

ОСОБЕННОСТИ ГЕНОМА МЕДОНОСНОЙ ПЧЕЛЫ - *APIS MELLIFERA*

Зяцьков С.А.¹, Гончаренко Г.Г.², Крук А.В.³

¹Зяцьков Сергей Александрович – старший преподаватель;

²Гончаренко Григорий Григорьевич – доктор биологических наук, профессор,
заведующий кафедрой;

³Крук Андрей Викторович – кандидат биологических наук, доцент,
кафедра зоологии, физиологии и генетики, биологический факультет,

Гомельский государственный университет им. Ф. Скорины,

г. Гомель, Республика Беларусь

Аннотация: в статье охарактеризованы особенности организации генома медоносной пчелы – *Apis mellifera*.

Ключевые слова: геном, медоносная пчела, *Apis mellifera*.

Исследования по анализу генома Пчелы медоносной (*Apis mellifera* Linnaeus, 1758) были начаты после завершения проекта «Геном человека» (2000), а первые результаты опубликованы в журнале Nature в 2006 г. [1].

A. mellifera вместе с некоторыми другими видами пчел и ос, а также с муравьями и термитами относится к общественным насекомым. Структура сообщества медоносной пчелы отличается большой сложностью, между его индивидами существует разделение в функциях, обусловившее их полную зависимость от всего сообщества в целом. Состоит пчелиная семья из одной матки, десятков тысяч пчел-работниц и нескольких сотен трутней, живущих только в летние месяцы (рисунок 1) [2].

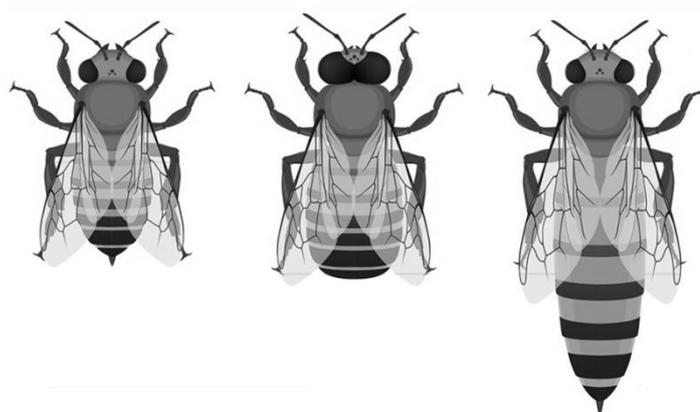


Рис. 1. Рабочая пчела (слева), трутень (посередине), матка (справа)

Известно, что у маток и рабочих особей медоносной пчелы диплоидный набор содержит 32 хромосомы, а гаплоидный – 16. У трутней во всех клетках содержится по 16 хромосом, это связано с тем что у пчел, муравьев и ряда других представителей отряда Hymenoptera половые хромосомы отсутствуют, поэтому самцы развиваются из неоплодотворенных яиц (партеногенетически) [1].

До медоносной пчелы процесс расшифровки генома был проведен только у нескольких видов насекомых – плодовой мушки *Drosophila melanogaster* Meigen, 1830; малярийного комара *Anopheles gambiae* Meigen, 1818 и тутового шелкопряда *Bombyx mori* Linnaeus, 1758 [3 - 5].

Исследования, проведенные Консорциумом по секвенированию генома медоносной пчелы, The Honeybee Genome Sequencing Consortium (HGSC) в 2014 г., позволили уточнить информацию по геному медоносной пчелы (2006), это было отражено в дополненной версии генома Amel_4.5. Дополненный геном *A. mellifera* составил $\sim 2,5 \times 10^8$ н.п. и включал уже 15 314 генов, что несколько приблизило ее к плодовой мушке [1, 6].

Необходимо отметить, что в геноме медоносной пчелы, также как, и в геноме плодовой мушки, количество микросателлитных локусов оказалось сходным: у *A. mellifera* число микросателлитов составило – более 2000, а у *D. melanogaster* – около 1300 [1, 3, 6].

Таким образом, несмотря на завершение проекта по секвенированию ядерного генома *A. mellifera* функции многих генов до конца еще не установлены [1, 6]. В этой связи дальнейшие молекулярно-генетические исследования с применением методов геномного анализа позволят раскрыть особенности структуры и функции генома медоносной пчелы.

Список литературы

1. The Honeybee Genome Sequencing Consortium Insights into social insects from the genome of the honeybee *Apis mellifera* // Nature, 2006. Т. 443(7114). С. 931–949.
2. Бурмистров А.Н. Энциклопедия пчеловода М.: ТИД Континент-Пресс, Континенталь-Книга, 2006. 480 с.
3. Adams M.D. The genome sequence of *Drosophila melanogaster* // Science. 2000. Т. 287. С. 2185–2195.
4. Holt R.A. The genome sequence of the malaria mosquito *Anopheles gambiae* // Science. 2002. Т. 298. С. 129–149.
5. Mita K. The genome sequence of silkworm, *Bombyx mori* // DNA Res., 2004. Т. 11. С. 27–35.
6. Юнусбаев У.Б. Роль полногеномных исследований в изучении биологии медоносной пчелы // Генетика. 2019. Т. 55. № 7. С. 778–787.