

О таксономическом статусе «азиатских» широкоушек (*Chiroptera: Vespertilionidae: Barbastella*) на восточном Кавказе

Д.Г. Смирнов¹, В.П. Вехник², Г.С. Джамирзоев³

¹ Пензенский государственный университет, ул. Красная 40, Пенза, 440026; epthesicus@mail.ru

² Жигулевский государственный природный биосферный заповедник им. И.И. Спрыгина; vekhnik@mail.ru

³ Институт экологии горных территорий им. А.К. Темботова РАН, Государственный природный заповедник Дагестанский; dzhamir@mail.ru

Изучено филогенетическое положение восточнокавказских *Barbastella caspica* (предварительно обозначенных как *B. cf. caspica* 2) в системе видов группы «азиатских» широкоушек. Исходным материалом послужили два экземпляра из республики Дагестана. По данным анализа мтДНК (*cytb*) показано, что *B. cf. caspica* 2 генетически идентичны более мелким по размерам синаяским *B. leucomelas* (*p*-distance: 1.0%). Их морфологические различия обусловлены, вероятно, климатической изменчивостью, проявляющейся в увеличении размеров с юга на север. В связи с этим, предлагается всех кавказских и закавказских широкоушек рассматривать как подвид – *B. leucomelas caspica*. В тоже время, морфологически сходные восточнокавказские и среднеазиатские широкоушки оказались генетически обособленными (*p*-дистанция: 4.0–4.5%), поэтому последние, по-видимому, могут представлять отдельную видовую форму, наиболее подходящее название для которой – *B. walteri* (Bianchi, 1916).

Ключевые слова: *Barbastella caspica*, *B. leucomelas*, *B. walteri*, Дагестан, таксономия

ВВЕДЕНИЕ

Длительное время каспийскую широкоушку – *Barbastella caspica* (Satunin, 1908), описанную в начале прошлого века из с. Кубалы, Азербайджан, рассматривали как синоним *B. leucomelas* (Cretzschmar, 1830) (Громов, Баранов 1981; Павлинов и др. 1995), а до недавнего времени включали в состав *B. darjelingensis* (Hodgson, 1855) (Benda et al. 2008). В последних исследованиях рода *Barbastella* было предложено возвести ее в ранг самостоятельного вида (Kruskop 2015). Основанием послужило сходство краниометрических признаков и окраски кавказских «азиатских» широкоушек с образцами таковых из нескольких регионов Средней Азии (Таджикистан, Туркмения, Узбекистан). Образуя отдельный морфологический кластер, ассоциируемый как *B. caspica*, они по ряду черепных признаков продемонстрировали хорошие отличия от более мелких *B. leucomelas*. Для обозначения положения *B. caspica* в филогенетических по-

строениях, при отсутствии биоматериала с кавказского региона, были взяты образцы из Таджикистана. Проведенные молекулярно-генетические исследования показали разобщение этих форм на уровне 5–6% (Kruskop 2015; Kruskor et al. 2019). В настоящее время *B. leucomelas* считается эндемиком Египта и Израиля (Benda et al. 2008), а в область распространения *B. caspica* включают территорию от Дагестана, Закавказья и Северного Ирана до Средней Азии (Kruskor 2015).

В нашем распоряжении оказалось пара особей «каспийской» широкоушки из республики Дагестан. Эта территория относительно близка к месту описания таксона из Закавказья (около 300 км), поэтому эти экземпляры предварительно были обозначены нами как *B. cf. caspica 2*. Поскольку в предыдущих молекулярно-генетических исследованиях материал из типовой территории *B. caspica* не был представлен (Kruskor 2015; Kruskor et al. 2019), экземпляры из Таджикистана мы обозначили как *B. cf. caspica 1*. В данной работе мы попытались выявить филогенетическое положение восточнокавказских *B. cf. caspica 2* в системе видов группы «азиатских» широкоушек и сделать соответствующие комментарии относительно их таксономического статуса.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Материалом для данного исследования послужили два экземпляра (самец: колл. ПГУ № 1384 и самка: колл. ПГУ № 1385) «каспийской» широкоушки, добытые в начале сентября 2019 г в Казбековском районе Дагестана (Смирнов и др. 2019). В работе также был использован экземпляр *B. barbastellus* (Schreber, 1774), отловленный в Магарамткенском р-не республики (колл. ПГУ № 1383). Со всех экземпляров электронным штангенциркулем с точностью 0.1 мм сняты основные внешние промеры: длина тела (L) и хвоста (C), длина предплечья (R), уха (Au) и козелка (Tr). Краниометрические измерения проведены с точностью 0.01 мм: общая (TL) и кондилобазальная (CBL) длина; скуловая (ZW) и мастоидная (MW) ширина, высота (H) и ширина (W) мозговой капсулы, межглазничная ширина (SW), длина нёба (PL), ширина рострума (WR), ширина клыковой (CC) и молярная (MM), длина верхнего (СМ³) и нижнего (СМ₃) зубных рядов (без учета резцов); полная длина верхнего (ІМ³) и нижнего (ІМ₃) зубных рядов от передней грани резцов до задней стороны третьего коренного зуба, длина (LMD) и высота (HMD) нижней челюсти. Для сравнения морфологических промеров *B. cf. caspica 2* с экземплярами *B. cf. caspica 1* и *B. leucomelas* мы использовали данные, представленные в работах Бенда с соавторами (Benda et al. 2008; Benda et al. 2011).

Для молекулярно-генетического анализа использовали митохондриальный ген цитохрома *b* (*cytb*). Геномная ДНК была выделена из сохраненных в 96% этаноле образцах тканей стандартным методом лизирования протеиназой К, фенол-хлороформной депротеинизации (Sambrook et

al. 1989). Для амплификации и секвенирования полного гена *cytb* были использованы праймеры из работы Бенда с соавторами (Benda et al. 2016). Приготовление реакционной смеси и реакцию амплификации проводили по ранее описанной процедуре (Smirnov et al. 2020). Секвенирование осуществляли с использованием набора реактивов для секвенирования ДНК BigDye® Terminator v3.1 Cycle Sequencing Kit и генетического анализатора ABI PRISM 3500 (Applied Biosystems). Праймеры для секвенирования *cytb* были такими же, как для амплификации ПЦР.

Последовательности редактировали вручную в программах ChromasPro 13.3 (Technelysium, Australia) и BioEdit v. 7.0 (Hall 1999), а выравнивали – в MEGA7.0.26 (Kumar et al. 2016). Для сравнения использованы ранее опубликованные и доступные в GenBank (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>) последовательности того же гена от разных видов рода *Barbastella* (Приложение). Филогенетические отношения оценивали на основе метода максимального подобия (Maximum Likelihood, ML). Выбор модели, наилучшим образом описывающей эволюцию изучаемых последовательностей, осуществлялся в программе jModelTest 2.1.7 (Darriba et al. 2012) на основе Байесовского информационного критерия (BIC). Наилучшей была признана модель замещения – HKY+G ($-\ln L=2807.5$, BIC=6608.8). Также проведен байесов анализ (BI) с помощью программы MrBayes 3.1.2 (Ronquist, Huelsenbeck 2003). Использовали следующие параметры запуска: два одновременных запуска по 1000000 генераций с частотой записи параметров каждые 100 генераций. Первые 25% генераций были исключены как тренировочные. В качестве внешней группы использовали последовательности мтДНК *Plecotus auritus* (Linnaeus, 1758) и *P. ognevi* (Kishida, 1927) (GenBank: AY665169.1 и MK410318.1). Генетические расстояния (*p*-distance) были рассчитаны в программе MEGA 7.0.26. При визуализации филогенетических отношений за основу взята топология ML-дерева. Статистическую достоверность порядка ветвления оценивали при помощи бутстрэп-анализа 1000 альтернативных деревьев (Bootstrap Percentage, %) и байесовых апостериорных вероятностей.

Медианная сеть митохондриальных гаплотипов построена в программе PopART (Leigh et al. 2015) с применением алгоритма TCS (Clement et al. 2000).

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

Морфология

Исследованные нами экземпляры «каспийской» ширкоушки из Дагестана оказались относительно крупными (табл. 1), превосходящие по размерам *B. leucomelas*. Их длина предплечья и промеры черепа в целом близки к особям из Средней Азии, а по некоторым (TL, CBL, CC, LMD) даже не-

много превосходят их известные максимальные показатели. Эти данные подтверждают ранее полученные результаты (Kruskop 2015; Kruskor et al. 2019) о принадлежности кавказских и среднеазиатских широкоушек к одному морфотипу.

	<i>B. leucomelas</i> (Benda et al., 2008)				<i>B. cf. caspica 1</i> (Benda et al., 2011)				<i>B. cf. caspica 2</i>		
	<i>n</i>	M	min-max	SD	<i>n</i>	M	min-max	SD	<i>n</i>	male	female
L									2	56.4	58.9
C									2	49.7	48.7
R	7	38.7	37.4–39.9	0.9	26	42.1	40.5–44.2	0.90	2	42.0	44.0
Au									2	19.2	19.8
Tr									2	7.9	7.6
TL	4	14.0	13.9–14.1	0.09	22	15.1	14.5–15.4	0.22	2	15.32	15.57
CBL	4	13.1	12.9–13.5	0.11	22	14.1	13.4–14.5	0.25	2	14.45	14.62
ZW	4	7.26	7.19–7.36	0.08	22	8.03	7.74–8.38	0.16	2	7.83	8.08
MW									2	8.72	9.0
H									2	7.43	7.61
W	5	6.98	6.76–7.47	0.28	22	7.65	7.47–7.81	0.10	2	7.87	7.88
PL									2	5.15	4.45
WR									2	4.41	4.72
SW	6	3.45	3.30–3.57	0.10	22	3.68	3.51–3.91	0.09	2	3.88	3.83
CC	6	3.41	3.28–3.51	0.08	22	3.99	3.68–4.17	0.13	2	3.93	4.41
MM	6	5.27	5.19–5.39	0.08	22	5.94	5.76–6.18	0.11	2	5.90	6.1
CM ³	6	4.39	4.32–4.47	0.05	22	4.86	4.68–5.02	0.09	2	4.86	5.02
CM ₃	6	4.86	4.81–4.96	0.05	22	5.36	5.14–5.54	0.09	2	5.39	5.43
IM ³									2	5.90	5.90
IM ₃									2	6.39	6.77
HMD	6	2.40	2.27–2.45	0.07	22	2.64	2.44–2.75	0.08	2	2.70	2.68
LMD	6	8.73	8.62–8.93	0.13	22	9.67	9.38–10.0	0.16	2	10.02	10.24

Таблица 1. Основные биометрические промеры тела и черепа *Barbastella leucomelas* (Синай), *B. cf. caspica 1* (Западная Туркестан) и *B. cf. caspica 2* (Дагестан).

Table 1. The main biometric measurements of the body and skull of *Barbastella leucomelas* (Sinai), *B. cf. caspica 1* (West Turkestan), and *B. cf. caspica 2* (Dagestan).

Молекулярные данные

Всего от разных представителей р. *Barbastella* нами исследовано 74 последовательности. Из этого числа только 3 были оригинальными (республика Дагестан), остальные получены из GenBank. Поскольку единственный размещенный в GenBank экземпляр *B. leucomelas* представлен неполной последовательностью (609 пн), то все остальные последовательности были сокращены до такого же количества нуклеотидов.

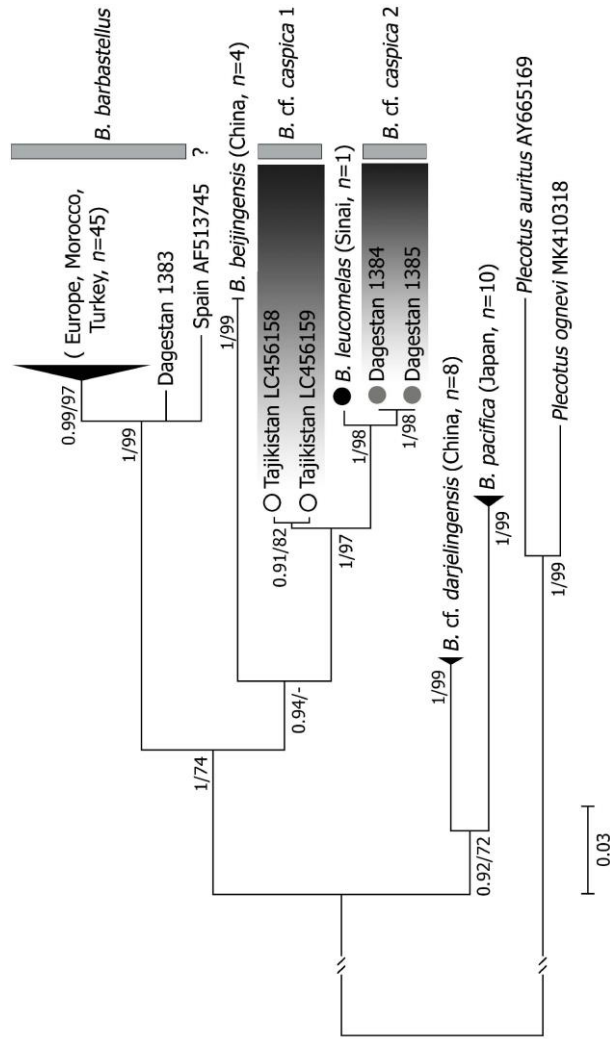


Рис. 1. Дендрограмма филогенетических отношений видовых форм рода *Barbastella* по результатам анализа последовательностей *cytb* (609 пн) методом ML. Цифры в узлах обозначают уровень байесовы апостериорные вероятности и бутстрэп-поддержки выше 70% в анализах BI/ML.

Fig. 1. Dendrogram of phylogenetic relationships of species forms of genus *Barbastella* based on the results of analysis of *cytb* sequences (609 bp) by ML. The numbers in the nodes indicate the level of Bayesian posterior probabilities and bootstrap support above 70% in BI/ML analyses.

Деревья, полученные с помощью методов Maximum Likelihood и Бейсова подхода, показали одинаковую топологию (рис. 1), а большинство клад высоко поддержаны. Их филогенетическая реконструкция хорошо повторяет митохондриальные построения, выполненные в более ранних работах (Kruskop 2015; Krusko et al. 2019).

По данным анализа мтДНК «каспийские» широкооушки из Дагестана объединяются в компактную группу с *B. leucomelas* (рис. 1), а малая между ними дистанция ($1.0 \pm 0.4\%$) не вызывает сомнения в их конспецифичности. Построенная медианная сеть демонстрирует их гаплотипическую близость (рис. 2). Основываясь на полученных результатах, мы не исключаем, что, если бы в морфологическом анализе присутствовало достаточное количество экземпляров из Азербайджана, Армении и Ирана, то никаких дискретных различий между выборками *B. leucomelas* с Синайского полуострова и *B. cf. caspica 2* с Кавказа не прослеживалось. Учитывая высокую вероятность такого сценария, считаем, что обитающие на Восточном Кавказе *B. cf. caspica 2*, представляют собой всего лишь крупную локальную расу *B. leucomelas*, поэтому предлагаем вернуть кавказским и закавказским «каспийским» широкооушкам старое видовое название с подвидовым статусом – *B. leucomelas caspica*.

B. cf. caspica 1 образуют сестринской линию к группе *B. leucomelas/caspica 2* с уровнем различий $4.0 \pm 0.8\%$, что подтверждает результаты исследований Крускопа с соавторами (Krusko et al., 2019) и вывод о возможной таксономической обособленности *B. leucomelas* и *B. cf. caspica 1*. Реконструкция филогенетических отношений на основе анализа полных последовательностей *cytb* не изменяет дистанцию между этими линиями. Построенная сеть гаплотипов также демонстрирует разделение этих форм на две внутригрупповые линии.

Что же касается морфологически близких *B. cf. caspica 1* и *B. cf. caspica 2*, то они оказываются генетически неидентичными (анализ неполных последовательностей – $4.0 \pm 0.8\%$; полных последовательностей – $4.4 \pm 0.8\%$). Однако есть мнение, полученное на основе анализа полиморфизма длин участков яДНК, ограниченных копиями SINEs (Inter-SINE-PCR), что кавказские и таджикские широкооушки представляют собой все же единую форму (Gazaryan, Matveev 2000). Эти результаты сейчас сложно признать надежными и достаточными для таксономических и номенклатурных заключений, поскольку используемый маркер, несмотря на быстрое признание его разрешающей способности для работы на видовом уровне (Vannikova et al. 2002), в отличие от современного анализа нуклеотидных последовательностей ядерных интронов, основан на простом сходстве полученных наборов полос. Исходя из этого, мы признаем таксономическую обособленность форм *B. cf. caspica 1* и *B. cf. caspica 2* также, как *B. leucomelas* и *B. cf. caspica 1*, и предлагаем последней сохранить статус вида, но уже с новым названием – *B. walteri*

(Bianchi, 1916). Эта форма описана из Тахта-Базара с юга Туркмении (Бианки 1916). Название таксона изначально было признано как *popen nudum* (Огнев 1928), однако его номенклатурная применимость была позже обоснована в работе Бенды и Миликовского (Benda, Milikovsky 2008).

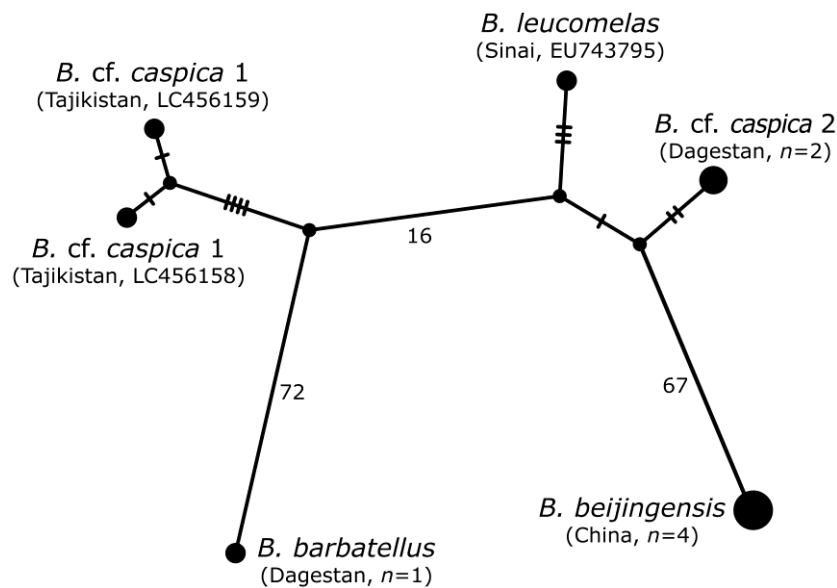


Рис. 2. Медианная сеть гаплотипов, построенные по последовательностям (609 пп) *cytb* представителей рода *Barbastella*. Поперечные штрихи и цифры на ветвях показывают число мутационных событий; размер окружностей пропорционален количеству особей.

Fig. 2. Median haplotype networks constructed by sequences (609 bp) of the *cytb* of species forms of genus *Barbastella*. Transverse strokes and figures on the branches show the number of mutational events; the size of the circles is proportional to the number of individuals.

Таким образом, проведенные исследования показали, что на Восточном Кавказе обитает «азиатская» широкоушка, которая превосходит по размерам, но генетически идентична синайской *B. leucomelas*, поэтому должна рассматриваться как крупная форма последней. В тоже время, восточнокавказские и среднеазиатские широкоушки демонстрируют некоторую генетическую обособленность, но при этом обладают сходным морфологическим трендом. Это, возможно, свидетельствует о недавней дивергенции их генетических линий. При этом мы признаем, что филогенетическая реконструкция, построенная на сходстве гаплотипов небольшого числа генов мтДНК, – это лишь один из многих воз-

возможных вариантов реконструкций, которые могут как отражать, так и сильно искажать истинную эволюционную историю (Абрамсон 2007). Для уточнения филогенетических отношений рассмотренных форм широкоушек необходим дополнительный анализ с использованием ядерных генов и морфологические исследования серийного материала из Закавказья, Ирана и Средней Азии.

БЛАГОДАРНОСТИ

Выражаем благодарность научному сотруднику Национального парка «Мещера» Быкову Ю.А. за помощь при сборе материала в ходе экспедиционных работ.

ЛИТЕРАТУРА

- Абрамсон Н.И. 2007. Филогеография: итоги, проблемы, перспективы. – Вестник ВОГиС **11(2)**: 307–331 [Abramson N.A. Phylogeography: results, issues and perspectives. – Vavilov Journal of Genetics and Breeding **11(2)** (in Russian)].
- Бианки В.Л. 1916. Предварительные заметки о летучих мышах (Chiroptera) России. — Ежегодник Зоологического Музея Академии наук **XXI**: 73-82. [Bianchi V. Preliminary notes on the bats (Chiroptera) of Russia. – Annals of the Zoological Museum of the Academy of Sciences **21** (in Russian)].
- Огнев С.И. 1928. Звери восточной Европы и северной Азии. Том 1. Насекомоядные и рукокрылые. М.-Л.: Госполитиздат, 631 с. [Ognev S.I. Mammals of Eastern Europe and Northern Asia. Vol.1. Insectivores and Bats. M.–L.: Gospolitizdat (in Russian)]
- Павлинов И.Я., Борисенко А.В., Крускоп С.В., Яхонтов Е.Л. 1995. Млекопитающие Евразии. II. Non-Rodentia: систематико-географический справочник. Москва, изд-во МГУ: 338 с. [Pavlinov I.Y., Borisenko A.V., Krusko S.V., Yakhontov E.L. Mammals of Eurasia. II. Non-Rodentia: Systematic and geographical reference guide. Moscow, MSU (in Russian)].
- Смирнов Д.Г., Вехник В.П., Джамирзоев Г.С., Быков Ю.А. 2019. Новые сведения о распространении рукокрылых (Chiroptera) на равнинной части Республики Дагестан. – Russian Journal of Ecosystem Ecology. **4(4)**: 5. DOI 10.21685/2500-0578-2019-4-5 [Smirnov D.G., Vekhnik V.P., Dzhampirzoev G.S., Bykov Yu.A. New data on the distribution of bats (Chiroptera) in the flat part of the republic of Dagestan. – Russian Journal of Ecosystem Ecology **4(4)** (in Russian)].
- Стрелков П.П. 1981. Отряд Chiroptera. – В кн.: Каталог млекопитающих СССР. Плиоцен – современность. (Громов И., Барановой Г., ред.) Ленинград, «Наука»: 456 [Strelkov P.P. Order Chiroptera. – In: Gromov I., Baranova G. (eds.) Catalogue of Mammals of the USSR. Pliocene – Present. Leningrad, “Nauka” (in Russian)].
- Bannikova A.A., Matveev V.A., Kramerov D.A. 2002. Using Inter-SINE-PCR to Study Mammalian Phylogeny – Russian Journal of Genetics **38(6)**: 714–724.
- Benda P., Mlikovsky J. 2008. Nomenclatural notes on the Asian forms of *Barbastella* bats (Chiroptera: Vespertilionidae) – Lynx (N.S.) **39**: 31–46.

- Benda P., Dietz C., Andreas M., Hotovy J., Lucan R.K., Maltby A., Meakin K., Truscott J., Vallo P. 2008. Bats (Mammalia: Chiroptera) of the Eastern Mediterranean and Middle East. Part 6. Bats of Sinai (Egypt) with some taxonomic, ecological and echolocation data on that fauna – *Acta Societatis Zoologicae Bohemicae* **72**: 1–103.
- Benda P., Hanák V., Červený J. 2011. Bats (Mammalia: Chiroptera) of the Eastern Mediterranean and Middle East. Part 9. Bats from Transcaucasia and West Turkistan in collection of the National Museum, Prague. – *Acta Societatis Zoologicae Bohemicae* **75**: 159–222.
- Benda P., Gazaryan S.V., Vallo P. 2016. On the distribution and taxonomy of bats of the *Myotis mystacinus* morphogroup from the Caucasus region (Chiroptera: Vespertilionidae). – *Turkish Journal of Zoology* **40**: 842–863.
- Clement M., Posada D., Crandall K.A. 2000. TCS: a computer program to estimate gene genealogies – *Molecular Ecology* **9**(10): 1657–1659.
- Darriba D., Taboada G.L., Doallo R., Posada D. 2012. jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing. – *Nat. Methods* **9**(8): 772.
- Hall T.A. 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. – *Nucl. Acid. Symp* **41**: 95–98.
- Gazaryan S.V., Matveev V.A. 2005. The taxonomy and distribution of *Barbastella* species in the Caucasus. – In: Abstracts of 9th International Mammalogical Congress, Sapporo, Japan, July 31-August 5, 2005: 341.
- Kruskop, S.V. 2015. Dark and pale: taxonomic status of the barbastelle (*Barbastella*: Vespertilionidae, Chiroptera) from Central Asia. – *Acta Chiropterologica* **17**(1): 49–57.
- Kruskop S.V., Kawai K., Tiunov M.P. 2019. Taxonomic status of the barbastelles (Chiroptera: Vespertilionidae: *Barbastella*) from the Japanese archipelago and Kunashir Island. – *Zootaxa* **4567**(3): 461–476.
- Kumar S., Stecher G., Tamura K. 2016. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 7.0 for Bigger Datasets – *Mol. Biol. Evol.* **33**(7): 1870–1874.
- Leigh J.W., Bryant D., Nakagawa S. 2015. popart: full-feature software for haplotype network construction. – *Methods Ecol Evol* **6**(9): 1110–1116.
- Ronquist F., Huelsenbeck J.P. 2003. MRBAYES 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models – *Bioinformatics* **19**: 1572–1574.
- Sambrook J., Fritsch E., Maniatis T. 1989. *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*. N.Y., Cold Spring Harbor Laboratory Press. 398 p.
- Smirnov D.G., Vekhnik V.P., Dzhmirzoyev G.S., Titov S.V. 2020. On the taxonomic status of species from the «*Myotis nattereri*» (Chiroptera, Vespertilionidae) in the Eastern Caucasus – *Nature Conservation Research. Заповедная наука*. **5**(4): 30–42.

ПРИЛОЖЕНИЕ

Список образцов, использованных в молекулярно-генетических исследованиях по данным из GenBank.

B. barbastellus. Португалия: JQ683176, JQ683177, JQ683178, JQ683179, JQ683180, JQ683181, JQ683182, JQ683183, JQ683184, JQ683185, JQ683186, JQ683187, JQ683188; Италия: JQ683189, JQ683190; Венгрия:

JQ683191, JQ683196; Великобритания: JQ683192, JQ683193, JQ683197, JQ683198, JQ683199, JQ683200, JQ683201, JQ683202; Германия: JQ683194; Болгария: JQ683195; Словения: JQ683203, JQ683204, JQ683205, JQ683206, JQ683207; Марокко: JQ683208, JQ683209, AF513752; Испания: JQ683210, JQ683211, AF513745, AF513747, AF513748, AF513749, AF513750; Турция: AF513751, AF513753; EU360700, MF038470

B. cf. caspica 1. Таджикистан: LC456158, LC456159.

B. leucomelas. Синайский полуостров: EU743795.

B. beijingensis. Китай: EF534759, EF534760, EF534761, EF534762.

B. darjelingensis. Китай: EF534763, EF534764, EF534765, EF534766, MG747669, LC456157, KU922958, AF513754.

B. pacifica. Япония: LC456145, LC456146, LC456147, LC456148, LC456150, LC456151, LC456153, LC456154, LC456155, LC456156.

SUMMARY

Smirnov D.G., Vekhnik V.P., Dzhamirzoyev G.S. On the taxonomic status of the «Asian» *Barbastella* (Chiroptera: Vespertilionidae: *Barbastella*) in the Eastern Caucasus. – *Plecotus et al.* **23**: 3–12.

Phylogenetic position of the East Caucasian *Barbastella caspica* (tentatively referred to by us as *B. cf. caspica* 2) in relation to the Asian species of this genus was studied. The key material was consisted of the two species from the Republic of Dagestan. Analysis of the mitochondrial gene *cytb* shows that *B. cf. caspica* 2 is genetically identical to the smaller Sinai *B. leucomelas* (*p*-distance: 1.0%) (Table 1, Fig. 1, 2). Their morphological differences are probably based on clinal variability, manifested in an increase in size from south to north. In this regard, it is proposed to consider Caucasian and Transcaucasian *barbastelles* as a subspecies of the Sinai form: *B. leucomelas caspica*. Meantime, morphologically similar Eastern Caucasian and Central Asian *barbastelle* are genetically distinct (*p*-distance: 4.0–4.5%), and the latter apparently may represent a separate species, the valid name for which should be *Barbastella walteri* (Bianchi, 1916).

Key words: *Barbastella caspica*, *B. leucomelas*, *B. walteri*, Dagestan, taxonomy