

Avtor e-mail: apismell@hotmail.com

МАТЕРИАЛЫ МЕЖДУНАРОДНОЙ КОНФЕРЕНЦИИ

2 статьи
Ильясов 2008
Poskryakov, Ильясов, Nikolenko 2008

ПЧЕЛОВОДСТВО - XXI ВЕК

Il'iasov R.A., Petuhov A.V., Kolbina L.M., Poskriakov A.V., Nikolenko A.G. Struktura genofonda populacij medonosnoj pchely Urala i Povolzh'ia. Materialy mezhdunarodnoj konferencii "Pchelovodstvo - XXI veka". Moskva. 2008. S.212-214.

ТЕМНАЯ ПЧЕЛА (*Apis mellifera mellifera* L.) В РОССИИ

Москва, Международная промышленная академия
19 - 22 мая 2008 года



СТРУКТУРА ГЕНОФОНДА ПОПУЛЯЦИЙ МЕДОНОСНОЙ ПЧЕЛЫ УРАЛА И ПОВОЛЖЬЯ

Ильясов Р.А., Поскряков А.В., Николенко А.Г.,
Институт биохимии и генетики Уфимского НЦ РАН,
Петухов А.В.,
Пермский государственный педагогический университет,
Колбина Л.М.,
ГНУ Удмуртский государственный НИИСХ

Одной из наиболее интересных для человека групп насекомых являются пчелы - свыше 16000 современных видов (Danforth et al., 2006), но только вид *Apis mellifera* L. стал широко использоваться человеком в сельскохозяйственном разведении во всем мире.

Обширный естественный ареал медоносной пчелы охватывает всю Африку, Европу и Ближний Восток. Следствием этого явилась значительная внутривидовая дифференциация (Ruttner, 1988), на данный момент общепризнано существование 25 подвидов. На территории Европы известно существование 9 подвидов *A. mellifera*, 8 из которых обитает в Южной и Центральной Европе. Только 1 подвид *Apis mellifera mellifera* L. (темная европейская, темная лесная, она же среднерусская пчела) освоил лесостепную и лесную зоны Северной Европы, что делает его очень ценным для пчеловодства в северных странах. Ещё двести лет назад этот подвид занимал в Евразии огромную территорию вдоль северной границы естественного ареала вида. Эволюция его протекала в суровых климатических условиях, в результате чего выработалась исключительная зимостойкость и устойчивость к таким заболеваниям, как нозематоз, гнилец, падевый токсикоз. В результате массового завоза пчел из южных районов в лесную и лесостепную зоны России, прежний ареал пчелы среднерусской расы оказался заселен в основном пчелами гибридного происхождения. К сожалению, в результате непрерывного импорта пчел с юга в северные регионы произошла массовая гибридизация пчел. В Германии массивный импорт *A. m. carnica* в 1840-х годах привел почти к полной замене местных пчел *A. m. mellifera* (Maul, Hahnle, 1994). В скандинавских странах и на Британских островах на большей части территории также вместо аборигенных пчел *A. m. mellifera* разводят *A. m. ligustica* и *A. m. carnica* (Cooper 1986; Dews, Milner 1991; Jensen et al., 2005). Такая же ситуация сложилась и в России.

Одним из основных условий сохранения генофонда являются методы его четкой идентификации (Daly et al., 1991). Первоначально для этого использовался только анализ морфометрических признаков. Его основу заложил Г.А. Кожевников (1900), который сделал промеры длины хоботка пчел и предложил методику измерения их хитиновых частей. Современная морфометрическая классификация *A. mellifera* основывается на работах

G.Goetze (1940), В.В.Алпатова (1948) и F.Ruttner et al. (1978). F.Ruttner (1988, 1992) с использованием мультивариантного анализа морфометрических признаков разработал метод отличия *A.m.mellifera* от других европейских подвидов, однако не смог найти четких морфометрических различий между *A.m.iberica* и *A.m.mellifera*. Н.И.Кривцов (1998) в своей работе представил стандарты размеров частей тела для подвида *A.m.mellifera*, используя которые можно довольно точно определить подвидовую принадлежность. Также стандарты морфометрии были получены в нашей лаборатории для подвида *A.m.mellifera* башкирской популяции (Саттаров, Николенко, 2002). Однако стало известно, что морфометрические методы часто не позволяют точно идентифицировать подвиды из-за сильной зависимости морфометрических характеристик пчел от условий окружающей среды и уровня внутривидовой гибридизации (Guzman-Novoa et al., 1994).

Впоследствии большинство исследователей пчел стало переходить на использование молекулярных маркеров, дающих более точные, однозначно интерпретируемые результаты по сравнению с морфометрическими методами. В нашем институте разработана методика быстрой PCR-идентификации подвида *A.m.mellifera* в Республике Башкортостан на основе полиморфизма межгенного локуса COI-COII мтДНК. Для определения подвидовой принадлежности популяции пчел был использован метод на основе определения полиморфизма межгенного локуса COI-COII митохондриальной ДНК, комбинация RQQ которого характеризует происхождение пчел от *A.m.mellifera* по материнской линии. Всего было проанализировано 69 семей пчел с 11 пасек Удмуртии, 144 семей с 11 пасек Пермского края и 406 семей 9 пасек Республики Башкортостан.

Результаты показали, что на части пасек Удмуртии преобладали семьи, имеющие происхождение от *A.m.mellifera*. Частота пчел происходящих от *A.m.mellifera* была очень высокой на некоторых пасеках Камбарского, Глазовского, Можгинского, районов Удмуртии. В Мало-Пургинском, Шарканском и Завьяловском районах Удмуртии частота пчел происходящих от *A.m.mellifera* оказалась довольно низкой, что свидетельствует о завозе пчел южных подвидов. Найденные нами пасеки с высоким содержанием пчел происходящих от *A.m.mellifera* на территории Татышлинского района республики Башкортостан, возможно, являются сохранившейся частью янаульской популяции *A.m.mellifera*. Практически на всей территории Пермского края было обнаружено множество пасек с большинством семей, происходящих от *A.m.mellifera*. Эти пасеки расположены на территории Красновишерского, Нытвенского, Ординского, Частинского, Пермского, Осинского районов Пермского края. На территории Уинского района Пермского края часть семей пчел имела гибридное происхождение. Возможно, что произошла некоторая степень гибридизации благодаря потоку генов извне в эти пасеки. Пчелы,

обитающие на всей остальной территории, между изученными нами локальными популяциями, по ранним нашим исследованиям (Николенко, Поскряков, 2002), были интенсивно гибридизованы с завозными южными подвидами.

Таким образом, обнаруженные нами пасеки с высокой частотой встречаемости семей пчел, имеющих происхождение от *A.m.mellifera*, позволяют говорить о сохранении на Урале локальных популяций темной лесной или среднерусской пчелы. Генетическая структура популяций пчел на Урале и Поволжье очень сложная, прерывистая и фрагментированная. Нет большого непрерывного массива генофонда пчел, происходящих от темной лесной пчелы, а островная модель популяции, описанная в 1969 году С. Райтом, оказалась для них очень подходящей. Между локальными популяциями происходит непрерывный поток генов как под воздействием антропогенных, так и естественных внутривидовых факторов. Благодаря некоторой степени изоляции, между ними происходит процесс дивергенции, что приводит к накоплению в популяции пчел, происходящих от *A.m.mellifera* генетического разнообразия и тем самым повышает их устойчивость к факторам окружающей среды. Для сохранения популяций пчел, происходящих от *A.m.mellifera*, на Урале и Поволжье необходимо сохранить генофонд каждой из обнаруженных нами локальных популяций в чистоте и определенной изоляции от потока генов из популяций пчел гибридного происхождения.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ 08-04-97039-р_поволжье_a.