УДК 574.91:599.322.2

О НАХОДКЕ ЛЕТЯГИ (*PTEROMYS VOLANS*) ДАЛЬНЕВОСТОЧНОЙ ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКОЙ ЛИНИИ В ЛЕСНОМ МАССИВЕ Г. МОСКВЫ

© 2015 Бабенко В.Г.[1], Мещерский И.Г.[2]

[1] Кафедра зоологии и экологии, Московский педагогический государственный университет, Москва 129164; alekto@aha.ru

[2] Институт проблем экологии и эволюции им. А.Н. Северцова РАН, Москва 119071; molecoldna@gmail.com

Поступила в редакцию 10.11.2015

На севере и востоке Московской области проходит южная граница естественного ареала летяги (*Pteromys volans*). Однако под Звенигородом (запад области) известно существование популяции, образованной особями, завезёнными, в том числе из дальневосточной части ареала вида, на звенигородскую биостанцию МГУ. Начиная с 2010 г. летяг отмечают под Троицком, к юго-западу от собственно городской территории Москвы. Генетический анализ тканей мёртвой особи, найденной в этом районе, показал высокое сходство нуклеотидной последовательности участка митохондриальной ДНК с вариантами, известными для Дальнего Востока, но не для европейской части ареала вида. Предположительно, потомки непреднамеренно интродуцированных под Звенигородом дальневосточных зверьков активно расселяются по территории Московской области.

Ключевые слова: летяга, *Pteromys volans,* филогеография, Московская область, непреднамеренная интродукция, ген цитохрома *б*.

Введение

Летяга (*Pteromys volans*) – древесный грызун, включённый в список Красной Книги Московской области со статусом 1-й категории – «вид, находящийся в области под угрозой исчезновения» [Емельянова, 2008]. Согласно имеющимся сведениям о встречах летяги, по территории северных и восточных районов Московской обл. проходит южная граница ареала вида. В XIX – первой половине XX в. летяга встречалась в Дмитровском, Богородском и Ленинском уездах Московской губернии, а также Егорьевском уезде Рязанской губернии в районе Туголесья [Огнёв, 1940], что соответствует современным Дмитровскому, Талдомскому, Сергиево-Посадскому, Орехово-Зуевскому, Егорьевскому и Шатурскому районам Московской обл. В этих же местах, летягу отмечают и сейчас [Зубакин, 1998; Емельянова, 2008].

В настоящее время, однако, имеются и указания на встречи летяг к западу от Москвы (рис. 1).

Зверьков отмечали восточнее и северо-восточнее Голицыно Одинцовского района [Емельянова, 2008]. В зоологическом музее МГУ (ЗМ МГУ) хранятся тушки летяг, собранных 9 октября 2005 г. в Нарофоминском районе, в 1 км к западу от Апрелевки (молодая самка, регистрационный номер S 178938) и 2 мая 2012 г. в Одинцовском районе в окрестностях д. Подлипки (S 190550, взрослая особь, пол не указан). Нами в период с 2010 по 2014 г. летяга неоднократно была отмечена в окрестностях Троицка (с 2012 г. эта территория – административный округ г. Москвы), в районе биостанции «Малинки» (55°27? с. ш., 37°13? в. д.), принадлежащей Институту проблем экологии и эволюции им. А.Н. Северцова Российской академии наук. Леса вокруг биостанции состоят в основном из 50–130-летних сосняков и ельников, березняков и осинников, вторичных дубняков и липняков. Помимо взрослых особей, в июне 2010 г. в дуплянке здесь было обнаружено три голых слепых детёныша [Бабенко, Силаева, 2014].

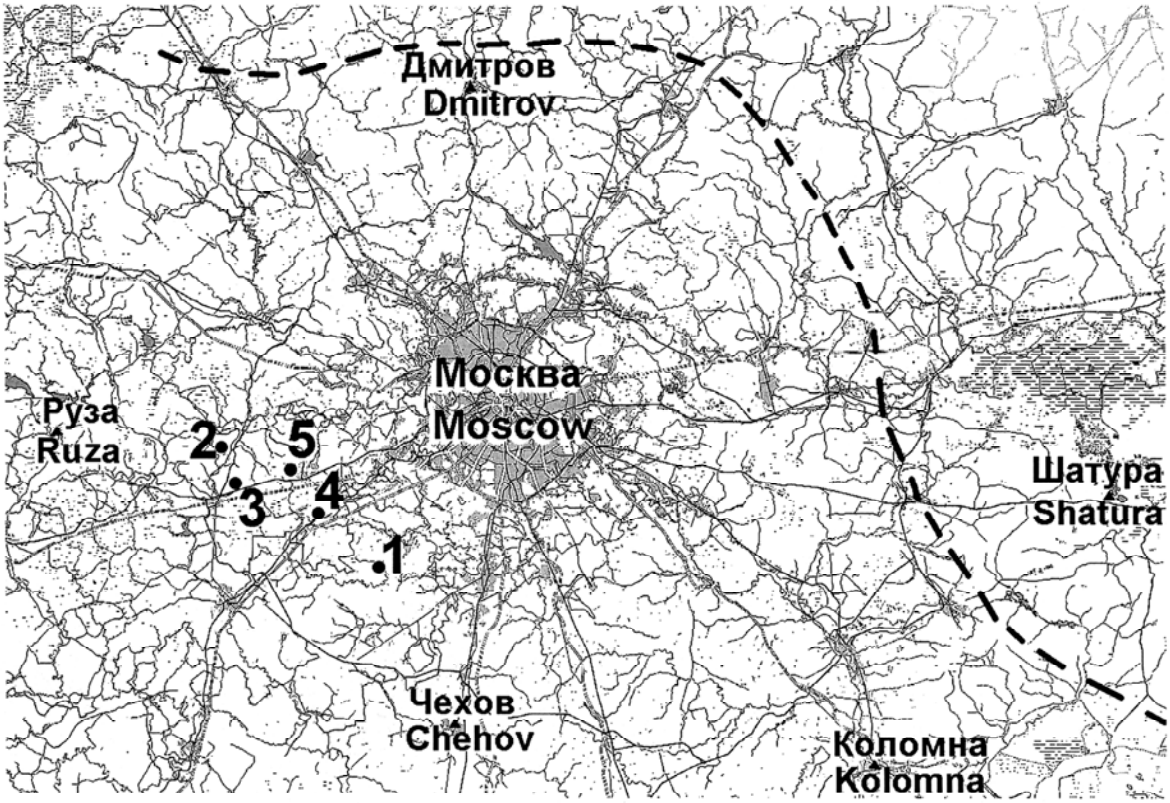

Рис. 1. Места встреч летяги, упоминаемые в данной работе. 1 – биостанция «Малинки», 2 – звенигородская биостанция МГУ; окрестности населённых пунктов: 3 – Подлипки, 4 – Апрелевка, 5 – Голицыно. Пунктирная линия – ориентировочная граница естественного распространения летяги в Московской области.

Известно, что под Звенигородом, в районе звенигородской биостанции МГУ (ЗБС), существует интродуцированная популяция летяги. Она основана особями, завезёнными, в том числе с Дальнего Востока России, в 1960-х гг. (возможно и позже) на биостанцию для исследовательских работ и неоднократно убегавшими из вольер [Зубакин, 1998; Емельянова, 2008; Н.А. Формозов и И.Р. Бёме, личные сообщения]. Логично предположить, что особи этой популяции могут расселяться и дальше, в том числе в район Троицка. В 2015 г., 5 июля, нами в районе стационара «Малинки» был обнаружен труп самки летяги, родившейся весной этого года. Это позволило получить образец ткани для проведения генетического анализа с целью определения филогенетических связей обитающих здесь зверьков.

Материалы и методы

Найденный мёртвый зверёк был передан в коллекцию ЗМ МГУ: номер поступления 52/15, регистрационный номер S 195971. Для молекулярно-генетического анализа использовали образец мышечной ткани, зафиксированной в 96%-м этаноле.

Тотальную ДНК выделяли с использованием набора Thermo Scientific GeneJET Genomic DNA Purification Kit (Thermo Scientific, США) в соответствии с инструкцией производителя.

В качестве маркера для сравнительного филогеографического анализа была использована последовательность гена цитохрома *б* митохондриальной ДНК (cytb), применявшаяся в исследованиях филогеографической структуры данного вида ранее [Oshida et al., 2005; Lee et al., 2008]. Последовательность cytb была амплифицирована с использованием праймеров L14115 и H15300 [Yasuda et al., 2005] при параметрах цикла ПЦР, рекомендованных в цитируемой работе (температура отжига – 50°). ПЦР проводили на базе набора 5X MasDDTaqMIX-2025 («Диалат Лтд.», Россия). Терминирующие реакции с использованием как прямого, так и обратного праймеров проводили на базе набора BigDye Terminator v3.1

(Applied Biosystems /AB/, США). Нуклеотидные последовательности определяли на автоматическом анализаторе 3500 Genetic Analyzer (AB). Полученные хроматограммы расшифровывали с помощью программного обеспечения Sequencing Analyzer v.5.4. (AB).

Проверку качества расшифровки хроматограмм, совмещение прямой и обратной последовательностей и их выравнивание с последовательностями, взятыми из Генбанка, проводили с использованием программы BioEdit v7.2.5 [Hall, 1999]. Для проведения филогенетического анализа были использованы последовательности cytb, представленные в исследованиях по филогеографии *Pteromys volans*: AB164478–AB164479, AB164648–AB164674 [Oshida et al., 2005] и EU919142–EU91916, FJ360736– FJ360740 [Lee et al., 2008]. Для построения медианной сети методом Median Joining была использована программа Network v4.6.1.3 [Bandelt et al., 1999], для оценки генетических дистанций – программа MEGA6 [Tamura et al., 2013].

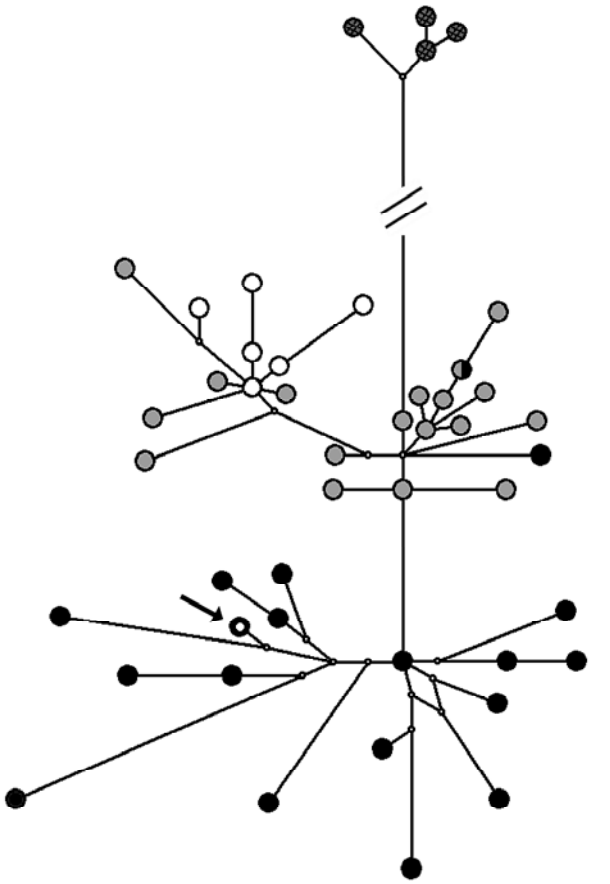

Рис. 2. Медианная сеть гаплотипов гена цитохрома *б* (1125 п.н.), известных для *Pteromys volans* из различных районов юга Дальнего Востока России, Маньчжурии и Южной Кореи (чёрный); Сибири, Чукотки и Северной Монголии (серый); европейской части России (белый цвет). Последовательность анализируемого образца маркирована белой точкой и показана стрелкой. Минимальное расстояние между кружками соответствует одной нуклеотидной замене. Разрыв линии – связь с последовательностями *P. volans*, известными с о. Хоккайдо (показаны штриховкой, минимальная дистанция между ними и гаплотипом из Сибири составляет 23 нуклеотидные замены).

Результаты и обсуждение

Для исследованного образца была получена последовательность гена cytb длиной 1125 п.н., соответствующая 7-й – 1131-й позициям полной последовательности гена, начиная со старт кодона. Последовательность депонирована в базе данных GenBank под номером KT962998.

Проведённый анализ показал высокое сходство полученной последовательности с последовательностями, отмеченными у летяг с территории российского Дальнего Востока (бассейны рек Сунгари, Уссури, Сучан, окрестности оз. Ханка) и прилегающих районов Китая (провинция Heilongjiang). Эти последовательности образуют отдельную кладу [Oshida et al., 2005; наш анализ], куда входит и последовательность анализируемого образца (рис. 2). К этой же группе примыкают и последовательности, известные из Южной Кореи [Lee et al., 2008].

Средняя дистанция между гаплотипами этой группы и последовательностью исследованного образца составила 0.76% (модель p-distance), при том, что тот же показатель, рассчитанный для всех гаплотипов данной группы (включая южнокорейские варианты) составляет 0.90%. Средняя дистанция между последовательностью исследованного образца и гаплотипами, известными из европейской части России (Кондопожский р-н Республики Карелия, Выборгский и Бокситогорский р-ны Ленинградской обл., Новгородская, Кировская и Пермская области) почти вдвое больше – 1.36%, что соответствует среднему уровню отличий между группами дальневосточных

и европейских гаплотипов в целом – 1.33%.

Полученный результат позволяет говорить о том, что найденный под Троицком зверёк происходит не из европейской популяции летяги, нативной или интродуцированной, а, по крайней мере, по материнской линии, является потомком особей, завезённых из дальневосточного региона.

На звенигородскую биостанцию МГУ летяг завозили несколько раз, как из европейской, так и из дальневосточной части ареала вида; и как тем, так и другим удавалось убегать из вольер [Н.А. Формозов, личное сообщение]. Расстояние от ЗБС до стационара «Малинки» составляет около 40–45 км по прямой. Немногим большую протяженность, около 50 км, составляют и потенциальные миграционные пути, проходящие через относительно непрерывную череду лесных массивов к югу от ЗБС, западнее Кубинки и южнее Селятино, либо к северо-западу от ЗБС и далее к западу от Голицыно и Апрелевки (на основе спутникового снимка геоинформационной системы Google Earth от октября 2013 г.). При этом сплошные лесные массивы не являются абсолютно необходимым условием для расселения летяги. Так, в Западной Сибири этот зверёк по островным лесам проникает даже в лесостепи [Ефремов, Моравецкий, 2001].

Таким образом, можно с большой долей уверенности предполагать, что популяция летяг, обитающих в районе стационара «Малинки», ведёт своё происхождение от расселяющихся особей интродуцированной звенигородской популяции. Кажется вероятным, что и зверьки, отмеченные в окрестностях Голицыно, Апрелевки и Подлипок, то есть между ЗБС МГУ (на расстоянии 10–25 км от неё) и окрестностями биостанции «Малинки» – потомки непреднамеренно интродуцированных звенигородских летяг.

В то же время в отсутствие молекулярно-генетических данных тот факт, что под Троицком в настоящее время обитают потомки интродуцированных летяг, не представлялся бы очевидным. Летяга распространена практически по всей таёжной зоне Евразии, проникая, особенно в восточной части ареала, и в более южные лесные районы [Огнёв, 1940; Бобринский и др., 1965]. В России её ареал охватывает большую часть лесной зоны [Там же], однако характер распространения зверька в отдельных районах изучен плохо. На пространстве от Балтики до Тихого океана летяга представлена рядом форм и подвидов, отличающихся в первую очередь оттенками в окраске меха [Огнёв, 1940]. На северо-востоке Московской обл. можно ожидать встретить летяг подвида *P. v. volans* с «чёрно-серым со светлой серой рябью» летним мехом [Бобринский и др., 1965], но западнее распространён подвид *P. v. ognevi* с мехом с «ясно выступающими ржаво-палевыми оттенками» [Там же]. Последнее описание, однако, мало отличается от диагноза *P. v. arsenjevi,* – наиболее вероятного кандидата на соответствие южно-дальневосточной филогенетической группе: «летний мех серо-ржаво-палевый» [Там же].

Окраска меха двух молодых (что подтверждается существенно меньшей длиной тела) зверьков, найденных в настоящее время в западной части Подмосковья, – проанализированного нами экземпляра (ЗМ МГУ S 195971) и особи из окрестностей Апрелевки (S 178938) – характеризуется тёмно-серым фоном с очень слабым рыжеватым оттенком. Однако эта окраска явно отличается от окраски взрослых особей, а тушки других молодых летяг, как из европейской части России, так и с юга Дальнего Востока, с которыми можно было бы сравнить эти экземпляры, в коллекции ЗМ МГУ отсутствуют. Имеющиеся в фондах ЗМ МГУ взрослые экземпляры подвида *P. v. ognevi* (S 38268, S 38269, S 38270, Тверская обл.) характеризуются слабыми ржаво-палевыми оттенками меха на спине и палево-ржавым хвостом. Следует отметить, что аналогичной была окраска взрослой летяги, которую мы наблюдали летом 2015 г. на биостанции «Малинки». Представленная в фондах ЗМ МГУ особь подвида *P. v. arsenjevi*, добытая на юге Дальнего Востока у пос. Терней (S 45978), также характеризуется развитием интенсивных желтовато-коричневых тонов верха тела. Такой же, в целом, окраской, отличаются и три взрослых зверька, полученные непосредственно из зве-

нигородской биостанции (S 155686, S 155687, S 172778), и взрослая летяга из Одинцовского района (S 190550). Таким образом, факт наличия рыжеватых оттенков в окраске меха не позволяет в данном случае говорить о принадлежности особи к какой-либо географической расе.

Хотя, как уже сказано, согласно имеющимся данным, южная граница естественного ареала летяги в Подмосковье проходит по северным и восточным районам области, известен и факт добычи летяги в XIX в. в Сокольниках, то есть на территории современной Москвы [Огнёв, 1940]. Также из проведённого С.И. Огнёвым анализа следует, что как к западу (Смоленская обл.), так и на востоке Московской обл. летяга может быть встречена и значительно южнее Москвы. Например, в Смоленской области – на широте 54°15? с. ш. Более того, известен экземпляр летяги, добытый в 1856 г. в Карачаевском уезде Орловской губернии. Из анализа точек находок летяги, показанных на карте в более поздней сводке [Бобринский и др., 1965], также следует, что ареал вида к западу и к востоку от Московской обл. спускается заметно южнее, чем в самой области.

Хотя в отношении более южных районов отмечается, что летяга здесь «встречается крайне редко и спорадически» [Огнёв, 1940], заходы зверьков нативных европейских популяций также и в западные и южные районы Московской обл. представляются возможными. В свою очередь, допустимо, что экспансия зверьков интродуцированной звенигородской популяции идёт не только в юго-восточном, но и в других направлениях. Таким образом, существует вероятность контактов потомков интродуцированных особей с нативными и возникновение на территории Московской обл. гибридных популяций.

Благодарности

Работа частично финансировалась грантом программы фундаментальных научных исследований Президиума РАН «Биоразнообразие природных систем».

Литература

Бабенко В.Г., Силаева О.Л. Новые находки летяги (*Pteromys volans* Linnaeus, 1758) в Московской области // Сборник научных материалов научно-практической конференции «Актуальные вопросы образования и науки». Тамбов, Uncom, 2014. Ч. 3. С. 12–13.

Бобринский Н.А., Кузнецов Б.А., Кузякин А.П. Определитель млекопитающих СССР. М.: Просвещение, 1965. С. 270–271.

Емельянова Л.Г. Летяга // Красная книга Московской области. 2-е изд., перераб. и доп. М.: КМК, 2008. С. 28.

Ефремов А.А., Моравецкий А.Ф. Летяга // Энциклопедия охотника. М.: ООО «Информ-ПС2», 2001. Т. 5. С. 77–80.

Зубакин В.А. Летяга // Красная книга Московской области. М.: Аргус: Русский университет, 1998. С. 22–23.

Огнёв С.И. Звери СССР и прилежащих стран. Т. IV. Грызуны. М.; Л.: Изд-во АН СССР, 1940. С. 288–325.

Bandelt H.-J., Forster P., Rohl A. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies // Molecular Biology and Evolution. 1999. V. 16. P. 37–48.

Hall T.A. Bioedit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for windows 95/98/NT Nucl. // Acids Symp. Ser. 1999. V. 41. P. 95–98.

Lee M.-Y., Park S.-K., Hong Y.-J., Kim Y.-J., Voloshina I., Myslenkov A., Saveljev A.P., Choi T.-Y., Piao R.-Z., An J.-H., Lee M.-H., Lee H., Min M.-S. Mitochondrial genetic diversity and phylogenetic relationships of Siberian flying squirrel (*Pteromys volans*) populations // Animal Cells and Systems. 2008. V. 12 (4). P. 269–277.

Oshida T, Abramov A., Yanagawa H., Masuda R. Phylogeography of the Russian flying squirrel (*Pteromys volans*): implication of refugia theory in arboreal small mammal of Eurasia // Molecular Ecology. 2005. V. 14. P. 1191–1196.

Tamura K., Stecher G., Peterson D., Filipski A., Sudhir Kumar S. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0 // Molecular Biology and Evolution. 2013. V. 30. P. 2725–2729.

Yasuda S.P., Vogel P., Tsuchiya K., Han S.-H., Lin L.-K., Suzuki H. Phylogeographic patterning of mtDNA in the widely distributed harvest mouse (*Micromys minutus*) suggests dramatic cycles of range contraction and expansion during the mid- to late Pleistocene // Can. J. Zool. 2005. V. 83. P. 1411–1420.

INDIVIDUAL OF FLYING SQUIRREL (*PTEROMYS VOLANS*) BELONGING TO THE FAR EASTERN PHILOGENETIC LINEAGE WAS FOUND IN THE SUBURBS OF MOSCOW

© 2015 Babenko V.G.[1], Meschersky I.G.[2]

[1] A.N. Severtsov Institute of Ecology and Evolution, RAS, Moscow, 119071 Russia, alekto@aha.ru
[2] Department of Zoology and Ecology, Moscow State Pedagogical University, Moscow, 129164 Russia, molecoldna@gmail.com

Northern and eastern territories of Moscow oblast are known as a southern border of the native modern range of flying squirrel (*Pteromys volans*). However, near Zvenigorod (the western part of Moscow oblast) the population is known which is formed by animals brought to Zvenigorod Biological Station of Moscow State University from other territories including the Far Eastern part of the species range. Since 2010 flying squirrels are registered in Troitsk district, to the west-south of urban territory of the city of Moscow. Genetic analysis of dead animal found there showed the high similarity of mtDNA fragment sequence to variants known for the Russian Far East but not for European part of the species range. It is suggested that descendants of the Far Eastern flying squirrels unintentionally introduced near Zvenigorod expand their range actively throughout the Moscow oblast.

Keywords: flying squirrel, *Pteromys volans,* phylogeography, Moscow oblast, invasive population, cytochrome *b* gene.