

РОССИЙСКАЯ АКАДЕМИЯ НАУК
РУССКОЕ ЭНТОМОЛОГИЧЕСКОЕ ОБЩЕСТВО
КУБАНСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ АГРАРНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ

ПРОБЛЕМЫ И ПЕРСПЕКТИВЫ ОБЩЕЙ ЭНТОМОЛОГИИ

Тезисы докладов XIII съезда
Русского энтомологического общества
Краснодар, 9 – 15 сентября 2007 г.

Avtor e-mail: apismell@hotmail.com

Il'iasov R.A., Poskriakov A.V., Nikolenko A.G. Sekvencionnyj analiz *Apis mellifera mellifera* L. na Urale. Materialy XIII s"ezda Russkogo entomologicheskogo obshchestva "Problemy i perspektivy obshchej entomologii". Krasnodar. 2007. S. 136-137.

КРАСНОДАР
2007

с мутацией или делецией в гене супрессора апоптоза P35 приводило к формированию латентной вирусной инфекции. Полученные в лабораторных экспериментах данные подтверждаются результатами полевых исследований, свидетельствующих, что присутствие скрытого вируса в популяциях насекомых в значительной степени обусловлено высокой нагрузкой экзогенного вируса на биотоп в предыдущей генерации насекомых. По-видимому, скрытая вирусная инфекция является основным механизмом персистенции вируса в популяциях насекомых, однако в реализации бакуловирусных эпизоотий основная роль скорее принадлежит вирусу, находящемуся в среде обитания насекомых, поскольку источником латентной инфекции является заражение насекомых экзогенным вирусом.

Работа выполнена при поддержке грантов РФФИ (№ 03-04-48595 и № 07-04-00776).

Секвенционный анализ *Apis mellifera mellifera* L. на Урале

Р.А. Ильясов, А.В. Поскряков, А.Г. Николенко

Институт биохимии и генетики УфНЦ РАН, Уфа. E-mail: apismell@hotmail.com

[R.A. Ilyasov, A.V. Poskryakov, A.G. Nikolenko. Sequence analysis of *Apis mellifera mellifera* L. in the Urals]

Внутривидовая систематика *Apis mellifera* L. до 60-х годов 20 века, то есть до начала использования молекулярных методов в изучении пчел, была основана на морфометрических методах. Современная систематика и филогенетика все чаще использует молекулярные методы, в частности, для медоносной пчелы применяются методы, основанные на ДНК-полиморфизме. Первоначальные исследования на основе рестрикционного анализа (RFLP) митохондриальной ДНК (мтДНК) (Smith, 1991), секвенционного анализа мтДНК (Cornuet et al., 1991; Garnery et al., 1992), анализа полиморфизма микросателлитных локусов (Estoup et al., 1995; Viard et al., 1998) показали существование только трех эволюционных ветвей – А, М и С. Последующие исследования, основанные на анализе гена 2 субъединицы NADH-дегидрогеназы (ND2) мтДНК (Arias and Sheppard, 1996), RFLP анализе участка между генами 1 и 2 субъединицы цитохром оксидазы (COI-COII) мтДНК (Franck et al., 2000; Palmer et al., 2000) с использованием эндонуклеазы *DraI*, анализе полиморфизма микросателлитных локусов (Franck et al., 2000), показали существование четвертой эволюционной ветви О. В дальнейшем, P.Franck et al. (2001), на основе RFLP анализа межгенного участка COI-COII мтДНК с использованием рестриктазы *DraI*, показали существование пяти эволюционных ветвей: А, М, С, О, Y.

На текущий момент подвиды подвержены интенсивной гибридизации, чего не избежали и локальные популяции эволюционной ветви М. На основе анализа частот комбинации PQQ межгенного локуса COI-COII в популяциях

пчел на Урале (Средний и Южный Урал) нами было показано существование четырех резерватов подвида *A. m. mellifera* (Ильясов с соавт., 2005).

Анализ нуклеотидной последовательности фрагмента гена ND2 со средней протяженностью 688 п.н. в 12 образцах четырех выделенных нами популяций показал, что между последовательностями гена ND2 проанализированных образцов наблюдались транзиции в положениях 536, 621, 861, 1015, 1047, где транзигия Т>С в положении 536 в образцах DQ181614 и DQ181618 приводила к аминокислотной замене изолейцина Ile на треонин Thr. Трансверсий не обнаружено. Нумерация нуклеотидной последовательности ведется относительно последовательности полной митохондриальной ДНК *A. m. ligustica* из генбанка NCBI (NC 001566).

Проанализированные последовательности гена ND2 пчел уральской популяции были депонированы в генбанк (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>) под номерами DQ181611-DQ181622). Сравнение нуклеотидной последовательности гена ND2 уральских образцов с аналогичными последовательностями образцов европейских популяций (AY114495, U35758, U35759, U35760) показало их большое сходство, что показывает единство происхождения и генетическое родство.

Таким образом, на Урале еще сохранилась часть уникальной европейской популяции *A. m. mellifera*, характеризующаяся значительным сходством по материнской линии мтДНК с европейскими популяциями. Для успешного сохранения генофонда *A. m. mellifera* и восстановления его первоначального ареала на Урале необходимо более детальное исследование пчел данного региона и определение границ распространения.

О фауне плавунцов (Coleoptera, Dytiscidae) Чановской озерно-речной системы

Н.Ю. Илющенко

Институт систематики и экологии животных СО РАН, Новосибирск. E-mail: ni@nsk.ru

[N.Yu. Ilyushchenkov. On the fauna of diving beetles (Coleoptera, Dytiscidae) in Chany lake-river system]

Исследования фауны и экологии гидробионтов жесткокрылых юга Западной Сибири, учитывая обилие водных объектов на указанной территории, очень малочисленны. Наиболее полной работой последних лет является диссертация П.Н. Петрова, посвященная Hydradephaga Урала и Западной Сибири. Однако территория Новосибирской области, где располагается массив равнинных водоемов Барабинской лесостепи и Кулундинской степи, большое количество пойменных озер р. Обь, водотоки отрогов Салаирского кряжа, а также сопредельные области территории (Алтайский край, Кемеровская область, большая часть Омской области и Республики Алтай) остались не исследованы и заслуживают пристального внимания специалистов.