

Анализ генетической дифференциации популяций *Apis mellifera* в Удмуртии»

Исторически в Удмуртской Республике обитали представители подвида *Apis mellifera mellifera* L. Эволюция этого подвида проходила в суровых климатических условиях вблизи северной границы ареала медоносных пчел, благодаря чему местные пчелы хорошо приспособились к длинному безлетному периоду, резким перепадам температуры, короткому и обильному летнему медосбору. В настоящее время ареал обитания пчел среднерусской породы *A. t. mellifera* сильно сократился из-за массового завоза пчел южных подвидов и неконтролируемой гибридизации.

Целью данной работы было изучение генетического потенциала пчел Удмуртской Республики, анализ дифференциации популяций и перспективы поиска сохранившихся аборигенных пчел Удмуртии.

Значение коэффициента дифференциации *Fst* (табл. 1) между пятью локальными популяциями *A. t. mellifera* при анализе микро-

1. Коэффициент *Fst* между локальными популяциями по микросателлитным локусам 4a110 и ap243

Популяция	n	Корьякин-ская	Шаркан-ская	Люк-ская	Постоль-ская	Макаров-ская
Корьякинская	15	0,000	0,015	-0,013	0,082	-0,037
Шарканская	19	0,015	0,000	0,029	0,005	0,022
Люкская	19	-0,013	0,029	0,000	0,080	-0,072
Постольская	15	0,082	0,005	0,080	0,000	0,081
Макаровская	5	-0,037	0,022	-0,072	0,081	0,000

сателлитных локусов 4a110 и ap243 ядерной ДНК изменялось в пределах от 0,005 до 0,082. Между большинством локальных популяций значение *Fst* близко к нулю и свидетельствует об отсутствии серьезной генетической дифференциации. Отдельное внимание следует обратить на постольскую локальную популяцию, коэффициент *Fst* между ней и большинством других популяций (за исключением шарканской, *Fst*=0,005) колеблется между 0,080 и 0,082, что намного больше, чем между остальными локальными популяциями.

При графическом отображении генетической дифференциации популяций на основе полученных генетических расстояний (*D*) Nei микросателлитных локусов 4a110 и ap243 ядерной ДНК легко заметить (рис. 1), что постольская и шарканская локальные популяции генетически наиболее удалены от остальных и

друг от друга. Также следует отметить, что из оставшихся наиболее удалена макаровская, тогда как между остальными не обнаружено

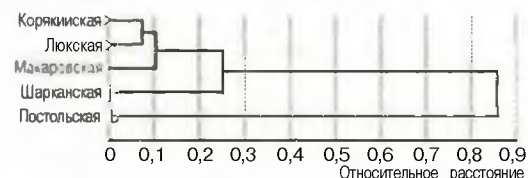


Рис. 1. Дендрограмма по микросателлитным локусам 4a110 и ap243

статистически значимой генетической дифференциации.

Значение коэффициента дифференциации *Fst* между популяциями при анализе микросателлитных локусов 4a110 и ap243 ядерной ДНК и локуса COI-COII митохондриальной ДНК изменялось в пределах от 0,011 до 0,515 (табл. 2). Между большинством локальных по-

2. Коэффициент *Fst* между популяциями по микросателлитным локусам 4a110 и ap243 и локусу COI-COII мтДНК

Популяция	Корьякин-ская	Шаркан-ская	Люк-ская	Постоль-ская	Макаров-ская
Корьякинская	0,000	0,042	-0,011	0,463	-0,041
Шарканская	0,042	0,000	0,084	0,258	0,047
Люкская	-0,011	0,084	0,000	0,515	-0,072
Постольская	0,463	0,258	0,515	0,000	0,530
Макаровская	-0,041	0,047	-0,072	0,530	0,000

пуляций значение *Fst* невелико, но все равно значительно больше, чем при анализе только микросателлитных локусов 4a110 и ap243 ядерной ДНК, и свидетельствует о большей генетической дифференциации популяций. Наиболее высокими значениями коэффициента и в этом случае отличается постольская, между ней и большинством других популяций (за исключением шарканской, *Fst*^0.258) *Fst* колеблется между 0,463 и 0,530, что свидетельствует о значительном отличии этой популяции пчел от остальных.

При графическом отображении генетической дифференциации локальных популяций по генетическим расстояниям (*D*) Nei, полученных на основе полиморфизма микросателлитных локусов 4a110 и ap243 ядерной ДНК и локуса COI-COII митохондриальной ДНК, очевидно (рис. 2), что постольская наиболее далеко от-

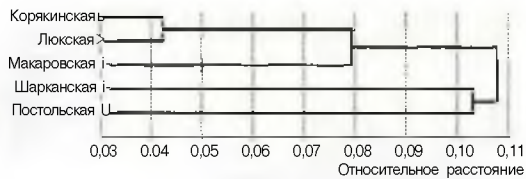


Рис. 2. Дендрограмма генетических отношений локальных популяций на основе полиморфизма микросателлитных локусов 4a110 и ap243 и локуса COI-COII мтДНК

стоит от всех остальных, различие значимо и статистически достоверно. Из остальных популяций следует отметить обособленность шарканской и в гораздо меньшей степени макаровской. Между корякинской и люкской локальными популяциями различия незначительны.

При рассмотрении средней наблюдаемой гетерозиготности внутри субпопуляций по данным анализа микросателлитного локуса 4a110 ядерной ДНК в сравнении со средней ожидаемой гетерозиготностью всей популяции наблюдается дефицит гетерозигот (табл. 3). Од-

3. Уровень гетерозиготности по Nei на основе анализа полиморфизма микросателлитных локусов ap243 и 4a110

Локус	H _o	H _s	H _t	D _{st}	G _{st}
Ap243	0,589	0,566	0,562	-0,005	-0,008
4a110	0,486	0,509	0,532	0,023	0,043
Повсем	0,537	0,538	0,547	0,009	0,017

нако по данным анализа микросателлитного локуса ap243 и 4a110 ядерной ДНК, напротив, выявляется их небольшой избыток. Среднее внутрипопуляционное генетическое разнообразие H_s почти во всех случаях соответствует ожидаемому, за исключением данных по микросателлитному локусу 4a110 ядерной ДНК, согласно которым среднее внутрипопуляционное генетическое разнообразие меньше ожидаемого. Среднее межпопуляционное генетическое разнообразие D_{st} и величина генетической межпопуляционной дифференциации G_{st} по данным анализа микросателлитного локуса ap243 ядерной ДНК малы, что показывает низкий уровень внутрипопуляционного и межпопуляционного генетического разнообразия. Однако анализ микросателлитного локуса 4a110 ядерной ДНК изученных популяций показал более высокий уровень внутри- и межпопуляционного разнообразия.

По данным анализа полиморфизма микросателлитных локусов 4a110 и ap243 ядерной ДНК значения коэффициента инбридинга суб-

популяций и коэффициента инбридинга для всей популяции показывают недостаток гетерозигот, а также наличие инбридинга внутри субпопуляций и локальных популяций. При этом анализ коэффициента генетической дифференциации позволяет предполагать о значительном влиянии межпопуляционной изменчивости. Показатель F_{it}=0,072, F_{st}=0,026 и F_{is}=0,048.

При совместном анализе микросателлитных локусов 4a110 и ap243 ядерной ДНК и межгенного локуса COI-COII митохондриальной ДНК значение вероятности P достоверно примерно в половине случаев (табл. 4). При этом следует отметить, что постольская локальная популя-

4. Значение вероятности P при уровне значимости 5% по микросателлитным локусам ap243 и 4a110 и локусу COI-COII мтДНК

Популяция	Шарканская	Люкская	Постольская	Макаровская
Корякинская	0,051	0,520	0,001*	0,741
Шарканская		0,001*	0,001*	0,112
Люкская			0,001*	0,980
Постольская				0,001*

*Различия статистически достоверны.

ция статистически достоверно отличается от всех остальных, а шарканская локальная популяция статистически достоверно отличается от постольской и люкской локальных популяций. В остальных случаях выборка недостаточна и достоверность полученных данных отсутствует.

В результате исследований выяснилось, что некоторые из популяций достаточно сильно отличаются друг от друга и в целом локальные популяции пчел Удмуртии генетически неоднородны, это предполагает дальнейшую работу по изучению генетического популяционного состава и выявлению наиболее интересных в сельскохозяйственном значении популяций, а также дает надежду на выявление аборигенной породы пчел Удмуртии.

**С.Н.НЕПЕЙВОДА, Л.М.КОЛБИНА,
С.Л.ВОРОБЬЕВА, Н.А.САННИКОВА,
И.В.МАСЛЕННИКОВ,
Р.А.ИЛЬЯСОВ*, А.Г.НИКОЛЕНКО***

ГНУ «Удмуртский НИИСХ»
Институт биохимии и генетики
Уфимского научного центра РАН
e-mail: iidakolbina@yandex.ru

В данной работе приведены результаты исследований генетического потенциала пчел в Удмуртской Республике. В ходе сравнительного популяционно-генетического анализа пчелиных семей определено, что популяции пчел Удмуртии генетически неоднородны.

Ключевые слова: медоносные пчелы, популяция, генетический анализ, порода.