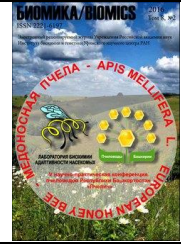




БИОМИКА/BIOMICS

<http://biomics.ru>



ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ПОКАЗАТЕЛИ БУРЗЯНСКОЙ ПОПУЛЯЦИИ *APIS MELLIFERA MELLIFERA L.*

Каскинова М.Д.^{1*}, Ильясов Р.А.¹, Поскряков А.В.¹, Косарев М.Н.^{2**}, Шарипов А.Я.², Николенко А.Г.¹

¹Институт биохимии и генетики Уфимского научного центра Российской академии наук
г. Уфа, 450054

*E-Mail: kaskinovamilyausha@mail.ru

²Государственный природный биосферный заповедник «Шульган-Таш» д. Иргизлы, 453585

**E-Mail: mnkos@mail.ru

АННОТАЦИЯ

Для сохранения бурзянской популяции *A. m. mellifera* необходимо систематически оценивать ее генетические показатели с целью предупреждения ее гибридной с другими подвидами. В данной работе приведены генетические показатели бурзянской популяции *Apis m. mellifera L.*, полученные путем анализа полиморфизма локуса *COI-COII* мтДНК и микросателлитных локусов яДНК. В результате мы выяснили, что показатели генетического разнообразия исследуемой выборки пчелиных семей сопоставимы с соответствующими средними показателями, полученными в предыдущих исследованиях для бурзянской популяции. Также были обнаружены две пчелиные семьи гибридного происхождения по ядерному и митохондриальному геномам в с. Старосубхангулово на территории Бурзянского района.

Ключевые слова: *Apis mellifera L.*, бурзянская популяция темной лесной пчелы, мониторинг, полиморфизм, микросателлитные локусы.

ВВЕДЕНИЕ

Проблема сохранения генофонда темной лесной пчелы *Apis mellifera mellifera L.* является актуальной в России и странах Европы. Бурзянская популяция медоносной пчелы - одна из уникальных аборигенных популяций темной лесной пчелы подвида *A. m. mellifera*, находящаяся под охраной заповедника «Шульган-Таш» и занесенная в список охраняемых видов Красной Книги Республики Башкортостан [Ильясов и др., 2015а; Ильясов и др., 2016]. С 1958 года заповедник «Шульган-Таш» занимается охраной и изучением бурзянской бортовой пчелы. С 1986 года в сохранении бурзянской бортовой пчелы *A. m. mellifera* заповеднику стал способствовать национальный парк «Башкирия», с 1997 года - заказник «Алтын Солок» [Юмагузин, 2009]. Несмотря на более низкий законодательный статус заказника, по сравнению с заповедником, он успешно справляется со своей задачей. Это достигается благодаря сравнительной простоте создания и маневренности управления этой категорией ООПТ, что делает заказники важнейшим дополнением к заповедникам [Флинт и др., 2002]. Расширение

охраняемой территории позволит повысить эффективность сохранения популяции местных пчел, поскольку жизнь пчел неразрывно связана с сохранением биоразнообразия медоносных ресурсов [Юмагузин, 2009].

Для принятия обоснованных решений по сохранению и управлению природной популяцией, в том числе и решения вопроса о расширении территории заповедника, необходимо обладать актуальной информацией о состоянии этой популяции. Каждая популяция, и особенно та, что находится под охраной, нуждается в систематическом и эффективном мониторинге численности, половозрастной структуры и состояния генофонда.

Известно, что генетическая структура популяций с течением времени претерпевает определенные преобразования, причины которых могут иметь как естественный, так и антропогенный характер. Мониторинг позволит выявить изменения генофонда, обнаружить проблемы и предложить способы их устранения. Анализ генетического разнообразия является одним из методов мониторинга природных популяций. Значения

генетического разнообразия достаточно специфичны для разных популяций. Анализ отклонений генетического разнообразия от равновесных значений позволяет предположить поток генов из других популяций [Алтухов, 2004а]. Показатели генетического разнообразия, такие как ожидаемая и наблюдаемая гетерозиготность и коэффициенты инбридинга Райта, требуют особого внимания, так как они характеризуют стабильность генетических процессов в популяции, а их изменения служат сигналами активных генетических преобразований.

Гетерозиготность является основным показателем генетического разнообразия. Наиболее удобным инструментом для оценки гетерозиготности является анализ полиморфизма микросателлитных локусов. Данный подход нашел успешное применение в анализе структуры генофонда популяции медоносной пчелы [Ильясов и др., 2015b].

Первые исследования генетического разнообразия бурзянской популяции темной лесной пчелы начались в 1990-х годах в связи с массовой интродукцией южных подвидов пчел *A.m.caucasica* и *A.m.carpatica* в Республику Башкортостан [Николенко и др., 2002]. Последующие исследования генетического разнообразия бурзянской популяции

темной лесной пчелы проводились с привлечением разного количества микросателлитных локусов [Николенко и др., 2002; Ильясов и др., 2006, 2007; Иуасов et al., 2015].

Целью данного исследования является анализ генетических показателей семей пчел бурзянской популяции.

МАТЕРИАЛ И МЕТОДЫ

Сбор проб был проведен в течение лета 2015 года. На рисунке 1 показаны точки сбора пчел. Пчелы были отобраны из 13 семей Бурзянского района Республики Башкортостан: восемь семей из заказника «Алтын Солок», две семьи из с. Старосубхангулово, две семьи из д. Иргизлы и одна семья из д. Киекбаево, - населенных пунктов, находящихся за пределами охраняемой территории заповедника «Шульган-Таш».

Из каждой пчелиной семьи было отобрано по 4 рабочие особи. Рабочие пчелы фиксировались в 96%-ном этаноле и хранились до выделения ДНК при -10⁰С. ДНК выделяли из мышц торакса рабочих пчел с использованием набора ДНК-ЭКСТРАН-2 (Синтол, Москва). Всего было проанализированы 52 рабочие особи (таблица 1).

Таблица 1.

Объем выборки пчелиных семей на территории Бурзянского района Республики Башкортостан (РБ)

№ точки сбора	Пасека	№ семьи	Число рабочих особей
1	РБ, Бурзянский р-н, д. Старо-Акбулатово	1	4
		2	4
		3	4
2	РБ, Бурзянский р-н, д. Гадельгареево	4	4
		5	4
3	РБ, Бурзянский р-н, с. Старосубхангулово	6	4
		7	4
4	РБ, Бурзянский р-н, д. Ново-Акбулатово	8	4
		9	4
		10	4
5	РБ, Бурзянский р-н, д. Киекбаево	11	4
6	РБ, Бурзянский р-н, д. Иргизлы	12	4
		13	4
	Всего	13	52

Был проведен анализ полиморфизма локуса *COI-COI* мтДНК [Garnery et al., 1993] и девяти микросателлитных локусов ar243, 4a110, A24, A8, A43, A113, A88, Ap049, A28 яДНК (SSR-анализ) [Estoup et al., 1995; Habert et al., 1999; Solignac et al. 2003].

ПЦР-анализ проводили в термоциклере BIO-RAD T100 в объеме 15 мкл при температуре отжига для микросателлитных локусов 550С и для локуса *COI-COI* мтДНК -480С. Разделение амплификатов производили в 8%-ном полиакриламидном геле с использованием 1%-ного раствора ТВЕ-буфера при

окрашивании раствором бромистого этидия. Гели визуализировали в ультрафиолетовом трансиллюминаторе Vilber Lourmat.

Процентные значения уровня интрогрессии генов подвидов пчел эволюционной ветви С (*A.m.caucasica*) в семьях пчел эволюционной ветви М (*A.m.mellifera*), необходимые для построения гистограммы, были рассчитаны на основе полиморфизма 9 микросателлитных локусов с использованием программы STRUCTURE 2.3.4 [Pritchard et al., 2000].

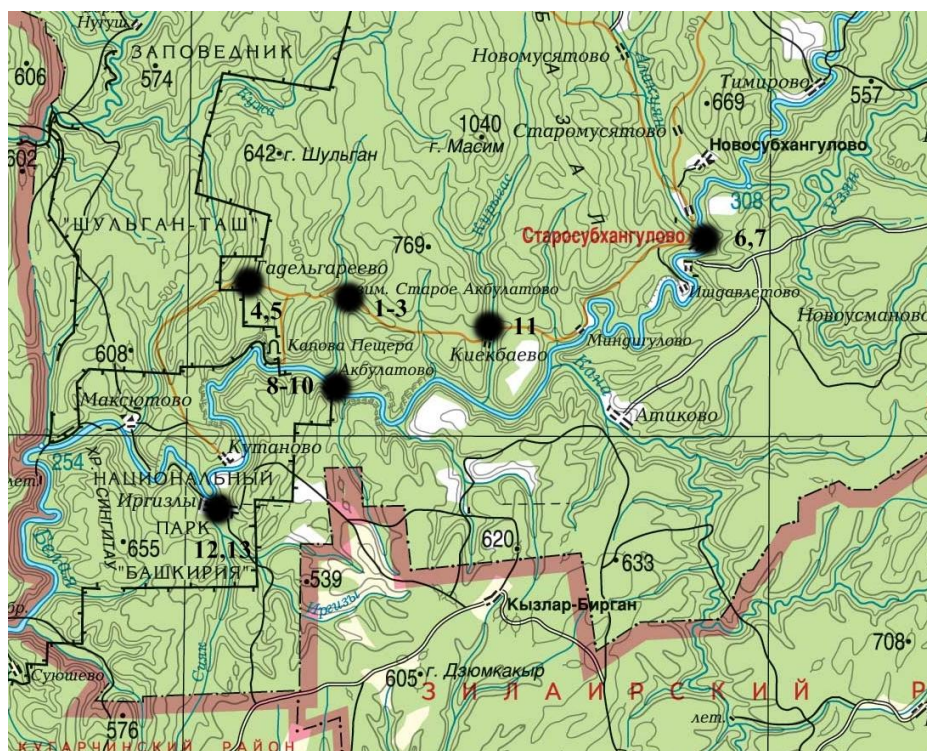


Рисунок 1. Точки сбора проб. Цифрами обозначены номера семей.

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

Был проведен анализ полиморфизма локуса *COI-COII* мтДНК и девяти микросателлитных локусов Ar243, 4a110, A24, A8, A43, A113, A88, Ar049, A28 яДНК (SSR-анализ), результаты

которого приведены в таблице 2. Анализ полиморфизма локуса *COI-COII* мтДНК показал наличие двух гибридных семей (№№ 6 и 7), находящихся рядом с с. Старосубхангулово.

Таблица 2.

Частоты аллелей анализируемых локусов в пчелиных семьях на территории Бурзянского района РБ

Локусы	Семьи	д. Старо-Акбулатово			д. Гадельгареево		с. Старосубхангулово	
		1	2	3	4	5	6	7
<i>COI-COII</i>	Q	0	0	0	0	0	1	1
	PQQ	1	1	1	1	1	0	0
ar243	Аллель 1	1	1	1	0.75	0.5	0.5	0.5
	Аллель 2	0	0	0	0.25	0.5	0.5	0.5
4a110	Аллель 1	0.5	0	0	0.5	1	1	0.75
	Аллель 2	0.25	0	0.25	0	0	0	0
	Аллель 3	0.25	1	0.75	0.5	0	0	0.25
A24	Аллель 1	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.5	0.5
	Аллель 2	0.75	0.75	0.75	0.75	0.75	0.5	0.5
A8	Аллель 1	1	1	1	1	1	1	1
	Аллель 2	0	0	0	0	0	0	0

A43	Аллель 1	1	1	1	0.75	0.75	0.75	0.75
	Аллель 4	0	0	0	0.25	0.25	0.25	0.25
A113	Аллель 1	0	0	0	0	0	0	0
	Аллель 2	1	1	1	1	1	1	1
A88	Аллель 1	1	0.75	0.5	0.75	0.75	0.75	1
	Аллель 2	0	0	0.5	0	0	0	0
	Аллель 3	0	0	0	0	0	0.25	0
	Аллель 5	0	0.25	0	0.25	0.25	0	0
Ap049	Аллель 1	0.75	0.75	0.75	1	1	1	0.75
	Аллель 2	0.25	0.25	0.25	0	0	0	0.25
A28	Аллель 1	0.75	1	1	0.75	0.75	1	1
	Аллель 2	0.25	0	0	0.25	0.25	0	0

Таблица 2.

Частоты аллелей анализируемых локусов в пчелиных семьях на территории Бурзянского района РБ
(продолжение)

Локусы	д. Ново-Акбулатово			д. Киекбаево	д. Иргизлы		Средн.
	8	9	10		11	12	
Семьи							
COI-COII	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.15
	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	0.85
ap243	1.00	0.50	0.00	1.00	1.00	0.00	0.67
	0.00	0.50	1.00	0.00	0.00	1.00	0.33
4a110	0.50	0.75	0.75	0.50	0.75	0.75	0.60
	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.04
	0.50	0.25	0.25	0.50	0.25	0.25	0.37
A24	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	0.63
	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.37
A8	1.00	1.00	0.75	0.75	1.00	1.00	0.96
	0.00	0.00	0.25	0.25	0.00	0.00	0.04
A43	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	0.92
	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.08
A113	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
A88	1.00	0.75	0.50	0.50	1.00	1.00	0.79
	0.00	0.00	0.25	0.00	0.00	0.00	0.06
	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02
	0.00	0.25	0.25	0.50	0.00	0.00	0.13
Ap049	0.75	0.75	1.00	1.00	0.75	1.00	0.87
	0.25	0.25	0.00	0.00	0.25	0.00	0.13
A28	0.75	1.00	0.75	1.00	1.00	0.75	0.88
	0.25	0.00	0.25	0.00	0.00	0.25	0.12

Анализ девяти микросателлитных локусов также выявил интрогрессию подвидов *A.m.caucasica* и *A.m.carpatica* в этих семьях. Таким образом, пчелиные семьи № 6 и № 7 можно охарактеризовать

как имеющие гибридное происхождение, так как они содержат на ядерном и митохондриальном уровне более 94 % интрогрессии генов «южных» подвидов (рисунок 2).



Рисунок 2. Уровень интрогрессии генов «южных» подвидов в пчелиных семьях Бурзянского района РБ. Зеленым цветом обозначены доли генов *A.m.mellifera*, а красным цветом - доли «южных» генов *A.m.caucasica*. Номера семей 1-13 соответствуют номерам в таблице 1.

На основе данных о полиморфизме микросателлитных локусов были рассчитаны показатели генного разнообразия и коэффициенты Райта (таблица 3). Согласно результатам, исследуемая популяция пчел в целом не испытывает дефицита гетерозигот. Пчелиные семьи № 6 и № 7 характеризуются наибольшим уровнем наблюдаемой гетерозиготности. Среднее значение наблюдаемой гетерозиготности ($H_o = 0.200 \pm 0.124$) сопоставимо со средним значением, полученным для бурзянской популяции ($H_o = 0.276 \pm 0.039$) в предыдущих исследованиях, что свидетельствует об отсутствии внешнего генетического воздействия на популяцию [Ильясов и др., 2015b].

Средний показатель коэффициента инбридинга внутри семей F_{is} имеет отрицательное значение и составляет -0.145 ± 0.065 , тогда как среднее значение этого показателя для бурзянской популяции в предыдущих исследованиях составляло 0.003 ± 0.002 [Ильясов и др., 2015b]. Это свидетельствует о генетическом равновесии в исследуемой выборке. В семьях №№ 8 и 11 наблюдается высокий уровень аутбридинга, что можно объяснить влиянием неродственных трутней, участвовавших в оплодотворении маток из этих семей. В семьях №№ 6 и 7 высокий показатель аутбридинга является следствием их гибридного происхождения.

Таблица 3

Значения гетерозиготности и коэффициентов инбридинга для пчелиных семей на территории Бурзянского района РБ

№ семьи	$H_o \pm SE$	$H_s \pm SE$	$H_t \pm SE$	$F_{it} \pm SE$	$F_{st} \pm SE$	$F_{is} \pm SE$
1	0.22 ± 0.14	0.22 ± 0.14	0.21 ± 0.13	-0.11 ± 0.19	-0.15 ± 0.03	0.04 ± 0.20
2	0.16 ± 0.10	0.14 ± 0.08	0.13 ± 0.08	-0.33 ± 0.00	-0.11 ± 0.00	-0.20 ± 0.00
3	0.16 ± 0.10	0.21 ± 0.13	0.19 ± 0.12	0.11 ± 0.43	-0.18 ± 0.07	0.28 ± 0.43
4	0.28 ± 0.17	0.30 ± 0.19	0.28 ± 0.17	-0.04 ± 0.28	-0.16 ± 0.04	0.12 ± 0.29
5	0.22 ± 0.14	0.26 ± 0.16	0.24 ± 0.14	0.02 ± 0.34	-0.17 ± 0.06	0.18 ± 0.35
6	0.33 ± 0.20	0.20 ± 0.12	0.19 ± 0.12	-0.73 ± 0.20	-0.04 ± 0.03	-0.65 ± 0.25
7	0.39 ± 0.24	0.25 ± 0.15	0.24 ± 0.15	-0.66 ± 0.18	-0.06 ± 0.03	-0.56 ± 0.22
8	0.22 ± 0.14	0.15 ± 0.09	0.14 ± 0.09	-0.63 ± 0.29	-0.06 ± 0.05	-0.52 ± 0.33
9	0.17 ± 0.10	0.21 ± 0.13	0.19 ± 0.12	0.11 ± 0.43	-0.18 ± 0.07	0.28 ± 0.43
10	0.22 ± 0.14	0.22 ± 0.14	0.21 ± 0.13	-0.11 ± 0.19	-0.15 ± 0.03	0.04 ± 0.20
11	0.28 ± 0.17	0.16 ± 0.09	0.15 ± 0.09	-0.82 ± 0.00	-0.03 ± 0.00	-0.76 ± 0.00
12	0.11 ± 0.07	0.09 ± 0.06	0.08 ± 0.06	-0.33 ± 0.00	-0.11 ± 0.00	-0.20 ± 0.00
13	0.11 ± 0.07	0.09 ± 0.06	0.08 ± 0.06	-0.33 ± 0.00	-0.11 ± 0.00	-0.20 ± 0.00
Средн.	0.20 ± 0.12	0.17 ± 0.12	0.24 ± 0.15	0.21 ± 0.09	0.31 ± 0.08	-0.14 ± 0.06

Примечание: H_o - наблюдаемая гетерозиготность; H_s - ожидаемая гетерозиготность внутри субпопуляций; H_t - общая ожидаемая гетерозиготность; F_{it} - коэффициент инбридинга внутри субпопуляций; F_{st} - коэффициент инбридинга популяции относительно вида; F_{is} - коэффициент инбридинга особи относительно популяции. Номера семей 1-13 соответствуют номерам в таблице 1.

Коэффициент подразделенности субпопуляций F_{st} имеет среднее значение 0.31 ± 0.082 , в то время как средний показатель F_{st} для бурзянской популяции в предыдущих исследованиях равен 0.176 ± 0.016 [Ильясов и др., 2015b]. Высокое значение подразделенности является показателем значительного запаса генетического разнообразия, что очень положительно отражается на приспособленности популяции.

Известно, что подразделенные популяции способны поддерживать большее генетическое разнообразие по сравнению с панмиктическими популяциями сопоставимого размера, что позволяет им более эффективно реагировать на изменения

окружающей среды посредством изменения генотипической структуры [Алтухов, 2004b].

На основе генетических расстояний между исследуемыми семьями, рассчитанных по М. Nei [Nei., 1978] при помощи программы Population ver. 1.2.28, была построена дендрограмма методом кластеризации ближайшего соседа (рисунок 3). Дендрограмма образует два кластера, один из которых изолирует гибридные семьи, а другой объединяет семьи темной лесной пчелы *A. m. mellifera*. Различного рода генетические взаимодействия между ними обусловлены потоками генов и состоянием родства маток и трутней.

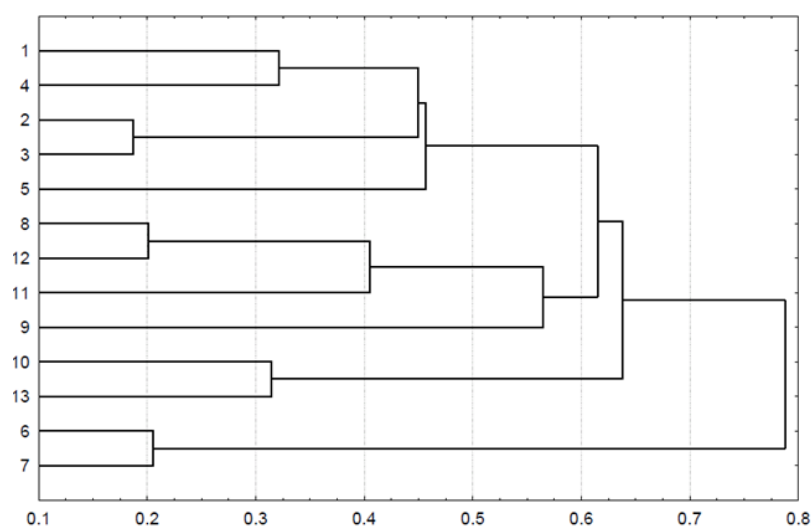


Рисунок 3. Дендрограмма родственных генетических взаимоотношений пчелиных семей Бурзянского района РБ. Номера семей 1-13 соответствуют номерам в таблице 1.

На основе полученных данных можно сказать, что исследуемая выборка пчел является генетически подразделенной, характеризуется небольшим уровнем инбридинга. Все эти характеристики свидетельствуют о генетической и генотипической стабильности генофонда пчелиных семей бурзянской популяции темной лесной пчелы, с незначительным отклонением от равновесия Харди-Вайнберга, которое не должно вызвать в популяции негативных последствий.

В связи со встречаемостью в популяции генов южных подвидов следует пересмотреть существующие методы генетической изоляции и сохранения аборигенного генофонда. Обнаруженные гибридные семьи рекомендуются к выбраковке или замене в них маток.

Наиболее перспективными семьями для дальнейшего разведения темной лесной пчелы *A. m. mellifera* являются семьи № 1, № 4 и № 5, № 10, так

как они обладают более высоким уровнем генетического разнообразия и низким уровнем интрогрессии генов других подвидов, а также минимальным отклонением от равновесного распределения генотипов по Харди-Вайнбергу. Разведение этих семей позволит поддерживать высокий уровень генетического разнообразия в бурзянской популяции темной лесной пчелы, что приведет к повышению уровня адаптивности к условиям окружающей среды и поддержанию высокого уровня экологической пластичности. Использование молекулярно-генетических инструментов подвидовой идентификации, таким образом, позволит предотвратить дальнейшую гибридизацию аборигенной темной лесной пчелы.

Мы установили, что показатели генетического разнообразия исследуемой выборки пчелиных семей сопоставимы с соответствующими средними показателями, полученными в

предыдущих исследованиях.

Нами были обнаружены гибридные семьи в с. Старосубхангулово на территории Бурзянского района, куда ввоз других подвидов пчел законодательно запрещен. Впоследствии нам стало известно, что они были завезены на летний медосбор из Ишимбайского района РБ, где по ранее установленным данным около половины пчелиных семей являются гибридными [Ильясов и др., 2015b]. Своевременное обнаружение этих гибридных семей позволит сохранить генофонд местной популяции пчел.

Дальнейший мониторинг популяции темной лесной пчелы необходимо проводить совместно с учетом производительности семей, устойчивости к различным заболеваниям, зимостойкости, а также степени антропогенного воздействия. Таким образом, наиболее эффективный результат при сохранении генофонда темной лесной пчелы может быть достигнут при взаимодействии методов популяционной генетики, молекулярной биологии, биохимии и практического пчеловодства.

Работа выполнена при финансовой поддержке гранта РФФИ 13-04-01802 на оборудовании ЦКП «Биомика» отделения биохимических методов исследований и нанобиотехнологии РЦКП «Агидель».

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Алтухов Ю.П. Динамика генофондов при антропогенных воздействиях // Вестник ВОГиС, 2004а. Т. 8. № 2. С. 40-59.
2. Алтухов Ю.П. Динамика популяционных генофондов при антропогенных воздействиях. М.: Наука, 2004b. 619 с.
3. Ильясов Р.А., Косарев М.Н., Юмагузин Ф.Г. Бурзянская бортевая пчела и бортевое пчеловодство на Южном Урале // Пчеловодство. 2015а. № 7. С. 12-15.
4. Ильясов Р.А., Петухов А.В., Поскряков А.В., Николенко А.Г. Локальные популяции *Apis mellifera mellifera* L. на Урале // Генетика. 2007. Т. 43. № 6. С. 855-858. (Ilyasov R.A., Petukhov A.V., Poskryakov A.V., Nikolenko A.G. Local honeybee (*Apis mellifera mellifera* L.) populations in the Urals // Rus. J. Genetics. 2007. V. 43. № 6. P. 709-711.)
5. Ильясов Р.А., Петухов А.В., Поскряков А.В., Николенко А.Г. На Урале сохранились резерваты *A.m.mellifera* L. // Пчеловодство. 2006. № 2. С. 19
6. Ильясов Р.А., Поскряков А.В., Николенко А.Г. Современное состояние и сохранение *Apis mellifera mellifera* L. в России и странах Европы / Пчеловодство. 2016. № 1. С. 8-11.
7. Ильясов Р.А., Поскряков А.В., Петухов А.В., Николенко А.Г. Анализ состояния генофонда современной популяции темной лесной пчелы *A. m. mellifera* Урала и Поволжья // Биомика. 2015b. Т. 7. № 3. С. 167-191.
8. Николенко А. Г., Поскряков А. В. Полиморфизм локуса *COI-COII* митохондриальной ДНК медоносной пчелы *Apis mellifera* на Южном Урале // Генетика. 2002. Т. 38. № 4. С. 1-5. (Nikolenko A.G., Poskryakov A.V. Polymorphism of Locus *COI-COII* of mitochondrial DNA in the honeybee *Apis mellifera* L. from the Southern Ural region // Rus. J. Genetics. 2002, V. 38. № 4. P. 364-368.)
9. Флинт В.Е., Смирнова О.В., Мелехова О.П. и др. Сохранение и восстановление биоразнообразия. М.: Издательство Научного и учебно-методического центра, 2002. 286 с.
10. Юмагузин Ф.Г. К вопросу о расширении территории заповедника «Шульган-Таш» // Вестник ОГУ. 2009. № 6. С. 461-463.
11. Ilyasov R. A., Kosarev M. N., Neal A., Yumaguzhin F. G. Burzyan wild-hive honeybee *A.m. mellifera* in South Ural // Bee World. 2015. 92:1. P. 7-11. DOI: 10.1080/0005772X.2015.1047634
12. Garnery L., Solignac M., Celebrano G., Cornuet J.-M. A simple test using restricted PCR-amplified mitochondrial DNA to study the genetic structure of *Apis mellifera* L. // Experientia. 1993. V. 49. P. 1016-1021.
13. Estoup A., Garnery L., Solignac M., Cornuet J. Microsatellite variation in honey bee (*Apis mellifera* L.) populations: Hierarchical genetic structure and tests of infinite allele and stepwise mutation models // Genetics. 1995. V. 140. P. 679-695.
14. Haberl M., Tautz D. Tri and tetranucleotide microsatellite loci in honey bees (*Apis mellifera*) step towards quantitative genotyping // Molecular ecology. 1999. Vol. 8. Issue 8. P.1358.
15. Solignac M., Vautrin D., Loiseau A, et al. Five hundred and fifty microsatellite markers for the study of the honeybee (*Apis mellifera* L.) genome // Molecular Ecology Notes. 2003. № 3. P. 307-311. DOI: 10.1046/j.1471-8286.2003.00436.x
16. Pritchard J.K., Stephens M., Donnelly P. Inference of population structure using multilocus genotype data // Genetics. 2000. V. 155. P. 945-959.
17. Nei M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals // Genetics. 1978. V. 2. P. 341-369.

THE GENETICS PARAMETRES OF THE BURZYAN POPULATION OF *APIS MELLIFERA MELIFERA L.*

Kaskinova M.D.^{1*}, Piyasov R.A.¹, Poskryakov A.V.¹, Kosarev M.N.^{2**}, Sharipov A.Y.², Nikolenko A.G.¹

¹Institute of Biochemistry and Genetics, Ufa Research Center, Russian Academy of Sciences, Ufa, 450054

*E-Mail: kaskinovamilyausha@mail.ru

²State natural biospheric reserve "Shulgan-Tash", v. Irgizly, 453585

**E-Mail: mnkos@mail.ru

ABSTRACT

To conservation the Burzyan population of *Apis mellifera mellifera L.* it is necessary to systematically evaluate its genetic parameters in order to prevent its hybridization with other subspecies. This paper present genetic parameters of bee colonies of Burzyan dark forest honeybee population on the basis of polymorphism analysis of locus *COI-COII* mtDNA and nuclear DNA microsatellite loci. As a result, we found that the parameters of the genetic diversity of studied honeybee colonies correspond to the average value obtained in previous studies. The studies of the nuclear and mitochondrial genomes identified two hybrid origin bee colonies in the protected area of the reserve "Altyn-Solok".

Keywords: *Apis mellifera L.*, Burzyan dark forest honeybee populations, monitoring, polymorphisms, microsatellite loci.