

УДК 575.17:595.799

Ильясов Р.А.¹, Шареева З.В.², Поскряков А.В.¹, Николенко А.Г.¹

¹Институт биохимии и генетики Уфимского НЦ РАН, г. Уфа

²Бирская государственная социально-педагогическая академия, г. Бирск

СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ НУКЛЕОТИДНОЙ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТИ ФРАГМЕНТА ГЕНА ND2 мтДНК В ПОПУЛЯЦИЯХ ПЧЕЛ РЕСПУБЛИКИ БАШКОРТОСТАН

В статье приводятся результаты сравнительного анализа нуклеотидной последовательности фрагмента гена ND2 мтДНК пчел Бирского района и пчел *A.m.mellifera* и *A.m.caucasica*. Кластерный анализ показал большее сходство пчел бирской популяции с *A.m.mellifera*, чем с *A.m.caucasica*.

Ключевые слова: пчелы, гибридизация, нуклеотидная последовательность, ген ND2 мтДНК пчел.

Уже около 100 лет существует проблема гибридизации подвидов пчел. В советский период происходил завоз пчел других подвидов в республику Башкортостан, в результате чего генофонд аборигенного подвида *A.m.mellifera* был изменен, а его ареал значительно сократился [2]. До недавнего времени предполагалось, что пчелы подвида *A.m.mellifera* сохранились только на территории Бурзянского района. Дальнейшие исследования показали, что пчелы этого подвида сохранились в Татышлинском районе Республики Башкортостан [1], а также Бирском, Мишкинском и Караидельском районах. Было показано, что нуклеотидная последовательность фрагмента гена ND2 мтДНК [3] позволяет сравнивать и дифференцировать разные подвиды пчел. Целью исследований было определение генетических взаимоотношений пчел Бирского района с пчелами из других популяций республики Башкортостан.

Нами была определена нуклеотидная последовательность фрагмента гена ND2 мтДНК особей из двух семей пчел с пасек Бирского района Республики Башкортостан. Для сравнения были использованы выровненные и обрезанные по длине последовательности фрагмента гена ND2 мтДНК пчел подвида *A.m.mellifera* Бурзянского (DQ181611 - DQ181613) и Татышлинского (DQ181614 - DQ181616) районов республики Башкортостан и *A.m.caucasica* (Ay114496). При сравнении с данными последовательностями были обнаружены 4 транзиции. При сравнении с кавказскими пчелами наблюдались 3 замены нуклеотидов, две из которых, в позициях 504 и 816, не приводили к аминокислотной замене, а одна, в позиции 752, – привела к замене треонина на изолейцин. У бирских пчел на-

блюдалась всего одна нуклеотидная замена, не влияющая на замену аминокислот, которая оказалась сходной с таковой кавказской (в позиции 816 – замена Т на С). При сравнении с татышлинскими образцами у одной из трех пчел (DQ181614) в позиции 536 была замена Т на С, которая приводила к аминокислотной замене изолейцина на треонин.

По генетическим расстояниям, полученным по методу Kimura 2-parameter программой MEGA 3.1 [4], на основании сравнения нуклеотидных последовательностей фрагмента гена ND2 мтДНК исследуемых популяций пчел была построена дендрограмма (рис. 1) с использованием метода кластеризации ближайшего соседа.

Анализ дендрограммы показал низкий уровень дифференциации представителей *A.m.mellifera* из Бурзянского и Татышлинского районов Республики Башкортостан. Наблюдались незначительные отличия представителей пчел Бирского района от татышлинских и бурзянских. Пчела подвида *A.m.caucasica* располагалась в отдельной внешней группе.

Таким образом, сравнительный анализ нуклеотидных последовательностей фрагмента гена ND2 мтДНК исследуемых популяций

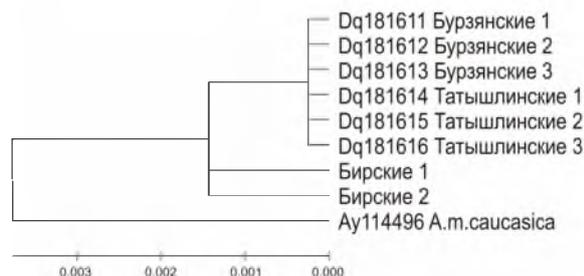


Рисунок 1. Дендрограмма генетического родства пчел по результатам секвенционного анализа фрагмента гена ND2 с использованием метода кластеризации ближайшего соседа

A.m.mellifera отражает их родство и общность происхождения: бирские пчелы гораздо ближе к среднерусским, чем к кавказским, следовательно, они обладают признаками среднерусских пчел, а кавказский генотип постепенно утрачивается, что, возможно, происходит под влиянием условий среды обитания, включающих также и антропогенный фактор.

Список использованной литературы:

1. Ильясов Р.А., Петухов А.В., Поскряков А.В., Николенко А.Г. На Урале сохранились четыре резервата пчелы среднерусской расы *Apis mellifera mellifera* L. // Пчеловодство. - 2006. - №2. - С. 19.
2. Николенко А.Г., Поскряков А.В. Полиморфизм локуса COI-COII митохондриальной ДНК *Apis mellifera* L. на Южном Урале // Генетика. - 2002. - №4. - С 458-462. Ильясов с соавт., 2006
3. Arias M.C., Sheppard W.S. Molecular phylogenetics of honey bee subspecies (*Apis mellifera* L.) inferred from mitochondrial DNA sequence // Molecular phylogenetics and evolution. - 1996. - V. 5. - V. 3. P. - 557-566. Ayala F.J. Genetic-polymorphism - from electrophoresis to DNA-sequences // Experientia. - 1983. - V. 39. - №8. - P. 813-823.
4. Nei, M., Kumar S. Molecular Evolution and Phylogenetics. Oxford University Press, Oxford. 2000. P. 450.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ 08-04-97039-р-поволжье-а.