ЗООЛОГИЧЕСКИЙ ЖУРНАЛ, 2016, том 95, № 3, с. 1–7

УДК 575.174:595.799

ИССЛЕДОВАНИЕ ПОЛИАНДРИИ У МЕДОНОСНОЙ ПЧЕЛЫ (*APIS MELLIFERA*) С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ МИКРОСАТЕЛЛИТНЫХ ЛОКУСОВ

© 2016 г. Н. В. Островерхова, О. Л. Конусова, А. Н. Кучер, Т. Н. Киреева

Национальный исследовательский Томский государственный университет, Томск 634050, Россия

e-mail: nvostrov@mail.ru

Поступила в редакцию 07.05.2015 г.

Полиандрия представляет собой специфическое явление, которое обеспечивает увеличение генетического разнообразия. С целью анализа уровня полиандрии, оценки вклада трутней в генетическое разнообразие семей медоносной пчелы *Apis mellifera* L. проведено изучение 3 микросателлитных локусов (A008, Ap049, AC117) у пчелосемей разного происхождения (среднерусской и карпатской пород, гибридов), обитающих на территории Томской обл. Доля привнесенных в пчелосемью аллелей по линии самцов в семьях 6.67–28.0%. Наибольшим генетическим разнообразием характеризовались гибридные пчелосемьи (показана более высокая доля привнесенных аллелей по линии самцов – 25–28%).

Ключевые слова: полиандрия, медоносная пчела, *Apis mellifera* L., микросателлитный анализ, локусы A008, Ap049, AC117.

DOI: 10.7868/S0044513416030119

Полиандрия распространена у различных животных, в том числе у общественных насекомых, и представляет собой специфическое явление, суть которого заключается в участии нескольких самцов в осеменении одной самки. Среди эволюционных преимуществ полиандрии у медоносной пчелы – повышение генетического разнообразия семьи, что увеличивает ее жизнеспособность и устойчивость к болезням, снижает паразитарную нагрузку, расширяет поведенческий репертуар рабочих особей и диапазон условий окружающей среды, переносимых семьями; уменьшает риск получения нежизнеспособных диплоидных самцов в семье (Page, 1980; Laidlaw, Page, 1984; Fushs, Moritz, 1998; Tarpy, Page, 2002; Palmer, Oldroyd, 2003; Kraus et al., 2004; Mattila, Seeley, 2007; Seeley, Tarpy, 2007; Mattila et al., 2008; Brodschneider et al., 2012; Рязанова, 2011, 2013; Mattila, Seeley, 2014; Tarpy et al., 2013, 2015).

У медоносной пчелы матка живет обычно около двух–трех лет, осеменяется десятью и более трутнями в процессе брачного полета, который она совершает в течение нескольких дней на расстоянии до 10–15 км от улья. После возвращения матки в улей только небольшая часть (5–10%) сперматозоидов, полученных от разных трутней, мигрируют в семяприемник и используются в течение остальной ее жизни для оплодотворения яиц (Brodschneider et al., 2012).

Исследования полиандрии у медоносных пчел проводились на природных популяциях, на управляемых человеком колониях в естественных условиях и в эксперименте, на искусственно оплодотворенных матках; для таких работ привлекались как гистологические и морфометрические, так и молекулярно-генетические методы. При использовании разных методов получены противоречивые данные о числе трутней, участвующих в осеменении матки, у пчел различных подвидов и популяций; влиянии географических и экологических условий на процесс спаривания; характере накопления и распределения спермы разных трутней в семяприемнике и последовательности ее использования и т.д. (Haberl, Tautz, 1998; Kraus et al., 2004; Brodschneider et al., 2012; Evison et al., 2013; Броварский, 2014; DeFelice et al., 2015; Tarpy et al., 2015). В целом, несмотря на значительный интерес к вопросу полиандрии у пчел, все еще не хватает убедительных эмпирических данных, важных для понимания как частных вопросов оплодотворения, так и адаптивной ценности полиандрии (Kraus et al., 2004; Seeley, Tarpy, 2007; De Felice et al., 2015; Tarpy et al., 2015). В настоящее время к числу наиболее перспективных подходов к анализу полиандрии и других особенностей репродукции у медоносных пчел относится анализ микросателлитных локусов (Couvillon et al.,

Таблица 1. Характеристика пчелосемей

Локализация пасеки	№ семьи	Число исследованных особей	Варианты локуса COI-COII мтДНК	Морфометрические показатели		Принадлежность к породе пчелосемьи	Хозяйственно-значимые показатели
				кубитальный индекс, усл. ед.	гантельный индекс, усл. ед.		
				$M \pm m$	$M \pm m$		
п. Заречный	1	29	PQQQ	1.66 ± 0.04	0.826 ± 0.009	Среднерусская	Сильные, зимостойкие, продуктивные
	2	30	PQQQ	1.64 ± 0.06	0.865 ± 0.012	Среднерусская	
с. Семилужки	1	31	Q	2.51 ± 0.05	1.050 ± 0.007	Карпатская	Сильная, высокопродуктивная по меду и маточному молочку
	2	26	PQQ	1.68 ± 0.07	0.830 ± 0.026	Среднерусская	Сильная, продуктивная
п. Курлек	1	24	Q	1.66 ± 0.04	0.878 ± 0.011	Помесь на основе южной породы	Слабые, заражены нозематозом
	2	25	PQQQ	2.14 ± 0.07	0.937 ± 0.010	Помесь на основе среднерусской	
п. Синий Утес	1	24	Q	2.37 ± 0.06	0.931 ± 0.012	Помесь на основе карпатской (южной) породы	Сильная

Примечание. Определение породности проведено на основании европейского стандарта пород медоносной пчелы: 1) среднерусская порода (*A. m. mellifera*) – варианты PQQ или PQQQ локуса COI-COII мтДНК, среднее значение кубитального индекса 1.7; значение гантельного индекса не более 0.923; 2) южные породы имеют вариант Q локуса COI-COII мтДНК и представлены двумя породами: а) карпатская порода (*A. m. carpatica*) – среднее значение кубитального индекса 2.65, значение гантельного индекса не менее 0.925; б) кавказская порода (*A. m. caucasica*) – среднее значение кубитального индекса 2.0, гантельный индекс не установлен (Cauia et al., 2008). $M \pm m$ – среднее значение признака с ошибкой.

2010; Tarpy et al., 2010, 2015; Brodschneider, 2012; Mattila, Seeley, 2014; DeFelice et al., 2015).

Цель настоящего исследования – на основании анализа микросателлитных локусов оценить участие трутней других семей в осеменении матки и определить их роль в формировании генетических особенностей в пчелосемьях разного происхождения.

МАТЕРИАЛ И МЕТОДЫ

Материалом для исследования послужили рабочие пчелы, отобранные от 7 пчелосемей четырех пасек Томского р-на Томской обл.: п. Заречный, с. Семилужки, п. Курлек и п. Синий Утес; в семьях обследовано от 22 до 31 особи (табл. 1). Происхождение пчелосемей было установлено по данным локуса COI-COII мтДНК (Островерхова и др., 2015) и двух породоопределяющих морфометрических признаков – кубитального и гантельного индексов; учитывалась также информация пчеловодов о происхождении семьи. Все исследованные пчелосемьи имели маток второго года.

Пчелосемьи с пасеки в п. Заречный имеют происхождение от среднерусской породы (табл. 1); порода культивируется на пасеке с момента ее образования в 1956 г., и завоз семей других пород не проводился. Пчелосемьи с пасеки с. Семилужки различаются по породному составу: семья 1 – карпатской породы (приобретена в пчелопитомнике карпатской породы г. Мукачево Закарпатской области, Украина в 2012 г.); семья 2 – среднерусской породы. Обе пчелосемьи с пасеки в п. Курлек являются гибридными: у пчел наблюдается несоответствие данных морфометрического и мтДНК-анализа (табл. 1). Пчелосемья с пасеки п. Синий Утес была приобретена в пчелопи-

томнике карпатской породы в 2011 г., но в связи с естественной заменой матки представляет собой гибрид карпатской и среднерусской пород. Семьи различались между собой по хозяйственно-значимым показателям (табл. 1).

Изучен полиморфизм трех микросателлитных локусов: динуклеотида A008 (rs267233127), тринуклеотида Ap049 (rs267233076) и тетрануклеотида AC117 (rs267233481). ПЦР проводили согласно описанной ранее методике с применением специфических праймеров (Solignac et al., 2003). Генотипирование выполняли на базе Центра коллективного пользования ФГБНУ "НИИ медицинской генетики" (г. Томск) на генетическом анализаторе ABI Prism 3730 с применением стандартов длины молекул ДНК GeneScan500-ROX в условиях, рекомендуемых производителем. Анализ размера фрагментов осуществляли с помощью программного обеспечения GeneMapper Software.

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

Для определения участия разных трутней в осеменении матки и уровня полиандрии проведен анализ генетических особенностей пчелосемей по микросателлитным локусам A008, Ap049 и AC117 (табл. 2). Первоначально был определен предполагаемый генотип матки на основании распределения генотипов в пчелосемье, а затем установлены привнесенные аллели по линии самцов (табл. 3).

Генетические особенности семьи определяются генотипами матки и трутней, которые участвовали в осеменении. Если матка осеменяется трутнями той же семьи, к которой она принадлежит, то спектр аллелей у ее потомков (рабочих особей) будет полностью соответствовать аллелям матки. При участии в осеменении трутней других пчелосемей, спектр аллелей у пчел может быть расширен за счет привнесенных "новых" вариантов по линии "чужих" самцов.

В настоящем исследовании по отдельным локусам выявлены пчелосемьи, особи которых имеют генотипы только данных семей (табл. 2). Так, в семье 2 п. Заречный (локус A008) и в семье 1 с. Семилужки (локус AC117) все особи имели гомозиготные генотипы – "162–162" и "184–184", соответственно (аналогичны генотипам матки). Семьи п. Заречный и семья 2 с. Семилужки, семьи п. Курлек и п. Синий Утес имеют гетерозиготных маток по изученным локусам. Однако, если принять во внимание данные по всем трем изученным локусам (A008, Ap049, AC117), то ни для одной пчелосемьи нельзя сделать заключение о том, что оплодотворение происходило спермой трутней той же семьи, к которой принадлежит матка.

Все исследованные пчелосемьи характеризуются наличием дополнительных аллелей, не относящихся к "родным" для соответствующих семей, но встречающихся с низкой частотой (табл. 3), что указывает на участие других трутней в осеменении. Число дополнительных аллелей, привнесенных трутнями иных пчелосемей, варьирует от 1 до 4. Эти данные согласуются с другими исследованиями, выполненными с использованием аналогичного дизайна: от 0 до 4 разных вариантов отцовских линий регистрировались у пчел семей африканского происхождения по локусу *mrjp* (Parpinelli et al., 2014). В настоящем исследовании наименьшее число привнесенных аллелей (1–2) выявлено в пчелосемьях на пасеках, где контролируется породность (п. Заречный, с. Семилужки), и максимальное число дополнительных аллелей (3–4) – на гибридных пасеках (п. Синий Утес, п. Курлек). По отдельным локусам в семьях обнаружено от 0 до 2 дополнительных аллелей: по локусам A008 (всего выявлено 7 аллелей) и Ap049 (всего 4 аллеля) – от 0 до 2; по локусу AC117 (всего 3 аллеля) – 0 или 1. Так, по локусу A008 в семье 1 (п. Заречный, генотип матки "162–174") зарегистрирован один дополнительный аллель ("172") с низкой частотой (0.0345), тогда как в семье 2 (п. Курлек, генотип матки "162–162") выявлено два "чужих" аллеля ("152", "172", частота каждого – 0.0400), что может указывать на влияние трутней других семей.

Brodschneider с соавторами (2012) показали, что если в течение трех месяцев после осеменения маток происходит последовательное использование спермы, поступившей от разных самцов, по мере ее расположения в семяприемнике (регистрируется изменение генотипического состава потомков пчелосемьи и представленности разных отцовских линий), то с течением времени сперма в семяприемнике перемешивается, и с возраста матки 1 год генотипический состав особей внутри семьи стабилизируется, наблюдается выравнивание в представленности различных отцовских линий в генофонде семьи. В то же время, в настоящем исследовании у потомков матки на втором году жизни выявлены дополнительные аллели с низкой частотой регистрации. Возможно, матка предпочитает трутней своей семьи или трутней со схожей генотипической структурой. В некоторых работах показано, что редкие варианты, близкие к пределу обнаружения, значительно не изменяют своей представленности со временем (Brodschneider et al., 2012). Это может быть связано либо с тем, что некоторые трутни вносят меньший вклад в общую сумму спермы во время брачных полетов, либо потомство этих трутней недостаточно представлено из-за других механизмов, работающих после совокупления (нежизнеспособность и др.). Так, в семье 1 (п. Заречный) по локусу A008 не регистрируется гомози-

Таблица 2. Характеристика изменчивости микросателлитных локусов у медоносных пчел в семьях различного происхождения

Локализация пасеки	№ семьи, порода	Варианты локуса COI-COII мтДНК	Локус A008		Локус Ap049		Локус AC117	
			генотипы	частота генотипов	генотипы	частота генотипов	генотипы	частота генотипов
п. Заречный	1, средне-русская	PQQQ	162–162	0.414	126–126	0.759	176–184	0.379
			162–174	0.517	126–129	0.241	180–184	0.069
			172–174	0.069		***n* = 29**	184–184	0.552
				***n* = 29**				***n* = 29**
	2, средне-русская	PQQQ	162–162	1.000	126–126	0.400	176–176	0.100
				***n* = 30**	126–129	0.400	176–180	0.067
					129–129	0.200	176–184	0.333
						***n* = 30**	184–184	0.500
								***n* = 30**
с. Семи-лужки	1, карпат-ская	Q	174–174	0.323	120–129	0.032	184–184	1.000
			174–178	0.516	120–138	0.065		***n* = 31**
			178–178	0.161	129–138	0.548		
				***n* = 31**	138–138	0.355		
						***n* = 31**		
	2, средне-русская	PQQ	152–162	0.077	126–126	0.120	180–180	0.077
			162–162	0.808	126–129	0.240	180–184	0.308
			162–172	0.038	129–129	0.640	184–184	0.615
			172–172	0.077		***n* = 25**		***n* = 26**
				***n* = 26**				
п. Курлек	1, помесь на основе южной породы	Q	162–162	0.667	126–126	0.826	180–184	0.083
			162–172	0.333	126–138	0.174	184–184	0.917
				***n* = 24**		***n* = 23**		***n* = 24**
	2, помесь на основе среднерус-ской породы	PQQQ	152–162	0.080	126–126	0.800	180–184	0.280
			162–162	0.840	126–129	0.080	184–184	0.720
			162–172	0.080	126–138	0.080		***n* = 25**
				***n* = 25**	129–138	0.040		
						***n* = 25**		
п. Синий Утёс	1, помесь на основе карпатской (южной) породы	Q	152–152	0.091	126–126	0.208	176–180	0.042
			152–162	0.500	126–138	0.250	180–184	0.375
			152–170	0.045	138–138	0.542	184–184	0.583
			162–162	0.136		***n* = 24**		***n* = 24**
			162–168	0.045				
			162–170	0.182				
				***n* = 22**				

n – число обследованных особей.

готный генотип “174–174”, несмотря на высокую частоту встречаемости аллеля “174”.

Доля привнесенных в пчелосемью аллелей по линии самцов в исследованных семьях варьировала и по данным совокупности исследованных локусов можно сделать вывод, что в 6.67–28.0% случаев особи являлись потомками “чужих” трутней (табл. 3). Однако эти оценки следует рассматривать как заниженные (минимально возможные), так как в осеменении маток могут принимать участие трутни из других семей, имеющие те же аллели, что и матки обследованных семей.

Таблица 3. Характеристика генотипов матки (семьи) и дополнительных аллелей, привнесенных трутнями других пчелосемей

Населенный пункт	Пчелосемья, №	Генотипы особей семьи (генотипы матки)		Аллели (дополнительные), привнесенные трутнями других пчелосемей	Доля особей с аллелями, полученными от трутней других пчелосемей	Доля особей, не относящихся к данной пчелосемье
		локус	генотип			
п. Заречный	1	A008 Ap049 AC117	162–174 126–129 176–184	172 – 180	13.79	0
	2	A008 Ap049 AC117	162–162 126–129 176–184	– – 180	6.67	0
с. Семилужки	1	A008 Ap049 AC117	174–178 129–138 184–184	– 120 –	9.68	0
	2	A008 Ap049 AC117	162–162 126–129 180–184	152, 172 – –	11.54	7.69
п. Курлек	1	A008 Ap049 AC117	162–172 126–126 184–184	– 138 180	25.00	0
	2	A008 Ap049 AC117	162–162 126–126 180–184	152, 172 129, 138 –	28.00	4.00
п. Синий Утес	1	A008 Ap049 AC117	152–162 126–138 180–184	168, 170 – 176	26.00	0

Число особей, имеющих “чужие” аллели по совокупности локусов, отличается у чистопородных и гибридных пчел (табл. 3). Большее генетическое разнообразие (большее число особей, получивших аллели от трутней других пчелосемей, – 25–28%) характерно для гибридных пасек, что может быть следствием большего генетического разнообразия пчелосемей на гибридных пасеках в целом. При этом следует иметь в виду, что для чистопородных пчелосемей оценка уровня полиандрии может быть занижена в связи с большей изолированностью пасек и контролем породности.

В настоящем исследовании отмечены случаи, когда в пчелосемье встречались особи, не имеющие аллелей своей матки (например, семья 2, пасека с. Семилужки). Ранее нами в некоторых пчелосемьях было зарегистрировано несколько вариантов локуса COI-COII мтДНК (Островерхова и др., 2015). Это может быть результатом “миграционного” обмена между семьями, например, вследствие блуждания и “впрашивания” рабочих пчел.

Территория Томского р-на характеризуется развитым пчеловодством, пасеки расположены на небольшом расстоянии одна от другой, что благоприятствует активному генетическому обмену между пчелосемьями и пасеками. Регистрация общего спектра аллелей во всех пчелосемьях указывает на наличие единого пула генетических вариантов, на основе которого формируется генофонд медоносной пчелы в Томской обл. Единичные варианты (аллели “120” локуса Ap049, “168” и “170” локуса A008) зарегистрированы только в семьях, полученных из питомников карпатской породы (семья 1 с. Семилужки и семья п. Синий Утес), т.е., вероятно, характерны для других популяций пчел.

Согласно данным ряда исследований, высокое генетическое разнообразие особей в пределах пчелосемьи обеспечивает снижение паразитарной нагрузки на медоносных пчел и увеличивает производительность колонии, тогда как генетически менее разнообразная семья имеет больше шансов погибнуть (Mattila, Seeley, 2007; Mattila et al., 2008; Tarpy et al., 2013). Однако гибридные пчелосемьи пасеки п. Курлек (высокое генетическое разнообразие) характеризуются как слабые, плохо зимующие, с низкой продуктивностью и зара-

женные болезнями (нозематоз). В то же время гибридная семья с пасеки п. Синий Утес, при таком же уровне генетического разнообразия, характеризуется как сильная.

Таким образом, по результатам выполненного исследования можно заключить, что до 30% рабочих пчел в пчелосемьях являются потомками трутней из других пчелосемей, что свидетельствует в пользу высокого уровня полиандрии у медоносных пчел.

БЛАГОДАРНОСТИ

Данное исследование выполнено при поддержке Программы “Научный фонд ТГУ им. Д.И. Менделеева” в 2015 г. (8.1.66.2015) и РФФИ (13-04-98116-р-сибирь-а).

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

Броварский В.Д., 2014. Миграция спермы трутней в половых путях маток // Пчеловодство. № 4. С. 20–22.

Островерхова Н.В., Конусова О.Л., Кучер А.Н., Киреева Т.Н., Воротов А.А., Белых Е.А., 2015. Генетическое разнообразие локуса COI-COII мтДНК медоносной пчелы *Apis mellifera* L. в Томской области // Генетика. № 1. С. 89–100.

Рязанова Г.И., 2011. Репродуктивное поведение платяной моли (*Tineolla bisselliella*): полиандрия и множественные спаривания с одним самцом // Зоологический журнал. Т. 90. № 10. С. 1188–1192.

Рязанова Г.И., 2013. Репродукция у южной амбарной огневки (*Plodia interpunctella*, Lepidoptera, Pyralidae): успех спаривания, полигиния, полиандрия // Зоологический журнал. Т. 92. № 8. С. 291–296.

Brodschneider R., Arnold G., Hrassnigg N., Crailsheim K., 2012. Does patriline composition change over a honey bee queen’s lifetime? // Insects. V. 3. P. 857–869.

Cauia E., Usurelu D., Magdalena L.M. et al., 2008. Preliminary researches regarding the genetic and morphometric characterization of honeybee (*A. mellifera* L.) from Romania // Zootehnie şi Biotehnologii. V. 41. № 2. P. 2783–286.

Couvillon M.J., Hughes W.O.H., Perez-Sato J.A., Martin S.J., Roy G.G.F., Ratnieksa F.L.W., 2010. Sexual selection in honey bees: colony variation and the importance of size in male mating success // Behavioral Ecology. V. 21. № 1. P. 520–525.

DeFelice D.S., Ross C., Simone-Finstrom M., Warrit N., Smith D.R. et al., 2015. Geographic variation in polyandry of the Eastern Honey Bee, *Apis cerana*, in Thailand // Insectes Sociaux. V. 62. № 1. P. 37–42.

Evison S.E.F., Fazio G., Chappell P., Foley K., Jensen A.B., Hughes W.O.H., 2013. Host–parasite genotypic interactions in the honey bee: the dynamics of diversity // Ecology and Evolution. V. 3. P. 2214–2222.

Fushs S., Moritz R.F.A., 1998. Evolution of extreme polyandry in the honeybee *Apis mellifera* L. // Behavioral Ecology and Sociobiology. V. 9. P. 269–275.

Haberl M., Tautz D., 1998. Sperm usage in honey bee // Behavioral Ecology and Sociobiology. V. 42. P. 247–255.

Kraus F.B., Neumann P., Van Praagh J., Moritz R.F.A., 2004. Sperm limitation and the evolution of extreme polyandry in honeybees (*Apis mellifera* L.) // Behavioral Ecology and Sociobiology. V. 55. P. 494–501.

Laidlaw H.H., Page R.E. Jr., 1984. Polyandry in honey bees (*Apis mellifera* L.): sperm utilization and intracolony genetic relationships // Genetics. V. 108. P. 985–997.

Mattila H.R., Burke K.M., Seeley T.D., 2008. Genetic diversity within honeybee colonies increases signal production by waggle-dancing foragers // Proceedings of the Royal Society B. V. 275. P. 809–816.

Mattila H.R., Seeley T.D., 2007. Genetic diversity in honey bee colonies enhances productivity and fitness // Science. V. 317. P. 362–364.

Mattila H.R., Seeley T.D., 2014. Extreme polyandry improves a honey bee colony’s ability to track dynamic foraging opportunities via greater activity of inspecting bees // Apidologie. V. 45. P. 347–363.

Page R.E., 1980. The evolution of multiple mating behavior by honey bee queens *Apis mellifera* L. // Genetics V. 96. P. 263–273.

Palmer K.A., Oldroyd B.P., 2003. Evidence for intra-colonial genetic variance in resistance to American foulbrood of honey bees (*Apis mellifera*): further support for the parasite/pathogen hypothesis for the evolution of polyandry // Naturwissenschaften. V. 90. P. 265–268.

Parpinelli R.S., Ruvolo-Takasusuki M.C.C., Toledo V.A.A., 2014. MRJP microsatellite markers in Africanized *Apis mellifera* colonies selected on the basis of royal jelly production // Genetics and Molecular Research. V. 13. № 3. P. 6724–6733.

Seeley T.D., Tarpy D.R., 2007. Queen promiscuity lowers disease within honeybee colonies // Proceedings of the Royal Society B. V. 274. P. 67–72.

Solignac M., Vautrin D., Loiseau A., Mougel F., Baudry E. et al., 2003. Five hundred and fifty microsatellite markers for the study of the honey bee (*Apis mellifera* L.) genome // Molecular Ecology Notes. V. 3. P. 307–311.

Tarpy D.R., Caren J.R., Delaney D.A., Sammataro D., Finley J. et al., 2010. Mating frequencies of Africanized honey bees in the south western USA // Journal of Apicultural Research and Bee World. V. 49. № 4. P. 302–310.

Tarpy D.R., Delaney D.A., Seeley T.D., 2015. Mating frequencies of honey bee queens (*Apis mellifera* L.) in a population of feral colonies in the northeastern United States // PLoS One. V. 10. № 3. e0118734.

Tarpy D.R., Page R.E. Jr., 2002. Sex determination and the evolution of polyandry in honey bees (*Apis mellifera*) // Behavioral Ecology and Sociobiology. V. 52. P. 143–150.

Tarpy D.R., vanEngelsdorp D., Pettis J.S., 2013. Genetic diversity affects colony survivorship in commercial honey bee colonies // Naturwissenschaften. V. 100. № 8. P. 723–728.

INVESTIGATION OF POLYANDRY IN HONEY BEES (*APIS MELLIFERA*) USING MICROSATELLITES

N. V. Ostroverkhova, O. L. Konusova, A. N. Kucher, T. N. Kireeva

Tomsk State University, Tomsk 634050, Russia

e-mail: nvostrov@mail.ru

Polyandry is a specific phenomenon in insects, including honey bee, which provides an increase in genetic diversity. To analyze the level of polyandry and to assess the contribution of drones to the genetic diversity of honey bee colonies, three microsatellite loci (A008, Ap049, AC117) were studied in honey bees of different origin (Middle Russian race, Carpathian race, and hybrid forms) from Tomsk region. The analysis of maternal and paternal contributions to the genetic diversity of bee colonies showed that the percentage of the introduced paternal alleles in different families varied from 6.67 to 28.00%. The highest genetic diversity was characterized by hybrid colonies (25–28% introduced paternal alleles). The genetic diversity and its effect on the adaptive properties and economically valuable indicators depended not only on the level of polyandry, but also on the genetic characteristics of the families served as a “source” of new genetic material for bee colonies.

Keywords: honey bee, microsatellites, A008, Ap049, AC117, AC216, Middle Russian race, Carpathian race, Tomsk region.