



# БИОМИКА/BIOMICS

<http://biomics.ru>



## ОРГАНИЗАЦИЯ ГЕНОМА МЕДОНОСНОЙ ПЧЕЛЫ *APIS MELLIFERA*

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

Институт биохимии и генетики Уфимского научного центра Российской академии наук, г. Уфа, 450054  
E-Mail: [apismell@hotmail.com](mailto:apismell@hotmail.com)

### АННОТАЦИЯ

В статье представлен анализ ядерного и митохондриального геномов медоносной пчелы *Apis mellifera* в сравнении с геномом плодовой мушки *Drosophila melanogaster*. Ядерный геном медоносной пчелы размером около 245 млн. п. н. распределен между 16 хромосомами и содержит около 10 тыс. генов. Митохондриальный геном медоносной пчелы размером около 16 тыс. п. н. расположен в митохондриях и содержит 35 генов. Несмотря на полное секвенирование ядерного и митохондриального геномов медоносной пчелы, функции многих генов и локусов еще до конца не раскрыты.

**Ключевые слова:** ядерный геном, митохондриальный геном, *Apis mellifera*, медоносная пчела, гены, хромосомы.

Ядерный геном медоносной пчелы *Apis mellifera* размером 246 927 000 п.н. подразделен на 16 хромосом и содержит 10 157 генов (доступ в Генбанке AADG00000000) [Weinstock, 2006; Whitfield 2006], митохондриальный геном

размером 16 343 п.н. представлен кольцевой молекулой ДНК и содержит 35 генов (доступ в Генбанке NC\_001566) [Crozier Crozier, 1993] (рис. 1).

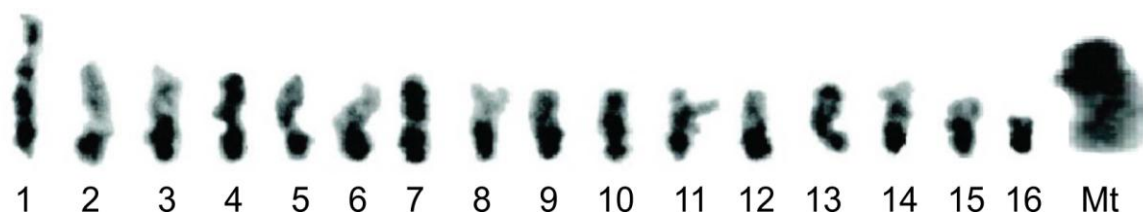


Рисунок 1. Ядерный геном медоносной пчелы *Apis mellifera*, представленный 16 хромосомами, и митохондриальный геном, представленный митохондриями.

Все 16 хромосом медоносной пчелы *A. mellifera* характеризуются разными размерами и

количеством генов (табл. 1) [Crozier Crozier, 1993].

Таблица 1

Характеристика хромосом и митохондриального генома медоносной пчелы

Хромосома	№ в генбанке	Число генов	Размер, п.н.
LG 1	NC_007070	1669	30000
LG 2	NC_007071	814	15500
LG 3	NC_007072	735	13200
LG 4	NC_007073	709	12700
LG 5	NC_007074	874	14400
LG 6	NC_007075	844	18500
LG 7	NC_007076	596	13200
LG 8	NC_007077	873	13500
LG 9	NC_007078	584	11100
LG 10	NC_007079	768	13000
LG 11	NC_007080	968	14700
LG 12	NC_007081	504	11900
LG 13	NC_007082	418	10300
LG 14	NC_007083	612	10300
LG 15	NC_007084	730	10200
LG 16	NC_007085	420	7200
Митохондрия	NC_001566	35	16300

Ядерный и митохондриальный геномы *A. mellifera* отличаются от *Drosophila melanogaster* высоким содержанием А+Т. Так ядерный геном у *A. mellifera* содержит 67% А+Т и 33% G+C, у *D. melanogaster* - 58% А+Т и 42% G+C. Митохондриальный геном у *A. mellifera* содержит 85% А+Т и 15% G+C, у *D. melanogaster* - 79% А+Т и 21% G+C [Jukes, Bhushan, 1986].

Ядерный и митохондриальный геномы *A. mellifera* характеризуются большей пространственной гетерогенностью А+Т богатых участков, более высоким содержанием CpG островков и отсутствием транспозонов наиболее распространенных семейств по сравнению с *D. melanogaster*. Гены ядерного генома *A. mellifera* характеризуются высоким содержанием G+C, но имеют тенденцию располагаться в А+Т богатых доменах. В белок кодирующих генах митохондриального генома *A. mellifera* А+Т приходится в основном на второй и третьей позиции кодона [Weinstock, 2006; Whitfield 2006].

Структура и расположение большинства сходных генов ядерного и митохондриального геномов *A. mellifera* отличаются от *D. melanogaster*. В митохондриальном геноме *A. mellifera* 11 генов тРНК имеют смещенное положение по сравнению с *D. melanogaster*. Генетический код митохондриальной ДНК *A. mellifera* сходен с *D. melanogaster*, но антикодоны двух тРНК отличаются [Weinstock, 2006; Whitfield 2006].

Гены ядерного генома *A. mellifera*,

отвечающие за циркадные ритмы, интерференцию РНК (RNAi) и метилирование ДНК имеют больше сходства с генами позвоночных, чем с *D. melanogaster*. Это можно объяснить параллельной эволюцией некоторых генов в ходе адаптации к условиям среды обитания. Геном *A. mellifera* содержит меньше генов естественного иммунитета, ферментов детоксикации, белков кутикулы и вкусовых рецепторов по сравнению с *D. melanogaster*. Однако *A. mellifera* содержит новые гены, связанные с обонятельными рецепторами, переработкой пыльцы и нектара, не встречающиеся у *D. melanogaster*. Видимо, это связано с экологией пчел и их социальной организацией [Wallberg et al., 2014].

В генах митохондриального генома *A. mellifera* трансверсии наблюдаются в два раза чаще транзиций, тогда как у *D. melanogaster* наоборот. Транзиции в генах митохондриального генома *A. mellifera* отмечаются в основном в третьей позиции кодона. Некоторые гены *A. mellifera* возникли в результате эволюционных преобразований генов общих предков с *D. melanogaster*. Так, ген *A. mellifera*, кодирующий основной протеин маточного молочка произошел от древнего гена *yellow*, встречающийся у *D. melanogaster*. Следует отметить, что скорость эволюционных преобразований ядерного и митохондриального генома *A. mellifera* меньше по сравнению с *D. melanogaster*. Однако геномы *A. mellifera* значительно больше дивергировали от общего предка, по сравнению с *D.*

*melanogaster* [Crozier et al., 1989; Crozier Crozier, 1992]. Возможно, что это связано малой эффективной численностью популяции *A. mellifera* и низкой скоростью обратного мутирования по сравнению с *D. melanogaster* [Crozier, 1980].

Микро РНК в ядерном геноме *A. mellifera* играют важную роль в регуляции социальной организации и кастовой дифференциации. Так, в ядерном геноме *A. mellifera* обнаружены новые микро РНК (miRNA), характеризующиеся кастово-специфичной экспрессией: miRNA C5599F больше всего экспрессируется в матках, C689F - в куколках, C5560 - в куколках рабочих особей [Whitfield et al., 2006].

На основе применения концепции молекулярных часов было рассчитано время дивергенции *A. mellifera* и *D. melanogaster* от общего предка, которое равнялось 300 млн. лет по ядерному геному и 280 млн. лет по митохондриальному. Считается, что все различия, которые наблюдаются между *A. mellifera* и *D. melanogaster*, произошли после их дивергенции. Эту гипотезу подтверждают различия, наблюдающиеся между *A. mellifera* и *D. melanogaster* на ранних стадиях развития [Crozier Crozier, 1993; Weinstock, 2006; Whitfield 2006].

Таким образом, несмотря на то, что было выполнено полное секвенирование ядерного и митохондриального геномов медоносной пчелы *A. mellifera*, функции многих генов и локусов еще до конца не раскрыты. Сравнительный анализ геномов разных видов насекомых с применением методов биоинформатики позволит раскрыть особенности структуры и функции генома медоносной пчелы *A. mellifera*.

## СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Crozier R. H., Crozier Y. C., Mackinlay A. G. The CO-I and CO-II region of the honeybee mitochondrial DNA: evidence for variation in insect mitochondrial evolutionary rates // *Molecular Biology and Evolution*. 1989. V. 6. P. 399-695.
2. Crozier R. H., Crozier Y. C. The cytochrome b and ATPase genes of honeybee mitochondrial DNA // *Molecular Biology and Evolution*. 1992. V. 9. P. 474-482.
3. Crozier R. H., Crozier Y. C. The mitochondrial genome of the honeybee *Apis mellifera*: complete sequence and genome organization // *Genetics*. 1993. V. 113. No. 1. P. 97-117.
4. Crozier R. H. Genetical structure of social insect populations // *Evolution of Social Behavior: Hypotheses and Empirical Tests*. Weinheim: Verlag Chemie. 1980. P. 129-146.
5. Jukes T. H., Bhushan V. Silent nucleotide substitutions and G + C content of some mitochondrial and bacterial genes // *Journal of Molecular Evolution*. 1986. V. 24. P. 39-44.
6. Wallberg A., Han F., Wellhagen G., et al. A worldwide survey of genome sequence variation provides insight into the evolutionary history of the honeybee *Apis mellifera* // *Nature Genetics*. 2014. V. 46. P. 1081-1088.
7. Weinstock G. M., Robinson G. E., Gibbs R. A., et al. Insights into social insects from the genome of the honeybee *Apis mellifera* // *Nature*. 2006. V. 443. No. 7114. P. 931-949.
8. Whitfield C. W., Behura S. K., Berlocher S. H., et al. Thrice out of Africa: ancient and recent expansions of the honey bee, *Apis mellifera* // *Science*. 2006. V. 314. P. 642-645.

## THE HONEY BEE *APIS MELLIFERA* GENOME ORGANISATION

Ilyasov R.A., Poskryakov A.V., Nikolenko A.G.

Institute of Biochemistry and Genetics, Ufa Research Center, Russian Academy of Sciences, Ufa, 450054  
E-Mail: [apismell@hotmail.com](mailto:apismell@hotmail.com)

### ABSTRACT

The analysis of the nuclear and the mitochondrial genomes of the honey bee *Apis mellifera* in comparison with genomes of fruit fly *Drosophila melanogaster* were showed in this article. The nuclear genome of the honey bee has about 245 millions b. p. which distributed in 16 chromosomes and contains about 10 thousands genes. The mitochondrial genome of the honey bee has about 16 thousands b. p. which located in mitochondrions and contains 35 genes. Despite the full sequencing of the nuclear and the mitochondrial genomes of the honey bee *Apis mellifera* the function of most genes and loci not clear yet.

**Keywords:** nuclear genome, mitochondrial genome, *Apis mellifera*, honey bee, genes, chromosomes.