

MITOCHONDRIAL PHYLOGENY, AND SYSTEMATICS OF PALEARCTIC EAGLES

Starikov I.J. (Zoological Institute of the Russian Academy of Sciences, Saint Petersburg, Russia; Cherepovets State University, Cherepovets, Russia)

Wink M. (Institute of Pharmacy and Molecular Biotechnologies, Heidelberg University, Heidelberg, Germany)

Contact:

Ivan Starikov
ivan.starikov@zin.ru

Michael Wink

wink@uni-heidelberg.de

Recommended citation: Starikov I.J., Wink M. Mitochondrial Phylogeny, and Systematics of Palearctic Eagles. – Raptors Conservation. 2023. S2: 340–341. DOI: 10.19074/1814-8654-2023-2-340-341 URL: <http://rrrcn.ru/en/archives/35130>

The eagles *sensu lato* are a polyphyletic group of large raptors represented in the Palearctic realm by 13 species belonging to two subfamilies: Aquilinae (true Eagles) and Haliaeetinae (Sea Eagles). Phylogenetic position of this group taxa at species level and above based on nuclear and mitochondrial markers is currently clarified (Mindell *et al.*, 2018), while intraspecific variability and genetic differences between subspecies are generally not well understood. This study examined the available mitochondrial DNA sequences from GenBank and BOLD databases, also unpublished sequences obtained by the authors were added. Three markers for which sufficient data is available were selected for analysis: cytochrome oxidase 1 (COI) used for DNA-barcoding, cy-

tochrome b (Cyt b), popular in phylogenetic studies, and the hypervariable control region of mtDNA. Phylogenetic trees were constructed using Bayesian Inference, Maximum Likelihood and Neighbor-joining methods, haplotype networks were also constructed. Genetic distances between taxa and time of its divergence were calculated. The obtained results are being discussed in a comparative context at the inter – and intraspecific levels. The possibility of its application and the use of particular genetic markers in general to solve problems of systematics of these species, as well as recent taxonomic changes are considered. The questions of the formation of taxa in the evolution process and their modern distribution in the Palearctic are discussed.

МИТОХОНДРИАЛЬНАЯ ФИЛОГЕНИЯ И СИСТЕМАТИКА ОРЛОВ ПАЛЕАРКТИКИ

Стариков И.Ю. (Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург, Россия; Череповецкий государственный университет, Череповец, Россия)

Винк М. (Институт фармацевтики и молекулярных биотехнологий, Гейдельбергский университет, Гейдельберг, Германия)

Контакт:

Иван Стариков
ivan.starikov@zin.ru

Михаэль Винк

wink@uni-heidelberg.de

Рекомендуемая цитата: Стариков И.Ю., Винк М. Митохондриальная филогения и систематика орлов Палеарктики. – Пернатые хищники и их охрана. 2023. Спецвып. 2. С. 340–341. DOI: 10.19074/1814-8654-2023-2-340-341 URL: <http://rrrcn.ru/ru/archives/35130>

Орлы *sensu lato* – полифилетическая группа крупных дневных хищных птиц, в Палеарктике представлена 13 видами, относящимися к двум подсемействам: Aquilinae (настоящие орлы)

и Haliaeetinae (орланы). Филогенетическая позиция таксонов данной группы видового уровня и выше на основе ядерных и митохондриальных маркеров в настоящее время проясне-

на (Mindell *et al.*, 2018), в то же время внутривидовая изменчивость и генетические различия между подвидами в целом изучены недостаточно. В данном исследовании проведено изучение имеющихся секвенированных последовательностей митохондриальной ДНК из баз данных GenBank и BOLD, также добавлены неопубликованные последовательности, полученные авторами. Для анализа были выбраны три маркера, по которым имеется достаточно данных: цитохромоксидаза 1 (COI), использующийся для ДНК-баркодинга, популярный в филогенетических исследованиях цитохром b (Cyt b) и гипервариабельный контрольный регион мтДНК. Построены

филогенетические деревья методами Байесова анализа, максимального правдоподобия и ближайшего соседа, а также сети гаплотипов. Произведён расчёт генетических дистанций между таксонами и времени их расхождения. Полученные результаты обсуждаются в сравнительном контексте на меж- и внутривидовом уровнях. Рассматривается возможность их применения и использование отдельных генетических маркеров в целом для решения задач систематики данных видов, а также недавние таксономические изменения. Обсуждены вопросы формирования таксонов в процессе эволюции и их современного распространения в Палеарктике.

ПАЛЕАРКТИЯЛЫҚ ҚЫРАНДАРДЫҢ МИТОХОНДРИЯЛЫҚ ФИЛОГЕНИЯСЫ ЖӘНЕ ЖҮЙЕСІ

Стариков И.Ю. (Ресей Ғылым Академиясының Зоологиялық институты, Санкт-Петербург, Ресей; Череповец мемлекеттік университеті, Череповец, Ресей)

Винк М. (Фармация және молекулалық биотехнология институты, Гейдельберг университеті, Гейдельберг, Германия)

Контакт:

Иван Стариков
ivan.starikov@zin.ru

Михаэль Винк
wink@uni-heidelberg.de

Ұсынылатын дәйексөз: Стариков И.Ю., Винк М. Палеарктиялық қырандардың митохондриялық филогениясы және жүйесі. – Пернатые хищники и их охрана. 2023. Спецвып. 2. С. 340–341. DOI: 10.19074/1814-8654-2023-2-340-341 URL: <http://rrrcn.ru/ru/archives/35130>

Sensu lato қырандары – Палеарктикада екі Aquilinae (нағыз қырандар) және Haliaeetinae (бүркіттер) тұқым тармағына жататын 13 түрмен ұсынылған ірі кундізгі жыртқыш құстардың полифилетикалық тобы. Ядролық және митохондриялық маркерлерге негізделген түр деңгейінде және одан жоғары осы топтағы таксондардың филогенетикалық жағдайы қазір нақтыланды (Mindell *et al.*, 2018), ал түр ішілік өзгергіштік пен кіші түрлер арасындағы генетикалық айырмашылықтар әдетте жеткіліксіз зерттелген. Бұл зерттеу GenBank және BOLD дерекқорларындағы қолжетімді реттелген митохондриялық ДНК тізбектерін зерттеді, сонымен қатар авторлармен алынған жарияланбаған тізбектер қосылды. Талдау үшін жеткілікті деректері бар үш маркер таңдалды: ДНК штрих-кодтау үшін қолданылатын цитохром оксидаза 1 (COI),

филогенетикалық зерттеулерде танымал цитохром b (Cyt b) және мтДНК гипервариативтік бақылау аймағы.

Байесов талдау әдістерін, максималды ықтималдықты және жақын аумақтағы көршілесті, сонымен қатар гаплотиптік желілерді қолдана отырып филогенетикалық ағаштар тұрғызылды. Таксондар арасындағы генетикалық қашықтық және олардың айырмашылық уақыты есептелді. Алынған нәтижелер салыстырмалы контексте түр аралық және ішкі деңгейлерде талқыланады. Оларды қолдану мүмкіндігі және жалпы жеке генетикалық маркерлерді осы түрлердің таксономиясының мәселелерін шешу үшін қолдану, сонымен қатар сонғы таксономиялық өзгерістер қарастырылады. Эволюция үдерісінде таксондардың пайда болуы және олардың Палеарктикада қазіргі кездегі таралуы сұрақтары талқыланды.