

*Г. Г. Гончаренко, С. А. Зятыков, А. В. Крук*  
*Гомельский государственный университет имени Ф. Скорины, Республика Беларусь*

## ПОПУЛЯЦИОННАЯ ГЕНОМИКА ЦЕННЫХ ШМЕЛЕЙ ЮГА БЕЛАРУСИ

Представители рода *Bombus* наряду с пчелами являются наиболее эффективными опылителями, как дикорастущих растений, так и сельскохозяйственных культур, поскольку хорошо приспособливаются к различным климатическим условиям и эффективно размножаются в искусственных популяциях [1]. В настоящее время широко распространено коммерческое разведение шмелей для опыления тепличных культур (томаты, дыни, красный перец и др.), так как они почти в три раза превосходят пчел по этим показателям и могут давать прибавку к урожаю в тепличных хозяйствах до 50 % [2]. Кроме того, они оказались менее прихотливыми и более устойчивыми к болезням и условиям внешней среды [3]. Следует подчеркнуть, что для преодоления инбридинга, который происходит при коммерческом разведении шмелей в тепличных хозяйствах зоологи используют особей из естественных популяций данного вида. При выборе естественной популяции и конкретных особей шмелей целесообразно знать состояние как популяционных генофондов и семей, так и генотипы отдельных особей. В этой связи изучение генетических процессов, протекающих в популяциях шмелей с использованием методов ПЦР, секвенирования [4] и геномного анализа являются крайне актуальным и позволяют проводить популяционно-генетические исследования на современном уровне.

Как отмечалось ранее геномные исследования перепончатокрылых насекомых было положено с анализа генома Пчелы медоносной (*Apis mellifera*) после 2000 г. Исследование проводила группа ученых из Консорциума по секвенированию генома медоносной пчелы (HGSC). Ранее расшифровка геномов насекомых была проведена у плодовой мушки *D. melanogaster*; малярийного комара *A. gambiae* и тутового шелкопряда *B. mori* [5].

Что же касается геномных исследований шмелей, то первые высококачественные черновики геномов были получены для двух видов шмелей в 2015 году: для *B. terrestris* (Bter\_1.0, AELG00000000.1) – исследователями из Медицинского колледжа Бейлора (Baylor College of Medicine, Техас, США), а для *B. impatiens* (BIMP\_2.0, AEQM00000000.2) – исследователями из Биотехнологического центра Иллинойсского университета (Biotechnology Center, University of Illinois (BCUI), Иллинойс, США) [6].

Необходимо отметить, что гаплоидный набор шмелей содержит 18 хромосом. Размеры геномов для *B. terrestris* и *B. impatiens* оказались приблизительно одинаковыми и составили  $\sim 2,5 \times 10^8$  н.п. и включали 10 581 и 10 632 белок-кодирующих генов, соответственно. Кроме того, необходимо отметить что геномы этих двух видов шмелей демонстрируют высокое сходство с ограниченным количеством перестроек в течение примерно 18 млн лет расхождения между двумя предковыми линиями. Для обоих геномов отмечено относительно небольшое количество повторяющихся элементов и низкое разнообразие транспозонов.

Необходимо отметить, что масштабное исследование геномов началось в 2018 г. в рамках проекта Earth BioGenome Project (EBP) целью которого было собрать все 1,8 миллионов геномов животных, обитающих на Земле. Молекулярно-генетические исследования в рамках этого проекта способствовали обновлению, а в некоторых случаях завершению сборки ядерных и митохондриальных геномов для 5 видов шмелей (*B. terrestris*, *B. pratorum*, *B. pascuorum*, *B. hypnorum*, *B. hortorum*) и 2 видов шмелей-кукушек (*B. campestris*, *B. sylvestris*) [7–13].

Опираясь на проведённые ранее исследования популяционных геномов шмелей были разработаны как митохондриальные (мт-фрагмент гена COI) так и ядерные (микросателлитные) маркеры для ДНК-анализа популяций шмелей Юга Беларуси [4, 5, 14]. Кроме того, разработана микросателлитная идентификационная панель, которая позволяет проводить точную генетическую дактилоскопию представителей рода *Bombus* с вероятностью совпадение генотипов у двух особей равной  $2 \times 10^{-7}$ .

## Список использованных источников

1. Winter, K. Importation of non-native bumblebees into North America: potential consequences of using *Bombus terrestris* and other non-native bumble bees for greenhouse crop pollination in Canada, Mexico, and the United States / K.Winter [et al.]. – San Francisco: North American Pollinator Protection Campaign (NAPPC), 2006. – 33 p.
2. Velthuis, H.H.W. A century of advances in bumblebee domestication and the economic and environmental aspects of its commercialization for pollination / H.H.W. Velthuis, A.Van. Doorn // Apidologie. – 2006. – Vol. 37. – P. 421-451.
3. Cejas, D Searching for Molecular Markers to Differentiate *Bombus terrestris* (Linnaeus) Subspecies in the Iberian Peninsula / D. Cejas, [et al.] // Sociobiology. – 2018. – Vol. 65(4). – P. 558–565.
4. Гончаренко, Г. Г. Анализ однонуклеотидного полиморфизма (SNP) в гаплотипах мт-гена COI у особей *B. terrestris* L. и *B. lucorum* L. в природных популяциях Юго-Востока Беларуси / Г. Г. Гончаренко, С. А. Зятьков // Веснік МДПУ імя І. П. Шамякіна, 2024. – № 1(63). – С. 17–21.
5. Гончаренко, Г. Г. Геномы и генетические процессы в популяциях ценных перепончатокрылых Беларуси и сопредельных территорий. / Г. Г. Гончаренко, С. А. Зятьков, А. В. Крук // Материалы научной конференции с международным участием, посвященной 85-летию со дня рождения академика Ю.П. Алтухова (11-14 октября 2022 г. Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, г. Москва). – М.: Ваш Формат, 2022 – С. 19.
6. Sadd, B. M. The genomes of two key bumblebee species with primitive eusocial organization / B.M. Sadd [et al.] // Genome Biology. – 2015. – Vol. 16. – № 76. – P. 1–32.
7. Crowley, L. M. The genome sequence of the Buff-tailed Bumblebee, *Bombus terrestris* (Linnaeus, 1758) [version 1; peer review: awaiting peer review] / L. M. Crowley [et al.] // Wellcome Open Research. – 2023. – Vol. 8:161. – P. 1–10.
8. Crowley, L. M. The genome sequence of the Early Bumblebee, *Bombus pratorum* (Linnaeus, 1761) [version 1; peer review: 2 approved] / L. M. Crowley [et al.] // Wellcome Open Research. – 2023. – Vol. 8:143. – P. 1–12.
9. Crowley, L. M. The genome sequence of the Common Carder Bee, *Bombus pascuorum* (Scopoli, 1763) [version 1; peer review: 2 approved] / L. M. Crowley [et al.] // Wellcome Open Research. – 2023. – Vol. 8:142. – P. 1–12.
10. Crowley, L. M. The genome sequence of the Tree Bumblebee, *Bombus hypnorum* (Linnaeus, 1758) [version 1; peer review: 1 approved, 1 approved with reservations] / L. M. Crowley [et al.] // Wellcome Open Research. – 2023. – Vol. 8:21. – P. 1–14.
11. Crowley, L. M. The genome sequence of the garden bumblebee, *Bombus hortorum* (Linnaeus, 1761) [version 1; peer review: 3 approved] / L. M. Crowley [et al.] // Wellcome Open Research. – 2023. – Vol. 8:270. – P.1-12.
12. Crowley, L. M. The genome sequence of the Forest Cuckoo Bee, *Bombus sylvestris* (Lepeletier, 1832) [version 1; peer review: 2 approved] / L. M. Crowley [et al.] // Wellcome Open Research. – 2023. – Vol. 8:78. – P.1-12.
13. Crowley, L. M. The genome sequence of the Field Cuckoo-bee, *Bombus campestris* (Panzer, 1801) [version 1; peer review: 2 approved] / L. M. Crowley [et al.] // Wellcome Open Research. – 2023. – Vol. 8:77. – P.1-12.
14. Гончаренко, Г. Г. Генетический полиморфизм микросателлитного локуса B-100 популяциях шмелей *Bombus terrestris* L. / Г.Г. Гончаренко, С. А. Зятьков, А. В. Крук // Известия ГГУ им. Ф. Скорины. – 2025. – № 3 (150). – С. 11–14.