QO‘QON DAVLAT PEDAGOGIKA INSTITUTI ILMIY XABARLARI
(2026-yil 10-son)
TABIIY FANLAR
NATURAL SCIENCES
https://doi.org/10.70728/a.series.tab.v08.i10.078

UDK 595.799

APIS MELLIFERA LINNAEUS, 1758 (HYMENOPTERA: APIDAE) TURINING MOLEKULYAR-GENETIK TAVSIFI

Mirzaxmedov Muhammadjon Fazliddin o‘g‘li
Namangan davlat universiteti, tayanch doktoranti
ORCID: https://orcid.org/0009-0006-1009-0232
E-mail: mmirzaxmedov97@gmail.com tel: 913692969
Xolmatov Baxtiyor Rustamovich
O‘zR FA Zoologiya instituti, professori
ORCID: https://orcid.org/0000-0003-0003-9231
E-mail: biol_uz@mail.ru tel: 974411207

Annotatsiya. Ushbu maqolada *Apis* Linnaeus, 1758 avlodiga mansub turlarning molekulyar-genetik xilma-xilligi mitoxondrial DNKning COI geni (467 j.a.) asosida o‘rganildi. Namangan, Farg‘ona va Andijon viloyatlaridan yig‘ilgan A. mellifera namunalari GenBank ma’lumotlari bilan taqqoslanib, genetik masofa matritsasi, issiqlik xaritasi va filogenetik daraxt tuzildi. Filogenetik daraxtda yetti tur beshta aniq kladaga ajraldi, bunda tadqiqot doirasida yig‘ilgan namunalar A. mellifera turiga mansub alohida monofiletik guruh (V klada, e guruhi) hosil qildi. Olingan natijalar O‘zbekiston hududidagi asalarilar populyatsiyalarining molekulyar-genetik pasportini yaratish va turlarni DNK-barkodlash orqali aniq identifikatsiya qilish imkoniyatini ochib beradi.

Kalit so’zlar: *Apis mellifera*, COI geni, mitoxondrial DNK, genetik masofa, filogenetik tahlil, DNK-barkodlash

В данной статье изучено молекулярно-генетическое разнообразие видов, относящихся к роду *Apis* Linnaeus, 1758, на основе гена COI митохондриальной ДНК (467 п.н.). Образцы *A. mellifera*, собранные из Наманганской, Ферганской и Андижанской областей, были сопоставлены с данными GenBank, после чего построены матрица генетических расстояний, тепловая карта (heatmap) и филогенетическое дерево. На филогенетическом дереве семь видов разделились на пять четких клад, при этом собранные в рамках исследования образцы сформировали отдельную монофилетическую группу (клада V, группа e), относящуюся к виду *A. mellifera*. Полученные результаты открывают возможности для создания молекулярно-

генетического паспорта популяций медоносных пчел на территории Узбекистана и точной идентификации видов с помощью ДНК-штрихкодирования.

Ключевые слова: *Apis mellifera*, ген COI, митохондриальная ДНК, генетическое расстояние, филогенетический анализ, ДНК-штрихкодирование.

Abstract. This paper investigates the molecular genetic diversity of species belonging to the genus *Apis* Linnaeus, 1758, based on the mitochondrial DNA COI gene (467 bp). *A. mellifera* samples collected from the Namangan, Fergana, and Andijan regions were compared with GenBank data to construct a genetic distance matrix, a heatmap, and a phylogenetic tree. On the phylogenetic tree, seven species were resolved into five distinct clades, where the samples collected within this study formed a separate monophyletic group (clade V, group e) belonging to the species *A. mellifera*. The obtained results open up opportunities for developing a molecular genetic passport for honeybee populations in Uzbekistan and ensuring accurate species identification through DNA barcoding.

Keywords: *Apis mellifera*, COI gene, mitochondrial DNA, genetic distance, phylogenetic analysis, DNA barcoding.

KIRISH. Asalari (*Apis* Linnaeus, 1758) avlodi Hymenoptera turkumining Apidae oilasiga mansub bo‘lib, yer yuzidagi eng muhim ijtimoiy hasharotlardan birini tashkil etadi. Ushbu avlod vakillari nafaqat asal va boshqa asalarichilik mahsulotlarini yetishtiruvchi obyekt sifatida, balki qishloq xo‘jaligi ekinlari va yovvoyi o‘simliklarning asosiy changlatuvchilari sifatida ham katta iqtisodiy va ekologik ahamiyatga ega.

Avlodning tipik turi bo‘lgan g‘arbiy asalari - *Apis mellifera* Linnaeus, 1758 - insoniyat tomonidan ming yillar davomida xonakilashtirilgan va hozirgi kunda deyarli barcha qit’alarda tarqalgan. So‘nggi o‘n yilliklarda molekulyar-genetik usullarning rivojlanishi *Apis* avlodining sistematikasi, turlar va kenja turlarning filogenetik munosabatlari, shuningdek, ularning tarqalish tarixi to‘g‘risidagi tasavvurlarni tubdan yangiladi. Mitoxondrial va yadro DNKsi markerlari, shuningdek, to‘liq genom ma’lumotlari asosida olib borilgan tadqiqotlar tufayli *Apis mellifera* turining evolyutsion chiziqlari, kenja turlar tarkibi va geografik kelib chiqishi bo‘yicha bir qator raqobatdosh gipotezalar ilgari surilgan. Mazkur adabiyotlar sharhida *Apis* avlodining tizimiy tarkibi, *Apis mellifera* turining tarqalishi, uning taksonomik xilma-xilligi hamda molekulyar-genetik tadqiqotlarning asosiy yo‘nalishlari va natijalari umumlashtirilgan.

XVIII asrda *Apis* avlodi tarkibiga dastlab faqat to‘rtta tur kiritilgan edi: g‘arbiy asalari (*A. mellifera*), sharqiy kovak-uyali asalari (*A. cerana*), mitti asalari (*A. florea*) va ulkan asalari (*A. dorsata*) (Linnaeus, 1758). Keyinchalik morfologik va reproduktiv izolyatsiya bo‘yicha olib borilgan tadqiqotlar shuni ko‘rsatdiki, dastlab bir tur sifatida qaralgan uchta taxminiy tur aslida har birida kamida ikkitadan mustaqil turni o‘z ichiga oladi. Shu bois, hozirgi vaqtda Apis avlodida to‘qqiztadan o‘n ikkitagacha tur e’tirof etiladi: *A. mellifera*, *A. cerana*, A. koschevnikovi, *A. nigrocincta*, *A. nuluensis* (kovak-uyali guruh, *Apis* kenja avlodi), *A. florea* va A. andreniformis (mitti asalarilar, *Micrapis* kenja avlodi), shuningdek, *A. dorsata* va *A. laboriosa* (ulkan asalarilar, *Megapis* kenja avlodi) [8, 18]. Filogenetik

tahlillar shuni ko‘rsatadiki, avlod ichida dastlab mitti asalarilar ajralib chiqqan, ulardan keyin ulkan asalarilar, so‘ngra esa kovak uyalarda yashovchi va bir nechta taroqli uya quruvchi turlar (shu jumladan, *A. mellifera*) shakllangan [1, 22]. *Apis* turlarining deyarli barchasi - *A. mellifera* dan tashqari - faqat Osiyoning janubiy va janubi-sharqiy mintaqalarida tarqalgan. Bu holat avlodning kelib chiqish markazi aynan shu hudud bilan bog‘liq ekanligi to‘g‘risidagi gipotezaga asos bo‘lgan [8, 26].

Apis mellifera turining tabiiy areali Yevropa, Afrika, Yaqin va O‘rta Sharq, shuningdek, Markaziy Osiyo va G‘arbiy Xitoyning ayrim hududlarini qamrab oladi. Bu esa uni avlodning boshqa barcha turlaridan farqli o‘laroq, Osiyodan tashqarida ham keng tarqalgan yagona tur sifatida ajratib turadi [8, 26]. Ushbu turning kelib chiqish markazi to‘g‘risida adabiyotlarda bir nechta gipoteza mavjud: ayrim tadqiqotchilar uning Osiyodan kelib chiqqanligini, boshqalari esa Afrikadan tarqalganligini ta’kidlaydi [7, 11, 12].

To‘liq genom ma’lumotlariga asoslangan yirik tadqiqotda 251 ta genom tahlil qilinib, Apis mellifera turining Osiyoda paydo bo‘lganligi va u yerdan kamida uch marta - Afrika va Yevropa yo‘nalishlarida - tarqalganligi to‘g‘risida xulosaga kelingan. Turning Janubi-Sharqiy Osiyoda boshqa kovak-uyali asalarilardan ajralib chiqqanligi va G‘arbiy Osiyo orqali hozirgi arealini egallaganligi ko‘rsatilgan [7].

Bunga qarama-qarshi o‘laroq, mitoxondrial genomlar asosida olib borilgan boshqa tadqiqotda turning Shimoliy Afrika yoki Yaqin Sharqda paydo bo‘lganligi, Yevropa va tropik Afrika markazlari to‘g‘risidagi avvalgi xulosalar esa filogenetik xatoliklar natijasi ekanligi ta’kidlangan [23].

Yana bir keng qamrovli tadqiqotda esa Afrika, Yevropa va Yaqin Sharqdan olingan genomlar tahlili asosida turning dastlab Afrikada xilma-xillashgani, so‘ngra M evolyutsion chizig‘ining Afrikadan Yevropaga, C va O evolyutsion chiziqlarining esa Yaqin Sharq orqali Markaziy Yevropaga tarqalganligi ilgari surilgan [6].

Mitoxondrial genomlar meta-tahliliga asoslangan navbatdagi tadqiqotda esa oltita nolineyli klada aniqlanib, turning Yevropada (taxminan 780 ming yil oldin) paydo bo‘lgani, keyin Janubi-Sharqiy Yevropa va Kichik Osiyoga (taxminan 720 ming yil oldin), u yerdan esa Levant–Nil–Arabiston yo‘laklari orqali Afrikaga tarqalgani, Iberiya yarimorolida esa alohida Afrika kladasi qayta shakllanib, u yerdan O‘rta dengiz orollariga va Shimoliy Afrikaga tarqalgani taklif qilingan [3]. Ko‘rinib turibdiki, *Apis mellifera* turining kelib chiqish markazi va tarqalish yo‘nalishlari hozirgi kungacha ilmiy munozara mavzusi bo‘lib qolmoqda. Bu esa turli molekulyar markerlar va usullarning natijalarga turlicha ta’sir ko‘rsatishi bilan izohlanadi [3, 6, 11, 12].

Apis mellifera yuksak darajada politipik tur bo‘lib, uning tarkibida morfometrik va geografik belgilari bo‘yicha farqlanuvchi 27 tadan 33 tagacha kenja tur mavjudligi qayd etilgan [19, 21]. 1999-yilda o‘tkazilgan taksonomik qayta ko‘rib chiqish natijasida 28 ta kenja tur rasman tan olingan bo‘lsa, undan keyingi yillarda yana bir nechta yangi kenja tur, jumladan, Markaziy Osiyoning Tyanshan tog‘lariga xos *Apis mellifera pomonella* (2003-yil), Efiopiyaga xos *Apis mellifera simensis* (2011-yil) va Xitoyning Shinjon o‘lkasiga xos *Apis mellifera sinisxinyuan* (2016-yil) tavsiflangan [1, 4, 8, 17, 22].

Morfometrik va molekulyar ma’lumotlar asosida *Apis mellif*era kenja turlari an’anaviy ravishda to‘rtta asosiy evolyutsion chiziqqa birlashtiriladi: A chizig‘i -Afrika kenja turlari; M chizig‘i - Shimoliy va G‘arbiy Yevropa kenja turlari; C chizig‘i - Janubi-Sharqiy Yevropa kenja turlari; O chizig‘i - Kavkaz, Turkiya, Yaqin Sharq, Kipr va Krit kenja turlari [21, 23]. Keyingi yillarda bu tizimga Efiopiya asalarilarini o‘z ichiga oluvchi Y chizig‘i hamda Suriya va Livandan topilgan, alohida ajralib turuvchi S (ba’zan Z deb ataluvchi) chiziqlari ham qo‘shildi. Shuningdek, ayrim mualliflar C va O chiziqlarini alohida tasniflamaslikni taklif qiladilar [12, 23].

Markaziy Osiyo hududi uchun alohida ahamiyatga ega bo‘lgan kashfiyot - Qozog‘iston va Qirg‘iziston chegarasidagi Tyanshan tog‘larida yashovchi endemik asalari populyatsiyasining 2003-yilda alohida kenja tur - *Apis mellifera pomonella* sifatida tavsiflanishi bo‘ldi. Morfometrik tahlillar ushbu populyatsiyani asalarining sharqiy (Osiyo) evolyutsion tarmog‘iga mansub, ammo shu tarmoqning boshqa kenja turlaridan aniq farqlanuvchi guruh sifatida ko‘rsatdi. Bu esa endemik *Apis mellifera* turining tarqalish arealini avval taxmin qilinganidan 2000 kilometrdan ortiq sharqqa kengaytirdi. Mitoxondrial DNK tahlili esa *A. m. pomonella* ning C mitoxondrial chizig‘iga (morfologik jihatdan ham C, ham O chiziqlarini o‘z ichiga oluvchi guruhga) mansubligini ko‘rsatdi. Bu uning arealning sharqiy chekkasidagi boshqa kenja turlar bilan umumiy filogeografik tarixga ega ekanligidan dalolat beradi [1, 22]. Tyanshan tog‘lari, shuningdek, yovvoyi olma (Malus sieversii) turining xilma-xillik markazi hisoblanib, bu yerda *Apis mellifera* va meva daraxtlari o‘rtasida uzoq muddatli koevolyutsion munosabatlar mavjudligi taxmin qilinadi [1, 17, 22].

Apis mellifera kenja turlari va evolyutsion chiziqlarini aniqlashda eng keng qo‘llaniladigan molekulyar marker mitoxondrial DNKning tRNA^Leu–COII oralig‘idagi hududi hisoblanadi. Ushbu hududning restriksion fragmentlari uzunligini tahlil qilishga asoslangan DraI-testi yordamida beshta evolyutsion chiziqqa mansub yuzdan ortiq gaplotip farqlangan [5, 9, 10, 20]. Bundan tashqari, COI (COX1) genining Folmer hududi asosida kenja turlarga xos yakka nukleotid polimorfizmlari (SNP) aniqlanib, tezkor molekulyar diagnostika usullari ishlab chiqilgan [12].

So‘nggi yillarda to‘liq mitoxondrial genomlarni sekvenslash texnologiyasining rivojlanishi bilan ko‘plab kenja turlarning (jumladan, *A. m. carnica, A. m. sahariensis, A. m. simensis, A. m. jemenitica, A. m. sinisxinyuan, A. m. ruttneri* kabi) to‘liq mitogenomlari aniqlandi. Bu esa filogenetik daraxtlarni yuqori aniqlik bilan qurish imkonini berdi [3, 4, 23]. Bunday tadqiqotlar shuni ko‘rsatdiki, M, C va O chiziqlari monofiletik guruhlarni tashkil etsa-da, A chizig‘i parafiletik xususiyatga ega, ya’ni u yagona umumiy ajdoddan kelib chiqmagan guruhlar majmuasini ifodalaydi [23].

Yadro genomidan foydalanuvchi tadqiqotlarda mikrosatellit lokuslari va minglab yakka nukleotid polimorfizmlari (SNP) qo‘llanilib, kenja turlar o‘rtasidagi genetik oqim, gibridlanish va populyatsiyalarning genetik tuzilishi tahlil qilingan [9, 10, 11, 12, 19]. Qozog‘istondagi asalari populyatsiyalari bo‘yicha olib borilgan so‘nggi tadqiqotda mitoxondrial COI–COII oralig‘idagi hudud va o‘n ikkita yuqori polimorf yadro mikrosatellit markeri qo‘llanilib, mintaqada asosan Janubi-Sharqiy Yevropaning C chizig‘iga mansub (*A.*

m. carnica) populyatsiyalar ustunlik qilishi, ayrim sharqiy viloyatlarda esa M chizig‘iga mansub relikt populyatsiyalar saqlanib qolgani aniqlangan [19]. Bunday tadqiqotlar Markaziy Osiyo asalarilarining genetik xilma-xilligini baholash va mahalliy populyatsiyalarni asrab-avaylash strategiyalarini ishlab chiqish uchun muhim ilmiy asos yaratadi.

O‘zbekiston hududida *Apis mellifera* bo‘yicha olib borilgan tadqiqotlar hozircha asosan virusologik va ekologik yo‘nalishlarga qaratilgan. 2024-yilda mamlakatning 11 ta viloyatidagi 32 ta shaharda olib borilgan virom tahlili natijasida asalarilar va ular bilan bog‘liq o‘simliklarda uchraydigan o‘nlab virus turlari aniqlangan, ular orasida bir nechta yangi viruslar ham topilgan [13, 14]. Biroq O‘zbekiston asalarisi populyatsiyalarining kenja tur tarkibi hamda mitoxondrial va yadro markerlari asosidagi filogenetik mavqei hozircha yetarli darajada o‘rganilmagan. Shu bois, Markaziy Osiyoning qo‘shni hududlarida, jumladan, Qozog‘iston va Qirg‘izistonning Tyanshan mintaqasida olib borilgan tadqiqotlar natijalari muhim metodologik va qiyosiy asos bo‘lib xizmat qilishi mumkin [1, 19, 22]. Ushbu tadqiqot ishining maqsadi Respublikamizning Farg‘ona vodiysidagi Namangan, Farg‘ona va Andijon viloyatlarining turli hududlarida tarqalgan Apis Linnaeus, 1758 avlodini va shu avlodga mansub *Apis mellifera* Linnaeus, 1758 turini molekulyar-genetik tavsiflashdan iborat.

Material va metodika

Apis Linnaeus, 1758 avlodiga va shu avlodga mansub *Apis mellifera* Linnaeus, 1758 turiga oid genetik namunalar Respublikamizning Farg‘ona vodiysidagi Namangan, Farg‘ona va Andijon viloyatlaridan olindi.

Apis avlodi va shu avlodga mansub *A. mellifera* turining mo‘ylov va oyoq qismlaridan genetik namunalar olindi. Genom DNKsini ajratib olishda GeneJET Genomic DNA reagentlar to‘plamidan foydalanildi [2, 16].

Amplifikatsiya uchun ajratib olingan *A. mellifera* turining genom DNKsidan mitoxondrial DNKning COI sohasiga oid nukleotidlar ketma-ketligini o‘qish maqsadida «Sileks» firmasi reagentlar to‘plamidan steril suv, 10× PZR buferi, dNTP eritmasi, Taq-polimeraza hamda mitoxondrial DNKning COI sohasidagi nukleotidlar ketma-ketligini o‘qish uchun to‘g‘ri UEA-3 (TAT AGC ATT CCC ACG AAT AAA TAA) va teskari UEA-10 (TCC AAT GCA CTA ATC TGC CAT ATTA) praymerlaridan foydalanildi [25].

PZR reaksiyalarida amplifikatsiya quyidagi sharoitlarda amalga oshirildi: dastlabki denaturatsiya 94 °C da 5 daqiqa davomida o‘tkazildi. Shundan so‘ng 35 sikl davomida denaturatsiya 94 °C da 30 soniya, praymerlarning anniling bosqichi 50 °C da 30 soniya va elongatsiya 72 °C da 1 daqiqa davomida amalga oshirildi. PZR amplifikatsiyasi yakunida 72 °C da 10 daqiqa davomida yakuniy elongatsiya bosqichi o‘tkazildi.

DNKni sekvenslash ABI PRISM® BigDye™ Terminator v. 3.1 reagentlar to‘plami yordamida amalga oshirildi, reaksiya mahsulotlari esa ABI PRISM 3100-Avant avtomatik sekvenatorida qayd etildi (Markaziy kollektiv foydalanish markazi «Genom», «Gentotex», Moskva).

Olingan nukleotidlar ketma-ketligining tahlili BioEdit, Clustal W, DNASTAR™, PAUP4 va MEGA 11 maxsus kompyuter dasturlari yordamida amalga oshirildi.

Sekvenslash natijasida olingan *Apis* avlodi vakillarining nukleotidlar ketma-ketliklari hamda Xalqaro biotexnologik axborotlar markazi (NCBI) ma’lumotlar bazasidan (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/) olingan DNK ketma-ketliklaridan foydalanildi. Ushbu ketma-ketliklar Geneious Prime dasturi yordamida qo‘lda tahrir qilindi, konsensus ketma-ketliklari esa MEGA X dasturida hisoblab chiqildi.

Ushbu dasturdan olingan dastlabki ma’lumotlar va GenBank ma’lumotlar bazasidan olingan qo‘shimcha ketma-ketliklar standart sozlamalardan foydalangan holda MAFFT v.7 onlayn dasturi hamda Clustal Omega 1.2.2 dasturi yordamida taqqoslandi va Geneious Prime dasturida tahrir qilindi.

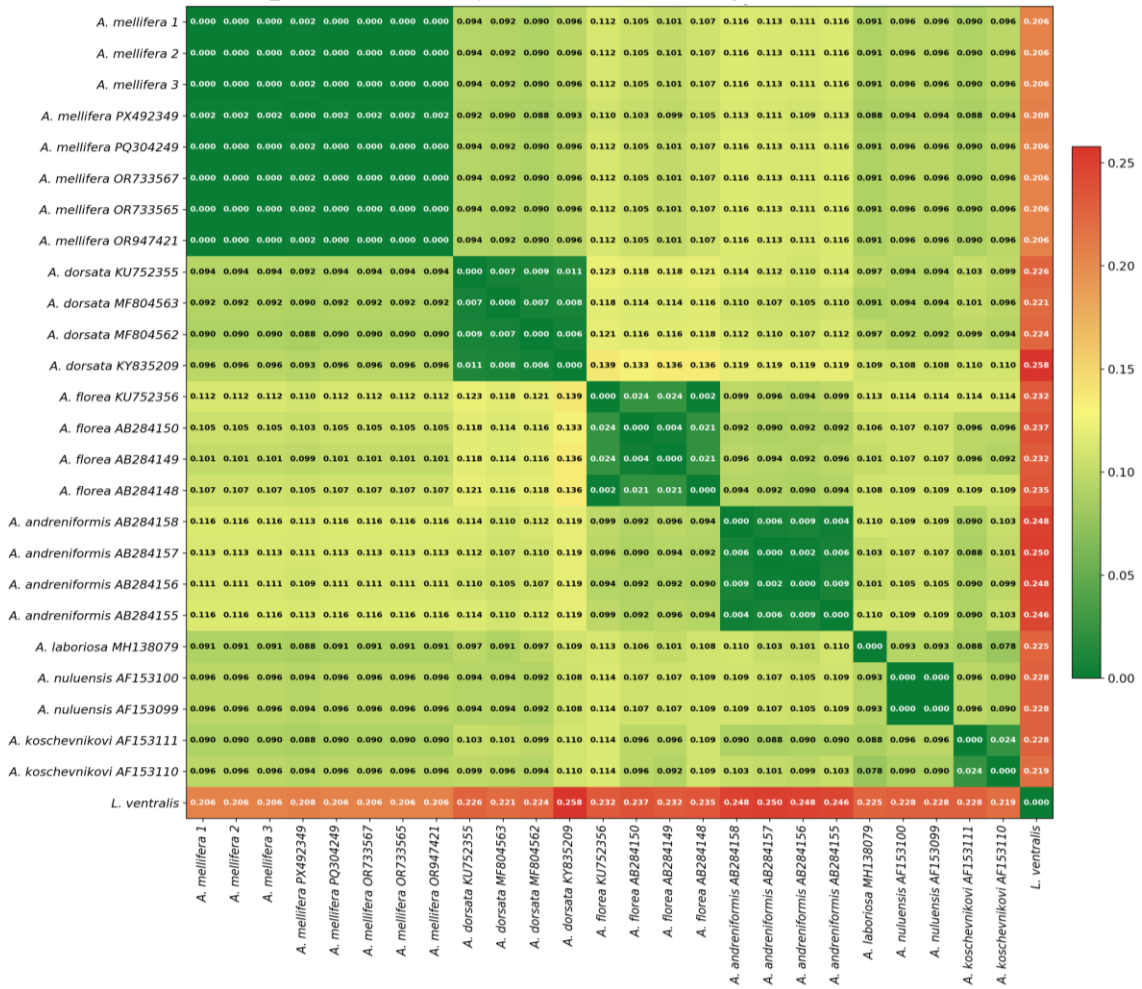
Olingan COI sohasiga mansub nukleotidlar ketma-ketliklari asosida maksimal ehtimollik (maximum likelihood — ML) usulida filogenetik daraxt qurildi. Tahlil IQ-TREE 1.6.12 dasturida 1000 ta takrorlashdan iborat ultratezkor bootstrap usuli yordamida amalga oshirildi. Hisoblash ishlari CIPRES Science Gateway v. 3.3 platformasida bajarildi.

Lasioglossum Curtis, 1833 avlodiga mansub *Lasioglossum ventralis* turining COI sohasiga oid nukleotidlar ketma-ketligi konsensus daraxtlarini qurishda tashqi guruh (outgroup) sifatida kiritildi. Olingan filogenetik daraxt iTOL v. 6.6 dasturida tahlil qilindi va tahrirlandi.

Olingan natijalar va ularning tahlili

Olib borilgan molekulyar-genetik tadqiqotlar natijasida *Apis* Linnaeus, 1758 avlodiga mansub *Apis mellifera* Linnaeus, 1758 turining mitoxondrial DNKsida COI geniga oid 467 juft asosdan iborat nukleotidlar ketma-ketligi ajratib olindi va ushbu ketma-ketliklar asosida *Apis* avlodiga mansub turlar o‘rtasidagi genetik masofalar tahlil qilindi.

Genetik masofa tahlili. Molekulyar-genetik tahlil asosida *Apis* avlodiga mansub turlarning COI mtDNK sohasi nukleotidlar ketma-ketliklari bo‘yicha hisoblangan genetik masofa matritsasi va issiqlik xaritasi (heatmap) turlar o‘rtasidagi filogenetik munosabatlarni baholash uchun tuzildi (1-rasm).



1-rasm. *Apis* avlodiga mansub turlar o‘rtasidagi genetik masofaning issiqlik xaritasi (heatmap).

Izoh: Yashil rang - past, sariq rang - o‘rtacha, qizil rang esa yuqori genetik masofani bildiradi. *A mellifera* 1, *A.mellifera* 2 va *A. Mellifera* 3, mos ravishda Namangan, Farg‘ona va Andijon viloyatlaridan yig‘ilgan namunalar.

Farg‘ona vodiysining turli hududlaridan yig‘ilgan *A. mellifera* namunalari (*A. mellifera* 1 - Namangan viloyati, *A. mellifera* 2 - Farg‘ona viloyati, *A. mellifera* 3 - Andijon viloyati) o‘zaro to‘liq bir xil chiqdi -ular orasidagi genetik masofa 0,000 ni tashkil etdi. Ushbu uchta namuna GenBank bazasidan olingan *A. mellifera* PQ304249, OR733567, OR733565 va OR947421 namunalari bilan ham to‘liq (0,000), PX492349 namunasi bilan esa qisman (0,002) farq qildi. Bu natija Namangan, Farg‘ona va Andijon viloyatlaridan yig‘ilgan namunalarning molekulyar darajada ham *A. mellifera* turiga mansubligini tasdiqlaydi.

Boshqa turlarda ham tur ichidagi genetik masofa past darajada qayd etildi: *A. dorsata* turining to‘rtta namunasi o‘rtasida 0,006–0,011, *A. andreniformis* namunalari o‘rtasida 0,002–0,009, A. florea namunalari o‘rtasida 0,002–0,024, A. nuluensis turining ikkita namunasi o‘rtasida esa 0,000 ni tashkil etdi. A. koschevnikovi turining ikkita namunasi (AF153111, AF153110) o‘rtasidagi masofa 0,024 bo‘lib, bu qiymat tur ichidagi genetik masofaning yuqori chegarasiga yaqin ekanini ko‘rsatdi.

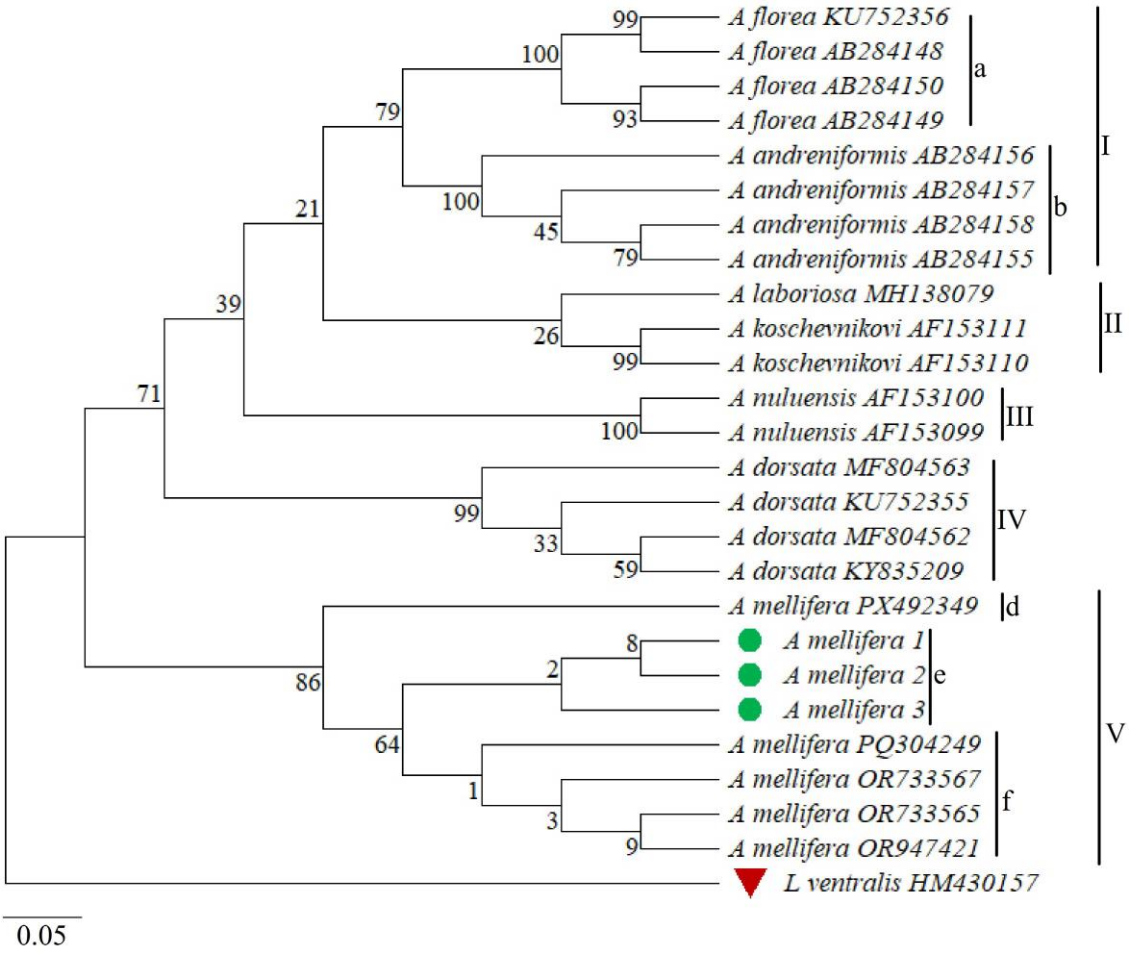
Apis turlari o‘rtasidagi genetik masofa 0,078 (*A. mellifera* va *A. koschevnikovi* o‘rtasida) dan 0,140 (*A. dorsata* va *A. florea* o‘rtasida) gacha bo‘lgan oraliqda qayd etildi. Tur ichidagi eng yuqori qiymat (0,024) bilan turlar orasidagi eng past qiymat (0,078)

o‘rtasida uch baravardan ortiq farq mavjudligi genetik masofalarda aniq “barcode gap” mavjudligini ko‘rsatadi. Bu esa COI genining *Apis* avlodiga mansub turlarni farqlashda samarali molekulyar belgi ekanini tasdiqlaydi.

Tashqi guruh sifatida olingan Lasioglossum ventralis (HM430157) turi barcha o‘rganilgan *Apis* turlariga nisbatan eng yuqori genetik masofani (0,206–0,258) namoyon etdi. Bu holat filogenetik daraxtning to‘g‘ri ildizlanishini (rooting) ta’minlashda tashqi guruhdan foydalanish maqsadga muvofiq ekanini ko‘rsatadi.

Umuman olganda, genetik masofa tahlili *Apis* avlodiga mansub yetti turning har biri o‘ziga xos va aniq ajralib turuvchi molekulyar guruhni tashkil etishini tasdiqlaydi. Namangan, Farg‘ona va Andijon viloyatlaridan yig‘ilgan namunalarning GenBank bazasidagi *A. mellifera* namunalari bilan to‘liq yoki deyarli to‘liq genetik mosligi ularning tur darajasidagi identifikatsiyasini molekulyar jihatdan tasdiqlaydi.

Filogenetik shajara daraxti. Mitoxondrial DNKning COI geni nukleotidlar ketma-ketliklari asosida qurilgan filogenetik daraxtda Apis avlodiga mansub yetti tur va tashqi guruh sifatida olingan Lasioglossum ventralis (HM430157) o‘z aksini topdi (2-rasm). Daraxt tarkibida ikkita yirik guruh aniq ajralib turadi: I, II, III va IV kladalarni birlashtiruvchi guruh (bootstrap = 71%) hamda *A. mellifera* turiga mansub V klada (bootstrap = 86%)



2-rasm. *Apis* avlodiga mansub turlarning mitoxondrial DNK COI geni nukleotidlar ketma-ketliklari asosida qurilgan filogenetik daraxt.

Izoh: Tugunlardagi raqamlar bootstrap qo‘llab-quvvatlash qiymatlarini (%) bildiradi; shkala chizig‘i (0,05) har bir saytga to‘g‘ri keladigan nukleotid almashinuvlari sonini ko‘rsatadi. Yashil doiralar ushbu tadqiqot doirasida olingan namunalarni belgilaydi (barchasi

A. mellifera turiga mansub): *A. mellifera* 1 Namangan viloyatidan yig‘ilgan namuna; *A.mellifera* 2, Farg‘ona viloyatidan yig‘ilgan namuna; *A. mellifera* 3. Andijon viloyatidan yig‘ilgan namuna. Qizil uchburchak tashqi guruh (outgroup) sifatida olingan *L. ventralis* (HM430157) turini bildiradi. Rim raqamlari (I–V) asosiy kladalarni, lotin harflari (a–f) esa ularning ichidagi kichik guruhlarni ajratib ko‘rsatadi.

I klada (bootstrap = 79%) ikkita yaqin turni birlashtiradi: *A. florea* (a guruhi, 4 ta ketma-ketlik o‘zaro 100% qo‘llab-quvvatlangan monofiletik guruhni hosil qiladi) va *A. andreniformis* (b guruhi, 4 ta ketma-ketlik, shuningdek, 100% qo‘llab-quvvatlangan monofiletik guruhni hosil qiladi).

II klada (bootstrap = 26%) ikki turni o‘z ichiga oladi: *A. laboriosa* (yakka ketma-ketlik, MH138079) va *A. koschevnikovi* (2 ta ketma-ketlik o‘zaro 99% qo‘llab-quvvatlangan monofiletik guruhni hosil qiladi).

III klada (bootstrap = 100%) *A. nuluensis* turiga mansub ikkita ketma-ketlikni (AF153100 va AF153099) birlashtiradi va to‘liq monofiletik guruhni hosil qiladi.

IV klada (bootstrap = 99%) to‘liq holda *A. dorsata* turiga mansub to‘rtta ketma-ketlikni (MF804563, KU752355, MF804562 va KY835209) birlashtiradi. Ichki tugunlar nisbatan past darajada (33–59%) qo‘llab-quvvatlangan.

V klada (bootstrap = 86%) to‘liq holda *A. mellifera* turiga mansub namunalarni birlashtiradi. Klada tarkibida GenBank bazasidan olingan yakka ketma-ketlik (d guruhi, PX492349) alohida shoxda joylashadi. Qolgan namunalar esa 64% qo‘llab-quvvatlash qiymati bilan ikkita kichik guruhga bo‘linadi: e guruhi va f guruhi. e guruhi ushbu tadqiqot doirasida yig‘ilgan barcha uchta namunani – *A.mellifera* 1 (Namangan viloyati), *A. mellifera* 2 (Farg‘ona viloyati) va *A.mellifera* 3 (Andijon viloyati) - o‘z ichiga olib, GenBank ketma-ketliklaridan alohida, mustaqil monofiletik guruhni hosil qiladi. Ushbu guruhning ichki tugunlari nisbatan past qiymatlar (2–8%) bilan qo‘llab-quvvatlangan. f guruhi esa GenBank bazasidan olingan to‘rtta ketma-ketlikdan (PQ304249, OR733567, OR733565, OR947421) tashkil topgan. Shunday qilib, tadqiqot doirasida yig‘ilgan uchta namuna umumiy V klada ichida joylashgan bo‘lsa-da, GenBank bazasidagi *A. mellifera* ketma-ketliklaridan alohida kichik guruhni hosil qiladi. Bu ularning *A. mellifera* turiga mansubligini tasdiqlaydi.

Tashqi guruh sifatida olingan *Lasioglossum ventralis* (HM430157) barcha *Apis* turlaridan ancha uzoqda, alohida va uzun shoxda joylashib, filogenetik daraxtning ildizini belgilaydi. Masshtab chizig‘i (0,05) har bir nukleotid o‘rniga to‘g‘ri keladigan almashinuvlar sonini bildiradi.

XULOSA

O‘tkazilgan molekulyar-filogenetik tadqiqot doirasida *Apis Linnaeus*, 1758 avlodiga mansub turlarning mitoxondrial DNK COI geni (467 j.a.) nukleotidlar ketma-ketliklari asosida genetik masofa tahlili va filogenetik daraxt qurildi. Farg‘ona vodiysining Namangan, Farg‘ona va Andijon viloyatlaridan yig‘ilgan uchta *A. mellifera* namunasi (*A.mellifera* 1–3) o‘zaro hamda GenBank bazasidagi aksariyat *A. mellifera* ketma-ketliklari bilan to‘liq (0,000), faqat bittasi bilan qisman (0,002) genetik farqqa ega bo‘ldi. Bu ushbu namunalarning molekulyar darajada *A. mellifera* turiga mansubligini tasdiqlaydi.

Apis avlodiga mansub turlar ichidagi genetik masofa (0,000–0,024) bilan turlar o‘rtasidagi genetik masofa (0,078–0,140) o‘rtasida uch baravardan ortiq farq, ya’ni aniq “barcode gap” mavjudligi aniqlandi. Bu COI genining *Apis* avlodiga mansub turlarni molekulyar darajada farqlash uchun ishonchli va samarali belgi ekanini ko‘rsatadi.

Filogenetik daraxt tahlili *Apis* avlodiga mansub yettita turni turli darajada (26–100%) qo‘llab-quvvatlangan beshta asosiy klada (I–V) doirasida ajratdi. Tashqi guruh sifatida olingan *Lasioglossum ventralis* esa daraxtning to‘g‘ri ildizlanishini ta’minladi. O‘zbekistonning uchta hududidan yig‘ilgan namunalar *A. mellifera* turiga mansub V klada tarkibida GenBank ketma-ketliklaridan alohida, nisbatan past (2–8%), ammo qo‘llab-quvvatlash qiymatlari bilan tavsiflangan mustaqil kichik guruhni (e guruhi) hosil qildi. Umuman olganda, tadqiqot natijalari mitoxondrial COI genining *Apis* avlodida turlarni identifikatsiya qilish va filogenetik munosabatlarni aniqlash uchun samarali molekulyar vosita ekanini tasdiqlaydi. Shuningdek, Farg‘ona vodiysidan yig‘ilgan asalari namunalarining turga mansubligi ilk bor molekulyar-genetik jihatdan tasdiqlandi. Olingan ma’lumotlar kelgusida mintaqa asalarichiligida genetik xilma-xillikni baholash va mahalliy populyatsiyalarni saqlash bo‘yicha tadqiqotlar uchun asos bo‘lib xizmat qilishi mumkin.

FOYDALANILGAN ADABIYOTLAR

1. Arias M.C., Sheppard W.S. Phylogenetic relationships of honey bees (Hymenoptera: Apinae: Apini) inferred from nuclear and mitochondrial DNA sequence data // Molecular Phylogenetics and Evolution. -2005. -Vol. 37, No. 1. -P. 25–35.

2. Boom R., Sol C.J., Salimans M.M., Jansen C.L., Wertheim-van Dillen P.M.E., van der Noordaa J. Rapid and simple method for purification of nucleic acids // Journal of Clinical Microbiology. -1990. -Vol. 28, No. 3. -P. 495–503.

3. Carr S.M. Multiple mitogenomes indicate Things Fall Apart with Out of Africa or Asia hypotheses for the phylogeographic evolution of honey bees (*Apis mellifera*) // Scientific Reports. -2023. -Vol. 13. -Art. 9386.

4. Chen C., Wang H., Liu Z. et al. A new subspecies of *Apis mellifera* (Hymenoptera: Apidae) from the Tianshan mountains of Xinjiang, China // Zoological Systematics. -2016. -Vol. 41, No. 1. -P. 97–107.

5. Cornuet J.-M., Garnery L. Mitochondrial DNA variability in honeybees and its phylogeographic implications // Apidologie. -1991. -Vol. 22, No. 6. -P. 627–642.

6. Cridland J.M., Tsutsui N.D., Ramírez S.R. The complex demographic history and evolutionary origin of the western honey bee, *Apis mellifera* // Genome Biology and Evolution. -2017. -Vol. 9, No. 2. -P. 457–472.

7. Dogantzis K.A., Tiwari T., Conflitti I.M. et al. Thrice out of Asia and the adaptive radiation of the western honey bee // Science Advances. -2021. -Vol. 7, No. 49. -eabj2151.

8. Engel M.S. The taxonomy of recent and fossil honey bees (Hymenoptera: Apidae; *Apis*) // Journal of Hymenoptera Research. -1999. -Vol. 8. -P. 165–196.

9. Franck P., Garnery L., Loiseau A. et al. Genetic diversity of the honeybee in Africa: microsatellite and mitochondrial data // Heredity. -2001. -Vol. 86, No. 4. -P. 420–430.

10. Franck P., Garnery L., Solignac M., Cornuet J.-M. The origin of west European subspecies of honeybees (*Apis mellifera*): new insights from microsatellite and mitochondrial data // Evolution. -1998. -Vol. 52, No. 4. -P. 1119–1134.

11. Han F., Wallberg A., Webster M.T. From where did the western honeybee (*Apis mellifera*) originate? // Ecology and Evolution. -2012. -Vol. 2, No. 8. -P. 1949–1957.

12. Ilyasov R.A., Han F.T., Poskryakov A.V. et al. Haplotypes of the tRNAleu-COII mtDNA region in Russian *Apis mellifera* populations // Journal of Apicultural Research. -2023.

13. Kwon M., Jung C., Kil E.J. et al. First metagenomic analysis of virome in Uzbekistan honey bee (*Apis mellifera*): investigating basic information on honey bee viruses // Journal of Invertebrate Pathology. -2024. -Vol. 205. -Art. 108130.

14. Kwon M., Jung C., Kil E.J. et al. Landscape-scale virome analysis uncovers endemic and emerging honey bee viruses in the Silk-Road hub of Uzbekistan // Journal of Invertebrate Pathology. -2026. -Vol. 214. -Art. 108436.

15. Linnaeus C. Systema naturae per regna tria naturae, secundum classes, ordines, genera, species, cum characteribus, differentiis, synonymis, locis. Editio decima. -Holmiae: Laurentii Salvii, 1758. -824 p.

16. Marko M.A., Chipperfield R., Birnboim H.C. A procedure for the large-scale isolation of highly purified plasmid DNA using alkaline extraction and binding to glass powder // Analytical Biochemistry. -1982. -Vol. 121, No. 2. -P. 382–387.

17. Meixner M.D., Leta M.A., Koeniger N., Fuchs S. The honey bees of Ethiopia represent a new subspecies of *Apis mellifera -Apis mellifera simensis* n. ssp. // Apidologie. -2011. -Vol. 42, No. 3. -P. 425–437.

18. Michener C.D. The Social Behavior of the Bees: A Comparative Study. -Cambridge: Harvard University Press, 1974. -404 p.

19. Momot A.S., Yagoubi A.A., Utebayeva A. et al. Population structure analysis reveals the rich genetic diversity of honeybee (*Apis mellifera* L.) populations in Kazakhstan // Insects. -2026. -Vol. 17, No. 3. -Art. 318.

20. Requier F., Garnery L., Kohl P.L. et al. The conservation of native honey bees is crucial // Trends in Ecology & Evolution. -2019. -Vol. 34, No. 9. -P. 789–798.

21. Ruttner F. Biogeography and Taxonomy of Honeybees. -Berlin: Springer-Verlag, 1988. -284 p.

22. Sheppard W.S., Meixner M.D. *Apis mellifera pomonella*, a new honey bee subspecies from the Tien Shan mountains of Central Asia // Apidologie. -2003. -Vol. 34, No. 4. -P. 367–375.

23. Tihelka E., Cai C., Pisani D., Donoghue P.C.J. Mitochondrial genomes illuminate the evolutionary history of the western honey bee (*Apis mellifera*) // Scientific Reports. -2020. -Vol. 10. -Art. 14515.

24. Wallberg A., Han F., Wellenreuther M. et al. A worldwide survey of genome sequence variation provides insight into the evolutionary history of the honeybee *Apis mellifera* // Nature Genetics. -2014. -Vol. 46, No. 10. -P. 1081–1088.

25. Zhang, D.X., Hewitt, G.M. (1997). Assessment of the universality and utility of a set of conserved mitochondrial COI primers in insects. Insect Molecular Biology, 6, 143–150.

26. Zhou X., Fu C., Meng L. et al. The geographical origin, refugia, and diversification of honey bees (*Apis* spp.) based on biogeography and niche modeling // Apidologie. -2021. -Vol. 52, No. 1. -P. 39–52.