

РОССИЙСКАЯ АКАДЕМИЯ НАУК
УФИМСКИЙ НАУЧНЫЙ ЦЕНТР РАН
ИНСТИТУТ БИОХИМИИ И ГЕНЕТИКИ
ФЕДЕРАЛЬНОЕ АГЕНТСТВО ПО НАУКЕ И ИННОВАЦИЯМ
ФОНД СОДЕЙСТВИЯ РАЗВИТИЮ МП НТС
ОБЩЕСТВО БИОТЕХНОЛОГОВ РОССИИ
БАШКИРСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ ПЕДАГОГИЧЕСКИЙ УНИВЕРСИТЕТ

Avtor e-mail: apismell@hotmail.com

БИОМИКА – НАУКА XXI ВЕКА

Материалы ШКОЛЫ-СЕМИНАРА
молодых ученых Уфимского научного центра РАН
и Волго-Уральского региона
ПО ФИЗИКО-ХИМИЧЕСКОЙ БИОЛОГИИ и БИОТЕХНОЛОГИИ
Уфа, 9 – 15 сентября 2007 г.



УФА — 2007

Il'iasov R.A., Poskriakov A.V., Nikolenko A.G. Mitochondrial'naiia DNK v evoliucionnyh issledovaniiah pchel. Materialy shkoly-seminara molodyh uchenyh Ufimskogo nauchnogo centra RAN i Volgo-Ural'skogo regiona po fiziko-himicheskoi biologii i biotekhnologii "Biomika - nauka XXI veka". Ufa. 2007. S. 52-54.

МИТОХОНДРИАЛЬНАЯ ДНК В ЭВОЛЮЦИОННЫХ
ИССЛЕДОВАНИЯХ ПЧЕЛ**Ильясов Р.А., Поскряков А.В., Николенко А.Г.***Институт биохимии и генетики Уфимского научного центра РАН
Уфа, apismell@hotmail.com*

Apis mellifera имеет необычайно огромный естественный ареал распространения, который простирается от юга Скандинавского полуострова на севере до мыса Доброй Надежды на юге; от Дакара на западе до Алтая, Масада и западных границ Китая на востоке [9]. Ранее с использованием мультивариантного анализа морфометрических признаков было определено существование 25 подвидов пчел [8].

В нашей работе были использованы пчелы подвида *A.m.mellifera* из бурзянской и татышлинской популяций республики Башкортостан (DQ181611-DQ181622) и вишерской и южно-прикамской популяций Пермского края (DQ361088-DQ361090), которые были ранее выделены нами на основе изучения полиморфизма межгенного локуса COI-COII мтДНК [1]. Также были использованы пчелы из украинской популяции с пасеки под Киевом, любезно предоставленные А.Д.Комиссаром. Для проведения секвенционного анализа было взято по три образца из описанных выше популяций. Для сравнения были использованы нуклеотидные последовательности фрагмента гена ND2 мтДНК других подвидов *A.mellifera*. Для укоренения филогенетического построения были использованы последовательности пчел другого вида - *Apis cerana* и другого рода - *Mellipona bicolor*.

На основе сравнения нуклеотидных последовательностей была построена дендрограмма с использованием программы MEGA 3.1 и метода кластеризации ближайшего соседа и медианная сеть [4] с использованием программы NETWORK. В качестве референсной была использована нуклеотидная последовательность фрагмента ND2 мтДНК подвида *A.m.anatoliaca*.

На дендрограмме и медианной сети наблюдалось разделение на четыре группы, названные эволюционными ветвями А, О, М и С. Эволюционная ветвь А объединила большинство представителей африканских подвидов пчел. Она подразделялась на две группы, одна из которых объединила большинство африканских подвидов пчел к югу от Сахары и африканизированных пчел из Бразилии. Другая группа объединила северо-африканские, а также несколько сридеземноморских подвидов, что можно объяснить гибридизацией пчел Сицилии. Кроме того, в этой эволюционной ветви выделяется еще одна небольшая группа африканских пчел, объединяющая представителей подвидов из Кении и Сенегала.

Эволюционная ветвь О объединила представителей подвидов *A.m.meda* и *A.m.syriaca* из Сирии и *A.m.lamarckii* из Египта. Ранее [2, 6] подвид

A.m.lamarckii также был отнесен к эволюционной ветви О, тогда как другие [7] относили его к эволюционной ветви А.

Эволюционная ветвь М состояла в основном из представителей *A.m.mellifera* уральских и европейских популяций из Швейцарии, Франции, Испании и Норвегии. Однако в эту группу также вошли по два представителя подвидов *A.m.sicula* с Сицилии и *A.m.ligustica* из Италии, что может быть объяснено их гибридизацией с *A.m.mellifera*.

Эволюционная ветвь С представлена наиболее многочисленно по числу подвидов и объединяла подвиды пчел Средиземноморья, Ближнего Востока и Кавказа. Здесь наиболее выделялась огромная центральная группа, которая является точкой экспансии подвидов.

Использование в сравнении последовательностей фрагмента гена ND2 мтДНК пчел из рода *Mellipona*, который очень рано дивергировал от предков рода *Apis*, позволило заключить, что пчелы видов *Apis mellifera* и *Apis cerana* являются по отношению сестринскими видами.

Путем сравнения нуклеотидных последовательностей фрагмента гена ND2 мтДНК всех образцов пчел с использованием программы DNASTAR были рассчитаны проценты различий между *Mellipona bicolor* и каждым из видов рода *Apis* – *A.mellifera* и *A.cerana*, которые были равны 22,18% и 23,02%, соответственно. Между *A.mellifera* и *A.cerana* процент различий был равен 15,54%. Для *Drosophila* было показано [5], что различия нуклеотидной последовательности мтДНК в 2% соответствует времени дивергенции в 1 миллион лет, что было использовано в некоторых работах применительно ко времени дивергенции пчел [2, 3]. Учитывая данную скорость дивергенции мы рассчитали время дивергенции, которое между *Mellipona bicolor* и *A.mellifera* равно 11,09 млн. лет, между *Mellipona bicolor* и *A.cerana* равно 11,5 млн.лет, а между *A.mellifera* и *A.cerana* равна 7,77 млн. лет. Виды *A.mellifera* и *A.cerana* дивергировали от *Mellipona bicolor* в среднем 11,3 млн. лет назад. Виды *A.mellifera* и *A.cerana*, возможно, дивергировали от общего предка в среднем 3,89 млн. лет назад, где *A.cerana* на 0,42 млн. лет раньше отделилась от общего предка, следовательно *A.mellifera* имеет возраст 3,47 млн. лет, а *A.cerana* – 4,31 млн. лет.

Мы показали высокую степень генетического родства уральских и западноевропейских популяций *A.m.mellifera* - единственных представителей эволюционной ветви М.

Список литературы

1. Ильясов Р.А., Петухов А.В., Поскряков А.В., Николенко А.Г. Пчеловодство. 2006. №2. С. 19.
2. Arias M.C., Sheppard W.S. Molecular phylogenetics and evolution. 1996 V. 5. P. 557-566.
3. Arias M.C., Sheppard W.S. Mol Phylogenet Ecol. 2005. V. 37. №1. P. 25-35.

4. Bandelt H.-J., Dress A. A new and useful approach to phylogenetic analysis of distance data. *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 1992. V. 1. P. 242-252.
5. De Salle R., Freedman T., Prager E.M., Wilson A.C. *J. Mol. Evol.* 1987. V. 26. P. 157-164.
6. Franck P., Garnery L., Solignac M., Cornuet J.-M. *Apidologie*. 2000. V. 31. P. 167-180.
7. Ruttner F. *Biogeography and Taxonomy of Honeybees*. 1988. Springer Verlag. Berlin. Germany, 284 p.
8. Ruttner F. *Naturgeschichte der Honigbienen*. 1992, Ehrenwirth Verlag. Munich. Germany. Grenoble. Bukarest. Apimondia. P. 380-383.
9. Ruttner F., Tassencourt L., Louveaux J. *Apidology*. 1978. V. 9. №4. P. 363-381.

РОЛЬ ПОЛИМОРФИЗМОВ ГЕНОВ ПЕРЕНОСЧИКА СЕРОТОНИНА (*5-HTT*)
И РЕЦЕПТОРА Д4 ДОФАМИНА (*DRD4*) В ФОРМИРОВАНИИ СВОЙСТВ
ЛИЧНОСТИ И ТЕМПЕРАМЕНТА

Казанцева А.В., Носкова Т.Г., Халилова З.Л., Хуснутдинова Э.К.
Институт биохимии и генетики УНЦ РАН, Уфа, Kazantsa@mail.ru

Согласно результатам близнецовых и семейных исследований, показатели наследуемости для свойств личности и темперамента составляют от 30 до 60% [1]. Причем, такие количественные характеристики, как особенности темперамента, являются результатом суммарного влияния или взаимодействия многих генов, вносящих небольшой эффект. Существующие психобиологические модели предполагают, что формирование свойств личности и темперамента опосредовано функционированием нейромедиаторных систем мозга. Причем, такая черта темперамента как Избегание Ущерба (ИУ), в первую очередь, связана с функционированием серотонинергической системы мозга, Поиск Новизны (ИН) – с дофаминергической системой, а Зависимость от Вознаграждения (ЗВ) – с норадренергической системой [2].

Целью нашего исследования являлась оценка влияния отдельного эффекта каждого из полиморфизмов генов *5-HTT* и *DRD4*, гаплотипического эффекта и их возможного взаимодействия на формирование свойств личности и темперамента у здоровых индивидов. В исследование были включены 302 здоровых индивида (240 женщин и 62 мужчин) (ср. возраст \pm ст. отклонение, 19.85 ± 2.43 года) – студента ВУЗов Республики Башкортостан, отрицающих у себя и родственников наличие каких-либо психиатрических расстройств. Определение свойств личности и темперамента было осуществлено с помощью психологических опросников Айзенка (EPI), Кеттела (16PF) и Клонинджера (TCI). Генотипирование полиморфных маркеров генов *5-HTT* (*5-HTTLPR*, *rs25531*, *STin2*) и *DRD4* (*VNTR* 120 п.н. в 5'-регионе, *-616C/G*) было проведено с помощью методов ПЦР, ПЦР-ПДРФ. Статистическая обработка результатов