

РОССИЙСКАЯ АКАДЕМИЯ НАУК  
Уральское отделение  
Архангельский научный центр  
Институт экологических проблем Севера

Администрация Архангельской области  
Совет молодых ученых при администрации области

# ЭКОЛОГИЧЕСКИЕ ПРОБЛЕМЫ СЕВЕРА

Материалы докладов  
Молодежной научной конференции  
(11–13 марта 2008 г.)

Avtor e-mail: [apismell@hotmail.com](mailto:apismell@hotmail.com)

Illiasov R.A., Poskriakov A.V., Nikolenko A.G. Filogenetika i struktura populiacii pchel na Urale. Materialy dokladov molodezhnoj nauchnoj konferencii: "Ekologicheskie problemy Severa". Arhangel'sk. 2008. S. 179-182.

АРХАНГЕЛЬСК  
2008

Таблица

Уровень значимости отличия выборок из разных биотопов по интегральным индексам (в верхнем правом углу) и доля (% из 11 признаков) случаев обнаружения достоверных отличий ( $\alpha = 0,01$ ) по показателям асимметрии отдельных признаков (в нижнем левом углу):

$\Phi A_1 - FA_1$  и  $fa_{j(1)}$ ,  $\Phi A_2 - FA_2$  и  $fa_{j(2)}$ .

$\Phi A_1$	т. 1	т. 2	т. 3	т. 4	т. 5	т. 6	т. 7	т. 8
т. 1	1	0,198	0,335	0,609	0,072	0,071	0,130	0,752
т. 2	45	1	0,754	0,077	0,611	0,645	0,882	0,426
т. 3	27	64	1	0,163	0,358	0,450	0,573	0,545
т. 4	9	18	45	1	0,026	0,024	0,049	0,446
т. 5	18	18	18	9	1	0,948	0,791	0,164
т. 6	45	55	73	45	36	1	0,786	0,150
т. 7	64	91	91	82	55	91	1	0,261
т. 8	36	91	73	36	18	73	91	1
$\Phi A_2$	т. 1	т. 2	т. 3	т. 4	т. 5	т. 6	т. 7	т. 8
т. 1	1	0,052	0,021	0,700	0,335	0,165	0,869	0,186
т. 2	55	1	0,001	0,023	0,004	0,001	0,044	0,001
т. 3	55	91	1	0,112	0,114	0,291	0,002	0,175
т. 4	9	45	64	1	0,839	0,398	0,378	0,539
т. 5	0	45	45	9	1	0,518	0,204	0,675
т. 6	64	82	82	27	55	1	0,050	0,685
т. 7	55	82	91	27	55	82	1	0,093
т. 8	45	91	82	18	36	73	91	1

Результаты проведенного анализа позволяют сформулировать следующие выводы:

1. Для всех 11 изученных признаков листа березы пушистой обнаружена флуктуирующая асимметрия;
2. По использованным интегральным индексам и показателям флуктуирующей асимметрии между выборками листьев березы разных онтогенетических состояний различия не выявлены;
3. Выявлены достоверные отличия между оценками флуктуирующей асимметрии березы пушистой из разных биотопов;
4. Максимальный уровень флуктуирующей асимметрии листовой пластинки березы пушистой наблюдается в условиях избыточного увлажнения, минимальная величина асимметрии обнаружена для деревьев, произрастающих на месте пожара.

#### ЛИТЕРАТУРА

- Ермаков В.И. Механизмы адаптации березы к условиям Севера. Л., 1986. 144с.  
 Захаров В. М., Чубинишвили А. Т., Дмитриев С. Г., Баранов А. С., Борисов В. И., Валецкий А. В., Крысанов Е. Ю., Кряжева Н. Г., Пронин А. В., Чистякова Е. К. Здоровье среды: практика оценки. М.: Центр экологической политики России. 2000. 320 с.  
 Коросов А. В., Зорина А. А. Флуктуирующая асимметрия пластических признаков пилеуса обыкновенной гадюки // Проблемы экологии животных. Петрозаводск, 2007. С. 86–91.  
 Яковлев Ф. С., Воронова В. С. Типы лесов Карелии и их природное районирование. Петрозаводск, 1959. 192с.

#### ФИЛОГЕНЕТИКА И СТРУКТУРА ПОПУЛЯЦИИ ПЧЕЛ НА УРАЛЕ

Р.А.Ильясов, А.В.Поскряков, А.Г.Николенко  
 Институт биохимии и генетики УНЦ РАН  
 450054, г.Уфа, Пр.Октября, 71, e-mail: apismell@hotmail.com

Темная европейская или среднерусская пчела (подвид *Apis mellifera mellifera* L.) до вмешательства человека занимала почти всю Северную Европу. В Европе и России подвид *A.m.mellifera* был подвержен интенсивной гибридизации благодаря завозу пчел из Южной и

Восточной Европы, в результате чего были утрачены его ценные качества. А.В.Петухов с соавт. (1996) и А.Г.Николенко и А.В.Поскряков (2002) показали возможность сохранения популяции *A.m.mellifera* на Урале.

Для определения настоящего состояния популяций среднерусской пчелы на Урале мы использовали ПЦР-анализ полиморфизма двух микросателлитных локусов ap243 и 4a110 ядерной ДНК, фрагмента гена второй субъединицы NADH-дегидрогеназы (ND2) и локуса, расположенного между генами цитохром оксидазы I и II (межгенный локус COI-COII) митохондриальной ДНК (мтДНК). Были проанализированы пчелы из 550 семей с 11 пасек 3 районов Республики Башкортостан и с 11 пасек 7 районов Пермского края.

Ранее было показано (Cornuet et al., 1991), что подвиду *A.m.mellifera* соответствует комбинация элементов PQQ межгенного локуса COI-COII, а южным подвидам (*Apis mellifera ligustica* Spinola, *Apis mellifera caucasica* Gorbatshev и *Apis mellifera carnica* Pollmann) – только один элемент Q. Пчелы с пасек Уинского района Пермского края и Иглинского района Республики Башкортостан характеризовались относительно низкой частотой встречаемости комбинации PQQ 0,71 и 0,57, соответственно, что вызвано, несомненно, гибридизацией. Иглинская популяция также, в целом, оказалась гибридной, хотя пасеки Кугейко и Орловская характеризовались довольно высокой частотой встречаемости комбинации PQQ (0,90 и 0,93, соответственно). Вместе с тем данные пасеки не могли быть отнесены к популяции *A.m.mellifera*, так как расположены в массовом окружении пасек с гибридными семьями, между которыми возможен интенсивный поток генов. Наиболее высокой частотой встречаемости комбинации PQQ (свыше 0,98) характеризовались пасеки Вишерского района Пермского края - вишерская популяция *A.m.mellifera*, пасеки Нытвенского, Пермского, Ординского, Осинского и Частинского районов Пермского края - южно-прикамская популяция *A.m.mellifera*, пасеки и борти Бурзянского района Республики Башкортостан - бурзянская популяция *A.m.mellifera*, а также пасеки Татышлинского района Республики Башкортостан - татышлинская популяция *A.m.mellifera*. Высокий уровень частоты встречаемости комбинации PQQ на пасеках позволяет говорить о существовании на данный момент, как минимум, четырех сохранившихся популяций *A.m.mellifera* на Урале: вишерской, южно-прикамской, татышлинской и бурзянской.

Обнаружение четырех сохранившихся популяций *A.m.mellifera* на Урале позволило нам приступить к следующей задаче – генетической характеристике этих популяций на основе микросателлитных локусов 4a110 (Haberl, Tautz, 1999) и ap243 (Solignac et al., 2003) ядерной ДНК. Как известно, микросателлитные маркеры позволяют выявлять генетическую дифференциацию близкородственных популяций или экологических групп одного вида, а также подвидов (Bernatchez et al., 1998; Brunner et al., 1998, Primmer et al., 1999). В качестве контроля была использована уже точно известная гибридная иглинская, объединяющую пасеки иглинского района Республики Башкортостан, а также уинскую популяции, состоящую из пасек Уинского района Пермского края.

Мы изучили варибельность микросателлитных локусов ap243 и 4a110 ядерной ДНК в популяциях пчел на Урале. По критерию значимости Пирсона  $\chi^2$  и вероятности P только одна вишерская популяция находилась в равновесии, вероятность P которой равна 0,173. Во всех остальных популяциях  $P < 0,05$ .

Генетические расстояния Cavalli-Sforza and Edwards между всеми популяциями пчел на Урале изменялись от 0,043 между Бурзянской и Уинской до 0,212 между Татышлинской и Иглинской популяциями. На основе полученных генетических расстояний была построена дендрограмма с использованием метода кластеризации ближайшего соседа, графически отображающая генетические отношения между популяциями, на которой Иглинская популяция располагалась отдельно от всех остальных популяций, что, возможно, являлось следствием гибридизации. Уинская популяция, ранее определенная по митохондриальной ДНК как гибридная, по микросателлитным локусам ядерной ДНК характеризовались, как *A.m.mellifera*, причем была очень сходной с Бурзянской популяцией. Такое явление можно объяснить миграцией трутней с соседних пасек Уинского района Пермского края, в которых высокое содержание *A.m.mellifera*, например, с пасек из описанных ранее А.В.Петуховым в заказнике «Малиновый хутор». Среди популяций наблюдалась определенная группировка, где Татышлинская была наиболее генетически близка к Южно-Прикамской, а Вишерская,

Бурзянская и Уинская были наиболее сходны между собой. Следует отметить, что наблюдаемая дифференциация очень незначительная, по сравнению с дифференциацией Иглинской популяции. Таким образом, по ядерной ДНК подтверждается особенность Уинской популяции, ранее описанная А.В.Петуховым и опровергнутая нами по данным митохондриальной ДНК. Возможно, что в Уинском районе Пермского края в заказнике «Малиновый Хутор» сохранилась еще одна популяция *A.m.mellifera*.

Коэффициент дифференциации  $F_{st}$  (Cockerham, 1973; Weir, Cockerham, 1984) между популяциями изменялись в пределах от -0,001 до 0,171. Наименее дифференцированными были Вишерская и Бурзянская, Татышлинская и Южно-Прикамская, Бурзянская и Уинская, значения  $F_{st}$  которых были очень близки к 0. Наиболее дифференцированной от всех была Иглинская популяция, значения  $F_{st}$  которой изменялись от 0,076 между Бурзянской и Иглинской до 0,171 между Татышлинской и Иглинской. Значения  $F_{st}$  значительно коррелируют с генетическими расстояниями, однако значения  $F_{st}$  тут приводятся для возможности сопоставления с другими данными, так как во многих публикациях приводится только матрица  $F_{st}$ , на основе которой и строится дендрограмма. Наблюдаемая гетерозиготность  $H_s$  немного меньше ожидаемой гетерозиготности для субпопуляций  $H_t$  и всей популяции  $H_t$ , что свидетельствует о дефиците гетерозигот. Дефицит гетерозигот также показывает и положительное значение коэффициента инбридинга для субпопуляций  $F_{is}$  и тотальной популяции  $F_{it}$ . Кроме того, значения  $F_{is}$  и  $F_{it}$  являются показателями незначительного отклонения распределение генотипов от равновесия Харди-Вайнберга всей популяции пчел на Урале (при равновесии Харди-Вайнберга значение  $F_{is}$  и  $F_{it}$  равно 0). Коэффициент дифференциации для всей популяции пчел на Урале  $F_{st}$  имеет близкое к 0 значение, что является показателем очень незначительной генетической дифференциации популяций.

В ходе секвенционного анализа амплифицированного фрагмента гена ND2 мтДНК медоносной пчелы была определена его нуклеотидная последовательность со средним размером 688 п.н. Нуклеотидные последовательности просеквенированных фрагментов гена ND2 мтДНК пчел были депонированы в международный генбанк NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>) (Ilyasov et al., 2005; Ilyasov et al., 2006). При сравнении по данной последовательности уральских пчел *A.m.mellifera* наблюдалось 5 нуклеотидных замен, где замена Т на С в позиции 536 двух уральских пчел DQ181614 и DQ181618 приводила к замене в аминокислотной последовательности в положении 12 аминокислоты изолейцин (Ile) на треонин (Thr). На дендрограмме, построенной по результатам сравнения нуклеотидных последовательностей фрагмента гена ND2 не наблюдалось дифференциации между представителями разных локальных популяций *A.m.mellifera* на Урале, что является показателем их тесного генетического родства. В дальнейшем нами сравнивались последовательности *A.m.mellifera* уральских популяций со всеми доступными в генбанке NCBI последовательностями большинства подвидов *A.mellifera*. На полученной дендрограмме наблюдалась группировка образцов на четыре эволюционные ветви, сходная с подразделением подвидов *A.mellifera*, предложенного F.Ruttner et al. (1978). Однако по подвидовому составу групп наблюдались различия. Подвидовой состав четырех эволюционных ветвей предложенных M.C.Arias, W.S.Sheppard (1996), P.Franck et al. (2000) с использованием этого же локуса оказался очень похожим на наш.

Представители уральских и европейских популяций *A.m.mellifera* кластеризовались в одну группу, названную эволюционной ветвью М. Но от ветви М, предложенной F.Ruttner et al. (1988), она отличалась тем, что в ее состав вошел только один единственный подвид - *A.m.mellifera*. Большинство представителей африканских подвидов пчел объединились во вторую группу, названную эволюционной ветвью А, по аналогии с F.Ruttner et al. (1988), хотя по составу подвидов наблюдались определенные различия. Эта ветвь разделилась на две подгруппы, объединяющие северо-африканские и южно-африканские подвиды, что сходно с группировкой M.C.Arias, W.S.Sheppard (1996). Однако, в отличие от группировки последних авторов, мы еще наблюдали третью африканскую группу, объединяющую пчел Центральной Африки - *Apis mellifera adansonii* Latreille из Сенегала и *Apis mellifera scutellata* Lepeletier из Кении. От основания ветви А отделилась небольшая группа, куда вошли *Apis mellifera meda* Skorikov из Сирии, *Apis mellifera syriaca* Buttel-Reepen из Сирии и *Apis*

*mellifera lamarckii* Cockerell из Египта, названная эволюционной ветвью О. Эта ветвь по составу подвидов также имела отличия от ветви О, предложенной F.Ruttner et al. (1988). В четвертую многочисленную группу, названную эволюционной ветвью С, вошли пчелы Средиземноморья, Ближнего Востока и Кавказа. Эта эволюционная ветвь по составу подвидов отличалась от состава ветви С, предложенного F.Ruttner et al. (1988). Сравнительный анализ нуклеотидной последовательности фрагмента гена ND2 мтДНК подвидов *A.mellifera* и двух видов пчел *Apis cerana* Fabricius и *Mellipona bicolor* Lepeletier показал, что наиболее близкими к предковой форме вида *A.mellifera* являлись представители эволюционной ветви С. Также было показано, что *Apis cerana* не является предковым видом по отношению к *A.mellifera*: они относятся друг к другу как сестринские виды.

Таким образом, на основе анализа митохондриальной ДНК были выделены 4 сохранившиеся популяции *A.m.mellifera* на Урале: бурзянская, татышлинская, южно-прикамская и вишерская. Привлечение микросателлитных локусов ядерной ДНК позволило предположить, что в Уинском районе Пермского края имеется большая вероятность сохранения популяций *A.m.mellifera*. Детальное исследование пчел этого района, возможно, позволит нам выделить пятую сохранившуюся популяцию *A.m.mellifera* на Урале. По генетическим характеристикам, Уинская популяция наиболее сходна с Бурзянской популяцией *A.m.mellifera*. В целом, популяции *A.m.mellifera* на Урале характеризуются незначительной генетической дифференциацией, отклонением от равновесия Харди-Вайнберга, которое является, возможно результатом небольшого инбридинга в популяциях, что характерно для большинства пчел. Филогенетический анализ по локусу мтДНК показал генетическое родство уральских и западноевропейских популяций *A.m.mellifera*. Возможно, что подвид *A.m.mellifera* является единственным представителем внутривидовой эволюционной ветви М, а предковой формой подвидов *Apis mellifera* L. могут быть пчелы эволюционной ветви С.

## ОСОБЕННОСТИ ЭКОЛОГИИ ЛИТОРАЛЬНЫХ АМФИПОД БЕЛОГО МОРЯ.

Е.С. Керц

Карельский Государственный Педагогический Университет  
г.Петрозаводск, ул. Пушкинская, 17, e-mail:Kercik@yandex.ru

На литорали Белого моря к наиболее массовым и широко распространенным ее обитателям из беспозвоночных относятся амфиподы рода Гаммарус (*Amphipoda, Crustacea*). Играя значительную роль в деструкции органического вещества растительного и животного происхождения, они сами являются доступной пищей для многих видов рыб и птиц.

Целью данной работы является изучение экологических особенностей литоральных амфипод. Стоит отметить, что данная работа проходит в свете изучения не только экологических особенностей гаммарид, но и изучения зараженности паразитами литоральных амфипод Белого моря. В некоторых биотопах гаммариды разных видов могут встречаться совместно. Являясь промежуточными хозяевами для некоторых классов гельминтов (*Trematoda, Cestoidea, Acanthocephala*), при совместном обитании гаммарид происходит усложнение взаимосвязи паразит-хозяин. В связи с этим, изучение особенностей экологии и биологии гаммарусов приобретает важное значение для понимания взаимоотношений на видовом уровне.

Материал собран в июне 2007 г. в губе Чупа, Кандалакшского залива, в бухтах Круглая, Левая и Иванов-наволоок на трех горизонтах во время отлива в верхней, средней и нижней литорали. Общий объем проб составил 520 экз.

У каждой особи определяли вид, длину тела от конца роострума до основания тельсона, пол по наличию семенных выростов на вентральной части последнего переонального сегмента у самцов и наличию марсупиальных сумок у самок (Брызгин, 1997).

Всего было обнаружено 4 вида гаммарусов, относящихся к сем. *Gammaridea*, родам *Gammarus* и *Marinogammarus*. Наиболее массовым видом гаммарид в районе нашего исследования является *Gammarus (Lagunogammarus) oceanicus* (Segestråle, 1974).

Ива  
уст  
185  
коле  
obtus  
умен  
Круг  
нижн  
самое  
мм, ср  
finmar  
темпер  
самцы.  
главн  
структу  
(Бек, Г  
Мидиев  
соотно  
нижнем  
Б  
молодь  
На  
Marinoga