

УДК 575.17: 599.323.5

## ОБЫКНОВЕННЫЙ ХОМЯК (*CRICETUS CRICETUS* L., 1758, CRICETIDAE, RODENTIA) В МОСКВЕ: ГЕНЕТИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА, ПРИРОДООХРАННЫЙ СТАТУС

© 2025 Н. Ю. Феоктистова\*, И. Г. Мещерский\*\*, С. И. Мещерский\*\*\*,  
Т. Н. Карманова\*\*\*\*, П. Л. Богомолов\*\*\*\*\*, А. В. Суров\*\*\*\*\*

Институт проблем экологии и эволюции имени А. Н. Северцова РАН, Ленинский просп., 33, Москва, 119071 Россия

\* e-mail: feoktistovanyu@gmail.com

\*\* e-mail: meschersky@rambler.ru

\*\*\* e-mail: nervaner6892236@gmail.com

\*\*\*\* e-mail: karmanovs94@mail.ru

\*\*\*\*\* e-mail: bogomolov.pl@gmail.com

\*\*\*\*\* e-mail: surov@sevin.ru

Поступила в редакцию 23.09.2024

После доработки 11.11.2024

Принята к публикации 19.11.2024

Описаны места обитания и генетическая структура аборигенной популяции обыкновенного хомяка — вида, внесенного в 3-е издание Красной книги города Москвы со статусом 3 (уязвимый на территории города). Сведения о присутствии обыкновенного хомяка в Москве датируются концом XIX века. Отмечено, что за последние 50 лет московская популяция сократила численность и сохранилась только по руслу р. Язвенка и берегам Борисовских прудов. Эти территории разделены расстоянием около 6 км. Обнаруженные генетические различия между этими субпопуляциями по микросателлитным локусам составляют 14.6%. Разнообразие московских субпопуляций снижено как по микросателлитным маркерам, так и по митохондриальной ДНК (в городе присутствуют всего два гаплотипа мтДНК (по участку гена цитохрома *b* + контрольного региона)). При анализе 10 микросателлитных локусов в московской популяции обнаружено 23 аллеля. Это в 2–3 раза меньше, чем в популяциях обыкновенного хомяка в Астане, Симферополе и Кисловодске. Гаплотипы московской популяции вместе с гаплотипами хомяков из Тульской и Владимирской областей образуют хорошо поддерживаемую кладу на филогенетическом дереве. Генетический анализ московских субпопуляций обыкновенного хомяка подтверждает обоснованность внесения этого вида в Красную книгу города Москвы.

**Ключевые слова:** городские популяции, генетическое разнообразие, Красная книга Москвы

**DOI:** 10.31857/S0044513425020066, **EDN:** ssndpe

Урбанизация, как и изменение климата, становится доминирующим фактором, влияющим на экосистемы Земли. При этом нарушаются связи между фундаментальными экологическими и эволюционными процессами, поддерживающими жизнь на планете: изменяются поверхность суши, микроклимат, экологические и пищевые сети, видовое разнообразие и пр., что, безусловно, отражается на функционировании экосистем в целом (Alberti et al., 2017, 2020). Мониторинг экологических изменений в городах, безусловно, важен для обеспечения их устойчивого развития.

Урболандшафты являются горячими точками современных эволюционных изменений. Городские

условия влияют на генетическое разнообразие, изменяя частоты аллелей, что, в свою очередь, приводит к изменениям фенотипических признаков (физиологии, морфологии, поведения и т.д.). Изменение генетического разнообразия влияет и на демографические параметры популяций (размножение, выживание, расселение). Все это характерно как для аборигенных популяций, так и инвазивных, недавно заселивших города (Schilthuizen, 2018).

В частности, в Москве на фоне наличия определенного количества инвазивных видов грызунов сохранилось значительное число аборигенных видов, которые смогли приспособиться к существованию

в урбоценозе. Одним из таких гемисинантропных видов оказался самый крупный представитель подсемейства *Cricetinae* — обыкновенный хомяк (*Cricetus cricetus*). Площадь его ареала — также одна из самых внушительных среди палеарктических видов млекопитающих, это почти 6 млн км<sup>2</sup> от Франции до Красноярского края (Россия) (Суров, Феоктистова, 2023). К настоящему времени вид резко сократил свою численность на всем ареале (Surov et al., 2016), и в 2020 г. был включен в Международную Красную книгу МСОП со статусом CR (находящийся на грани полного исчезновения) (Banaszek et al., 2020). Но при этом обыкновенный хомяк в последние 50 лет активно начал заселять города как в Европе, так и в России (Суров и др., 2015) и Казахстане (Феоктистова и др., 2020). В Москве обитает, по-видимому, одна из самых “старых” в России аборигенных городских популяций *Cricetus cricetus*. Остатки этого вида в виде зубов были обнаружены при раскопках 14 городищ Дьяковской культуры, находящихся на территории современной Москвы и Московской области (1 тыс. лет до н.э.) (Цалкин, Борисоглебская, 1967). Таким образом, уже в те далекие времена обыкновенный хомяк селился рядом с человеком и мог быть промысловым видом.

Первые задокументированные упоминания об обыкновенном хомяке непосредственно в г. Москве датируются концом XIX началом XX века (Карасева и др., 1999). Его отмечали в ряде районов на территории Старой Москвы — на Воробьевых горах (Сатунин, 1895). Здесь же на Воробьевых горах уже в 1930-х гг. хомяка встретил В.В. Кучерук (личное сообщение). В 1910 г. К.К. Тилле добыл несколько экземпляров в окрестностях станции Перово в местечке “Ключики” Московского уезда (Огнев, 1913). В 1924 г. обыкновенного хомяка ловили в парниках на Лесной опытной даче Тимирязевской сельскохозяйственной академии (Паровщиков, 1941).

Есть устные свидетельства В.В. Кучерука о встречах обыкновенного хомяка в пойме реки Сетунь в 1950-е годы. В микрорайоне Давыдково в 1969 г. было поймано 2 особи (Судейкин и др., 1972). В 1976 г. Э.И. Коренберг отмечал поселение этого вида в микрорайоне Матвеевское, и в октябре того же года М.В. Косолапова и др. провели описание поселений обыкновенного хомяка в одном из оврагов, прилегающих к р. Сетунь на границе микрорайонов Матвеевское и Давыдково (Косолапова и др., 1978). В настоящее время эта территория входит в состав самого большого природного заказника Москвы — “Долина реки Сетунь”, созданного в 1998 г. Однако проведенное нами в 2019 г. обследование не подтвердило наличия здесь поселений этого вида.

С 1963 по 1993 г. сотрудники Центральной контрольно-исследовательской лаборатории Московской городской дезинфекционной станции ежегодно в мае и сентябре, иногда и в летние месяцы

отлавливали обыкновенных хомяков на Люблинских полях фильтрации для эпидемиологических исследований. Так, в мае 1971 г. на садово-огородных участках, расположенных на территории полей фильтрации, было добыто 45 живых хомяков, а также выводок из 12 детенышей 14-дневного возраста и беременная самка с 13 эмбрионами (Судейкин и др., 1972). Всего за 30 лет на этой территории был отловлен 241 хомяк. Детальное обследование этой территории было проведено также в 1991–1993 гг. На трех валах шириной 10 м и общей длиной 100 м в мае 1991 г. было зарегистрировано 28 жилых нор и отловлено за 2 ночи 10 взрослых животных (5 самцов и 5 самок) (Телицына и др., 1994). То есть плотность нор можно оценить как очень высокую (до 100 нор/га). Приблизительно такая же плотность жилых нор была отмечена здесь за 20 лет до этого (до 87 нор/га) (Судейкин и др., 1972). Весной 1993 г. хомяки сохранились здесь только в двух точках на небольшой площади. Плотность населения составляла здесь 20–22 входных отверстия на 1 га (Телицына и др., 1994). С середины 1990-х гг. на территории бывших Люблинских полей орошения началась застройка микрорайона Марьино. В 1996 г. здесь было открыто метро. Сейчас это один из наиболее благоустроенных спальных районов Москвы, и обыкновенный хомяк, видимо, отсюда исчез.

В юго-восточной части города, по левобережью р. Москвы, находится Курьяновская станция аэрации, вокруг которой в конце прошлого века располагались влажные луга и сухие возвышенности, где также обитал обыкновенный хомяк (Косолапова и др., 1978). Станция до сих пор функционирует, но сейчас вокруг выросли современные кварталы, и сохранился ли здесь обыкновенный хомяк, неизвестно.

Поселение обыкновенного хомяка было обнаружено Е.В. Карасевой с соавторами в Голосовом овраге в районе Коломенского. Хомяк также обитал в Царицыно вдоль р. Язвенка, недалеко от станции метро Орехово (Карасева и др., 1999). Это поселение существует и в настоящее время. Также сохранилось поселение южнее, на правобережье р. Москвы, в районе Борисовских прудов. Здесь обыкновенного хомяка отлавливали с начала 1960-х гг. до 1989 г. Норы хомяков были сосредоточены на сравнительно небольшой площади, и, по сравнению с Люблинскими полями фильтрации, численность была ниже. В настоящее время популяция сохранилась. Жилые норы располагаются в бурьянах вблизи построек, на детских площадках и около помоек.

В 2018 г. мы обнаружили поселение обыкновенного хомяка и добыли одного зверька в районе рабочего поселка Быково (Раменский район Московской области) около рыбозаводных прудов. Весной 2024 г. поиски следов жизнедеятельности зверьков в этом районе были безуспешными.

Вид был включен в Красную книгу города Москвы (2001), но затем в 2013 г. исключен как инвазивный (Постановление Правительство Москвы № 79 от 19 февраля 2013 г.). В настоящее время обыкновенный хомяк возвращен в Красную книгу города Москвы (2022) со статусом 3 – уязвимый на территории Москвы вид с сократившейся численностью.

В задачу данного исследования входила оценка современного состояния генетической структуры вида в городе (по мтДНК и ядерным маркерам), его численности и связи городских популяций со смежными регионами, а также сравнение генетических характеристик московской популяции обыкновенного хомяка с аналогичными из других ранее обследованных нами городов – Астана, Кисловодск, Симферополь.

### МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Карта-схема с указанием всех точек обнаружения обыкновенного хомяка на территории Москвы приведена на рис. 1.

Для проведения генетического анализа материал был собран на территории г. Москвы с 2009 по 2024 год включительно. В мае 2024 г. были проведены пешие визуальные обследования территории берега реки Язвенка (площадка “Орехово”), длина маршрута 6 км. Два или три исследователя, двигаясь челноком, отмечали выходы жилых нор хомяка и фиксировали их местоположение с помощью GPS. Выходы, расположенные ближе 1 м один от другого, учитывались как одна нора. Помимо обследования проводили отловы животных в местах наибольшей концентрации нор.

Для отловов использовали сетчатые живоловушки размером 40 × 12 × 12 см, которые устанавливали около жилых нор в вечернее время и проверяли утром после рассвета. В качестве приманки использовали свежие корнеплоды и фрукты (морковь, свеклу, яблоки), смоченные нерафинированным подсолнечным маслом. Ловушку накрывали травой во избежание обнаружения людьми. Всего было отработано 30 ловушечных и отловлено 5 живых особей обыкновенного хомяка, еще 2 зверька были найдены мертвыми (вне ловушек, возможно, задавлены собаками).

Пойманных животных взвешивали на электронных весах с точностью до 1 г. Затем проводили стандартные зоологические измерения, определяли пол и репродуктивный статус. Для проведения генетического анализа отрезали небольшие кусочки ушной раковины (включая животных, найденных мертвыми) и фиксировали в 96%-ном этаноле. Пойманных животных выпускали вечером того же дня на месте поимки.

Помимо этого, был использован материал от 11 хомяков, отловленных в районе Борисовских прудов (площадка Борисовские пруды) в прошлые годы.



**Рис. 1.** Карта-схема города Москвы: 1 – Воробьевы горы, 2 – Кусковский лесопарк (ст. Перово), 3 – Лесная дача Тимирязевской сельскохозяйственной академии, 4 – Пойма р. Сетунь между м/р Давыдково и Матвеевское, 5 – Люблинские поля фильтрации, 6 – Курьяновская станция аэрации, 7 – Голосов овраг (Коломенское), 8 – р. Язвенка (Царицыно), 9 – Борисовские пруды, 10 – рабочий поселок Быково.

Расстояние между рабочими площадками составило около 6 км.

В качестве митохондриального маркера филогенетических линий были использованы два фрагмента митохондриальной ДНК (мтДНК): контрольный регион (dLoop) и ген цитохрома *b* (*cytb*). В качестве ядерных маркеров использовали 10 микросателлитных локусов: *Ccrp3*, *Ccrp4*, *Ccrp10*, *Ccrp11*, *Ccrp12*, *Ccrp13*, *Ccrp15*, *Ccrp17*, *Ccrp19*, *Ccrp20* (по: Neumann, Jansman, 2004), у которых проводили определение аллельного состава.

Методы выделения и условия амплификации ДНК, а также определения нуклеотидных последовательностей мтДНК и аллельного состава микросателлитных локусов были описаны ранее (Феоктистова и др., 2016, 2019, 2020).

Популяционно-генетическая обработка полученных данных включала:

1. Определение генетических различий между последовательностями мтДНК у животных, пойманных в разных популяциях г. Москвы и в близлежащих областях, оценку генетического разнообразия московской популяции.

Таблица 1. Материал, использованный при анализе локальных выборок

Место сбора	Количество образцов
г. Москва, Борисовские пруды*	11
Орехово, берег р. Язвенка*	7
г. Симферополь, западная часть города, ул. Севастопольская, район Перово**	10
район парка им. Ю.А. Гагарина**	8
район Ботанического сада им. Н.В. Багрова**	10
г. Кисловодск, ул. Набережная***	21
ул. Чехова***	12
ул. Героев медиков***	6
улицы Донская и Пчелиная***	18
г. Астана, парк Житьсу Салбаты****	6
Президентский парк****	6

Источник данных: \* — настоящее исследование; \*\* — Феоктистова и др., 2016; \*\*\* — Феоктистова и др., 2019; \*\*\*\* — Феоктистова и др., 2020.

2. Сравнение генетического разнообразия московской популяции с городскими популяциями трех других городов (Симферополя, Кисловодска и Астаны), исследованных ранее.

3. Оценку генетической структуры четырех городских популяций для обобщенной выборки (114 особей) проводили на основе анализа частот микросателлитных аллелей методом кластеризации, реализованным в программе Structure v. 2.3.4 (Pritchard et al., 2000), при 500 000 итераций основного анализа (МСМС повторов) и 100 000 итераций отжига в пяти повторностях для каждой гипотезы. Заданное количество популяций (K) изменяли от четырех до двенадцати. В качестве популяционной принадлежности животных указывали четыре города и применяли модель No Admixture, так как хомяки, населяющие разные регионы, заведомо изолированы друг от друга.

Оценку результатов проводили с использованием онлайн-сервиса StructureSelector (Li, Liu, 2018), принимая во внимание выраженность изменений вероятности при переходе от одной тестируемой гипотезы к следующей (показатель Delta K: Earl, von Holdt, 2012) по методу Evanno (Evanno et al., 2005) и наибольшее среднее значение показателя логарифма вероятности (LnP(K)) для каждой из тестируемых гипотез.

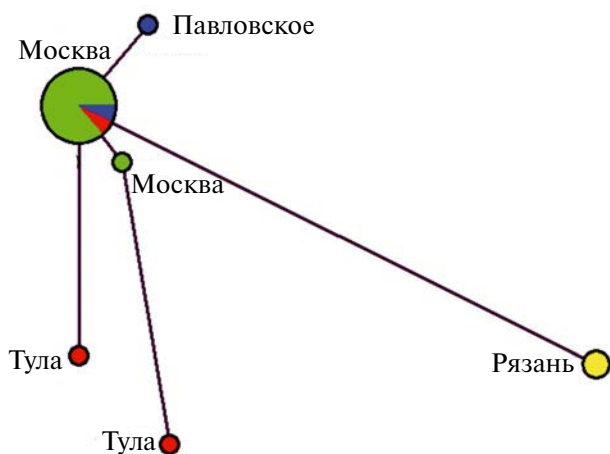
Уровень генетических различий между популяциями разных городов ( $R_{ST}$  — критерий) и группами особей в пределах каждого из городов ( $F_{ST}$  — критерий), уровень ожидаемой и наблюдаемой гетерозиготности, число аллелей и индекс Гарза–Вильямсона рассчитаны в программе Arlequin v.3.11 (Excoffier et al., 2005). Показатель аллельного богатства (allelic richness) (AR), соответствие распределения частот аллелей уравнению Харди–Вайнберга и значения показателя Fis для каждой выборки определяли с использованием программы Fstat v. 2.9.3 (Goudet, 2001).

## РЕЗУЛЬТАТЫ

При обследовании территории в районе реки Язвенка средняя плотность обнаруженных нор составила 30 нор/га. Наибольшая плотность нор была на участках с кустарниками или густыми зарослями крапивы и малины, которые могли обеспечить зверьков кормами и хорошими убежищами. Определять достоверно возраст пойманных зверьков не представлялось возможным, но, судя по морфометрическим признакам, это были половозрелые перезимовавшие особи.

Для всех пойманных в Москве животных было отмечено два митохондриальных гаплотипа участка *cytb* + dLoop (№ GenBank KF271752 + KF271766 (48Mosc) и № KF271752 + KF271767 (32Mosc)). Первый был обнаружен у 17 животных из 18 проанализированных. Этот же гаплотип был обнаружен у двух особей из трех пойманных во Владимирской области, около поселка Павловское и у одной из четырех особей, пойманных на окраине города Тулы. Здесь также встречено два уникальных гаплотипа этого участка мтДНК (рис. 2).

По микросателлитным маркерам генетическая  $F_{ST}$ -дистанция между выборками взрослых животных из поселения на р. Язвенка (Орехово) и на Борисовских прудах, разделенных расстоянием 6 км, оказалась статистически достоверной ( $P = 0.0001$ ) и составила 14.6%. При этом среднее число аллелей на локус в каждой Московской субпопуляции оказалось несколько ниже, чем в целом по городу (табл. 2): в субпопуляции “Борисовские пруды” — 2.37, а в субпопуляции “Орехово” — 2.28 соответственно. Значения показателей разнообразия популяции в г. Москве оказались более низкими, чем в других исследованных нами городских популяциях (табл. 2).



**Рис. 2.** Медианная сеть гаплотипов обыкновенных хомяков, обитающих в Москве, Туле, Павловском (Владимирской области) и Рязани.

Индекс аллельного богатства (AR) московской популяции примерно в 2 раза ниже, чем в городских популяциях трех других регионов, а диапазон длин аллелей ниже в 1.7–2.5 раза (табл. 2). Один из исследованных локусов (Cсгм19) в московской популяции является мономорфным, чего не было отмечено ни в одной из исследованных популяций других городов. В субпопуляции “Орехово” мономорфными оказались еще два аллеля, кроме Cсгм19 – Cсгм4 и Cсгм17, а в субпопуляции “Борисовские пруды” – Cсгм10. При этом в московской популяции не наблюдается дефицита гетерозигот как в целом (табл. 2), так и в каждой

субпопуляции отдельно (на Борисовских прудах  $F_{is} = 0.058$ , на р. Язвенка  $F_{is} = -0.253$ , оба значения статистически недостоверны). В противоположность этому, при анализе данных о частотах аллелей в обобщенных выборках хомяков Кисловодска и Симферополя значения  $F_{is}$  оказываются достоверно высокими (табл. 2). Это происходит вследствие выраженной обособленности отдельных городских субпопуляций, для большинства которых при отдельном рассмотрении дефицита гетерозигот не наблюдается.

Наибольшая  $R_{ST}$ -дистанция была обнаружена между московской выборкой и всеми остальными городскими выборками (от 71.9% с Кисловодском до 79.4% при сравнении с Астаной (табл. 3)). При этом уровень различий между регионами не зависит от разделяющего их расстояния. Различия между аллельным составом хомяков, живущих в г. Симферополе (Крым) и в г. Кисловодске (Северный Кавказ), в г. Кисловодске и в г. Астане (Северный Казахстан), в г. Астане и в г. Симферополе, сходны и составляют от 10.5 до 17.2% (табл. 3).

Результат анализа 114 образцов из всех четырех городов методом кластеризации представлен в табл. 4.

Наибольшие средние значения показателей  $LnP(K)$  и  $\Delta K$  выделены жирным шрифтом (табл. 4).

Максимальное изменение вероятности ( $\Delta K$ ) отмечено для гипотезы  $K = 8$ , что соответствовало разделению выборки на единую популяцию г. Москвы, популяцию г. Астаны, три обособленные генетические группы в Симферополе и три обособленные генетические группы

**Таблица 2.** Показатели генетического разнообразия городских популяций разных регионов при оценке по 10 микросателлитным локусам

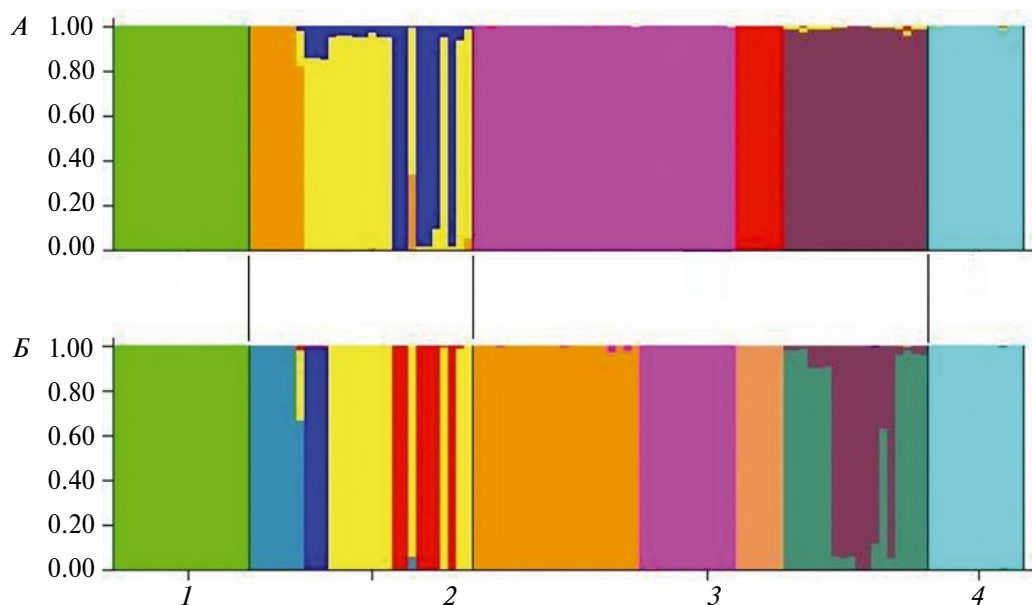
Показатель	Москва	Симферополь	Кисловодск	Астана
Объем выборки	18	28	57	12
Число аллелей в популяции	23	50	64	42
Индекс аллельного богатства (AR)	2.22	4.27	4.95	4.01
Наблюдаемая гетерозиготность ( $H_e$ )	0.42	0.50	0.63	0.58
Ожидаемая гетерозиготность ( $H_o$ )	0.43	0.68	0.72	0.64
Диапазон длин аллелей (среднее)	6.7	12.8	16.8	11.1
Значение показателя $F_{is}$ и оценка вероятности соответствия частот аллелей уравнению Харди–Вайнберга*	0.023 $p = 0.4181$	0.264 $p = 0.0000$	0.120 $p = 0.0000$	0.092 $p = 0.0645$

Источники данных – см. табл. 1. \* – тест на дефицит гетерозигот.

**Таблица 3.**  $R_{ST}$ -дистанции между исследованными городскими популяциями

Популяция	Москва	Симферополь	Кисловодск
Москва	***		
Симферополь	0.7229	***	
Кисловодск	0.7199	0.1577	***
Астана	0.7935	0.1716	0.1045





**Рис. 3.** Варианты оценки вероятности отнесения особей четырех городских популяций к разным генетическим кластерам по результатам анализа в программе Structure с использованием модели No Admixture. *А* – для предположения о существовании 8 ( $K = 8$ ), *Б* – для предположения о существовании 11 ( $K = 11$ ) генетических кластеров в объединенной выборке. Каждый столбец соответствует одному животному. Городские популяции: 1 – Москва, 2 – Симферополь, 3 – Kisловодск, 4 – Астана. По оси ординат – вероятность отнесения к кластеру.

**Таблица 4.** Результат оценки кластеризации обобщенной выборки по модели No Admixture LOCPRIOR с использованием метода Evanno

К	4	5	6	7	8	9	10	11	12
Mean LnP(K)	–3145	–2929	–2845	–2907	–2742	–2920	–2812	<b>–2714</b>	–2778
Delta K	NA	1.7290	2.7257	0.5759	<b>6.8592</b>	1.1962	0.0447	1.8128	NA

в Kisловодске – рис. 3А. Максимальное среднее значение показателя логарифма вероятности ( $\text{LnP}(K)$ ) было отмечено для гипотезы  $K = 11$ , что соответствовало наличию четырех обособленных групп в Симферополе и пяти в Kisловодске, в то время как разделения на группы выборки из Москвы и Астаны отмечено не было – рис. 3Б. При тестировании гипотезы  $K = 12$  дальнейшего выделения оформленных кластеров не наблюдалось.

### ОБСУЖДЕНИЕ

Плотность нор в Москве (30 нор/га) является промежуточной между отмеченными для Парка им. Ю.А. Гагарина в Симферополе до 2020 г. ( $> 40$  нор/га в летний период) (Katzman et al., 2018) и Президентского парка в Астане (до 14 нор/га) (Феоктистова и др., 2020).

Отмечаемое в городах число митохондриальных линий свидетельствует о разнообразии особей-основателей, проникавших на городскую территорию с момента начала ее заселения видом. Так, в поселениях обыкновенного хомяка в Симферополе

присутствуют три, а в Kisловодске – пять митохондриальных линий (Феоктистова и др., 2016; Феоктистова и др., 2019). В популяции из города Астана, которая образовалась после “экологической катастрофы” – полного реформирования данной территории в ходе строительных работ (2004–2012 гг.), обнаруживается единственный гаплотип мтДНК, что можно рассматривать как эффект основателя (Феоктистова и др., 2020). Что касается Москвы, то здесь обнаруживается всего два гаплотипа мтДНК (один из них встречен у одной особи), при том, что популяция на территории города обитает давно (более 130 лет (Карасева и др., 1999)).

При проведении филогенетического анализа с использованием всех известных для обыкновенного хомяка вариантов последовательностей данного участка ДНК гаплотипы, обнаруженные в Москве, вошли в подгруппу E02, время дивергенции которой ранее было оценено в 11.7 (22.6–4.0) тыс. лет назад (Feoktistova et al., 2023). Следовательно, хомяки этой подгруппы уже существовали на территории, где сейчас располагаются города Владимир, Москва, Тула, до начала голоцена. Низкое разнообразие в Москве

можно рассматривать как результат прохождения через “бутылочное горлышко”, резкое сокращение численности из-за фрагментации местообитаний, пригодных для данного вида.

О резком генетическом обеднении популяции Москвы по сравнению с тремя другими исследованными городскими популяциями свидетельствует и вдвое меньшее число аллелей (табл. 2).

Ранее нами показано (Феоктистова и др., 2016), что поселения обыкновенного хомяка в г. Симферополе представляют собой обособленные субпопуляции (или демы), уровень генетических различий между которыми составляет от 13.8 до 18.6% ( $F_{ST}$ -критерий). Эти значения характеризуют группы хомяков, обитающих на расстоянии 2–4 км, и сопоставимы с уровнем генетических различий между удаленными географическими регионами. Данные, полученные нами для г. Кисловодска (Феоктистова и др., 2019), демонстрируют сходную картину. Генетические  $F_{ST}$ -различия между выборками, собранными на расстоянии 1.3–6.3 км, составляют 11.8–32.4%, что также сопоставимо с уровнем различий между удаленными географическими регионами или даже превышает этот уровень. Гаплотипическое и аллельное разнообразие в каждой субпопуляции ниже, чем в целом по городу. В Москве, как мы уже отметили выше, обитает старая популяция обыкновенного хомяка и генетические  $F_{ST}$ -различия между двумя поселениями этого вида, разделенными расстоянием около 6 км, составляет 14.6%. Хотя анализ с использованием метода кластеризации и не обнаруживает разделения московской выборки на отдельные кластеры, а анализ распределения частот аллелей в обобщенной московской выборке не обнаруживает отклонения от распределения Харди–Вайнберга, уровень различий (значение  $F_{ST}$ -критерия) в данном случае сопоставим с обнаруженными между городскими субпопуляциями Симферополя. Однако он оказался более низким, чем в Кисловодске. При этом гаплотипическое и аллельное разнообразие в каждой московской субпопуляции также ниже, чем в целом по городу.

Иная картина получена нами для г. Астана. На таком же, как в Симферополе и Кисловодске, расстоянии (около 2 км) между поселениями обыкновенного хомяка здесь пока не накопилось генетических различий ( $F_{ST} = 1.26\%$ , Феоктистова и др., 2020). Население обыкновенного хомяка в двух парках Астаны пока представлено единой популяцией, несмотря на то, что два исследованных поселения разделены широкой автомагистралью. Возможно, времени, которое прошло с момента строительства парков, оказалось недостаточно для того, чтобы произошло формирование обособленных субпопуляций.

В целом данные по Кисловодску, Симферополю и Москве подтверждают общий вывод о том, что население обыкновенного хомяка в условиях города

представлено обособленными группами со сниженным генетическим разнообразием. Скорее всего, это обусловлено характером городской структуры, где подходящие для обитания вида участки разделены территориями, малопригодными для их жизни, либо труднопреодолимыми барьерами, характерными для городской среды (в частности, автомагистралями).

Таким образом, наши данные подтверждают, что у ряда гемисинантропных видов грызунов может формироваться специфическая, “городская” генетическая структура, где генетические различия между субпопуляциями на незначительном географическом расстоянии выражены существенно больше, чем между популяциями этого вида в естественных биотопах, обитающих территориально гораздо дальше друг от друга. Ранее это было показано для *Calomys musculus* в г. Рио-Кварто (Chiappero et al., 2011), полевой мыши в Варшаве (Gortat et al., 2013), белоногих хомячков (*Peromyscus leucopus*) в 14 парках Нью-Йорка (Munshi-South, 2012; Munshi-South, Nagy, 2014). Причем внутри субпопуляций генетическое разнообразие может быть снижено. Иная картина обнаружена у собственно синантропных видов, например у серой крысы (*Rattus norvegicus*) в городе Сальвадор (Бразилия), где показано, что крысы, хотя и живут в городе генетически обособленными поселениями, уровень генетического разнообразия внутри этих популяций высок (Kajdacsi et al., 2013).

## ЗАКЛЮЧЕНИЕ

За последние 50 лет московская популяция обыкновенного хомяка резко сократила как свою численность, так и занимаемые территории. В настоящее время мы зарегистрировали только два локальных поселения – в районе станции метро Орехово (правый берег реки Язвенка) и на берегу Борисовских прудов. Анализ генетического разнообразия зверьков из двух указанных локалитетов, расположенных примерно в 6 км друг от друга, показал разделение на две субпопуляции, уровень генетических различий ( $F_{ST}$ ) между которыми по микросателлитным маркерам составляет 14.6%. При этом резко снижено генетическое разнообразие, как по мтДНК, так и по микросателлитным локусам, по сравнению с ранее проанализированными нами популяциями из Симферополя, Кисловодска и Астаны, что, в совокупности с данными о давнем (не менее 130 лет) заселении территории Москвы обыкновенным хомяком, свидетельствует об эффекте “бутылочного горлышка”. Генетический анализ структуры московских популяций обыкновенного хомяка подтверждает обоснованность внесения обыкновенного хомяка в Красную книгу города Москвы.

## ФИНАНСИРОВАНИЕ РАБОТЫ

Работа выполнена при финансовой поддержке гранта РНФ № 24-14-00025.

## СОБЛЮДЕНИЕ ЭТИЧЕСКИХ СТАНДАРТОВ

Процедура сбора материала одобрена биоэтической комиссией Института проблем экологии и эволюции имени А.Н. Северцова (протокол № 226, от 04.03.2024).

## КОНФЛИКТ ИНТЕРЕСОВ

Авторы данной работы заявляют, что у них нет конфликта интересов.

## СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

- Карасева Е.В., Телицына А.Ю., Самойлов Б.Л., 1999. Млекопитающие Москвы в прошлом и настоящем. М.: Наука. 246 с.
- Косолапова М.В., Шварц Е.А., Дубинина Н.В., 1978. Обыкновенный хомяк в Москве. Растительность и животное население Москвы и Подмоскovie. М.: Изд-во МГУ. С. 32–33.
- Красная книга города Москвы, 2001. Отв. ред. Б.Л. Самойлов, Г.В. Морозова. М.
- Красная книга города Москвы, 2022. Отв. ред. Н.А. Соколев. М.: Департамент природопользования и охраны окружающей среды. 846 с.
- Огнев С.И., 1913. Fauna Mosquensis. Опыт описания фауны Московской губернии. Т. 1. Млекопитающие. Ч. 1. Chiroptera, Insectivora, Rodentia. М.: Изд. Комиссии по исслед. фауны Моск. губернии. 310 с.
- Паровицков В.Я., 1941. Очерк фауны Тимирязевской с/х академии // Всероссийское общество охраны природы. Т. 8. Ч. 2. С. 304–310.
- Сатунин К.А., 1895. Позвоночные Московской губернии // Известия Общества любителей естествознания, антропологии и этнографии. Т. 36. Вып. 1. Млекопитающие. С. 3–16.
- Судейкин В.А., Ляпунова К.Л., Тихомиров С.И., 1972. Случай размножения обыкновенного хомяка (*Cricetus cricetus*) на территории города Москвы // Зоологический журнал. Т. 51. № 8. С. 1258–1259.
- Суров А.В., Карманова Т.Н., Кацман Е.А., Зайцева Е.А., Феоктистова Н.Ю., 2023. От агрофила к синурбисту: как обыкновенный хомяк (*Cricetus cricetus*) осваивает городскую среду // Зоологический журнал. Т. 102. № 4. С. 453–465.
- Суров А.В., Поплавская Н.С., Богомолов П.Л., Кропоткина М.В., Товпинец Н.Н., Кацман Е.А., Феоктистова Н.Ю., 2015. Синурбанизация обыкновенного хомяка (*Cricetus cricetus* L., 1758) // Российский журнал биологических инвазий. № 4. С. 105–117.
- Суров А.В., Феоктистова Н.Ю., 2023. Обыкновенный хомяк (*Cricetus cricetus* Linnaeus, 1758). Серия “Виды фауны России и сопредельных стран”. М.: РАН. 312 с.
- Телицына А.Ю., Карасева Е.В., Степанова Н.В., Суров А.В., 1994. Обыкновенный хомяк в Москве. Сб. Синантропия грызунов М.: ИЭМЭЖ РАН. С. 60–76.
- Феоктистова Н.Ю., Мещерский И.Г., Богомолов П.Л., Мещерский С.И., Кацман Е.А., Пельгунова Л.А., Поташикова Е.В., Суров А.В., 2020. Непреднамеренно поставленный эксперимент — заселение вновь созданного городского парка видом-синурбистом обыкновенным хомяком *Cricetus cricetus* L., 1758 // Известия Академии наук. Серия биологическая. № 2. С. 224–232.
- Феоктистова Н.Ю., Мещерский И.Г., Богомолов П.Л., Мещерский С.И., Поплавская Н.С., Чунков М.М., Юферева В.В., Тельнов В.А., Суров А.В., 2019. Обыкновенный хомяк (*Cricetus cricetus*) в Предкавказье: генетическая структура городских и пригородных популяций // Генетика. Т. 55. № 3. С. 337–348.
- Феоктистова Н.Ю., Мещерский И.Г., Суров А.В., Богомолов П.Л., Товпинец Н.Н., Поплавская Н.С., 2016. Генетическая структура городской популяции обыкновенного хомяка (*Cricetus cricetus*) // Генетика. Т. 52. № 2. С. 221–230.
- Цалкин В.И., Борисоглебская М.Б., 1967. Млекопитающие Москвы и Подмоскovie на рубеже нашей эры. “Животное население Москвы и Подмоскovie, его изучение, охрана и направленное преобразование” 27–28 апреля 1967 г. М. С. 7–9.
- Alberti M., Correa C., Marzluff J.M., Hendry A.P., Palkovacs E.P., Gotanda K.M., Hunt V.M., Apgar T.M., Zhou Y., 2017. Global urban signatures of phenotypic change in animal and plant populations // Proceedings of the National Academy of Sciences. V. 114. № 34. P. 8951–8956.
- Alberti M., Palkovacs E.P., Roches S.D., Meester L.D., Brans K.I., Govaert L., Grimm N.B., Harris N.C., Hendry A.P., Schell C.J., 2020. The complexity of urban eco-evolutionary dynamics // BioScience. V. 70. № 9. P. 772–793.
- Banaszek A., Bogomolov P., Feoktistova N., La Haye M.J.J., Monecke S., Reinert T.E., Rusin M., Surov A., Weinhold U., Ziomek J., 2020. *Cricetus cricetus* // The IUCN Red List of Threatened Species. P. 1–15. <https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2020-2.RLTS.T5529A111875852.en>
- Chiappero M., Panzetta-Dutari G.M., Gomez M., Castillo E., Polop J., Gardenal C., 2011. Contrasting genetic structure of urban and rural populations of the wild rodent *Calomys musculus* (Cricetidae, Sigmodontinae) // Mammalian Biology — Zeitschrift für Säugetierkunde. V. 76. P. 41–50.
- Earl D., von Holdt B., 2012. STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method, 2011 // Saata-villa: [http://taylor0.biology.ucla.edu/struct\\_harvest](http://taylor0.biology.ucla.edu/struct_harvest)
- Evanno G., Regnaut S., Goudet J., 2005. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study // Molecular Ecology. V. 14. № 8. P. 2611–2620.
- Excoffier L., Laval G., Schneider S., 2005. Arlequin (version 3.0): an integrated software package for population genetics data analysis // Evolutionary Bioinformatics. V. 1. 117693430500100003.
- Feoktistova N.Y., Meschersky I.G., Shenbrot G.I., Puzachenko A.Y., Meschersky S.I., Bogomolov P.L., Surov A.V., 2023. Phylogeography of the common hamster (*Cricetus*



- cricetus*): paleoclimatic reconstructions of Late Pleistocene colonization // Integr. Zool. V. 18. № 3. P. 581–599.
- Gortat T., Rutkowski R., Gryczyńska-Siemiatkowska A., Kozakiewicz A., Kozakiewicz M., 2013. Genetic structure in urban and rural populations of *Apodemus agrarius* in Poland // Mamm. Biol. № 78. P. 171–177.
- Goudet J., 2001. FSTAT Ver. 2.9.3, a program to estimate and test gene diversities and fixation indices. <http://www.unil.ch/izea/software/fstat.html>
- Kajdacs B., Costa F., Hyseni C., Porter F., Brown J., Rodrigues G., Farias H., Reis M., Childs J., Ko A., A. C., 2013. Urban population genetics of slum dwelling rats (*Rattus norvegicus*) in Salvador, Brazil // Molecular Ecology. V. 22. P. 5056–5070.
- Katzman E.A., Zaytseva E.A., Feoktistova N.Y., Tovpinetz N.N., Bogomolov P.L., Potashnikova E.V., Surov A.V., 2018. Seasonal changes in burrowing of the Common hamster (*Cricetus cricetus* L., 1758) (Rodentia: Cricetidae) in the city // Поволжский экологический журнал. № 3. С. 251–258.
- Li Y-L., Liu J-X., 2018. STRUCTURE SELECTOR: A web-based software to select and visualize the optimal number of clusters using multiple methods // Mol. Ecol. Resour. № 8. P. 76–177.
- <https://doi.org/10.1111/1755-0998>
- Munshi-South J., 2012. Urban landscape genetics: canopy cover predicts gene flow between white-footed mouse (*Peromyscus leucopus*) populations in New York City // Molecular Ecology. V. 21. № 6. P. 1360–1378.
- Munshi-South J., Nagy C., 2014. Urban park characteristics, genetic variation, and historical demography of white-footed mouse (*Peromyscus leucopus*) populations in New York City // Peer J. V. 2. P. 310–315.
- Neumann K., Jansman H., 2004. Polymorphic microsatellites for the analysis of endangered common hamster populations (*Cricetus cricetus* L.) // Conservation Genetics. V. 5. № 1. P. 127–130.
- Pritchard J.K., Stephens M., Donnelly P., 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data // Genetics. V. 155. P. 945–959.
- Schilthuizen M., 2018. Darwin comes to towns. How the Urban Jungle Drives Evolution. London Quercus Edition Ltd. 344 p.
- Surov A., Banaszek A., Bogomolov P., Feoktistova N., Monecke S., 2016. Dramatic global decrease in the range and reproduction rate of the European hamster *Cricetus cricetus* // Endangered Species Research. V. 31. P. 119–145.

## COMMON HAMSTER (*CRICETUS CRICETUS* L., 1758, CRICETIDAE, RODENTIA) IN MOSCOW CITY: GENETIC STRUCTURE, CONSERVATION STATUS

N. Yu. Feoktistova\*, I. G. Meschersky\*\*, S. I. Meschersky\*\*\*,  
T. N. Karmanova\*\*\*\*, P. L. Bogomolov\*\*\*\*\*, A. V. Surov\*\*\*\*\*

Severtsov Institute of Ecology and Evolution, Russian Academy of Sciences, Leninsky pr., 33, Moscow, 119071 Russia

\* e-mail: feoktistovanyu@gmail.com

\*\* e-mail: meschersky@rambler.ru

\*\*\* e-mail: nervaner6892236@gmail.com

\*\*\*\* e-mail: karmanovs94@mail.ru

\*\*\*\*\* e-mail: bogomolov.pl@gmail.com

\*\*\*\*\*e-mail: surov@sevin.ru

The habitat conditions and genetic structure of the native population of the common hamster in Moscow, listed in the 3rd edition of the Red Data Book of Moscow City with the status 3 (vulnerable in the city), are described. Information about the presence of the common hamster in Moscow dates back to the end of the XIX century. Over the past 50 years, the Moscow population is noted to have sharply declined in abundance and has survived only along the Yazvenka River and the banks of the Borisov ponds. These areas are separated by a distance of 6 km. The genetic differences between these subpopulations are 14.6%. The diversity of the Moscow subpopulations is reduced both in mitochondrial DNA (there are only two mtDNA haplotypes in the city (in the cytochrome *b* gene + control region)) and in microsatellite markers. When analyzing 10 microsatellite loci in the Moscow population, 23 alleles were found. This is two to three times lower than in the populations of the common hamster in Astana, Simferopol and Kislovodsk. Haplotypes of the Moscow population together with those of the hamsters from the Tula and Vladimir regions form a well-supported clade on the phylogenetic tree. Genetic analysis of Moscow subpopulations of the common hamster confirms the adequacy of including this species in the Red Data Book of the Moscow City.

**Keywords:** urban populations, genetic diversity, Red Data Book of Moscow City