

Президиум Сибирского отделения РАН
Институт систематики и экологии животных СО РАН
Всероссийский научно-исследовательский институт
ветеринарной энтомологии и арахнологии СО РАСХН
Сибирское отделение Всероссийского энтомологического общества
Департамент науки, инноваций, информатизации и связи Новосибирской области
Управление Федеральной службы в сфере природопользования
(Росприроднадзор) по Новосибирской области

ЭНТОМОЛОГИЧЕСКИЕ ИССЛЕДОВАНИЯ В СЕВЕРНОЙ АЗИИ

Материалы VII Межрегионального совещания
энтомологов Сибири и Дальнего Востока
в рамках Сибирской зоологической конференции
Новосибирск, 20–24 сентября 2006 г.

Avtor e-mail: apismell@hotmail.com



Il'iasov R.A., Poskriakov A.V., Nikolenko A.G. Mitochondrial'naiia DNK v izuchenii populacij pchel na Urale. Materialy mezhregional'nogo soveshchaniia entomologov Sibiri i Dal'nego Vostoka. Novosibirsk. 2006. S. 72-74.

Новосибирск, 2006

МИТОХОНДРИАЛЬНАЯ ДНК В ИЗУЧЕНИИ ПОПУЛЯЦИЙ ПЧЕЛ НА УРАЛЕ

¹Р.А. Ильясов, ²А.В. Поскряков, ³А.Г. НиколенкоMITOCHONDRIAL DNA IN INVESTIGATION
OF URALS HONEYBEE POPULATION¹R.A. Ilyasov, ²A.V. Poskryakov, ³A.G. Nikolenko

Институт биохимии и генетики Уфимского научного центра РАН, 450054 г. Уфа, проспект Октября, 71

¹e-mail: apismell@hotmail.com; ²e-mail: possash@yandex.ru; ³e-mail: nikolenko@anrb.ru

До недавнего времени классификация медоносной пчелы (*Apis mellifera* L.) была основана на морфометрических исследованиях, основные критерии которых впервые предложили G.Goetze (1940) и В.В.Алпатов (1948). F.Ruttner et. al. (1978) расширили число критериев и завершили морфометрическую классификацию *A.mellifera*, выделив 25 подвидов или географических рас. Однако позже Н.Р.Нерburn and S.E.Radloff (1996) доказали, что *A.m.major*, выделенный F.Ruttner et.al. (1978) как подвид, является экотипом подвида *A.m.intermissa*. Тем не менее, число подвидов *A.mellifera* остается равным 25, благодаря недавно обнаруженному W.S.Sheppard and D.Meixner (2003) новому подвиду *A.m.pomonella* в горах Тянь-Шань между Казахстаном и Китаем. В дальнейшем F.Ruttner (1988) показал распределение подвидов в четырех эволюционных ветвях: А, М, С, О, где ветвь А состоит в основном из подвидов Африки, ветвь М – из подвидов Западной и Северной Европы, ветвь С – из подвидов Восточной Европы и Средиземноморья, ветвь О – из подвидов Ближнего и Среднего Востока.

С развитием молекулярных методов филогенетика и систематика перешли на новый уровень. P. Franck et al. (2001) на основе митотипов, полученных путем DraI рестрикции межгенного участка COI-COII митохондриальной ДНК (мтДНК), выделили пятую эволюционную ветвь Y, которая состоит из *A.m.yemenitica* Африканского Рога. Кроме того, были уточнены границы между эволюционными ветвями, состав ветвей и ход расселения подвидов. По F.Ruttner (1988) пчелы пришли из Юго-Восточной Азии на Ближний Восток, а затем распространились на Африканский континент, откуда через Иберийский полуостров попали в Европу. Однако, по митотипам P.Franck et al. (2001) предложил новый путь распространения, когда пчелы на Ближнем Востоке разделились: одна ветвь направилась в Африку, а другая – в Средиземноморье. Дальнейшая дивергенция средиземноморских пчел была вызвана плейстоценовым оледенением, когда пчелы нашли убежище на Балканском, Аппенинском и Иберийском полуостровах и были длительное время изолированы. Однако, как оказалось, пчелы Аппенинского полуострова имеют гибридное происхождение и содержат митотипы ветви М и С. Возможно, что дивергенция между ветвями М и С произошла еще до Ледникового периода. На Иберийском полуострове наблюдается гибридизация между ветвями А и М, что было показано, используя RFLP мтДНК (Smith, 1991; Garnery et al., 1995; Franck et al., 1998) и аллозимный полиморфизм по Mdh1 (Cornuet, 1983; Cornuet et al., 1986; Sheppard and Berlocher, 1984; Nunamaker et al., 1984; Sylvester, 1982). Зона гибридизации между ветвями О и С наблюдается на Ближнем Востоке (Arias and Sheppard, 1996), а между ветвями А и О – в Северо-Восточной Африке (Franck et al., 2001). Эти гибридные зоны можно считать границей ареалов эволюционных ветвей.

Первоначальные попытки использовать аллозимный полиморфизм, который был очень информативен для многих видов, оказались безуспешными для филогенетических исследований *A.mellifera* (Mestriner, 1969; Badino et al., 1982, 1988; Sheppard, 1988; Sheppard and McPheron, 1986; Del Lama et al., 1988, 1990; Lobo et al., 1989; Meixner et al., 1994). Оказалось, что аллозимный полиморфизм у большинства перепончатокрылых очень низкий. Однако I.Kandemir (1995) обнаружил довольно высокий уровень полиморфизма у пчел Центральной Анатолии, что дает основание считать Ближний Восток центром происхождения подвидов *A.mellifera*, как и предполагал F.Ruttner (1988).

Дальнейшие исследования привели к изобретению полимеразной цепной реакции (ПЦР), что сделало возможным изучение полиморфизма длин рестрикционных фрагментов, полиморфизма микросателлитных локусов, кодирующих и не кодирующих локусов ядерного и митохондриального геномов. Исследования с использованием RFLP мтДНК (Smith, 1991), секвенирования мтДНК (Cornuet et al., 1991; Garnery et al., 1992), микросателлитных локусов (Estoup et al., 1995; Viard et al., 1998) показали существование только трех эволюционных ветвей – А, М и С. Дальнейшие исследования по секвенированию мтДНК (Cornuet and Garnery, 1991; Garnery et al., 1992) и гена 2 субъединицы NADH-дегидрогеназы (Nd2) мтДНК (Arias and Sheppard, 1996), DraI RFLP COI-COII мтДНК (Franck et al., 2000; Palmer et al., 2000), и по микросателлитным локусам (Franck et al., 2000) доказали существование четвертой эволюционной ветви пчел О. Таким образом, существование четырех эволюционных ветвей *A.mellifera* было доказано на морфометрическом и молекулярном уровнях.

На текущий момент подвиды подвержены интенсивной гибридизации, чего не избежала и популяция *A.m.mellifera* – основной компонент эволюционной ветви М. На основе определения частоты элемента RQQ межгенного локуса COI-СОП мтДНК в популяциях пчел на Урале (Средний и Южный Урал) нами было обнаружено четыре резервата пчелы подвида *A.m.mellifera* – часть некогда единой европейской популяции *A.m.mellifera*, занимающая ареал от Западной Европы до Уральских гор и представляющая большую ценность для пчеловодства Северной Евразии (Ильясов, 2005).

Анализ нуклеотидной последовательности части гена Nd2 протяженностью 612-633 п.н. в 12 образцах четырех выделенных нами популяций показал незначительную дивергенцию, что подтверждает единство происхождения и родство. Проанализированные нуклеотидные последовательности гена Nd2 пчел уральской популяции были депонированы в генбанк (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>) под номерами DQ181611-DQ181622. Между нуклеотидными последовательностями гена Nd2 проанализированных образцов наблюдаются транзиции в положениях 35, 120, 360, 514, 546. Транзиция Т>С в положении 35 в образцах DQ181614 и DQ181618 приводит к аминокислотной замене изолейцина Ile на треонин Thr в положении 12. Трансверсий в последовательностях не было обнаружено.

Сравнение проанализированной нами последовательности гена Nd2 уральских образцов с аналогичными последовательностями образцов *A.m.mellifera* европейских популяций, а также других подвидов *A.mellifera* (Arias and Sheppard, 1996 – U35743-U35765; Marino et al., 2002 – AY114484- AY136625; Sheppard and Meixner, 2003 – AY136624 – AY136625; Kandemir et al., 2004 – AY618910 – AY618911, AY618919 – AY618920) показало значительное сходство пчел уральской популяции с *A.m.mellifera* европейских популяций по сравнению с популяциями пчел других подвидов, что доказывает их единство происхождения. При кластерном анализе

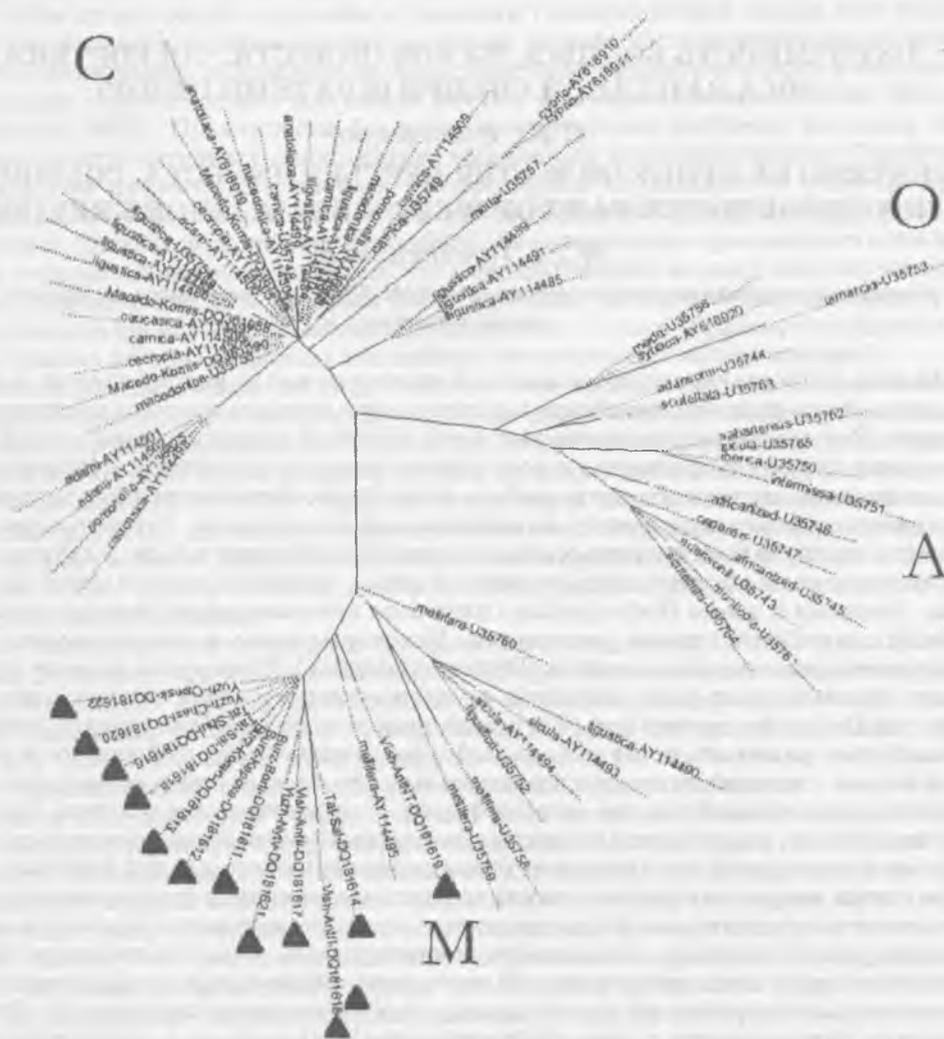


Рис. 1. Подразделение подвидов *Apis mellifera* на четыре эволюционные ветви. Треугольниками обозначены образцы *A.m.mellifera* уральской популяции.

использование метода ближайшего соседа наблюдается разделение на три крупные ветви, которые по составу и географическому положению ареалов подвидов соответствуют эволюционным ветвям А, М и С (рис. 1). Ветвь О объединилась с африканской ветвью А, что можно объяснить сильным потоком генов со стороны ветви А. Такая группировка согласуется с результатами предыдущих исследований F.Ruttner (1988), M.C.Arias and W.S.Sheppard (1996), P.Franck et al. (2000) и A.Jensen et al. (2005).

Ветвь А подразделяется на две группы – северо- и южно-африканскую. Такое разделение было вызвано, возможно, географическим барьером (пустыня Сахара), что привело к длительной изоляции и последующей дивергенции подвидов. Самое большое таксономическое разнообразие наблюдается в ветви С, куда вошли образцы нового подвида *A.m.pomonella*, что позволяет предположить, что ветвь С была предковой для всех эволюционных ветвей. Ветвь М включает подвиды *A.m.ligustica* и *A.m.sicula*, гибридизация которых с *A.m.mellifera* была показана в работе P.Franck et al. (2000). Образцы *A.m.meda* входят в группы С и О, а образцы *A.m.lamarckii* – в группы О и А, что отметили M.C. Arias and W.S. Sheppard (1996) и P. Franck et al. (2000, 2001). Такое распределение подвидов говорит о зонах гибридизации на границах эволюционных ветвей С и О, А и О, соответственно.

Таким образом, на Урале еще сохранилась часть уникальной европейской популяции *A.m.mellifera*, которая подразделена на четыре субпопуляции, характеризующиеся значительным сходством по материнской линии мтДНК с европейскими популяциями *A.m.mellifera*. Для успешного сохранения генофонда *A.m.mellifera* и восстановления его первоначального ареала на Урале необходимо провести более детальное исследование популяций данного региона и обозначить границы резерватов.

ИЗУЧЕННОСТЬ ВОДНЫХ ЖУКОВ (INSECTA, COLEOPTERA) ЮГА ЗАПАДНОЙ СИБИРИ (КРАТКИЙ ОБЗОР)

Н.Ю. Илющенко

THE EXTEND OF STUDY OF WATER BEETLES (INSECTA, COLEOPTERA) IN THE SOUTHERN PART OF WEST SIBERIA (SHORT REVIEW)

N.Yu. Ilyushchenkov

Институт систематики и экологии животных СО РАН, 630091 г. Новосибирск, ул. Фрунзе, 11
e mail: ni@nsk.ru

Жуки (Insecta, Coleoptera) являются самым большим по числу видов отрядом насекомых. Это позволило им занять разнообразнейшие экологические ниши и широко распространиться по Земному шару. Ряд семейств жесткокрылых в той или иной степени связан с водой. Представители этой группы играют существенную роль в экосистемах и составляют непреходящий элемент животного населения водных объектов любого типа. Местообитания водных жуков весьма различны: от мелких временных лужид до термальных источников. В нескольких семействах жуков все виды почти во всех активных стадиях развития обитают в воде; в других семействах в воде или в грунте у воды обитают лишь некоторые виды, и нередко лишь в одной из фаз жизненного цикла. Личинки и имаго Hydradephaga питаются пресноводными беспозвоночными, рыбами, амфибиями, а также водными растениями. Некоторые виды жуков (плавунцы и вертячки) поедают личинок кровососущих комаров (Diptera: Culicidae). Кроме того, водные жуки – объект питания для пресноводных рыб, амфибий, водоплавающих и околоводных птиц. Некоторые виды семейства Dytiscidae имеют большое практическое значение. Это, прежде всего, вредители рыбного хозяйства, уничтожающие молодь рыб и поедающие рыбу, пойманную в сети.

Видовой состав – важнейшая характеристика животного населения экосистемы. Для любых экологических исследований знание состава фауны – первостепенное условие. Прикладной аспект работ такого рода заключается в научно обоснованной разработке возможных направлений использования биоресурсов, что актуально при определении оптимальной нагрузки на экосистемы. В связи с этим возрастает необходимость изучения механизмов формирования и устойчивости биоценозов и выяснения роли их компонентов, одним из которых и являются жуки. Многолетний мониторинг насекомых, в частности жесткокрылых, с использованием тех или иных жуков в качестве видов-индикаторов, может иметь важнейшее природоохранное значение. В работах, посвященных вопросам экологии водных жуков, содержится большой объем фактов о местообитаниях видов. Вместе с тем, обобщения подобных данных в литературе почти отсутствуют. Поэтому актуальна задача проведения обоснованного теоретического анализа имеющейся информации. Прежде всего, это относится к проблемам классификации местообитаний,