

Научная статья
УДК 575.174:638.12
doi: 10.17223/19988591/69/16

Генетические исследования медоносной пчелы *Apis mellifera* L. в Томском государственном университете

Надежда Васильевна Островерхова¹

¹ Национальный исследовательский Томский государственный университет,
Томск, Россия

¹ <https://orcid.org/0000-0001-9837-4905>, nvostrov@mail.ru

Аннотация. Медоносная пчела *Apis mellifera* L. является одним из наиболее изучаемых видов насекомых во всем мире в связи с ее экологической и экономической значимостью. В Сибирь медоносная пчела завезена 240 лет назад; она хорошо адаптировалась к природно-климатическим условиям и растительности региона. Первые научные исследования медоносной пчелы проведены в Томском университете, открытом в 1888 г. В начале XX в. сотрудниками университета заложены научные основы пчеловодства, но систематические исследования медоносной пчелы, включая генетические, начались только спустя 100 лет. В научно-практическом центре «Апис» Томского государственного университета (ТГУ), созданном в 2004 г., проводятся исследования разных аспектов медоносной пчелы, включая оценку породного состава, генетического разнообразия, биологических и хозяйственных показателей пчелиных семей, зараженности болезнями, медоносной базы и др. В статье представлен краткий обзор научных исследований и достижений в области биологии и генетики медоносной пчелы, выполненных в ТГУ, а также перспектив их внедрения в практику пчеловодства и селекцию медоносной пчелы.

Ключевые слова: медоносная пчела, *Apis mellifera*, среднерусская порода, ДНК-маркеры, Сибирь

Для цитирования: Островерхова Н.В. Генетические исследования медоносной пчелы *Apis mellifera* L. в Томском государственном университете // Вестник Томского государственного университета. Биология. 2025. № 69. С. 139–146. doi: 10.17223/19988591/69/16

Original article
doi: 10.17223/19988591/69/16

Genetic research of the honey bee *Apis mellifera* L. at Tomsk State University

Nadezhda V. Ostroverkhova¹

¹ Tomsk State University, Tomsk, Russian Federation

¹ <https://orcid.org/0000-0001-9837-4905>, nvostrov@mail.ru

Summary. The honey bee *Apis mellifera* L. is one of the most studied insect species worldwide due to its ecological and economic importance. The honey bee was introduced into Siberia 240 years ago. It has adapted well to local natural conditions and

vegetation. The first scientific research on the honey bee was carried out at Tomsk University, opened in 1888. Systematic research of the honey bee, including genetic studies, has been carried out at Tomsk University since 2004, when the scientific and practical center "Apis" was created. Various aspects of the honey bee are studied: biological and genetic diversity, biological and economic signs of colonies, morbidity, honey resources, etc. This article is a brief overview of scientific research and achievements in the biology and genetics of the honey bee, carried out at TSU, as well as the prospects for their implementation in beekeeping practice.

Morphometric and mtDNA analysis showed that most bee colonies are hybrids between the dark forest bee and the southern bee subspecies. In Siberia, there are populations of the dark forest bee (Ob and Yenisei populations). According to the analysis of mtDNA and microsatellite loci, Siberian populations are the *Apis mellifera mellifera* Siberian ecotype, which differs from the dark forest bee of the Ural and European populations. An assessment of the adaptive potential (ecological and genetic characteristics) of bee colonies of the Ob and Yenisei populations showed their high viability and productivity in different regions of Siberia. These colonies were the basis of the breeding core in the *A. m. mellifera* bee farm. When breeding dark forest bees, we use both classical selection methods and introduce molecular selection. We are the first to identify microsatellite markers that can be used to predict *Nosema* disease in the dark forest bee. To select *A. m. mellifera* colonies that are highly productive for royal jelly, we use the *mrjp3* microsatellite locus, localized within the gene encoding the main royal jelly proteins (marker-associated selection). Research conducted at Tomsk State University contributes to the preservation of Siberian populations and the gene pool of the dark forest bee, the development of the best signs of bee colonies through further selection and the creation of highly productive lines.

The article contains 19 References.

Keywords: honeybee, *Apis mellifera*, dark forest bee, DNA markers, Siberia

For citation: Ostroverkhova NV. Genetic research of the honey bee *Apis mellifera* L. at Tomsk State University. *Vestnik Tomskogo gosudarstvennogo universiteta. Biologiya* = *Tomsk State University Journal of Biology*. 2025;69:139-146. doi: 10.17223/19988591/69/16

Введение

Медоносная пчела *Apis mellifera* L. завезена в Сибирь в 1786 г., но научные вопросы пчеловодства до начала XX в. практически не рассматривались. Первые научные исследования медоносной пчелы проведены учеными Томского университета и посвящены изучению медоносной базы пчел, оценке ряда показателей сибирского меда, а также разработке научных основ пчеловодства [1]. Систематические исследования биологии и генетики медоносной пчелы начались в Томском государственном университете (ТГУ) только в начале XXI в. [2–5], когда в ТГУ был создан научно-практический центр (НПЦ) «Апис». Основными направлениями центра являются оценка современного состояния популяций *A. mellifera* в Томской области, сохранение генофонда местных пчел и определение путей развития сибирского пчеловодства. Цель работы – краткий обзор исследований в области биологии и генетики медоносной пчелы, проводимых в ТГУ, а также описание научных достижений НПЦ «Апис» и перспектив их внедрения в практику пчеловодства и селекцию медоносной пчелы.

Исследование породности медоносной пчелы

В Сибири первоначально разводилась темная лесная пчела *Apis mellifera mellifera* L. (среднерусская порода, эволюционная линия М), которая хорошо приспособилась к местным природно-климатическим условиям и медоносной базе [1]. Первые случаи завоза в Сибирь других пород пчел описаны в 1920-х гг. С конца XX в. завоз коммерческих линий пчел южного происхождения (карпатских и краинских пчел, породы Бэкфаст и др.; эволюционная линия С), а часто пчел неизвестного происхождения, является массовым и практически неконтролируемым. Это привело к межпородной гибридизации пчел, уменьшению ареала темной лесной пчелы и потере ее чистопородности [2]. Гибридизация пчел и сокращение популяций аборигенных пчел – актуальная проблема мирового пчеловодства [6–9], причем подвид *A. m. mellifera* признан исчезающим в Европе [10, 11]. Гибриды менее адаптированы к изменяющимся условиям природной среды, характеризуются более высоким уровнем заболеваемости и снижением иммунитета [5, 12].

В условиях гибридизации классический морфометрический метод исследования пчел не всегда является информативным [3, 13]. Широко используется анализ полиморфизма митохондриальной ДНК (мтДНК), позволяющий определить происхождение семьи только по линии матки [14]. Разработанный сотрудниками НПЦ «Апис» алгоритм, включающий морфометрическое изучение трех параметров крыла и анализ межгенного локуса *COI-COII* мтДНК, позволяет однозначно установить породную принадлежность изучаемой семьи [2, 3].

Результаты исследования породного состава медоносных пчел с использованием метода морфометрии и мтДНК-анализа показали, что большинство пчелиных семей, обитающих в Сибири, являются гибридами [2]. Вместе с тем на территории Сибири выявлены популяции среднерусской породы (обская, енисейская и др.). Для пчел сибирских популяций описаны новые митотипы на основании секвенирования аллелей локуса *COI-COII* мтДНК, что позволяет предположить существование сибирского экотипа *A. m. mellifera* [4].

Генетическое разнообразие медоносной пчелы по микросателлитным локусам

Исследование медоносных пчел сибирских популяций, включая среднерусскую пчелу, с использованием микросателлитных локусов (SSR) позволило описать генетическое разнообразие местных пчел и оценить уровень интрогрессии генов линии С («южные» породы) в линию М (среднерусская порода).

На основании анализа полиморфизма 31 SSR-маркера разработана база данных по вариабельности микросателлитных локусов для пчел среднерусской породы, обитающей в Сибири, и проведена оценка информативности изученных ДНК-маркеров для идентификации разных пород пчел, относящихся к линиям М и С [2]. По степени информативности выявлены

ДНК-маркеры, имеющие породо- или экоспецифичные аллели. Выявлен низкий уровень интрогрессии генов линии С в линию М, что свидетельствует о чистопородности семей среднерусских пчел сибирских популяций. Сравнительный анализ генетического разнообразия пчел подвида *A. m. mellifera* разных популяций России (Сибирь, Урал (бурзянская популяция)) и Европы выявил существенные отличия выборок сибирских пчел от выборок пчел бурзянской и европейских популяций, что также подтверждает существование сибирского экотипа среднерусской породы [2, 3].

Эколого-генетические исследования медоносной пчелы

В последние годы в мировом пчеловодстве особое внимание уделяется исследованиям взаимодействий генетических и средовых факторов в различных популяциях *A. mellifera*, которые показывают лучшую адаптированность местных пчел по сравнению с завезенными коммерческими линиями и гибридами [15–17].

Для оценки адаптивного потенциала среднерусских пчел в условиях Сибири и сравнительной характеристики чистопородных и гибридных семей изучена многолетняя динамика биологических, поведенческих и хозяйственных признаков пчелиных семей [5]. Чистопородные семьи темных лесных пчел характеризуются более высокими показателями основных признаков по сравнению с гибридами. Результаты многолетнего эксперимента по перемещению семей темной лесной пчелы обской и енисейской популяций в новые условия обитания на территории Сибири свидетельствуют о высоком адаптационном потенциале семей, особенно при разведении в южных районах. Для повышения медопродуктивности семей в северных районах необходимы корректировка методов пчеловодения и проведение селекционных мероприятий.

С целью сохранения уникальных сибирских популяций и генофонда *A. m. mellifera* в Томской области создается пчелопитомник среднерусской породы, племенное ядро которого представлено семьями обской и енисейской популяций. На основе эколого-генетических исследований разрабатываются технологии по культивированию чистопородных пчел, повышению адаптированности и продуктивности семей в суровых природно-климатических условиях Сибири, включая программы селекции.

Селекционно-племенная работа в пчелопитомнике

Селекционно-племенная работа в пчелопитомнике, включающая классические методы и использование молекулярных маркеров, направлена на сохранение аборигенных популяций *A. m. mellifera* от скрещивания с завозимыми пчелами, повышение генетического и адаптационного потенциала темной лесной пчелы, хорошо приспособленной к условиям Сибири. Нами впервые выявлены микросателлитные локусы, значимые для определения риска развития нозематоза у темной лесной пчелы [18]. Для отбора высоко-

продуктивных по маточному молочку семей *A. m. mellifera* нами используется микросателлитный локус *mrjp3*, локализованный в гене, кодирующем основные белки маточного молочка (маркер-опосредованная селекция) [19].

Заключение

Исследования, проводимые в Томском государственном университете, способствуют сохранению сибирских популяций и генофонда темной лесной пчелы, развитию лучших признаков пчелиных семей путем дальнейшей селекции и создания высокопродуктивных линий. Полученные результаты являются основой научно обоснованного алгоритма проведения селекционной работы по отбору и разведению семей темной лесной пчелы, адаптированных к локальным природно-климатическим условиям и обладающих высокими хозяйственно полезными признаками. Дальнейшие исследования будут направлены на создание высокопродуктивных селекционных линий темной лесной пчелы и проведение генетической паспортизации семей. Перспективными являются исследования, связанные с поиском ДНК-маркеров, ассоциированных с хозяйственными признаками, например, продуктивностью маточного молочка или устойчивостью к болезням, а также разработка подходов для проведения молекулярной селекции медоносной пчелы.

Список источников

1. Конусова О.Л., Погорелов Ю.Л., Островерхова Н.В., Нечипуренко А.О., Воротов А.А., Климова Е.А., Прокопьев А.С. Медоносная пчела и пчеловодство в Томской области: прошлое, настоящее и будущее // Вестник Томского государственного университета. Биология. 2009. № 4 (8). С. 15–28.
2. Островерхова Н.В., Россейкина С.А., Конусова О.Л., Кучер А.Н., Киреева Т.Н. Разнообразие медоносной пчелы *Apis mellifera* L. в Томской области по морфометрическим и молекулярно-генетическим маркерам // Вестник Томского государственного университета. Биология. 2019. № 47. С. 142–173. doi: 10.17223/19988591/47/8
3. Островерхова Н.В., Конусова О.Л. Некоторые проблемы идентификации подвидов медоносной пчелы и их решение на примере изучения *Apis mellifera* в Сибири // Сельскохозяйственная биология. 2022. Т. 57, № 2. С. 283–303. doi: 10.15389/agrobiology.2022.2.283rus
4. Ostroverkhova N.V., Rosseykina S.A. Novel haplotypes of the COI-COII mtDNA region in the dark forest bee, *Apis mellifera mellifera* L., 1758 // Russian Entomological Journal. 2023. Vol. 32, № 4. PP. 416–425. doi: 10.15298/rusentj.32.4.08
5. Ostroverkhova N.V., Rosseykina S.A., Yaltonskaya I.A., Filinov M.S. Estimates of the vitality and performances of *Apis mellifera mellifera* and hybrid honey bee colonies in Siberia: a 13-year study // PeerJ. 2024. Vol. 12. e17354. doi: 10.7717/peerj.17354
6. Ильясов Р.А., Поскряков А.В., Петухов А.В., Николенко А.Г. Молекулярно-генетический анализ пяти сохранившихся резерватов темной лесной пчелы *Apis mellifera mellifera* Урала и Поволжья // Генетика. 2016. Т. 52, № 8. С. 931–942. doi: 10.7868/S0016675816060059
7. De la Rúa P., Jaffé R., Dall'Olio R., Muñoz I., Serrano J. Biodiversity, conservation and current threats to European honeybees // Apidologie. 2009. Vol. 40, № 3. PP. 263–284. doi: 10.1051/apido/2009027
8. Pinto M.A., Henriques D., Chávez-Galarza J., Kryger P., Garnery L., van der Zee R., Dahle B., Soland-Reckeweg G., De la Rúa P., Dall'Olio R., Carreck N.L., Johnston J.S. Genetic integrity of the dark European honey bee (*Apis mellifera mellifera*) from protected

- populations: a genome-wide assessment using SNPs and mtDNA sequence data // Journal of Apicultural Research. 2014. Vol. 53. PP. 269–278. doi: 10.3896/IBRA.1.53.2.08
9. Parejo M., Henriques D., Pinto M.A., Soland-Reckeweg G., Neuditschko M. Empirical comparison of microsatellite and SNP markers to estimate introgression in *Apis mellifera mellifera* // Journal of Apicultural Research. 2018. Vol. 57, № 4. PP. 551–564. doi: 10.1080/00218839.2018.1494894
 10. Jensen A.B., Palmer K.A., Boomsma J.J., Pedersen B.V. Varying degrees of *Apis mellifera ligustica* introgression in protected populations of the black honeybee, *Apis mellifera mellifera*, in northwest Europe // Molecular Ecology. 2005. Vol. 14, № 1. PP. 93–106. doi: 10.1111/j.1365-294X.2004.02399.x
 11. Muñoz I., Henriques D., Johnston J.S., Chávez-Galarza J., Kryger P., Pinto M.A. Reduced SNP panels for genetic identification and introgression analysis in the dark honey bee (*Apis mellifera mellifera*) // PLoS One. 2015. Vol. 10, № 4. e0124365. 18 p. doi: 10.1371/journal.pone.0124365
 12. Монахова М.А., Горячева И.И., Кривцов Н.И. Генетическая паспортизация *Apis mellifera*. Проблемы и методы // Пчеловодство. 2009. № 4. С. 12–13.
 13. Nawrocka A., Kandemir İ., Fuchs S., Tofilski A. Computer software for identification of honey bee subspecies and evolutionary lineages // Apidologie. 2018. Vol. 49. PP. 172–184. doi: 10.1007/s13592-017-0538-y
 14. Meixner M.D., Pinto M.A., Bouga M., Kryger P., Ivanova E., Fuchs S. Standard methods for characterising subspecies and ecotypes of *Apis mellifera* // Journal of Apicultural Research. 2013. Vol. 52, № 4. PP. 1–28. doi: 10.3896/IBRA.1.52.4.05
 15. Büchler R., Costa C., Hatjina F., Andonov S., Meixner M.D., Le Conte Y., Uzunov A., Berg S., Bienkowska M., Bouga M., Drazic M., Dyrba W., Kryger P., Panasiuk B., Pechhacker H., Petrov P., Kezić N., Korpela S., Wilde J. The influence of genetic origin and its interaction with environmental effects on the survival of *Apis mellifera* L. colonies in Europe // Journal of Apicultural Research. 2014. Vol. 53, № 2. PP. 205–214. doi: 10.3896/IBRA.1.53.2.03
 16. Meixner M.D., Kryger P., Costa C. Effects of genotype, environment, and their interactions on honey bee health in Europe // Current Opinion in Insect Science. 2015. Vol. 10. PP. 177–184. doi: 10.1016/j.cois.2015.05.010
 17. Kovačić M., Puškadija Z., Dražić M.M., Uzunov A., Meixner M.D., Büchler R. Effects of selection and local adaptation on resilience and economic suitability in *Apis mellifera carnica* // Apidologie. 2020. Vol. 51, № 11. PP. 1062–1073. doi: 10.1007/s13592-020-00783-0
 18. Ostroverkhova N.V. Association between the microsatellite Ap243, AC117 and SV185 polymorphisms and *Nosema* disease in the dark forest bee *Apis mellifera mellifera* // Veterinary Sciences. 2021. Vol. 8. 2. doi: 10.3390/vetsci8010002
 19. Parpinelli R.S., Ruvolo-Takasusuki M.C.C., Toledo V.A.A. MRJP microsatellite markers in Africanized *Apis mellifera* colonies selected on the basis of royal jelly production // Genetics and Molecular Research. 2014. Vol. 13, № 3. PP. 6724–6733. doi: 10.4238/2014.August.28.16

References

1. Konusova OL, Pogorelov YuL, Ostroverkhova NV, Nechipurenko AO, Vorotov AA, Klimova EA, Prokopiev AS. Honey bee and bee-farming in the Tomsk region: Past, present and future. *Vestnik Tomskogo gosudarstvennogo universiteta. Biologiya = Tomsk State University Journal of Biology*. 2009;4(8):15-28. In Russian
2. Ostroverkhova NV, Rosseykina SA, Konusova OL, Kucher AN, Kireeva TN. Diversity of the honeybee *Apis mellifera* L. in Tomsk region according to morphometric and molecular genetic markers. *Vestnik Tomskogo Gosudarstvennogo Universiteta. Biologiya - Tomsk State University Journal of Biology*. 2019;47:142-173. doi: 10.17223/19988591/47/8. In Russian, English summary

3. Ostroverkhova NV, Konusova OL. Some problems of identification of honeybee subspecies and their solution on the example of studying the *Apis mellifera* in Siberia. *Sel'skokhozyaistvennaya Biologiya*. 2022;57(2):283-303. doi: 10.15389/agrobology.2022.2.283rus. In Russian, English summary
4. Ostroverkhova NV, Rosseykina SA. Novel haplotypes of the COI-COII mtDNA region in the dark forest bee, *Apis mellifera mellifera* L., 1758. *Russian Entomological Journal*. 2023;32(4):416-425. doi: 10.15298/rusentj.32.4.08
5. Ostroverkhova NV, Rosseykina SA, Yaltonskaya IA, Filinov MS. Estimates of the vitality and performances of *Apis mellifera mellifera* and hybrid honey bee colonies in Siberia: a 13-year study. *PeerJ*. 2024;12:e17354. doi: 10.7717/peerj.17354
6. Ilyasov RA, Poskryakov AV, Petukhov AV, Nikolenko AG. Molecular genetic analysis of five extant reserves of black honeybee *Apis mellifera mellifera* in the Urals and the Volga region. *Russian Journal of Genetics*. 2016;52(8):828-839. doi: 10.1134/S1022795416060053
7. De la Rúa P, Jaffé R, Dall'Olio R, Muñoz I, Serrano J. Biodiversity, conservation and current threats to European honeybees. *Apidologie*. 2009;40(3):263-284. doi: 10.1051/apido/2009027
8. Pinto MA, Henriques D, Chávez-Galarza J, Kryger P, Garnery L, van der Zee R, Dahle B, Soland-Reckeweg G, De la Rúa P, Dall'Olio R, Carreck NL, Johnston JS. Genetic integrity of the dark European honey bee (*Apis mellifera mellifera*) from protected populations: a genome-wide assessment using SNPs and mtDNA sequence data. *Journal of Apicultural Research*. 2014;53:269-278. doi: 10.3896/IBRA.1.53.2.08
9. Parejo M, Henriques D, Pinto MA, Soland-Reckeweg G, Neuditschko M. Empirical comparison of microsatellite and SNP markers to estimate introgression in *Apis mellifera mellifera*. *Journal of Apicultural Research*. 2018;57(4):551-564. doi: 10.1080/00218839.2018.1494894
10. Jensen AB, Palmer KA, Boomsma JJ, Pedersen BV. Varying degrees of *Apis mellifera ligustica* introgression in protected populations of the black honeybee, *Apis mellifera mellifera*, in northwest Europe. *Molecular Ecology*. 2005;14(1):93-106. doi: 10.1111/j.1365-294X.2004.02399.x
11. Muñoz I, Henriques D, Johnston JS, Chávez-Galarza J, Kryger P, Pinto MA. Reduced SNP panels for genetic identification and introgression analysis in the dark honey bee (*Apis mellifera mellifera*). *PLoS One*. 2015;10(4):e0124365. doi: 10.1371/journal.pone.0124365
12. Monahova MA, Goryacheva II, Krivcov NI. Geneticheskaya passportizaciya *Apis mellifera*. Problemy i metody [Genetic certification of *Apis mellifera*. Problems and methods]. *Pchelovodstvo = Beekeeping*. 2009;4:12-13. In Russian
13. Nawrocka A, Kandemir İ, Fuchs S, Tofilski A. Computer software for identification of honey bee subspecies and evolutionary lineages. *Apidologie*. 2018;49:172-184. doi: 10.1007/s13592-017-0538-y
14. Meixner MD, Pinto MA, Bouga M, Kryger P, Ivanova E, Fuchs S. Standard methods for characterising subspecies and ecotypes of *Apis mellifera*. *Journal of Apicultural Research*. 2013;52(4):1-28. doi: 10.3896/IBRA.1.52.4.05
15. Büchler R, Costa C, Hatjina F, Andonov S, Meixner MD, Le Conte Y, Uzunov A, Berg S, Bienkowska M, Bouga M, Drazic M, Dyrba W, Kryger P, Panasiuk B, Pechhacker H, Petrov P, Kezić N, Korpela S, Wilde J. The influence of genetic origin and its interaction with environmental effects on the survival of *Apis mellifera* L. colonies in Europe. *Journal Apicultural Research*. 2014;53(2):205-214. doi: 10.3896/IBRA.1.53.2.03
16. Meixner MD, Kryger P, Costa C. Effects of genotype, environment, and their interactions on honey bee health in Europe. *Current Opinion in Insect Science*. 2015;10:177-184. doi: 10.1016/j.cois.2015.05.010
17. Kovačić M, Puškadija Z, Dražić MM, Uzunov A, Meixner MD, Büchler R. Effects of selection and local adaptation on resilience and economic suitability in *Apis mellifera carnica*. *Apidologie*. 2020;51(11):1062-1073. doi: 10.1007/s13592-020-00783-0
18. Ostroverkhova NV. Association between the microsatellite Ap243, AC117 and SV185 polymorphisms and *Nosema* disease in the dark forest bee *Apis mellifera mellifera*. *Veterinary Sciences*. 2021;8(1):2. doi: 10.3390/vetsci8010002

19. Parpinelli RS, Ruvolo-Takasusuki MCC, Toledo VAA. MRJP microsatellite markers in Africanized *Apis mellifera* colonies selected on the basis of royal jelly production. *Genetics and Molecular Research*. 2014;13(3):6724-6733. doi: 10.4238/2014.August.28.16

Информация об авторе:

Островерхова Надежда Васильевна, доцент, д-р биол. наук, профессор кафедры зоологии беспозвоночных Томского государственного университета (Томск, Россия).

ORCID iD: <https://orcid.org/0000-0001-9837-4905>

E-mail: nvostrov@mail.ru

Автор заявляет об отсутствии конфликта интересов.

Information about the author:

Nadezhda V. Ostroverkhova, Dr. Sci. (Biol.), Prof., Department of Invertebrate Zoology, Institute of Biology, Tomsk State University (Tomsk, Russia).

ORCID iD: <https://orcid.org/0000-0001-9837-4905>

E-mail: nvostrov@mail.ru

The Author declares no conflict of interest.

*Статья поступила в редакцию 25.08.2024;
одобрена после рецензирования 20.11.2024; принята к публикации 03.03.2025.*

*The article was submitted 25.08.2024;
approved after reviewing 20.11.2024; accepted for publication 03.03.2025.*