2 (всего 1740 п.н.). Каждый кружок обозначает гаплотип, площадь которого пропорциональна количеству идентифицированных носителей. Маленькие чёрные кружки представляют отсутствующие гаплотипы, а соединительные линии представляют собой этапы одиночной мутации. Цвет сектора/круга относится к происхождению экземпляра, как показано в верхней правой легенде: 1 – Европа, 2 – Северо-Восточная Азия, 3 – Япония, 4 – Тайвань, 5 – Австралия и прилегающие острова, 6 – Индия. Клады L (включая L1, L2) F, A и I обведены и отмечены.

Қара кезқұйрық (*Milvus migrans*) CytB және ND2 (барлығы 1740 п.н.) гендерінің фрагменттеріне негізделген гаплотиптік желі. Әрбір шенбер гаплотипті білдіреді, оның ауданы сәйкестендірілген тасымалдаушылардың санына пропорционалды.

Кішкентай қара шенберлер жетіспейтін гаплотиптерді, ал байланыстырушы сызықтар мутацияның жеке дара кезеңдерін білдіреді. Сектордың/шенбердің түсі жоғарғы он жақ белгіде көрсетілгендей үлгіні шыққан жерін білдіреді: 1 – Еуропа, 2 – Солтүстік-Шығыс Азия, 3 – Жапония, 4 – Тайвань, 5 – Австралия және іргелес аралдар, 6 – Үндістан. L (соның ішінде L1, L2) F, A және I көмбесі қоршалып сызылған және белгіленген.

тикалық өзгешеліктер болатынына тоқталдық және B (CytB) цитохромы митохондриялық геннің өзіндік гаплотоптары бар екендігін білдік. Алайда бұл геннің жеткіліксіз түрленгіштігінен Үндістан және Австралия популяциялары арасындағы ерекшелікті байқау мүмкін болмады. Шығыс түршелерін жете зерттеу мақсатымен, біз қара кезқұйрықтың солтүстік-шығыс Азия, Үндістан, Тайвань, Жапония және Австралия популяцияларының CytB және ND2 гендерін талдап жіктедік. Жапония қара кезқұйрықтарында азиялық *M. m. lineatus* түршесінің басты екі гаплотобының бірі ғана бар екені анықталды, бұл жақын арада материктен бөлектенгенінің айғағы. Үндістан және Австралия популяцияларында митохондриялық белгілері бойынша айырмашылығы болғанмен, генетикалық тұрғыда өте ұқсас екені айқын болды. Соған қарағанда, олардың ортақ ата-бабасы шамамен 100 мың жыл бұрын соңғы мұз басу кезінде тіршілік еткен.

Үя салатын Тайвань кезқұйрықтарын зерттей келе, оның *M. m. lineatus* митохондриялық гаплотобы мен басқа популяцияларда бұрын кезікпеген жана гаплотоп иесі екені анықталды. Соған қарағанда, жақында аралда материктен едәуір оқшауланған қара кезқұйрықтың генетикалық тарамы өздігінше тіршілік еткен болар. Жергілікті популяция санының құлдырауы, оған қоса *M. m. lineatus* түршесінің қарқынды қоныстануы қазір Тайвань өңірінде екі түр тегінің де тіршілік етуіне әкеп соқты. Сонымен бірге, 1970 жылдары кезқұйрық санының күрт төмендеуі Тайвань аралының онтүстігі мен солтүстігінде генетикалық тұрғыда оның екі бөлек популяциясының құрылуын туғызды. Бұл екі популяцияның бір-бірінен біршама аз қашықтықта орналасып, сондай оқшау болуы таң қалдырады және зерттеуді жалғастыруды қажет етеді.

Зерттеу № 23-24-00185 жобасы РҒК гранты есебінен жүргізілді.