



69. MtDNA Variation in *Apis cerana* der Philippinen

P. de La Rúa, U.E. Simon', R.F.A. Moritz, A. Tilde

► To cite this version:

P. de La Rúa, U.E. Simon', R.F.A. Moritz, A. Tilde. 69. MtDNA Variation in *Apis cerana* der Philippinen. *Apidologie*, 1999, 30 (5), pp.459-460. <hal-00891637>

HAL Id: hal-00891637

<https://hal.science/hal-00891637v1>

Submitted on 11 May 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



HAL Authorization

déduit une valeur estimée d'environ 2 % de divergence de séquences par million d'années. Sur la base de ces données et de la divergence de séquences entre leurs lignées évolutives les plus diverses, on estime l'âge de l'espèce *Apis mellifera* actuellement à un million d'années.

Notre idée était d'utiliser des données géologiques bien définies et des données de séquences pour calibrer le taux de l'évolution des séquences mitochondriales au sein du genre *Apis*. Pendant la dernière phase glaciaire, le maximum de la dernière glaciation a été lié à un abaissement du niveau de la mer en Méditerranée de l'ordre de 100 à 150 m, de sorte qu'une bande de terre reliait alors la Sicile et Malte. Le dernier maximum remonte à 18 000 ans avant notre ère et il est bien attesté par des découvertes fossiles et la faune récente des deux îles. Cette datation peut donc être utilisée comme référence pour la séparation entre les deux sous-espèces actuelles, *Apis mellifera sicula* de Sicile et *A. m. ruttneri* de Malte. Nous avons amplifié et séquencé un fragment de 501 paires de bases du gène ND2 d'*A. m. ruttneri* et nous avons comparé la séquences avec le fragment correspondant d'*A. m. sicula*. La divergence de séquences entre les deux sous-espèces était de près de 0,8 %.

En admettant l'hypothèse que chacune des deux sous-espèces est née sur l'île correspondante, le taux de l'évolution de séquences atteindrait 2 % en 50 000 ans chez *Apis*, ce qui correspond à 40 fois le taux calculé pour *Drosophila*. Si, en revanche, nous prenons pour base le taux de divergence de séquences chez *Drosophila* de 2 % par million d'années, l'ancêtre commun d'*A. m. ruttneri* et d'*A. m. sicula* aurait vécu il y a environ 400 000 ans.

L'analyse des données morphologiques a montré qu'*A. m. sicula* et *A. m. intermissa* (d'Afrique du Nord) présentent une parenté génétique plus étroite l'une avec l'autre que chacune de ces espèces avec *A. m. ruttneri* (Sheppard et al., *Apidologie* 28 (1997) 287–293). Ce résultat étaye les données moléculaires et l'estimation selon laquelle

A. m. ruttneri et *A. m. sicula* se sont séparées avant l'existence de la bande de terre reliant les deux îles.

69. MtDNA Variation in *Apis cerana* der Philippinen. P. de la Rúa^a, U.E. Simon^a, R.F.A. Moritz^a, A. Tilde^b (^a *Institut Zoologie-Molekulare Ökologie, Martin Luther Universität Halle/Wittenberg, Kröllwitzerstr. 44, D-06099 Halle/Saale*; ^b *Institut für Bienenkunde, Johann Wolfgang Goethe-Universität Frankfurt, Karl-von-Frisch-Weg 2, D-61440 Oberursel*).

Die geographische Variabilität mitochondrialer DNA (mtDNA) der höhlenbrütenden Honigbiene *Apis cerana* wurde mit Hilfe von Restriktionen und Sequenzierung von PCR Produkten der tRNA^{leu}-COII Region untersucht.

Siebenundvierzig Völker von fünf unterschiedlichen Standorten vierer unterschiedlicher Inseln (Mindanao, Luzon, Visayas und Palawan) wurden beprobt. Wir haben vier unterschiedliche Haplotypen gefunden, ce1, ce2, ce3 und ce4, die zu einer Unterscheidung zwischen den verschiedenen Inseln führt und ebenfalls übereinstimmen mit der auf morphologischen Daten beruhenden Gruppierung (Tilde, pers. Mittl.). Der ce1 Haplotyp ist in den Populationen von Mindanao und Visayas vertreten, ce2 ist beschränkt auf Luzon, ce3 und ce4 sind nur auf Palawan zu finden. Die phylogenetische Sequenzanalyse zeigt eine große intra-spezifische Variabilität und stimmt überein mit der geologischen Geschichte dieser Inseln.

MtDNA variation in *Apis cerana* from the Philippines

Geographic variability of the mitochondrial DNA (mtDNA) of the cavity-nesting honeybee *Apis cerana* from the Philippines has been studied by restriction and sequence analysis of PCR products of the tRNA^{leu}-COII region. Forty-seven colonies from five different locations in four islands (Mindanao, Luzon, Visayas and Palawan) were

sampled. We found four different haplotypes, ce1, ce2, ce3 and ce4, which discriminate among different islands and which partially confirm previous morphological grouping (Tilde, unpublished data). The ce1 haplotype is present in the Mindanao and Visayas populations, ce2 is restricted to Luzon, and both ce3 and ce4 are only present in Palawan. Phylogenetic analysis of the sequences shows a great intraspecific variability and are in accordance with the geological history of these islands.

Variation de l'ADNmt chez *Apis cerana* des Philippines

La variabilité géographique de l'ADN mitochondrial (ADNmt) chez l'abeille *Apis cerana*, qui nidifie dans des cavités, a été étudiée à l'aide de l'analyse de restriction et du séquençage des produits PCR de la région ARNt^{leu}-COII.

On a effectué des échantillonnages dans 47 colonies de cinq sites différents dans quatre îles philippines (Mindanao, Luzon, Visayas et Palawan). Nous avons trouvé quatre haplotypes différents, ce1, ce2, ce3 et ce4, qui diffèrent entre les quatre îles et qui concordent également avec les classements établis à partir de données morphologiques (Tilde, comm. pers.). Le haplotype ce1 est représenté dans les populations de Mindanao et Visayas, le ce2 se limite à Luzon, ce3 et ce4 ne se trouvent qu'à Palawan. L'analyse phylogénétique des séquences montre une grande variabilité intraspécifique et concorde avec l'histoire géologique de ces îles.

70. Wie oft paaren sich Königinnen bei Stachellosen Bienen und Hummeln?

R.J. Paxton (Zoologisches Institut, Universität Tübingen, Auf der Morgenstelle 28, D-72076 Tübingen)

Die Begattungsfrequenz der Königin, mit wieviel verschiedenen Männchen sie sich paart, ist der entscheidende Parameter für die soziogenetische Struktur eines Bienenvolkes. Nur bei der Honigbiene sind Mehr-

fachpaarungen gut belegt. Die resultierenden etwa 10–15 Patrilineen, denen die Arbeiterinnen eines Volkes zuzuordnen sind, bedingen eine beträchtlich erhöhte genetische Variabilität, was als vorteilhaft angesehen wird. Über die Paarungshäufigkeit der Königin bei den übrigen sozialen Bienen ist wenig bekannt, für viele Arten wird Einfachpaarung angenommen. Aus Modellen zur Gesamt-Fitness eines Volkes können verschiedene intrakoloniale Konflikte abgeleitet werden. Ein zentrales Problem betrifft die Beteiligung von Arbeiterinnen an der Fortpflanzung, konkret an der Erzeugung von Drohnen. Mit Hilfe molekulargenetischer Methoden kann nunmehr im konkreten Einzelfall analysiert werden, welche Zusammenhänge zwischen der soziogenetischen Struktur einer Kolonie und der Abstammung ihrer Drohnen bestehen, also ob diese Söhne der Königin oder der Arbeiterinnen sind, bzw. in welchem Verhältnis dies der Fall ist. Damit kann die Validität bestimmter zentraler soziogenetischer Hypothesen direkt getestet werden. Die Analyse der Mikrosatelliten-DNA von Arbeiterinnen in Völkern Stachelloser Bienen ergab, daß etwa die Hälfte der Königinnen sich mehrfach gepaart hatten, und zwar mit bis zu sechs Männchen. Ähnliche Verhältnisse wurden bei einer Hummelart gefunden. In einem Fall konnte gezeigt werden, daß trotz Einfachbegattung nur die Königin alle Drohnen produzierte. Unabhängig von der effektiven Paarungsfrequenz scheint hier der intrakoloniale Konflikt zugunsten der Königin gelöst worden zu sein.

Gefördert durch die DFG (Pa 632/1-1).

How often do the queens of stingless bees and bumble bees mate?

Queen mating frequency (the number of males with which a queen mates) is the primary determinant of the sociogenetic organization in the majority of social bee societies. Only in the honey bee has it been conclusively demonstrated that queens mate multiply. The ten or more patriline of work-