

**Историческая биогеография бамбуковых куфий подрода *Viridovipera*
(*Trimeresurus*, *Viperidae*, *Squamata*)****Научный руководитель – Поярко́в Николай Андреевич*****Идиятуллина Сабира Шамилъевна****Студент (магистр)*

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

E-mail: idsbr158@mail.ru

Бамбуковые куфии подрода *Viridovipera* населяют горные леса Юго-Восточной и Восточной Азии и ведут, в основном, древесный образ жизни. Подрод *Viridovipera* включает до семи таксонов [1,2]: *V. stejnegeri stejnegeri*, *V. stejnegeri chenbihuii*, *V. vogeli*, *V. gumprechtii*, *V. medoensis*, *V. truongsoneensis*, *V. yunnanensis*. Материал работы состоял из 118 проб четырех видов *Viridovipera* и последовательностей от 260 экземпляров 13 видов, полученных из GenBank. Мы исследовали изменчивость двух генов мтДНК (цитохром *b* и *ND4*) и трёх генов яДНК (*ctos*, *NT3* и *RAG-1*). Филогению реконструировали в программе MrBayes 3.2.2, сети гаплотипов строили в программе PopART, а анализ несоответствия был проведён с помощью приложения DnaSP (среда R).

Полученная филогения подтвердила монофилию подрода *Viridovipera*. Базальное положение занимают виды из восточных Гималаев - *V. medoensis* и *V. yunnanensis*. Остальные виды делятся на две основные клады - южную (*V. vogeli* + *V. truongsoneensis*) и северную (*V. stejnegeri* + *V. gumprechtii*). Для *V. stejnegeri* наши данные подтверждают выявленное ранее [1] разделение этого вида на две клады: западную (линии S4-S10) и восточную (линии S1-S3); предполагается недавний рост численности для линий из северного Вьетнама и восточного Китая. Валидность подвида *V. s. chenbihuii* не подтверждается. *Viridovipera vogeli* имеет разорванный ареал в горных районах Индокитая, разделённый долиной р. Меконга. В составе вида было выявлено семь линий. В пределах *V. gumprechtii* выявлены две клады: G1 имеет широкий ареал, включающий юго-западный Китай, северный Таиланд, южный Лаос, северный и центральный Вьетнам, в то время как линия G2 обитает только в пров. Юньнани КНР.

Согласно молекулярным датировкам, базальная радиация подрода *Viridovipera* произошла в среднем миоцене (9,36 млн. л. н.), что совпадает с пиком горообразования в Восточных Гималаях. Оттуда группа расселилась двумя основными путями: в Аннам (*V. vogeli* + *V. truongsoneensis*) и в южный Китай (предки комплекса *V. stejnegeri* + *V. gumprechtii*)

Работа выполнена при поддержке гранта РФФ 19-14-00050.

Источники и литература

- 1) Guo P., Liu Q., Zhu F., Zhong G.H., Chen X., Myers E.A., Che J., Zhang L., Ziegler T., Nguyen T.Q., Burbrink F.T. Complex longitudinal diversification across South China and Vietnam in Stejneger's pit viper, *Viridovipera stejnegeri* (Schmidt, 1925) (Reptilia: Serpentes: Viperidae) // Mol. Ecol. 2016. V. 25. P. 2920–2936.
- 2) Mallotra A., Thorpe R.S. A phylogeny of four mitochondrial gene regions suggests a revised taxonomy for Asian pitvipers (*Trimeresurus* and *Ovophis*) // Mol. Phylogenet. Evol. 2004. V. 32. P. 83–100.