

Новые данные о разнообразии и истории расселения обыкновенной летяги в Центральной Якутии

Научный руководитель – Артюшин Илья Витальевич

Грицышин Владимир Андреевич

Студент (магистр)

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

E-mail: vladimir.sokol.gritsyshin@gmail.com

В настоящее время опубликовано уже несколько работ, посвященных филогеографии обыкновенной летяги [1,2,3]. В своей работе Ошида с соавт. [1] выявили у этого вида три хорошо отличимые группы по результатам секвенирования гена *cytb*, которые соответствуют континентальной части Дальнего Востока, о-ву Хоккайдо и всему остальному ареалу, который простирается практически на всю таёжную зону Евразии. В дальнейшем были выполнены локальные работы по уточнению разнообразия и роли в филогеографии этого вида регионов Дальнего Востока и Уральских гор [2,3]. В составе группы «Северная Евразия» выделяют подгруппы «Восток» и «Запад», из которых последняя подтверждается всеми авторами, является самой поздней и заселяет самую большую площадь: от Иркутской области до Прибалтики. При этом она чрезвычайно гомогенна, что может свидетельствовать об очень недавнем расселении. Восточная подгруппа выделяется не всеми авторами, возможно в силу более сильной географической структуры.

В данной работе мы исследовали материал по обыкновенной летяге из Южной Якутии. Также был использован материал из Тюменской области. Мы секвенировали фрагмент последовательности гена цитохрома *b* с помощью праймеров L14760_mod 5'-acaataatgacaacaatccgtaaa-3', L14115 и H15300 [4]. Также использовали системы праймеров для амплификации микросателлитных локусов Pvol41, Pvol74, PvolE6, PvolE10 [5] и Hph55 [6]. Последний был оптимизирован для использования на нашем объекте.

Наши данные по Якутии говорят об очень высоком разнообразии летяги в данном регионе. Изученные в работе образцы из Южной Якутии не представляют монофилетическую кладу и не образуют таковой с ранее описанными образцами из этого региона. У 6 образцов мы обнаружили 5 гаплотипов, 3 из которых формируют общую кладу, ещё один входит в кладу, объединяющую гаплотипы из Якутии, описанные Ошидой с соавт. [1], и последний представляет отдельную линию в составе общей восточно-североазиатской клады. Ни один из данных гаплотипов не был описан ранее. Помимо этого, мы исследовали 3 образца из Якутии, точный локалитет которых в настоящий момент не установлен. Они вне всякого сомнения относятся к западной подгруппе. Две из них несут гаплотип, описанный из Кировской области и с Урала. Ещё один образец представляет новый гаплотип из базальной радиации данной подгруппы. Ближайшие находки летяг из данной подгруппы сделаны в Иркутской области, в 1200 километрах юго-восточнее. Микросателлитные маркеры также подтверждают высокое разнообразие популяции с юга Якутии. Образцы из западной подгруппы имеют аллели не обнаруженные ни в Южной Якутии, ни в Тюменской области.

Мы предполагаем, что эта линия проникла на территорию Якутии по левобережью Лены. Возможно, крупная река, которая в послеледниковое время была ещё более полноводной, стала эффективным биогеографическим барьером для летяги. Вероятно, юг Якутии был заселен из нескольких лесных рефугиумов.

Автор выражает глубокую благодарность руководителю И.В. Артюшину за всемерную помощь в осуществлении работы и ценное обсуждение, А.А. Банниковой за всестороннюю помощь в организации работы, Д.В. Политову, Е.С. Захарову, М.М. Белоконь за представленный материал.

Источники и литература

- 1) Oshida T., Abramov A., Yanagawa H., Masuda R. Phylogeography of the Russian flying squirrel (*Pteromys volans*): implication of refugia theory in arboreal small mammal of Eurasia // *Mol. Ecol.* 2005. V. 14. P. 1191–1196.
- 2) Lee M.Y., Park S.K., Hong Y.J., Kim Y.J., Voloshina I., Myslenkov A., Saveljev A.P., Choi T.Y., Piao R.Z., An J.H., Lee M.H., Lee H., Min M.S. Mitochondrial genetic diversity and phylogenetic relationships of Siberian flying squirrel (*Pteromys volans*) population // *Animal Cells and Syst.* 2008. V. 12. P. 269–277.
- 3) Yalkovskaya L.E., Bol'shakov V.N., Sibiryakov P.A., Borodin A.V. Phylogeography of the siberian flying squirrel (*Pteromys volans* L., 1785) and the history of the formation of the modern species range: new data // *Doklady Biochemistry and Biophysics.* 2015. V. 462. No. 1. P. 181-184.
- 4) Yasuda S.P., Vogel P., Tsuchiya K., Han S.H., Lin L.K. & Suzuki H. Phylogeographic patterning of mtDNA in the widely distributed harvest mouse (*Micromys minutus*) suggests dramatic cycles of range contraction and expansion during the mid- to late Pleistocene // *Can. J. Zool.* 2005. V. 83. P. 1411–1420.
- 5) Painter J. N., Selonen V., Hanski I.K. Microsatellite loci for the Siberian flying squirrel, *Pteromys volans* // *Molecular Ecology Notes.* 2004. No. 4. P. 119-121.
- 6) Jumpa S., Dawson D.A., Horsburgh G.J., & Walton C. Conserved microsatellite markers of high cross-species utility for flying, ground and tree squirrels // *Conservation Genetics Resources.* 2015. V. 7. No. 2. P. 599-603.