

на окружающую среду и, в частности, на вышеуказанные растительные объекты в городе.

В монографии Пчелинцевой Н.М., Гусаковой Н.Н. представлен анализ полученных результатов по изучению почвенного и снегового покрова в городе, показано совпадение оценок загрязненности двумя независимыми методами: ионометрическим и биоиндикационным. Таким образом, возможен прогноз качества конкретных локальных биоценозов по состоянию изученных в данной работе растений. Показана возможность прогнозирования развития древесных и травянистых растений на почвах разной степени загрязненности.

В данной работе проведен сравнительный анализ биоиндикационных свойств изученных растений, выявлены эффективные биоиндикаторы среди изученных цветочных культур. Авторами предложена группа растений, присутствие которых в городских биотопах обязательно, т.к. они являются датчиками состояния качества среды, изменяющейся под воздействием антропогенных факторов.

В монографии раскрываются перспективы использования новых биоиндикаторов в экологическом мониторинге, при подборе ассортимента растений для проектирования, реконструкции и реставрации ландшафтно-архитектурных комплексов, в процессе формирования экологического каркаса города и других целях.

Данное издание предназначено для специалистов, работающих в области экологического мониторинга, студентов, аспирантов и широкого круга научных работников: как экологов, так и специалистов смежных дисциплин.

**ПОПУЛЯЦИОННО-ГЕНЕТИЧЕСКИЙ
ПОЛИМОРФИЗМ БАШКИРСКОЙ
ПОПУЛЯЦИИ СРЕДНЕРУССКОЙ РАСЫ
МЕДОНОСНОЙ ПЧЕЛЫ
*APIS MELLIFERA MELLIFERA L***

Саттаров В.Н., Мигранов М.Г.

ГОУ ВПО «Башкирский государственный педагогический университет им. М. Акмуллы, Уфа,
e-mail: wener5791@yandex.ru

На территории Российской Федерации основной разводимой расой медоносной пчелы является европейская темная лесная или средне-русская *Apis mellifera mellifera L.*, 1758, которая представлена множеством популяций: башкирская, татарская, алтайская, полеская, уральская горно-таежная и др. С точки зрения эволюции популяции пчел представляют собой ценный исходный материал для селекционной работы. Однако, прогрессирующее ухудшение состояния среды обитания *Apis*, отсутствие целенаправленных селекционных программ разведения и бессистемная гибридизация привели к частичной гибели и значительному сокращению чис-

ленности пчелосемей, снижению объема производимой продукции и нарушению уникальных популяционных структур среднерусской расы *Apis mellifera mellifera L.*

Таким образом, изучение перспектив сохранения, разведения *Apis mellifera* и дальнейшая научно-обоснованная интенсификация пчеловодства, непосредственно связано с проведением исследований современного состояния популяционных структур пчел. Основопологающей при проведении данных работ является оценка чистопородности пчел с применением комплекса методов идентификации внутривидовой принадлежности.

Цели и задачи исследований

Цель работы – изучение популяционно-генетического полиморфизма *Apis mellifera L.* на территории Республики Башкортостан, оценка состояния генофонда башкирской популяции и перспективы его сохранения.

Задачи исследований:

1. Разработать оптимальные методы идентификации *Apis mellifera L.* в условиях высокой степени внутривидовой гибридизации.
2. Оценить состояние генофонда башкирской популяции *Apis mellifera mellifera L.*
3. Определить перспективы сохранения и восстановления генофонда башкирской популяции *Apis mellifera mellifera L.*
4. Разработать рекомендации, направленные на сохранение генофонда башкирской популяции среднерусской расы медоносной пчелы *Apis mellifera mellifera L.*

Материалы и методы исследований

Работа выполнялась на территории Республики Башкортостан. Объектами исследований явились имаго медоносных пчел: рабочие особи. Применяли сочетание двух методов идентификации: модифицированный морфометрический метод В.В. Алпатова (1948) с привлечением кластерного анализа (Statgraphics Plus – Untitled Stafolio Version 2.1., Copyright – 1994-1996, Statistical Graphics Corp) и молекулярно-генетический метод, основанный на полиморфизме локуса COI-COII митохондриальной ДНК (мтДНК) с применением технологии полимеразной цепной реакции (ПЦР).

Для анализа сводных (цифровых) использовалась компьютерная программа Statistica версия 6.1., CopyrightE9 StatSoft, Inc. 1984-2004 и программное обеспечение Microsoft Office Excel, 2003-2007.

Результаты и обсуждение

1. Морфометрический полиморфизм *Apis mellifera* на территории Республики Башкортостан. Для кластерного анализа морфометрического полиморфизма были привлечены следующие параметры рабочих пчел: длина хоботка, длина, ширина и площадь правого крыла, четвертого тергита, стернита и воскового зеркала, кубитальный и тарзальный индексы, дискоидальное смещение, число зацепок на заднем

крыле из 577 семей. Кластеризацию проводили по стратегии Варда, в качестве метрики использовали квадратичное Евклидово расстояние. Наиболее информативный результат был получен при дифференциации основного массива на 4 группы: А – пчелы условно среднерусской расы, В – гибриды (ближе к среднерусской расе), С – гибриды (ближе к серой горной кавказской расе), D – условно кавказская раса. Доля гибридных пчелиных семей в Республике Башкортостан составило от 0,58 до 0,94. Исключением являлся только Бурзянский район (заповедник «Шульган-Таш»), где доля гибридных семей составляло 0,14.

2. Полиморфизм мтДНК (локус COI-COII) *Apis mellifera* на территории Республики Башкортостан. У пчел среднерусской расы участок мтДНК между COI-COII выглядит следующим образом: 3' – конец гена COI-ген тРНК^{Leu} – элемент Р – элемент Q – элемент Q – 5' – конец гена COII; у пчел кавказской расы: 3' – конец гена COI – ген тРНК^{Leu} – элемент Q – 5' – конец гена COII. Длина исследуемого фрагмента мтДНК кавказских пчел составляет 350 пн, у среднерусских – 600 пн. Таким образом, это разница в размерах у различных пород обусловлена различным соотношением основных элементов Р и Q, составляющих большую часть последовательности мтДНК.

Проведенные выборочные исследования полиморфизма мтДНК позволили предварительно изучить состояние башкирской популяции *Apis mellifera* и оценить ее, как частично гибридная. Анализ полученных результатов показал, что самая высокая частота встречаемости семей с аллелям PQQ (среднерусская раса) отмечается в горно-лесной природно-сельскохозяйственной кормовой зоне. На наш взгляд, это связано с расположением в ней заповедника «Шульган-Таш», где проведенные исследования показали высокую частоту встречаемости аллелей PQQ (0,99).

Лесостепная и степная зоны характеризовались частотой встречаемости аллеля PQQ от 0,32 до 0,53, то есть основная часть ареала распространения башкирской популяции *Apis mellifera mellifera* L. по исследованным районам представляла собой зону «биологического загрязнения».

В заключении мы сопоставили долю встречаемости аллелей Q и PQQ и морфотипов А, В, С и D. При этом, просматривалась тенденция возрастания доля встречаемости аллеля Q и

снижение доли аллеля PQQ в направлении морфотип А – морфотип D. Однако неожиданно часто встречалась сочетание аллеля Q и морфотипа А и аллеля PQQ и морфотип D. Выявленный феномен можно вполне объяснить, рассмотрев распределение подобных пчелиных семей по регионам. Основная доля с сочетанием Q/A (пчелы южного происхождения с приобретенным фенотипом среднерусской расы) встречается в Янаульском (0,40) и Бурзянском (0,20) районах, что, вероятно, объясняется действием трутневого фона. Напротив, семьи с сочетанием PQQ/D (пчелы среднерусского происхождения с приобретенным фенотипом южных рас), как правило, встречаются в приграничных районах республики, что также свидетельствует о влиянии трутневого фона (восточный регион – 0,44) и/или интенсивного завоза южных рас (Башкирская опытная станция пчеловодства – 0,39).

Заключение

Исследование популяционно-генетического полиморфизма *Apis mellifera* L. на территории Республики Башкортостан позволило установить следующее: несмотря на то, что происходит усиленное антропогенное влияние, обнаружены пасеки, где сохранились пчелиные семьи с чистопородными матками, что говорит о наличии потенциала по дальнейшему восстановлению чистопородности генофонда. Однако присутствие семей гибридных форм, характеризует происходящие неблагоприятные процессы «биологического загрязнения». В целом, полученные нами результаты являются подтверждением того, что изолированная популяция, если она не исчезает в ходе эволюции, развертывается «в самое себя», поддерживая динамическое равновесие с окружающей средой. И здесь мы можем согласиться с тем, что если опираться на ясные представления о системной организации популяций и провести сбор и анализ первичного материала по всей популяционной структуре, то можно сделать вывод: несмотря на изменчивость в частях, система как целое устойчиво сохраняет генетический состав, унаследованной от прапопуляции и такая устойчивость сохраняется даже, несмотря на давление отбора.

Работа поддержана РАН (01.9.60001037, 1996-1998; 01.99.0008299, 1999-2000); АН РБ (договоры №1, 1996-1998; №15, 1999-2000; №17, 1999-2000гг; №19-127-05, 2005-2008).