

УДК 575.174:595.799(470.57)

Шареева З.В.¹, Ильясов Р.А.², Кутлин Н.Г.¹, Поскряков А.В.², Николенко А.Г.²

¹Бирская государственная социально-педагогическая академия, г.Бирск

²Институт биохимии и генетики Уфимского НЦ РАН, г.Уфа

ИЗУЧЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ СТРУКТУРЫ СЕВЕРНОЙ ЧАСТИ АРЕАЛА БАШКИРСКОЙ ПОПУЛЯЦИИ *APIS MELLIFERA MELLIFERA* L.

Нами был изучен уровень генетического разнообразия северной части ареала башкирской популяции *A.m.mellifera* на основе F-коэффициентов и гетерозиготности, рассчитанных по данным частот аллелей и генотипов микросателлитных локусов ar243, 4a110 и A8 ядерной ДНК.

Ключевые слова: медоносная пчела, популяционно-генетическая структура, F-коэффициент, гетерозиготность.

Ареал распространения медоносной пчелы подвида *Apis mellifera mellifera* охватывал обширную территорию от Британских островов до Урала, вдоль северной границы распространения вида. В результате гибридизации *A.m.mellifera* с другими расами пчел в XX веке ее ареал значительно сократился, и, очевидно, что для его сохранения желательнее иметь несколько генетических резерватов, а также располагать информацией о популяционно-генетической структуре подвида *A.m.mellifera* и границах ареалов составляющих его локальных популяций. Одним из основных условий сохранения и восстановления генофонда этого ценного подвида является его четкая идентификация, которая тем точнее, чем совершеннее инструмент (метод) ее проведения.

На территории республики Башкортостан за последнее десятилетие на основе молекулярно-генетических методов было доказано существование двух локальных популяций *A.m.mellifera* – бурзянской и татышлинской [1, 2]. Нами был продолжен поиск сохранившихся резерватов на севере республики (Бирский, Мишкинский и Караидельский районы) и, с

использованием анализа мтДНК и морфометрических данных, было показано существование популяции *A.m.mellifera* на севере ареала [3]. Для изучения ее структуры был проведен анализ ядерной ДНК на основе полиморфизма микросателлитных локусов ar243, 4a110 и A8, по данным частот аллелей и генотипов которых были рассчитаны F-коэффициенты и гетерозиготность популяции.

F_{ST} является мерой генетической дифференциации и одновременно показателем структурного инбридинга в подразделенной популяции. Гетерозиготность (H), как мера генетического разнообразия популяций, отражает запас их экологической пластичности за счет постоянного выщепления и комбинации различных генотипов, относительная приспособленность которых способна меняться в разных условиях существования особей. На популяционном уровне гетерозиготность обеспечивает возможность популяции восстанавливать свою генетическую структуру после выведения ее из равновесия за счет действия тех или иных сил – так называемый генетический гомеостаз [4].

Анализ средних значений F-коэффициентов и гетерозиготности по микросателлитным локусам ar243, 4a110 и A8 ядерной ДНК (табл.) показал, что популяция северного ареала башкирской пчелы характеризуется низким уровнем генетической дифференциации ($F_{ST}=0,015$) между субпопуляциями, что свидетельствует о возможном единстве их происхождения. Близкие к 0,000 значения коэффициентов инбридинга ($F_{IS}=0,122$ и $F_{IT}=0,135$) и близкие значения наблюдаемой (0,435) и ожидаемых (0,485 и 0,493) показателей гетерозиготности отражают баланс между инбридингом и аутбридингом, как в отдельных субпопуляциях, так и во всей популяции, в целом, а также свидетельствуют о том, что

Таблица 1. F-коэффициенты и гетерозиготность северной части ареала башкирской популяции *A.m.mellifera*

F_{ST}	F_{IS}	F_{IT}	H_o	H_s	H_T
0,015	0,122	0,135	0,435	0,485	0,493

Примечание: F_{ST} – средний уровень генетической дифференциации между субпопуляциями; F_{IS} – средний уровень инбридинга и отклонение от пропорций Харди-Вайнберга внутри субпопуляций; F_{IT} – средний уровень инбридинга и отклонение от пропорций Харди-Вайнберга во всей популяции; H_T – средняя ожидаемая гетерозиготность во всей популяции между локусами; H_o – средняя наблюдаемая гетерозиготность внутри субпопуляций между локусами; H_s – средняя ожидаемая гетерозиготность внутри субпопуляций между локусами.

распределение генотипов по всем локусам приближается к равновесному по Харди-Вайнбергу.

Таким образом, популяция северного ареала башкирской пчелы *A.m.mellifera* характеризуется устойчивым соотношением внутри- и межгрупповой компонент генного разнообразия, что отражает баланс процессов интеграции и дифференциации видового генофонда. Данное равновесное соотношение может сохраняться только при стабильных значениях популя-

ционных характеристик (F-коэффициенты и гетерозиготность) на исторически сложившемся оптимальном уровне [4]. Поэтому, в качестве усовершенствования стратегии сохранения генофонда ценного подвида *A.m.mellifera* нами предлагается проведение временного генетического мониторинга популяций *A.m.mellifera* с увеличением ареала исследований и создания банка данных по их популяционно-генетической структуре по годам исследований.

Список использованной литературы:

1. Сатаров В.Н., Имангулов И.В., Поскряков А.В., Николенко А.Г. Бурзянская пчела существует // Экологический императив сельского хозяйства Республики Башкортостан. Уфа, 1988. С.66-67.
2. Ильясов Р.А., Петухов А.В., Поскряков А.В., Николенко А.Г. На Урале сохранились четыре резервата пчелы среднерусской расы *Apis mellifera mellifera* L // Пчеловодство. 2006. №2. С.19.
3. Ильясов Р.А., Шареева Э.В., Кутлин Н.Г., Поскряков А.В., Николенко А.Г. Изучение границ ареала медоносной пчелы *Apis mellifera mellifera* на Южном Урале // Аграрная Россия. 2009. Специальный выпуск. С.37.
4. Алтухов Ю.П. Генетические процессы в популяциях. М.: Академкнига, 2003. 431с.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ 08-04-97039-р-поволжье-а.