



БИОМИКА/BIOMICS

<http://biomics.ru>



ГЕНЕТИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА УРАЛЬСКОЙ ПОПУЛЯЦИОННОЙ СИСТЕМЫ ТЕМНОЙ ЛЕСНОЙ ПЧЕЛЫ *APIS MELLIFERA MELLIFERA* L.

Гатауллин А.Р., Каримова А.А., Николенко А.Г.

Институт биохимии и генетики Уфимского научного центра РАН, г Уфа, Россия,
E-Mail: angelooss@mail.ru

АННОТАЦИЯ

На основании исследования более 300 образцов ДНК пчелиных семей, собранных на территории Пермского края, на севере Республики Татарстан и севере Республики Башкортостан был изучен полиморфизм межгенного локуса COI-COII мтДНК, проведен анализ нуклеотидных последовательностей генов COI и ND2 мтДНК медоносной пчелы, анализ полиморфизма 9 микросателлитных локусов ядерной ДНК. Результатом молекулярно-генетического анализа стал вывод, что на Урале сохранилась достаточно устойчивая популяционная система темной лесной пчелы, возможно, последняя в мире.

Ключевые слова: темная лесная пчела, полиморфизм, матка, жизнеспособность, гибриды, локальные популяции.

Бурное развитие пчеловодства, которое пришлось на XX век, принесло свои плоды в виде рекордных “урожаев” продукции пчеловодства. Применение новых передовых технологий помогли повысить показатели в разы. В поиске по повышению доходности пасек, стали применять методы скрещивания межпородных пчел, что позволило без больших материальных затрат значительно повысить продуктивность пчелиных семей. На опытных станциях пчеловодства под наблюдением специалистов проводилась опытная работа по скрещиванию пчел. Соблюдались правила и нормы по использованию гибридов в пчеловодстве. С развалом СССР практически прекратился контроль по перемещению пород пчел на территории России. Массовое бесконтрольное перемещение пчел и такое же массовое бесконтрольное скрещивание уже создало в ряде регионов России пестрый массив пчелиных семей, характеризующийся низкой яйценоскостью маток, плохой зимостойкостью, низкой продуктивностью и большим количеством пчелиных семей, пораженных аскосферозом, варроатозом, парагнильцом, черным параличом. На сегодняшний день стал актуальным вопрос по сохранению естественного генофонда пчелиной семьи. Массовая гибель пчел в Северной Америке, Западной Европе и России еще раз подчеркивает актуальность сохранения генофонда основных пород медоносной пчелы. Ни

селекционные достижения, ни новые средства против болезней и вредителей пчел, ни медоносные конвейеры не будут иметь длительной перспективы без базиса - стабильных массивов чистопородных пчел, позволяющих сохранять уникальные, созданные природой генофонды подвидов медоносной пчелы.

Для ученых, специализирующихся на изучении пчел, существует принципиальная задача по выявлению генетических характеристик. А именно незнание характеристик на генетическом уровне, оптимальных для сохранения локальных популяций, стало основной трудностью, поскольку структуры генофондов большинства подвидов очень плохо сохранились.

Последние достижения в области молекулярной генетики позволяют решать задачи, направленные на сохранение генофонда этого подвида. Состояние генофонда темной лесной пчелы вызывало большие опасения, начиная с середины XIX, когда благодаря появлению рамочного пчеловодства, методов искусственного получения пчелиных маток и широкому развитию железнодорожного сообщения пчела карника (*Apis mellifera carnica* Poll.) полностью вытеснила аборигенную для Германии *A. m. mellifera*. Поиск маркеров, базирующихся на полиморфизме митохондриальной и ядерной ДНК, для идентификации подвида темной лесной пчелы был завершен к началу XXI века. Первые популяционно-

генетические исследования оказались неутешительными. Западноевропейскими исследователями было установлено, что французские популяции *Apis mellifera mellifera*, для которых предполагалась сохранность естественного генофонда, гибридизированы южными подвидами линии С [Ruttner, 1988]. Популяция на границе с Италией была гибридизирована итальянской *Apis mellifera ligustica*, а около немецкой границы - карпатской *Apis mellifera carnica* Poll. [Garnery et al., 1998]. На Пиренейском полуострове для линии М (близкородственные подвиды *Apis mellifera mellifera* и *Apis mellifera iberica* Goetze) был установлен клин интрогрессии с севера на юг африканскими подвидами линии А [Franck et al., 1998]. Не сохранилась популяция *Apis mellifera mellifera* и на севере Италии. Первые положительные результаты были получены датчанкой А.В. Jensen с соавторами (2005). В исчерпывающей экспериментальной работе были приведены данные о существовании локальных популяций *Apis mellifera mellifera*, сохранившихся на Британских островах и в Скандинавии, однако объем проанализированных выборок был невелик.

Для пчеловодства России наиболее значимым является подвид темная лесная пчела *Apis mellifera mellifera* L. (среднерусская порода в России).

Учеными нашей лаборатории института биохимии и генетики Уфимского научного центра Российской академии наук показали перспективность геногеографического анализа для решения подобной задачи, на примере бурзянской популяции темной лесной пчелы (*Apis mellifera mellifera* L.) определили генетическую структуру, выделили основные генетические процессы и другие факторы, необходимые для ее сохранения. Выявление генетических характеристик подобной системы остро необходимо как теоретический фундамент для консервационной генетики темной лесной пчелы в России и не только. Результаты наших исследований,

опубликованные ранее и доложенные на Конгрессе Апимондии [Nikolenko, 2013], вызвали большой интерес у зарубежных коллег, решающих аналогичные задачи по сохранению популяций *Apis mellifera mellifera* L. и других подвидов медоносной пчелы: Page, 2013 (США); De la Rúa, 2013 (Испания); Costa, 2013 (Италия); Pinto, 2013 (Португалия); Amelin, 2013 (Франция); Vouga, 2013 (Греция); Kruger, 2013 (Дания).

Сотрудниками лаборатории собраны более 300 образцов ДНК пчелиных семей на территории Пермского края, на севере Республики Татарстан и севере Республики Башкортостан. Был изучен полиморфизм межгенного локуса COI-COII мтДНК, проведен анализ нуклеотидных последовательностей генов COI и ND2 мтДНК медоносной пчелы, анализ полиморфизма 9 микросателлитных локусов ядерной ДНК. Сравнительный молекулярно-генетический анализ позволил предположить, что на Урале в той или иной степени интактности сохранилась популяционная система темной лесной пчелы, возможно, последняя в мире.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Franck P., Garnery L., Solignac M., Cornuet J. M. The origin of west European subspecies of honeybees (*Apis mellifera*): New insights from microsatellite and mitochondrial data // *Evolution*, V. 52, 1998. P. 1119-1134.
2. Garnery L., Franck P., Baudry E. et al. Genetic biodiversity of the West European honeybee (*Apis mellifera mellifera* and *Apis mellifera iberica*). II. Microsatellite loci // *Genetics, Selection and Evolution*, V. 30, 1998. P. 49-74.
3. Jensen A. B., Palmer K. A., Boomsma J. J., Pedersen B. V. Varying degrees of *Apis mellifera ligustica* introgression in protected populations of the black honeybee, *Apis mellifera mellifera*, in northwest Europe // *Molecular Ecology*, V. 14, 2005. P. 93-106.
4. Ruttner F. Biogeography and taxonomy of honey bees. Berlin, Heidelberg: Springer-Verlag, 1988. 288 p.

GENETIC STRUCTURE OF URAL POPULATION OF DARK FOREST BEE *APIS MELLIFERA MELLIFERA* L.

Gataullin A.R., Karimova A.A., Ilyasov R.A., A.V., Nikolenko A.G.

Institute of biochemistry and genetics of Ufa scientific center of Russia academy of sciences
E-Mail: angelooss@mail.ru

ABSTRACT

Based on studies of more than 300 DNA samples of bee colonies collected in the Perm region in the north of the Republic of Tatarstan and the north of the Republic of Bashkortostan has been studied polymorphism of the intergenic locus COI-COII mtDNA analysis COI and ND2 of the nucleotide sequences of the genes of mtDNA honeybee, polymorphism analysis of 9 microsatellite nuclear DNA loci. The result of the molecular genetic analysis was the conclusion that the Urals has remained fairly stable population system dark forest bees, perhaps, the last in the world.

Keywords: dark forest bee, polymorphism, queen, viability, hybrids, local populations