

ОСОБЕННОСТИ ПОПУЛЯЦИОННО-ГЕНЕТИЧЕСКОЙ СТРУКТУРЫ СЕРЫХ КРЫС (*RATTUS NORVEGICUS*, *RODENTIA*, *MURINAE*) В Г. МОСКВЕ

© 2026 Мальцев А.Н.^{а*}, Кораблёв М.П.^{а**}, Котенкова Е.В.^{а***}, Комаров В.Ю.^{б,с****}

^а Институт проблем экологии и эволюции им. А.Н. Северцова РАН, Москва, 119071, Россия

^б Институт дезинфектологии ФБУН «ФНЦГ им. Ф.Ф. Эрисмана» Роспотребнадзора, Москва, 141014, Россия

^с Российская медицинская академия непрерывного профессионального образования, Москва, 1125637, Россия
email: *mus-musculus@yandex.ru; **mir-kor@yandex.ru; ***evkotenkova@yandex.ru;

****komarov.volodya@yandex.ru

Поступила в редакцию 23.07.2025. После доработки 10.07.2026. Принята к публикации 25.08.2026

Проведена оценка популяционно-генетической структуры серой крысы г. Москва. В работе выдвинуты основные гипотезы, касающиеся факторов, влияющих на изменения численности и генетической структуры *Rattus norvegicus*. Такая работа в России проведена впервые при изучении инвазионного синантропного вида в крупнейшем мегаполисе Европы. В исследовании в качестве аутоматических маркеров генетического полиморфизма использовали 13 микросателлитных локусов. Материал по крысам был разделён на локальные выборки по административным округам г. Москва: (ЗелАО, СЗАО, ЗАО, ЮЗАО, ЮВАО, ЦАО, ВАО, САО). Наибольшим генетическим разнообразием характеризовались крысы из Зеленограда (ЗелАО), здесь же выявлено наименьшее значение коэффициента инбридинга. Средние значения изменчивости выявлены в СЗАО и ЗАО. Наименьшие показатели генетического разнообразия зафиксированы в ЦАО, при этом здесь отмечен наибольший показатель инбридинга. В соответствии с распределением генетических различий наиболее обособлены крысы, отловленные в центре (ЦАО) и на юго-западе Москвы (ЮЗАО). Крысы из Зеленограда (ЗелАО), с северо-запада (СЗАО), запада (ЗАО) и юго-востока (ЮВАО) Москвы демонстрируют сходство между собой. Предполагается, что неоднородность популяционно-генетической структуры серой крысы г. Москва обусловлена изоляцией и территориальным консерватизмом крыс в одних поселениях (ЦАО, ВАО, ЮЗАО) и высокой миграционной активностью в других (ЗелАО, СЗАО, ЗАО, ЮВАО). При этом миграция серой крысы в Москве по предложенной нами гипотезе происходит по разветвлённой сети рек и каналов начиная от р. Сходня в Зеленограде за МКАД и далее по Москве-реке в пределах МКАД до юга-востока Москвы и дальше, согласно нашим собранным данным. Адаптации, связанные с резистентностью к антикоагулянтам, позволяют колониям серой крысы на ЮЗАО сохранять свою численность и в последующем ее восстанавливать.

Ключевые слова: синантропные грызуны, серая крыса, генетический полиморфизм, г. Москва, городские адаптации.

DOI: 10.35885/1996-1499-19-3-114-128

Введение

Города являются «аренами» микроэволюционных процессов для многих видов животных, которые адаптируются к жизни в сильно изменённой антропогенной среде [Фридман, Суслов, 2022]. Урбанизация приводит к быстрому изменению ландшафтов, что, в свою очередь, оказывает влияние как на состав городских сообществ животных [McKinney, 2006; Palomino, Carrascal 2007; Shochat et al., 2010], так и на происходящие в них эволюционные процессы [Alberti, 2015; Hendry et al., 2017]. Перемещение особей и их генов воз-

действует на функциональную связанность внутри популяций и между ними, а также на пространственное распределение генетической изменчивости [Slatkin, 1987], что часто используется для понимания современных процессов расселения [Broquet, Petit, 2009; Pinsky et al., 2016]. Изменчивость нейтральных локусов в значительной степени определяется генетическим дрейфом, который вызывает случайную потерю или фиксацию аллелей, тем самым увеличивая дифференциацию между группами особей, а также потоком генов, который гомогенизирует груп-

пы, связанные с расселением [Slatkin, 1987; Frankham et al., 1996; Waples, Gaggiotti, 2006]. Эти разнонаправленные процессы определяют пространственные паттерны генетической изменчивости.

Особи в городской среде часто перемещаются на более короткие расстояния [Glass et al., 1989; Adkins, 1998] и демонстрируют более высокую степень родства [Chiappero et al., 2011; Gortat et al., 2015], чем представители тех же видов, обитающие в природной среде. Исследования ряда млекопитающих показали, что в городских ландшафтах по сравнению с естественными местообитаниями у одних и тех же видов, как правило, наблюдается снижение генетической изменчивости внутри популяций и проявляется значительная генетическая дифференциация между отдельными популяциями [Magle et al., 2010; Munshi-South, Kharchenko, 2010; Wilson et al., 2016; Карманова и др., 2025].

Особый интерес представляют процессы, позволяющие видам формировать и поддерживать популяции в городской среде. Одним из видов, наиболее приспособленных к городским условиям, выступает серая крыса (*Rattus norvegicus* Berkenhout, 1769). Вид входит в состав 100 наиболее опасных инвазионных видов России и мира [Lowe et al., 2000; Хляп, 2018]. Численность серой крысы в крупных городах в последние годы остаётся высокой, несмотря на активное применение родентицидных средств на основе антикоагулянтов 2-го поколения [Рыльников, 2016]. После перехода к синантропному образу жизни, который исчисляется периодом более 8 тыс. лет [Munshi-South et al., 2024], серая крыса смогла выработать ряд адаптационных механизмов, позволяющих этому виду не только обитать в постройках человека, но и расселяться с использованием транспортных средств, благодаря чему она заселила разные материки и острова [Кучерук, Лапшов, 1987; Кучерук, 1990]. Упоминания о борьбе с серой крысой с помощью растительных ядов в литературных источниках датируется XIII в. до н.э. Применение таких сильнодействующих веществ (например, мышьяк и стрихнин) описано с конца XVII века [Котенкова и др., 1989]. За это время серые крысы научились

избегать орудия лова, а позже начали развиваться механизмы генетической резистентности к антикоагулянтам-родентицидам. При применении методов контроля численности в популяциях грызунов возникают адаптации как ответ на непрерывное действие химического метода истребления с применением антикоагулянтов. К числу таких адаптаций можно отнести физиолого-генетическую устойчивость к родентицидным средствам на основе антикоагулянтов, которые являются эффективными средствами контроля численности грызунов. Генетическая устойчивость у синантропных грызунов к антикоагулянтам обусловлена возникающими и закреплёнными естественным отбором мутациями гена *Vkorc1*. В настоящее время к большинству антикоагулянтов 1-го и некоторым из 2-го поколения у особей серой крысы выработалась генетическая резистентность, причём доля антикоагулянтов, к которым зафиксирована генетическая устойчивость, составляет порядка 70% [Buckle, 2013; Buckle et al., 2020; Mooney et al., 2018]. Данных о генетической устойчивости серой крысы в городах России немного. Ранее в городах Москва, Рязань, Калуга были обнаружены мутации гена *Vkorc1*, обуславливающие резистентность к родентицидам-антикоагулянтам [Мальцев и др., 2021; Maltsev et al., 2022, Миронова и др., 2020; Корзиков и др., 2025].

Однако не только мероприятия, связанные с дератизацией, оказывают влияние на численность и распределение серой крысы в городах. Урбанизация – один из значимых факторов, влияющих на численность и изменения структуры популяций. Ранее считалось, что урбанизация приводит к увеличению численности синантропных и снижению этого показателя у экзоантропных видов животных. По проведённым ранее наблюдениям с 1960-х по начало 2000-х годов [Тихонова и др., 2012] городское строительство и значительная трансформация природных ценозов на незастроенных территориях г. Москва вызвали не только снижение обилия мелких млекопитающих, но и их видового разнообразия [Тихонова и др., 1997; Суров и др., 2010, 2011]. В 1970-е годы в Москве происходило постепенное увели-

чение доли синантропных и гемисинантропных видов грызунов по сравнению с экзосинантропными видами и значительно изменился их видовой состав в незастроенных территориях города [Тихонова и др., 2012]. Следует отметить, что каждый город по-своему уникален, поскольку характеризуется определённым планом застройки; распределением строений того или иного типа по разным округам и районам города; распределением лесопарковой зоны; наличием подземных сооружений и коммуникаций (метро, канализация), уборкой территорий и вывозом пищевых отходов и др., то есть комплексом тех особенностей, которые могут оказывать влияние на численность и распределение серой крысы в черте города. В опубликованной на сегодняшний день научной литературе отсутствуют данные о влиянии урбанизации и роста городской агломерации г. Москва на популяционно-генетическую структуру серой крысы. Недостаточно сведений о влиянии на генетическую структуру таких факторов, как дератизация, наличие лесопарков,

парков и других незастроенных территорий, характер городской застройки и расположение транспортных магистралей.

Исходя из всего вышесказанного, целями исследования являлось следующее: оценить генетическую структуру и генетическую изменчивость населения серой крысы г. Москва; проанализировать основные факторы, определяющие распределение серых крыс в городе и их численность.

Материал и методика

Работа выполнена в Центре коллективного пользования «Инструментальные методы в экологии» Института проблем экологии и эволюции им. А.Н. Северцова РАН и в лаборатории изучения грызунов отдела дератизации Института дезинфектологии ФБУН «ФНЦГ им. Ф.Ф. Эрисмана» Роспотребнадзора. Для исследования отловлены 53 особи серой крысы (период отлова: июль 2020 г. – апрель 2025 г.) в многоквартирных домах и прилегающих к ним территориях в административных округах г. Москва (табл. 1).

Таблица. 1. Материал точек отлова тканей серых крыс используемый в исследовании

Дата отлова	№ точки отлова с карты	Округ	Район	Адрес (улица, дом, координаты)	Мутация VCORC1
24.07.2020	1	Зеленоградский (ЗеАО)	г. Зеленоград	Проспект Генерала Алексеева 56.007740, 37.182824	Нет. Дикий тип.
24.07.2020	2	Северный (САО)	Дмитровский	Коровинское шоссе, 36, к. 1 55.886877, 37.516602	Мутационный тип Tyr139Ser (Y139S)
28.07.2020	15	Юго-Восточный (ЮАО)	Марьино	Нижние Поля, 29, с. 1 55.657484, 37.731335	Нет. Дикий тип
30.07.2020	16	Юго-Западный (ЮЗАО)	45-й квартал	Проспект Вернадского, 119 55.657636, 37.482789	Мутационный тип Tyr139Ser (Y139S)
30.07.2020	14	Юго-Западный (ЮЗАО)	Ломоносовский	ул. Удальцова, 14 55.675773, 37.511445	Мутационный тип Tyr139Ser (Y139S)
04.09.2020	9	ВАО	Измайлово	Первомайская, 1 55.790494, 37.771139	Нет. Дикий тип
22.04.2021	10	ЗАО	75-й квартал	Карамышевская наб., 60 55.775424, 37.461122	Нет. Дикий тип
22.04.2021	11	ЗАО	Речник	Нижняя ул., 135 55.770973, 37.453998	Нет. Дикий тип
22.04.2021	12	ЗАО	Речник	Верняя ул., 163 55.769312, 37.456028	Нет. Дикий тип

22.04.2021	7	СЗАО	Хорошово-Мневники	Паршина, 14 55.789750, 37.455426	Нет. Дикий тип
22.04.2021	5	СЗАО	Щукино	Волоколамский проезд, 8 55.801647, 37.492105	Нет. Дикий тип
22.04.2021	4	СЗАО	Щукино	Волоколамский проезд, 10 55.803241, 37.490865	Нет. Дикий тип
22.04.2021	3	СЗАО	Щукино	Волоколамский проезд, 12 55.801592, 37.493838	Нет. Дикий тип
22.04.2021	6	СЗАО	Щукино	Живописная, 26 55.790190, 37.455426	Нет. Дикий тип
22.04.2021	8	СЗАО	Хорошово-Мневники	Паршина, 41 55.788839, 37.449309	Нет. Дикий тип



Рис. 1. Схема мест сбора материала. Места отлова серых крыс обозначены чёрными квадратами; особей с мутацией *Tyr139Ser* – квадратами с чёрным абрисом без заливки. Под номерами точки отлова: 1–16.

В качестве образцов для анализа использовали мышцы или соединительные ткани, зафиксированные в 96%-ном этаноле. Материал разделён на локальные выборки по административным округам: Зеленоградский административный округ (ЗелАО, $n = 8$), Северо-западный административный округ (СЗАО, $n = 11$), Западный административный округ (ЗАО, $n = 14$), Юго-западный административный округ (ЮЗАО, $n = 8$), Юго-восточный административный округ (ЮВАО, $n = 4$), Центральный административный округ (ЦАО, $n = 5$), Восточный административный округ (ВАО, $n = 3$), Северный административный округ (САО, $n = 1$) (рис. 1, см. табл. 1).

Для выделения ДНК использовали наборы DNeasy Blood & Tissue Kit (Qiagen, Германия), Tissue (Raissol, Россия) и D-Tissues-50 (ООО «Биолабмикс», Россия). В качестве аутомных маркеров генетического полиморфизма использовали 13 микросателлитных локусов, разработанных для *R. norvegicus* [Jacob et al., 1995]: D5Rat43, D18Rat116, D20Mit4, D4Rat59, D13Rat21, D11Rat11, D14Rat110, D3Rat159, D8Rat162, D19Rat62, D12Rat49, D10Rat105, D15Rat64. Последовательности праймеров получены из базы данных Rat Genome Database (<http://rgd.mcw.edu/>). Прямой праймер для каждого локуса был модифицирован флуоресцентной меткой одного из четырёх спектров светимости (ООО «Синтол», Россия): FAM (D5Rat43, D14Rat110, D19Rat62), R6G (D18Rat116, D4Rat59, D12Rat49), TAMRA (D13Rat21, D3Rat159, D10Rat105), ROX (D20Mit4, D11Rat11, D8Rat162, D15Rat64). Амплификацию выполняли в мультиплексных смесях объёмом 15 мкл, содержащих 1 мкл геномной ДНК, 2.61 мкл 10-кратной ПЦР-смеси (приготовленной из компонентов ООО «Сибэнзим», Россия) и 0.1–0.3 мкл каждого праймера. Использовали следующую программу работы термоциклера: 95 °C – 15 мин, (95 °C – 30 сек., 57 °C – 90 сек., 72 °C – 60 сек.) $\times$ 40 циклов, финальная элонгация при 60 °C – 40 мин. Каждая серия ПЦР включала отрицательный контроль для детектирования возможной контаминации. Фрагментный анализ продуктов ПЦР выполняли на генетических анализаторах Нанофор 05 (ИАП РАН, Россия) и ABI 3500 (Applied

Biosystems, США). В качестве размерного стандарта использовали GeneScan 500 LIZ (Applied Biosystems, США). Длины аллелей анализировали в программе GeneMapper v. 4.0 (Applied Biosystems, США).

Стандартные индексы генетического разнообразия, включая ожидаемую (H_e) и наблюдаемую (H_o) гетерозиготность и среднее число аллелей на локус, рассчитывали в программе MS Tools [Park, 2008]. Аллельное разнообразие (A_R , среднее число аллелей на локус, скорректированное на размер выборки), а также коэффициент инбридинга (F_{IS}) и его статистическую значимость рассчитывали с использованием программы Fstat 2.9.4 [Goudet, 1995]. F_{IS} рассчитывали в соответствии с методом Вейра – Кокерхема [Weir, Cockerham, 1984], а его статистическую значимость оценивали на основании 21 000 рандомизаций. Анализ соответствия распределения частот аллелей равновесию Харди – Вайнберга проведён в программе Arlequin 3.5.2.2 [Excoffier, Lischer, 2010]. Оценка частот нуль-аллелей выполнена в программе Cervus 3.0.7 [Kalinowski et al., 2007]. Генетическая подразделённость популяции на основе критерия F_{ST} оценена в программе Arlequin 3.5.2.2. Парные значения F_{ST} использованы для анализа главных координат (PCoA) в программе GenAlEx 6.503 [Peakall, Smouse, 2012] с целью визуализации распределения генетических различий между выборками. Генетическую структуру исследовали с применением байесовской кластеризации в программе Structure 2.3.4 [Pritchard et al., 2000]. Анализ выполнен с использованием модели Admixture с опциями Allele frequencies correlated и LOCPRIOR на основе 1 000 000 итераций марковских цепей Монте-Карло (MCMC) после периода отжига 100 000 итераций. Тестирование проводилось для K от 1 до 10 (количество генетических кластеров), с 10 повторениями для каждого значения K . Оптимальное число генетических кластеров определяли на основе модального значения ΔK [Evanno et al., 2005], а также апостериорных вероятностей и правдоподобия каждого значения K в программе Clumpak [Kopelman et al., 2015]. Эта же программа использовалась для обобщения результатов 10 повторений кластерного анализа

для каждого К и визуализации результатов. Генетические различия между выборками дополнительно изучены с применением дискриминантного анализа главных компонент (DAPC) в пакете *adegenet* 2.1.1 для среды R [Jombart, 2008]. В отличие от байесовской кластеризации, данный метод позволяет оценивать генетическую структуру вне зависимости от распределения частот генотипов по равновесию Харди – Вайнберга и наиболее пригоден для выявления межгрупповых различий при минимизации внутригрупповой изменчивости [Jombart et al., 2010].

Генетическая изменчивость

Оценка изменчивости по проанализированным 13 микросателлитным локусам серых крыс г. Москва показала, что число аллелей на локус составило от 4 до 9 (среднее 6.31 ± 1.60). Средняя ожидаемая гетерозиготность H_e составила 0.61 ± 0.05 , средняя наблюдаемая гетерозиготность $H_o = 0.50 \pm 0.02$ (табл. 2). Относительно высокая частота нуль-аллелей (> 0.1) наблюдается в семи локусах в объединённой выборке, варьируя от 0.115 в локусе D5Rat43 до 0.436 в локусе D14Rat110. Тем не менее мы не стали исключать их из дальнейшего анализа, учитывая данные Хуанга с соавторами [Huang et al., 2016], показывающие, что использование локусов с частотой нуль-аллелей < 0.5 не оказывает значимого влияния на результаты. Достоверные отклонения от равновесия Харди – Вайнберга выявлены в пяти локусах (D5Rat43, D11Rat11, D14Rat110, D10Rat105, D15Rat64) в объединённой выборке (после применения поправки Бонферрони для множественных сравнений) и во всех случаях обусловлены дефицитом ге-

терозигот. При этом достоверных отклонений не выявлено при анализе внутри локальных выборок, что свидетельствует о влиянии эффекта Валунда [Wahlund, 1928] на распределение частот генотипов на большинстве исследованных участков г. Москва.

Характеристики генетической изменчивости для каждой выборки приведены в табл. 2.

Наибольшим генетическим разнообразием характеризуются крысы из Зеленограда (ЗелАО), здесь же выявлено наименьшее значение коэффициента инбридинга. Средние значения изменчивости выявлены в СЗАО и ЗАО. Наименьшие показатели генетического разнообразия зафиксированы в ЦАО, при этом здесь отмечен наибольший показатель инбридинга. Для остальных районов города (САО, ВАО, ЮВАО) данные не приводятся ввиду малого объёма выборок.

Генетическая структура

В соответствии с распределением генетических различий наиболее обособлены крысы, отловленные в центре (ЦАО) и на юго-западе Москвы (ЮЗАО), они показывают статистически значимые индексы F_{st} при сравнении с остальными выборками (табл. 3, рис. 2). Крысы из Зеленограда (ЗелАО), с северо-запада (СЗАО) и запада (ЗАО) Москвы демонстрируют сходство между собой – генетические различия в парных сравнениях ЗАО с ЗелАО и СЗАО недостоверны, а между ЗелАО и СЗАО выявлены умеренные статистически значимые значения F_{st} . Выборки с количеством материала менее пяти образцов (САО, ВАО, ЮВАО) не были включены в анализ.

Апостериорный анализ результатов байесовской кластеризации свидетельствует об

Таблица 2. Генетическое разнообразие выборок серой крысы из округов Москвы

Округ	n	H_e	H_o	A_R	F_{IS}
ЗелАО	8	0.63 ± 0.07	0.68 ± 0.05	2.95	-0.085
СЗАО	11	0.56 ± 0.05	0.50 ± 0.04	2.65	0.113*
ЗАО	14	0.59 ± 0.05	0.57 ± 0.04	2.77	0.024
ЮЗАО	8	0.39 ± 0.08	0.42 ± 0.05	2.10	-0.079
ЦАО	5	0.38 ± 0.07	0.29 ± 0.05	1.88	0.244*

* Достоверные значения коэффициента инбридинга при $p \leq 0.05$.

Таблица 3. Парные значения F_{ST} между выборками серой крысы из округов Москвы

	ЗелАО	СЗАО	ЗАО	ЮЗАО	ЦАО
ЗелАО		0.072	0.015	0.227	0.243
СЗАО	0.0015		0.021	0.191	0.163
ЗАО	0.1089	0.0999		0.204	0.193
ЮЗАО	0.0000	0.0000	0.0000		0.333
ЦАО	0.0009	0.0015	0.0006	0.0009	0.0335

Примечание: выше диагонали – значения F_{ST} ; ниже диагонали – достоверность различий p ; статистически значимые значения F_{ST} (при $p \leq 0.05$) выделены полужирным.



Рис. 2. Распределение генетических различий (F_{ST}) между локальными выборками серой крысы в первых двух осях анализа главных координат.

оптимальном подразделении структуры крыс Москвы на пять генетических кластеров (рис. 3), что подтверждается как модальным значением ΔK , так и максимальной апостериорной вероятностью данных при $K = 5$.

В целом результаты кластерного анализа соответствуют характеру распределения генетических различий, оцененных на основании критерия F_{ST} (см. табл. 3, рис. 3). Однако большее число образцов, включённых в байесовскую кластеризацию, позволило выявить дополнительные паттерны генетической

структуры. Крысы с юго-запада (ЮЗАО), центра (ЦАО) и востока (ВАО) Москвы формируют отдельные генетические кластеры. Наиболее сходны между собой крысы из Зеленограда (ЗелАО), с запада (ЗАО) и юго-востока (ЮВАО) Москвы, в то время как на северо-западе (СЗАО) генотипы гетерогенны.

Особь, несущие мутацию резистентности в гене *Vkorc1*, не показывают каких-либо генетических отличий по изученным микросателлитным локусам. Обмен генов между серыми крысами из Юго-Западного (ЮЗАО) и Северного (САО) административных округов, где ранее была найдена мутация Tyr139Ser [Мальцев и др., 2021; Maltsev et al., 2022], оказался незначительным.

Дискриминантный анализ главных компонент разделяет особей из всех выборок на четыре основные группы: одну из них образуют крысы из Зеленограда (ЗелАО), с северо-запада (СЗАО), запада (ЗАО) и юго-востока (ЮВАО) Москвы; остальные группы сформированы крысами из юго-западной (ЮЗАО), центральной (ЦАО) и восточной (ВАО) частей города (рис. 4). Таким обра-

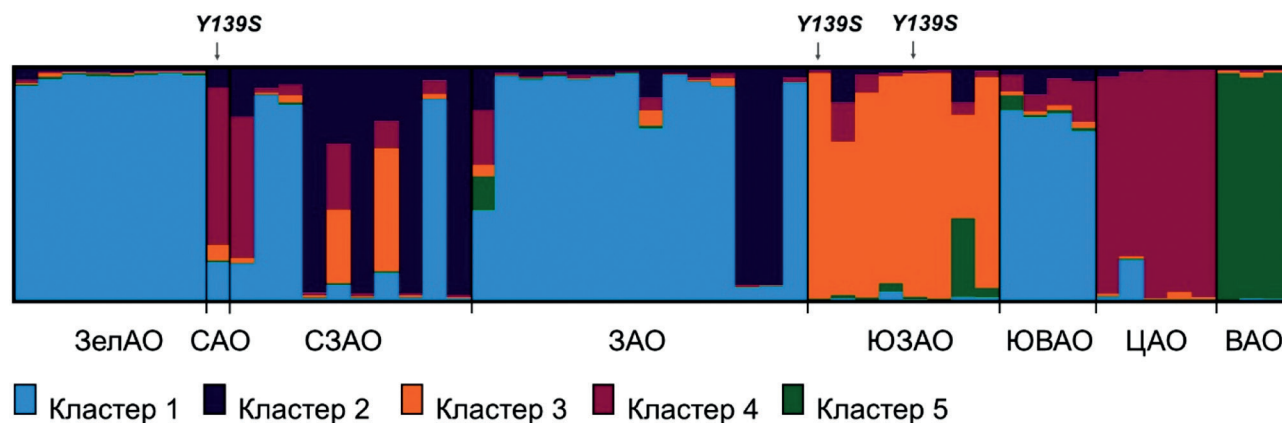


Рис. 3. Результаты кластерного анализа серых крыс Москвы при $K = 5$. Стрелками отмечены особи, несущие мутацию резистентности Tyr139Ser в гене *Vkorc1*.

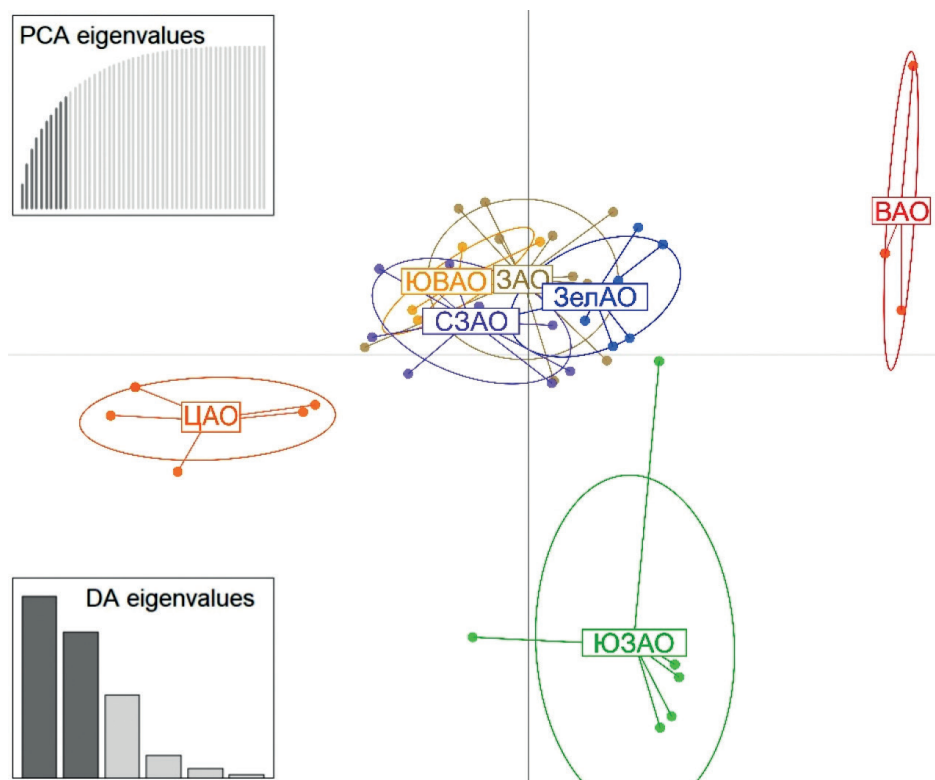


Рис. 4. Дискриминантный анализ главных компонент выборок серых крыс Москвы.

зом, результаты анализа конгруэнтны как с распределением значений F_{ST} , так и с кластеризацией особей в программе Structure и подтверждают выраженную генетическую структурированность серых крыс в Москве.

Обсуждение

Распределение синантропных грызунов в городах, включая Москву, носит мозаичный характер [Мелкова, 1987, Тихонова и др., 2012]. Анализ литературных данных показал, что распределение крыс в городах и их численность определяются следующими факторами: 1) особенностями городского ландшафта [Рыльников, 2010; Тихонова и др., 2012]; 2) распределением и доступностью кормовых ресурсов и воды [Мелкова, 1987; De Masi et al., 2009; Рыльников, 2010; Voedts et al., 2025], которые зависят от степени изоляции бытовых отходов в закрытых баках и продуктов на пищевых предприятиях, мусорокамерах, контейнерных площадок твёрдых бытовых отходов (ТБО); 3) характером городской застройки, то есть распределением домов разных типов и годов застройки и доступностью укрытий [Судейкин, 1986; Мелкова, 1987; De Masi et al., 2009]; 4) распределением транс-

портных магистралей и развязок, препятствующих расселению грызунов; 5) распределением подземных сооружений, таких как метро, канализация, трубопроводы [Davis et al., 1948; Тошигин, 1968; Судейкин, 1986]; 6) микроклиматом [Мелкова, 1990б]; 7) особенностями пространственно-этологической структуры группировок, степенью привязанности к территории и способностью к расселению [Davis, 1953; Судейкин, 1976; Квашнин, 1983; Мелкова, 1990 а, б; Krebs, 2014]; 8) степенью развития адаптаций вида к городским условиям [Карманова и др., 2025; Котенкова и др., 2025]; 9) характером, частотой и качеством дератизационных мероприятий [Мелкова, 1990б; Рыльников, 2010]; 10) распределением естественных речных систем в городе (ручьи, реки, каналы, водохранилища), связанных между собой и способствующих расселению серой крысы [Кузякин, 1951; Кучерук, 1990]. В свою очередь, в исследованиях г. Париж проанализированы 14 факторов, определяющих наличие и плотность популяции серой крысы. Из них тремя решающими оказались: наличие корма; зелёных зон (доступ к норам) и близость к воде [Voedts et al., 2025].

Следует отметить, что дератизационные обработки усиливают мозаичность распределения серой крысы в пределах города, но не обеспечивают полного их уничтожения [Мелкова, 1990б; Рыльников, 2010]. Показано, что в городе индивидуально меченные особи серой крысы могут перемещаться по территории населённого пункта на расстояния до 4–10 км [Судейкин, 1976].

Одним из основных факторов, влияющих на численность и структуру населения крыс в районах Москвы, является неоднородность городских ландшафтов, различающихся по степени и характеру застройки, наличию или отсутствию незастроенных территорий, степени развития транспортной инфраструктуры и особенностями гидрографии. На территории г. Москва выделяют три типа поселений серой крысы: условно-естественные, полуюрбанистические и урбанистические [Судейкин, 1986; Рыльников, 2010]. В нашем исследовании особи серой крысы были отловлены в полуюрбанистических городских ландшафтах (зоопарк в ЦАО) и в жилебной зоне урбанистических колоний (все остальные округа) в многоквартирных домах или на прилегающих к ним дворовых территориям около площадок для сбора твёрдых коммунальных отходов. Учитывая фрагментацию ландшафта, можно предположить, что генетическая дифференциация выборок может объясняться формированием отдельных относительно изолированных поселений. К одному из таких относятся места отлова серых крыс в Зеленограде (ЗелАО).

Выборка из ЗелАО отличалась более высоким уровнем гетерозиготности и аллельного разнообразия по сравнению с другими изученными выборками (см. табл. 2). ЗелАО – наиболее удалённый округ, находящийся за пределами МКАД. Наличие рядом с Зеленоградом незастроенных городских ландшафтов до определённой степени может способствовать потоку генов и пополнению в проживающую колонию особей из соседних колоний серых крыс. Как уже отмечалось выше, показано, что в Париже одним из решающих факторов, определяющих наличие крыс в том или ином участке города, является наличие незастроенных территорий с зелё-

ными насаждениями, где крысы могут устраивать норы. В Москве особи серой крысы могут круглый год обитать рядом с источником корма (контейнерные площадки, свалки), не вселяясь в помещения [Мелкова, 1990б; Рыльников, 2010]. В холодные зимы часть крыс погибает, а часть проникает в постройки человека из разных мест, что и может быть причиной повышенной изменчивости.

Вместе с тем крысы из Зеленограда генетически сходны с крысами, отловленными на северо-западе (СЗАО), западе (ЗАО) и юго-востоке (ЮВАО) Москвы. Вероятно, это объясняется характером распределения сети рек и каналов г. Москва и пригородов. Так, река Сходня, протекая через Зеленоград, далее впадает в Москву-реку на северо-западе Москвы. Известно, что серая крыса может активно расселяться вдоль русла рек [Кузякин, 1951]. Речной транспорт может служить для серой крысы важнейшим средством пассивного расселения. Наличие в Москве развитого водного транспорта (грузового и пассажирского) может способствовать перемещению грызунов на дальние расстояния из одной части города в другую. Таким образом может происходить расселение серых крыс между ЗелАО, северо-западом (СЗАО) и западом (ЗАО) Москвы. Кроме того, расселение вдоль основной водной артерии столицы может происходить и далее в юго-восточном направлении, что, по нашим предположениям, может объяснять сходство крыс из ЮВАО с обсуждаемыми выборками. В свою очередь, отсутствие разветвленной речной сети на востоке и юго-западе Москвы могло повлиять на изолированность колоний серой крысы в этих районах. Ранее Карманова и др. [2025] показали, что поселения полевых мышей в парках города были в значительной степени изолированы, генетические различия между ними превосходили таковые между естественными популяциями, разделёнными расстоянием более 1000 км. В нашем исследовании также прослеживается высокая степень генетической дифференциации между рядом районов города, таких как ЦАО, ВАО и ЮЗАО.

Крысы из ЦАО отловлены на территории Московского зоопарка, которая представляет собой полуюрбанистический городской ланд-

шафт [по классификации В.А. Рыльникова, 2010]. Это единственная выборка в нашем исследовании, отловленная не в районе жилищной застройки. Проведённые кластерный и дискриминантный анализы, а также парные значения F_{ST} свидетельствуют в пользу того, что население крыс зоопарка в значительной степени изолировано. (см. табл. 3, рис. 2–4). Такая изоляция может быть обусловлена высоким территориальным консерватизмом крыс, который поддерживается за счёт хорошей и постоянно доступной кормовой базы, наличия воды и достаточно большого числа доступных укрытий, а также невозможности проведения на территории зоопарка дератизационных обработок с применением химических средств борьбы. Постоянные колонии серой крысы могут при наличии благоприятных условий существовать на определённых участках в течение нескольких лет [Мелкова, 1990а]. При этом в силу высокой агрессивности доминантных самцов и других членов колонии вселение, а тем более размножение чужаков в сформировавшихся группах невозможно [Квашнин, 1983; Котенкова и др., 1999]. Кроме того, Москва-река протекает в стороне от этого района города (см. рис. 1), что затрудняет обмен генами крыс зоопарка со зверьками из других округов. Данное обстоятельство дополнительно способствует стабильности поселений в центре города.

Территориальный консерватизм серых крыс подтверждён и генетическими методами на примере изучения их поселений в четырёх городах (Сальвадор, Бразилия; Новый Орлеан, США; Ванкувер, Канада; Нью-Йорк, США) [Combs et al., 2018a]. Показано, что активный обмен генами, который оценивали с помощью анализа пространственной автокорреляции, обычно проявлялся на дистанции не более 500 м, что свидетельствует о преимущественно коротких расстояниях расселения городских крыс. При этом расселение на большие дистанции происходило с гораздо более низкой частотой [Combs et al., 2018b].

Генетическое разнообразие во всех районах, кроме ЗелАО, для которых были рассчитаны показатели полиморфизма, было средним или низким (см. табл. 2). Вероятно,

нарушение связности городских ландшафтов (изоляция), а в ряде случаев и применение родентицидов могли привести к снижению разнообразия в этих районах. В наибольшей степени это выражено для выборки крыс из зоопарка (ЦАО), где выявлены самые низкие показатели гетерозиготности и аллельного разнообразия при высоком значении коэффициента инбридинга.

Исключением были выборки серых крыс из северо-западной и западной частей Москвы (СЗАО и ЗАО). Территорию этих округов в плане городского ландшафта можно охарактеризовать как высоко мозаичную, с большим числом водных объектов (реки, каналы) и незастроенных территорий (парки, лесопарки). По данным кластерного анализа (см. рис. 3), зверьки на северо-западе, отловленные по улицам Паршина, Живописная и Волоколамский проезд, отличались повышенной гетерогенностью по сравнению с другими проанализированными выборками. Относительно высокий уровень генетического разнообразия выявлен у крыс из ЗАО (см. табл. 2). Повышенная гетерогенность этих выборок может объясняться совокупностью причин.

Во-первых, как было сказано выше, мы предполагаем, что гидрографическая сеть способствует поддержанию связности в популяции серых крыс. За счёт этого может обеспечиваться обмен генами между поселениями грызунов, обитающими в непосредственной близости от рек и каналов в разных частях города, что, в свою очередь, препятствует изоляции и снижению генетического разнообразия. По данным кластерного и дискриминантного анализов (см. рис. 3, 4), между СЗАО и ЗАО шёл активный поток генов, и генетические различия между этими районами города были незначительные (см. табл. 3).

Во-вторых, более высокий полиморфизм обсуждаемых выборок может быть связан с большим числом точек отлова по сравнению с выборками из других районов города. Например, на юго-востоке (ЮВАО) и востоке (ВАО) зверьки пойманы в одном месте и, по-видимому, могли быть родственными, в то время как на северо-западе (СЗАО) серые крысы отловлены в шести локалитетах на

расстоянии в 3–3.5 км друг от друга (расстояние от улицы Паршина до Волоколамского проезда) (см. рис. 1). Подобным образом материал из ЗАО был собран на разных сторонах реки: на Карамышевской набережной и в микрорайоне Речник (см. рис. 1, табл. 1).

Ряд факторов, описанных выше и связанных с деятельностью человека, также могут повлиять на уровень генетического разнообразия и популяционно-генетическую структуру населения серой крысы г. Москва. Основной задачей дератизации является полное уничтожение серой крысы в постройках человека или снижение их численности вне построек при превышении численности выше допустимой [Рыльников 2010, Мелкова, 1990б]. Но к применению антикоагулянтов синантропные грызуны, в том числе и серые крысы, смогли приобрести генетическую резистентность, которая обусловлена однонуклеотидными заменами в гене *Vkorc1* [Pelz et al., 2005, 2012; Mooney et al., 2018; Buckle, 2013; Buckle et al., 2020; Díaz, Kohn, 2021; Meerburg et al., 2014]. Среди исследованных выборок на севере (САО) и юго-западе (ЮЗАО) Москвы нами ранее были найдены мутации в гене, ассоциированном с резистентностью к антикоагулянтам [Мальцев и др., 2021; Maltsev et al., 2022] (отмечены на рис. 1). Эти районы не связаны между собой речными путями и, как показывают наши данные, поселения крыс в них изолированы друг от друга. В связи с этим мы предполагаем, что мутации в гене *Vkorc1* были приобретены особями на севере и юго-западе Москвы независимо друг от друга после применения родентицидов-антикоагулянтов. При этом активное применение антикоагулянтов на юго-западе Москвы (район проспекта Вернадского, ЮЗАО), где были найдены резистентные особи, не привело к существенному снижению уровня их генетического разнообразия (см. табл. 1, 2). Возможно, приобретение резистентности к антикоагулянтам вызвало восстановление численности, что позволило поддерживать достаточный уровень полиморфизма и предотвратить инбридинг в их поселениях. Генетические адаптации серой крысы в крупных городах, связанных в том числе с резистентностью к антикоагу-

лянтам, могут служить одной из причин их адаптивных приспособлений к жизни рядом с человеком [Награк et al., 2020].

Заключение

Полученные результаты свидетельствуют о неоднородности популяционно-генетической структуры серой крысы г. Москва. Вероятно, это обусловлено изоляцией и территориальным консерватизмом крыс в одних поселениях (ЦАО, ВАО, ЮЗАО) и высокой миграционной активностью в других поселениях (ЗелАО, СЗАО, ЗАО, ЮВАО). При этом миграция серой крысы в Москве по предложенной нами гипотезе происходит по разветвлённой сети рек и каналов начиная от р. Сходня в Зеленограде за МКАД и далее по Москве-реке в пределах МКАД до юга-востока Москвы и дальше, согласно нашим собранным данным. Активные дератизационные обработки также могут накладывать отпечаток на формирование генетической структуры вида. Адаптации, связанные с резистентностью к антикоагулянтам, позволяют колониям серой крысы сохранять свою численность и в последующем её восстанавливать.

Вместе с тем ограниченный объём имеющихся в нашем распоряжении данных требует осторожности при интерпретации результатов. Для детального выявления популяционно-генетических паттернов и поиска факторов, определяющих расселение и демографические тенденции в популяции серой крысы мегаполиса, необходимы дополнительные исследования с вовлечением большего объёма материала. Дальнейшие усилия будут направлены как на увеличение выборок из уже изученных районов, так и на более широкий охват неисследованных городских и пригородных территорий, представляющих различные условия для обитания грызунов.

Благодарности

Исследование выполнено за счёт гранта Российского научного фонда № 23-24-00482.

Конфликт интересов.

Авторы подтверждают отсутствие конфликта интересов.

Заявление о благополучии животных.

Содержание животных после отлова и их умерщвление проведены в соответствии с правилами Европейской конвенцией о защите позвоночных. Одобрено Биоэтической комиссией ИПЭЭ им. А.Н. Северцова РАН. Протокол № 39 от 27.07.2020.

Литература

- Карманова Т.Н., Феоктистова Н.Ю., Мещерский С.И., Мещерский И.Г., Суров А.В. Генетическая структура гемисинантропного вида – полевой мыши (*Apodemus agrarius* Pallas, 1771) (Muridae) в парках Москвы // Российский журнал биологических инвазий. 2025. № 3. С. 87–100.
- Квашнин С.А. Поведение серых крыс (*Rattus norvegicus* Berk.) в естественных и искусственных условиях: автореф. дис. ... канд. биол. наук. М., 1983. 27 с.
- Корзиков В.А., Комаров В.Ю., Васильева О.Л., Винникова О.Н., Мальцев А.Н. Экологические особенности популяций серой крысы (*Rattus norvegicus* Berk.), резистентных к антикоагулянтам и анализ мер борьбы с синантропными грызунами в г. Калуга // Пест-менеджмент. 2025. № 1. С. 15–25.
- Котенкова Е.В., Мешкова Н.Н., Шутова М.И. М.: Наука, 1989. 176. – 1е издание.
- Котенкова Е.В., Мешкова Н.Н., Шутова М.И. О крысах и мышах. М.: Эребус, 1999. 184 с. – 2е издание.
- Котенкова Е.В., Амбарян А.В., Мальцев А.Н. Домовые мыши. Происхождение, образ жизни, синантропия, филогеография, систематика, поведение. М.: Т-во научных изданий КМК, 2025. 329 с.
- Кузякин А.П. История расселения, современное распространение и места обитания пасюка в СССР // Фауна и экология грызунов / ред. А.Н. Формозов. М.: Изд-во МОИП, 1951. Вып. 4. С. 22–81.
- Кучерук В.В., Лапшов В.А. Серая крыса (*Rattus norvegicus* Berk.) и другие синантропные грызуны океанических островов // Материалы по экологии и методам ограничения численности серой крысы. М.: Наука, 1987. С. 5–31.
- Кучерук В.В. Ареал // Серая крыса. Систематика, экология, регуляция численности / отв. ред. В.Е. Соколов, Е.В. Карасева. М.: Наука, 1990. С. 34–84.
- Мальцев А.Н., Рябов С.В., Стахеев В.В., Панасюк Н.В., Гашев С.Н., Сорокина Н.В., Баженов Ю.А., Котенкова Е.В. Мутации гена резистентности VCORC1 к антикоагулянтам у синантропных грызунов на урбанизированных территориях России // Доклады Российской академии наук. Науки о жизни. 2021. Т. 498. С. 41–45.
- Мелкова В.К. Особенности обитания серых крыс в многоэтажных жилых домах // Материалы по экологии и методам ограничения численности серой крысы. М.: Наука, 1987. С. 179–207.
- Мелкова В.К. Экология // Серая крыса. Систематика, экология, регуляция численности / отв. ред. В.Е. Соколов, Е.В. Карасева. М.: Наука, 1990а. С. 85–127.
- Мелкова В.К. Синантропные грызуны селитебной зоны крупнейшего города и меры ограничения их численности (на примере г. Москвы): дис. ... канд. биол. наук. М., 1990б. 278 с.
- Миронова Т.А., Рыльников В.А., Богачева А.В., Лавренченко Л.А. Распространение мутаций гена *Vkorc1* и резистентность серых крыс к родентицидам-антикоагулянтам в ряде городов России // Пест-Менеджмент. 2020. Т. 113, № 1. С. 5–7.
- Рыльников В.А. Серая крыса (*Rattus norvegicus* Berk.). Экологические основы и подходы к управлению численностью. М.: НЧНОУ Институт пест-менеджмента, 2010. 367 с.
- Рыльников В.А. Серая крыса (пасюк): практическое руководство по мониторингу и прогнозам результатов при проведении операций управления численностью [Интернет] // Проект «Крысы в городе». 2016 [https://rattus.su/#professionals] (дата обращения: 06.10.2020).
- Судейкин В.А. Миграции серых крыс в условиях большого города // Фауна и экология грызунов. М.: Изд-во МГУ, 1976. Вып. 3. С. 41–85.
- Судейкин В.А. Город как среда обитания серой крысы // Серая крыса: экология и распространение / ред. В.Е. Соколов, Е.В. Карасева. М.: Наука, 1986. Т. 1. С. 31–54.
- Суров А.В., Тихонов И.А., Тихонова Г.Н., Богомолов П.Л. Видовое разнообразие мелких млекопитающих незастроенных территорий Москвы (изменения за последние 55 лет) // Охрана живой природы и природного комплекса Москвы. Материалы научно-практического совещания, посвящённого 100-летию со дня рождения К.Н. Благосклонова (Москва, 11–12 января 2010 г.). М., 2010. С. 106–108.
- Суров А.В., Тихонова Г.Н., Тихонов И.А., Богомолов П.Л. Адаптации мелких млекопитающих к городской среде // Чтения памяти академика В.Н. Сукачёва. Животные в городе: экология и эволюция. М.: Т-во научных изданий КМК, 2011. С. 3–48.
- Тихонова Г.Н., Тихонов И.А., Богомолов П.Л., Бодяк Н.Д., Суров А.В. Динамика видового разнообразия мелких млекопитающих городского ландшафта // Материалы совещания «Динамика биоразнообразия животного мира». М., 1997. С. 111–116.
- Тихонова Г.Н., Тихонов И.А., Суров А.В., Богомолов П.Л., Котенкова Е.В. Экологические аспекты формирования фауны мелких млекопитающих урбанистических территорий Средней полосы России. М.: Т-во научных изданий КМК, 2012. 372 с.
- Тошигин Ю.В. Методика и организация борьбы с серой крысой в канализационных сооружениях городов и угольных шахтах: автореф. дис. ... канд. биол. наук. М., 1968. 16 с.
- Фридман В.С., Суслов В.В. Города как «арены» микроэволюционных процессов: изменения поведения и популяционной структуры, отбор генотипов в «городских» популяциях птиц и других позвоночных. М.: URSS, МГУ, 2022. 360 с.
- Хляп Л.А. Серая крыса // Самые опасные инвазионные виды России (ТОП-100) / ред. Ю.Ю. Дгебуадзе, В.Г. Петросян, Л.А. Хляп. М.: Т-во научных изданий КМК, 2018. 688 с.

- Alberti M. Eco-evolutionary dynamics in an urbanizing planet // Trends in Ecology and Evolution. 2015. Vol. 30. P. 114–126. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2014.11.007>
- Adkins P.A. Home ranges, movements and habitat associations of red foxes *Vulpes vulpes* in suburban Toronto, Ontario, Canada // Journal of the Zoological Society of London. 1998. Vol. 224. P. 335–346. <https://doi.org/10.1111/j.1469-7998.1998.tb00038.x>
- Broquet T., Petit E. J. Molecular estimation of dispersal for ecology and population genetics // Annual Review of Ecology, Evolution and Systematics. 2009 V. 40. P. 193–216. <https://doi.org/10.1146/annurev.ecolsys.110308.120324>
- Buckle A.P. Anticoagulant resistance in the United Kingdom and a new guideline for the management of resistant infestations of Norway rats (*Rattus norvegicus* Berk.) // Pest Management Science. 2013. Vol. 69, no. 3. P. 334–341.
- Buckle A., Jones P., Talavera M., Prescott P. Anticoagulant Resistance in Rats and Mice in the UK – Summary Report with new data for 2019–20. Report from the Campaign for Responsible Rodenticide Use (CRRU) UK for the Government Oversight Group. Reading: University of Reading, Vertebrate Pests Unit. 2020. 19 p. [<https://www.thinkwildlife.org/>] (accessed: 06.10.20).
- Chiappero M.B., Panzetta-Dutari G.M., Gomez M.D., Polop J.J. Contrasting genetic structure of urban and rural populations of the wild rodent *Calomys musculus* (Cricetidae, Sigmodontinae) // Mammalian Biology. 2011. Vol. 76. P. 41–50. <https://doi.org/10.1016/j.mam-bio.2010.02.003>
- Combs M., Byers K.A., Ghera B.M., Blum M.J., Caccone A., Costa F., Himsworth P.G., Richardson J.L., Munshi-South J. Urban rat races: spatial population genomics of brown rats (*Rattus norvegicus*) compared across multiple cities // Proc. R. Soc. 2018a. 285. P. 20180245. <http://dx.doi.org/10.1098/rspb.2018.0245>
- Combs M., Puckett E.E., Richardson J., Mims D., Munshi-South J. Spatial population genomics of the brown rat (*Rattus norvegicus*) in New York City // Molecular Ecology. 2018b. Vol. 27. P. 83–98. <https://doi.org/10.1111/mec.14437>
- Krebs P.J. Ecology: The Experimental Analysis of Distribution and Abundance. 6th ed. Pearson Education Limited. 2014. 646 p.
- Davis D.E., Emlen J.T., Stokes A.W. Studies on home range in the brown rat // J. Mammal. 1948. Vol. 29. P. 207–225. <https://doi.org/10.2307/1375387>
- Davis D.E. The characteristics of rat populations // The Quarterly Review of Biology. 1953. Vol. 28. P. 373–401. <https://doi.org/10.1086/399860>
- De Masi E., Vilaça P., Razzolini M.T.P. Environmental conditions and rodent infestation in Campo Limpo district, São Paulo municipality, Brazil // Int J Environ Health Res. 2009. Vol. 19. P. 1–16. <https://doi.org/10.1080/09603120802126670>
- Diaz J.P., Kohn M.H. A *Vkorc1*-based SNP survey of anticoagulant rodenticide resistance in the house mouse, Norway rat and roof rat in the USA // Pest Management Science. 2021. Vol. 77. P. 234–242. <https://doi.org/10.1002/ps.6012>
- Excoffier L., Lischer H.E. Arlequin suite Ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows // Molecular Ecology Resources. 2010. Vol. 10. P. 564–567. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2010.02847.x>
- Evanno G., Regnaut S., Goudet J. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study // Molecular Ecology. 2005. Vol. 14. P. 2611–2620. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x>
- Frankham R. Relationship of genetic variation to population size in wildlife // Conservation Biology. 1996. Vol. 10. P. 1500–1508. <https://doi.org/10.1046/j.1523-1739.1996.10061500.x>
- Glass G.E., Childs J.E., Korch G.W., LeDuc J.W. Comparative ecology and social interactions of Norway rat (*Rattus norvegicus*) populations in Baltimore, Maryland // Occasional Papers of the Museum of Natural History, the University of Kansas. 1989. Vol. 130. P. 1–33.
- Gortat T., Rutkowski R., Gryczyńska A., Pieniążek A., Kozakiewicz A., Kozakiewicz M. Anthropopressure gradients and the population genetic structure of *Apodemus agrarius* // Conservation Genetics. 2015. Vol. 16. P. 649–659. <https://doi.org/10.1007/s10592-014-0690-0>
- Goudet J. A program for estimating and testing gene diversities and differentiation statistics from codominant genetic markers // J Heredity. 1995. Vol. 86. P. 485–486. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.jhered.a111627>
- Harpak A., Garud N., Rosenberg N.A., Petrov D.A., Combs M., Pennings P.S., Munshi-South J. Genetic adaptation in New York City rats // Genome Biology and Evolution. 2020. Vol. 13(1). <https://doi.org/10.1093/gbe/evaa247>
- Hendry A.P., Gotanda K.M., Svensson E.I. Human influences on evolution, and the ecological and societal consequences // Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences. 2017. Vol. 372(1712). P. 20160028. <https://doi.org/10.1098/rstb.2016.0028>
- Huang K., Ritland K., Dunn D.W., Qi X., Guo S., Li B. Estimating relatedness in the presence of null alleles // Genetics. 2016. Vol. 202. P. 247–260. <https://doi.org/10.1534/genetics.114.163956>
- Jacob H.J., Brown D.M., Bunker R.K. et al. A genetic linkage map of the laboratory rat, *Rattus norvegicus* // Nature Genetics. 1995. Vol. 9. P. 63–69. <https://doi.org/10.1038/ng0195-63>
- Jombart T. adegenet: a R package for the multivariate analysis of genetic markers // Bioinformatics. 2008. Vol. 24. P. 1403–1405. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btn129>
- Jombart T., Devillard S., Balloux F. Discriminant analysis of principal components: a new method for the analysis of genetically structured populations // BMC Genetics. 2010. Vol. 11. P. 1–15. <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1000455>
- Kalinowski S.T., Taper M.L., Marshall T.P. Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment // Molecular Ecology. 2007. Vol. 16. P. 1099–1106. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2007.03089.x>
- Kopelman N.M., Mayzel J., Jakobsson M., Rosenberg N.A., Mayrose I. Clumpak: a program for identifying clustering

- modes and packaging population structure inferences across K // Molecular ecology resources. 2015. Vol. 15. P. 1179–1191. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12387>
- Lowe S., Browne M., Boudjelas S., De Poorter M. 100 of the World's Worst Invasive Alien Species. A selection from the Global Invasive Species Database. Invasive Species Specialist Group (ISSG), IUCN. 2000. 12 p.
- Magle S.B., Ruell E.W., Antolin M.F., Crooks K.R. Population genetic structure of black-tailed prairie dogs, a highly interactive species, in fragmented urban habitat // Biological Conservation. 2010. Vol. 91. P. 326–335. <https://doi.org/10.1644/09-MAMM-A-019.1>
- Maltsev A.N., Stakheev V.V., Ryabov S.V., Gololobova T.V., Gashev S.N., Bazhenov Yu.A., Kotenkova E.V. Low level of resistance to anticoagulant rodenticides in the *Vkorc1* gene in house mice (*Mus musculus*) and Norway rats (*Rattus norvegicus*) in Russia // Russian Journal of Biological Invasions. 2022. Vol. 13. P. 392–397. <https://doi.org/10.1134/S2075111722030109>
- McKinney M.L. Urbanization as a major cause of biotic homogenization // Biological Conservation. 2006. Vol. 127. P. 247–260. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2005.09.005>
- Meerburg B.G., Van Gent-Pelzer M.P., Schoelitsz B., Esther A., Van der Lee T.A. Distribution of anticoagulant rodenticide resistance in *Rattus norvegicus* in the Netherlands according to *Vkorc1* mutations // Pest Management Science. 2014. Vol. 70, no. 11. P. 1761–1766. <https://doi.org/10.1002/ps.3809>
- Mooney J., Lynch M.R., Prescott P. V., Clegg T., Loughlin M., Hannon B. et al. *Vkorc1* sequence variants associated with resistance to anticoagulant rodenticides in Irish populations of *Rattus norvegicus* and *Mus musculus domesticus* // Sci Rep. 2018. Vol. 8, no. 4535. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-22815-7>
- Munshi-South J., Kharchenko K. Rapid, pervasive genetic differentiation of urban white-footed mouse (*Peromyscus leucopus*) populations in New York City // Molecular Ecology. 2010. V. 19. P. 4242–4254. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2010.04816.x>
- Munshi-South J., Garcia J.A., Orton D., Phifer-Rixey M. The evolutionary history of wild and domestic brown rats (*Rattus norvegicus*) // Science. 2024. Vol. 385. P. 1292–1297. <https://doi.org/10.1126/science.adp1166>
- Palomino D., Carrascal L.M. Threshold distances to nearby cities and roads influence the bird community of a mosaic landscape // Biological Conservation. 2007. Vol. 140. P. 100–109. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2007.07.029>
- Park S.D.E. MStools v 3.1.1: Excel Spreadsheet Toolkit for Data Conversion. Dublin: Animal Genomics Lab, University College. 2008 [<http://animalgenomics.ucd.ie/sdepark/ms-toolkit>].
- Peakall R., Smouse P.E. GenAlEx 6.5: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research – an update // Bioinformatics. 2012. Vol. 28. P. 2537–2539. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts460>
- Pelz H.J., Rost S., Hunerberg M., Fregin A., Heiberg A.P., Baert K. et al. The genetic basis of resistance to anticoagulants in rodents // Genetics. 2005. Vol. 170, no. 4. P. 1839–1847. <https://doi.org/10.1534/genetics>
- Pelz H.J., Rost S., Muller E., Esther A., Ulrich R.G., Muller P.R. Distribution and frequency of *Vkorc1* sequence variants conferring resistance to anticoagulants in *Mus musculus* // Pest Manag Sci. 2012. Vol. 68. P. 254–259. <https://doi.org/10.1002/ps.2254>
- Pinsky M. L., Saenz-Agudelo P., Salles O. C., Almany G. R., Bode M., Berumen M. L., Planes S. Marine dispersal scales are congruent over evolutionary and ecological time // Current Biology. 2016. V. 27. P. 149–154.
- Pritchard J.K., Stephens M., Donnelly P. Inference of population structure using multilocus genotype data // Genetics. 2000. Vol. 155. P. 945–959. <https://doi.org/10.1093/genetics/155.2.945>
- Rat Genome Database [Internet] [<http://rgd.mcw.edu/>].
- Shochat E., Lerman S.B., Anderies J.M., Warren P.S., Faeth S.H., Nilon P.H. Invasion, competition, and biodiversity loss in urban ecosystems // BioScience. 2010. Vol. 60. P. 199–208. <https://doi.org/10.1525/bio.2010.60.3.6>
- Slatkin M. Gene flow and the geographic structure of natural populations // Science. 1987. Vol. 236. P. 787–792. <https://doi.org/10.1126/science.3576198>
- Voedts I., Sylvie P., Brondeau F., Gasparini J. Effects of urban environmental specificities on the presence and density of brown rats (*Rattus norvegicus*) based on sighting reports and interventions, the case of Paris (France) // Urban Ecosystems. 2025. Vol. 28. P. 183. <https://doi.org/10.1007/s11252-025-01787-3>
- Wahlund S. Zusammensetzung von populationen und Korrelationserscheinungen vom standpunkt der Vererbungslehre aus betrachtet // Hereditas. 1928. Vol. 11. P. 175–195.
- Waples R.S., Gaggiotti O. What is a population? An empirical evaluation of some genetic methods for identifying the number of gene pools and their degree of connectivity // Molecular Ecology. 2006. Vol. 15. P. 1419–1439. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2006.02890.x>
- Weir B.S., Cockerham P. Estimating F-statistics for the analysis of population structure // Evolution. 1984. Vol. 38. P. 1358–1370. <https://doi.org/10.2307/2408641>
- Wilson A., Fenton B., Malloch G., Boag B., Hubbard S., Begg G. Urbanisation versus agriculture: a comparison of local genetic diversity and gene flow between wood mouse *Apodemus sylvaticus* populations in human-modified landscapes // Ecography. 2016. Vol. 39. P. 87–97. <https://doi.org/10.1111/ecog.01297>

CHARACTERISTIC OF THE POPULATION GENETIC STRUCTURE OF BROWN RATS (*RATTUS NORVEGICUS*, *RODENTIA*, *MURINAE*) IN MOSCOW

© 2026 Maltsev A. N.^{a*}, Korablev M.P.^{a**}, Kotenkova E.V.^{a****}, Komarov V.Y.^{b,c****}

^a Severtsov Institute of Ecology and Evolution of the Russian Academy of Sciences, Moscow, 119071, Russia

^b Scientific Research Disinfectology Institute of the Federal Service for Surveillance on Consumer Rights Protection and Human Well-being, Moscow, 117246, Russia

^c Russian Medical Academy of Continuous Professional Education, Moscow, 125993, Russia

email: *mus-musculus@yandex.ru; **mir-kor@yandex.ru; ***evkotenkova@yandex.ru;

****komarov.volodya@yandex.ru

An assessment of the population genetic structure of the Moscow brown rat was conducted. The study puts forward key hypotheses regarding factors influencing changes in the population size and genetic structure of *Rattus norvegicus*. This theme of work was conducted in Russia for the first time in the study of an invasive commensal species in the largest metropolis in Europe. In the study, 13 microsatellite loci were used as autosomal markers of genetic polymorphism. The rat material was divided into local samples based on the administrative districts of Moscow: Zelenograd, North-West, West, South-West, South-East, Central, East, and North. Rats from Zelenograd (ZelAO) demonstrated the highest genetic diversity, and the lowest inbreeding coefficient. Moderate variability was observed in the North-West and West Administrative Districts. The lowest genetic diversity was recorded in the Central Administrative District, although the highest inbreeding coefficient was observed there. According to the distribution of genetic differences, rats captured in the center (Central Administrative District) and southwest (South-West) of Moscow were the most distinct. Rats from Zelenograd (ZelAO), northwest (North-West), west (West), and southeast (South-East) Moscow demonstrated similarities. It is assumed that the heterogeneity of the population genetic structure of the brown rat in Moscow is due to the isolation and territorial conservatism of rats in some settlements (Central, Eastern, and Southwestern Administrative Districts) and high migratory activity in others (ZelAO, SZAO, ZAO, and YuVAO). Moreover, according to our hypothesis, brown rat migration in Moscow occurs along a branched network of rivers and canals, starting from the Skhodnya River in Zelenograd outside the Moscow Ring Road and continuing along the Moskva River within the Moscow Ring Road to southeastern Moscow and beyond, according to our collected data. Adaptations associated with resistance to anticoagulants allow brown rat colonies in the Southwestern Administrative District to maintain their numbers and subsequently recover.

Key words: commensal rodents, brown rat, genetic polymorphism, Moscow, urban adaptations.