

МИНИСТЕРСТВО ПРОСВЕЩЕНИЯ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ
ФГБОУ ВО «БГПУ ИМ. М. АКМУЛЛЫ»
ФГБОУ ВО «РОССИЙСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ АГРАРНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ –
МСХА ИМЕНИ К. А. ТИМИРЯЗЕВА»
ФГБОУ ВО «ЧУВАШСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ АГРАРНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ»
ФГАОУ ВО «КРЫМСКИЙ ФЕДЕРАЛЬНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ ИМЕНИ В. И. ВЕРНАДСКОГО»
ТАДЖИКСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ ФИНАНСОВО-ЭКОНОМИЧЕСКИЙ УНИВЕРСИТЕТ

СОВРЕМЕННЫЕ ДОСТИЖЕНИЯ В ОБЛАСТИ АПИДОЛОГИИ

СБОРНИК СТАТЕЙ
I МЕЖДУНАРОДНОЙ НАУЧНО-ПРАКТИЧЕСКОЙ КОНФЕРЕНЦИИ

24 июня 2021 г.

Уфа
ФГБОУ ВО «БГПУ им. М. Акмуллы»
2021

УДК 638.1:595.7
ББК 46.91
С56

*Печатается по решению экспертного научного совета
Башкирского государственного педагогического университета
им. М. Акмуллы*

Редакционная коллегия:

*Сагитов Салават Талгатович
Саттаров Венер Нуруллович
Седых Татьяна Александровна
Сабирджонова Миляуша Рафаиловна
Маннапов Альфир Габдуллович
Ивашов Анатолий Васильевич
Семенов Владимир Григорьевич
Скворцов Анатолий Иванович
Улугов Одилджон Пардаалиевич*

С56 **Современные достижения в области апитологии** : сборник статей I Международной научно-практической конференции. 24 июня 2021 г. – Уфа : ФГБОУ ВО «БГПУ им. М. Акмуллы», 2021. – 72 с.

ISBN 978-5-907475-05-2

В сборник вошли материалы, представленные участниками I Международной научно-практической конференции «Современные достижения в области апитологии».

Материалы публикуются в авторской редакции, авторы несут персональную ответственность за оригинальность текстов статей, подбор и достоверность приведенных фактов, цитат, статистических данных, имен собственных, географических названий и прочих сведений, содержащихся в научной статье.

УДК 638.1:595.7
ББК 46.91

ISBN 978-5-907475-05-2

© ФГБОУ ВО «БГПУ им. М. Акмуллы», 2021

СОДЕРЖАНИЕ

Булатова А.Ф., Каскинова М.Д., Гайфуллина Л.Р., Гарипова М.И., Поскрjakов А.В., Салтыкова Е.С. ОБНАРУЖЕНИЕ <i>NOSEMA SP.</i> В ЗАПОВЕДНОЙ ЗОНЕ НА ЮЖНОМ УРАЛЕ	4
Быкова Т.О., Ивашов А.В., Саттаров В.Н., Амелина В.О. ПОПУЛЯЦИОННЫЙ ФЕНОТИПИЧЕСКИЙ СКРИНИНГ СЕМЕЙ МЕДОНОСНОЙ ПЧЕЛЫ, РАСПОЛОЖЕННЫХ НА ПАСЕКАХ В СТЕПНОЙ ЗОНЕ КРЫМА	7
Иванов С.П., Фатерыга А.В., Жидков В.Ю., Пивоваренко Н.А. ГИГАНТСКАЯ СМОЛЯНАЯ ПЧЕЛА <i>MEGACHILE (CALLOMEGACHILE)</i> <i>SCULPTURALISE SMITH, 1853 (HYMENOPTERA, APOIDEA, MEGACHILIDAE)</i> – ИНВАЗИВНЫЙ ВИД В КРЫМУ (ЗАМЕТКИ О ЕГО БИОЛОГИИ).....	16
Ильясов Р.А., Марсова М.В., Ковтун А.С., Ватлин А.А., Юнес Р.А., Гайфуллина Л.Р., Каскинова М.Д., Николенко А.Г., Квон Х.В., Даниленко В.Н. МИКРОБИОМ КИШЕЧНИКА МЕДОНОСНОЙ ПЧЕЛЫ <i>APIS MELLIFERA</i> – ПОТЕНЦИАЛЬНЫЙ ИТОЧНИК БИОЛОГИЧЕСКИ АКТИВНЫХ ИНГРЕДИЕНТОВ	23
Маннапов А.Г., Кричевцова А.Н. ВЛИЯНИЕ ИНВЕРТИРОВАННОГО СИРОПА В КОМПЛЕКСЕ С МИКРОБИОЛОГИЧЕСКИМ ПРЕПАРАТОМ АПИНИК НА СЕКРЕТОРНУЮ ФУНКЦИЮ ВОСКОВОЙ ЖЕЛЕЗЫ И БИОЛОГИЧЕСКИЕ ПОКАЗАТЕЛИ ПЧЕЛ	30
Маннапов А.Г., Анахина Е.А., Ранним Наал ВЛИЯНИЕ ИННОВАЦИОННОЙ ВОЩИНЫ НА ЖИЗНЕДЕЯТЕЛЬНОСТЬ ПЧЕЛИНОЙ СЕМЬИ.....	34
Мельникова Е.Н., Земскова Н.Е., Саттарова А.В. ЭФФЕКТИВНОСТЬ ПРЕДПРИНИМАТЕЛЬСКОЙ ДЕЯТЕЛЬНОСТИ АСПИРАНТОВ В РАМКАХ ПРОГРАММЫ «МОЛОДОЙ ФЕРМЕР»	38
Овчинникова М.А., Мирзоян А.А. ФИЗИКО-ХИМИЧЕСКИЕ СВОЙСТВА МОНОФЛОРНЫХ МЕДОВ РАВНИННОЙ ЗОНЫ КРАСНОДАСКОГО КРАЯ	43
Сабирджонова М.Р., Саттаров В.Н., Семенов В.Г., Скворцов А.И. РЕЗУЛЬТАТЫ АНТРОПОГЕННОГО ВОЗДЕЙСТВИЯ НА ФЕНОТИПЫ ТРУТНЕЙ (НА ПРИМЕРЕ СЕВЕРНОЙ ЛЕСОСТЕПНОЙ ЗОНЫ РЕСПУБЛИКИ БАШКОРТОСТАН)	47
Салтыкова Е.С., Ишмуратова Н.М., Николенко А.Г. ВЛИЯНИЕ ФЕРОМОННЫХ ПРЕПАРАТОВ ТОС-БИО И АПИСИЛ НА ПЕРЕЖИВАНИЕ МЕДОНОСНЫМИ ПЧЕЛАМИ ЭКСТРЕМАЛЬНО ВЫСОКИХ ТЕМПЕРАТУР	53
Самсонова И.Д. ОСОБЕННОСТИ ЦВЕТЕНИЯ И НЕКТАРОВОЫДЕЛЕНИЯ <i>ROBINIA PSEUDOACACIA</i>	55
Самсонова И.Д. МЕДОНОСНАЯ ЦЕННОСТЬ КУСТАРНИКОВЫХ ФОРМАЦИЙ БАЙРАЧНЫХ ЛЕСОВ.....	59
Чугреев М.К., Ткачева И.С. К ВОПРОСУ СОХРАНЕНИЯ БИОРАЗНООБРАЗИЯ МЕДОНОСНЫХ ПЧЕЛ.....	64
Шарипов А., Улугов О.П., Саттаров В.Н., Бахтиёри С., Муродов М.Х. РОЕНИЕ ПЧЕЛИНЫХ СЕМЕЙ В УСЛОВИЯХ РЕСПУБЛИКИ ТАДЖИКИСТАН.....	68

16. Ruzzier E., Menchetti M., Bortolotti L., Selis M., Monterastelli E., Forbicioni L. Updated distribution of the invasive *Megachile sculpturalis* (Hymenoptera: Megachilidae) in Italy and its first record on a Mediterranean island // Biodiversity Data Journal. 2020. Vol. 8. Article e57783. <https://doi.org/10.3897/BDJ.8.e57783>.

17. Sardar S., Rameshkumar A., Kazmi S. I. First report of *Megachile (Callomegachile) sculpturalis* Smith, 1853 (*Apoidea: Megachilidae*) from India // Journal of Insect

Biodiversity. 2021. Vol. 23, N 2. P. 43–49. <https://doi.org/10.12976/jib/2021.23.2.2>.

18. Vereecken N. J., Barbier E. Premières données sur la présence de l'abeille asiatique *Megachile (Callomegachile) sculpturalis* Smith (Hymenoptera, Megachilidae) en Europe // Osmia. 2009. N 3. P. 4–6.

19. Westrich P., Knapp A., Berney I. *Megachile sculpturalis* Smith 1853 (Hymenoptera, Apidae), a new species for the bee fauna of Germany, now north of the Alps // Eucera. 2015. N 9. P. 3–10.

Сведения об авторах

1. **Иванов Сергей Петрович**, Таврическая академия Крымского федерального университета им. В. И. Вернадского, 295007, Республика Крым, г. Симферополь, проспект академика Вернадского, 4, профессор кафедры экологии и зоологии, д.б.н., профессор, E-mail: spi2006@list.ru.

2. **Фатерыга Александр Владимирович**, Карадагская научная станция им. Т. И. Вяземского – природный заповедник РАН – филиал Института биологии южных морей им. А. О. Ковалевского РАН, г. Феодосия, пгт Курортное, ул. Науки, 24, старший научный сотрудник отдела изучения биоразнообразия и экологического мониторинга, к.б.н., E-mail: fater_84@list.ru.

3. **Жидков Всеволод Юрьевич**, Таврическая академия Крымского федерального университета им. В. И. Вернадского, 295007, Республика Крым, г. Симферополь, проспект академика Вернадского, 4, аспирант, E-mail: aravar@list.ru.

4. **Пивоваренко Никита Александрович**, Малая академия наук Крыма «Искатель», 295011, Республика Крым, г. Симферополь, ул. Гоголя, 26, кандидат в действительные члены, E-mail: pivovarenkodkb@mail.ru.

УДК 638.12:579.61:579.864

МИКРОБИОМ КИШЕЧНИКА МЕДОНОСНОЙ ПЧЕЛЫ *APIS MELLIFERA* – ПОТЕНЦИАЛЬНЫЙ ИСТОЧНИК БИОЛОГИЧЕСКИ АКТИВНЫХ ИНГРЕДИЕНТОВ

Ильясов Р.А.^{1,2,3}, Марсова М.В.¹, Ковтун А.С.¹, Ватлин А.А.¹, Юнес Р.А.¹,
Гайфуллина Л.Р.², Каскинова М.Д.², Николенко А.Г.², Квон Х.В.³, Даниленко В.Н.¹

¹Институт общей генетики им. Н. И. Вавилова РАН, Москва, Россия

²Институт биохимии и генетики, Уфимский федеральный исследовательский центр Российской академии наук, Уфа, Россия

³Инчхонский национальный университет, Исследовательский центр насекомых переносчиков болезней, Инчхон, Корея

Аннотация. Микробиом кишечника медоносной пчелы *Apis mellifera* содержит ограниченное количество эволюционно сформировавшихся представителей грамтрицательных (роды *Apibacter*, *Bartonella*, *Commensalibacter*, *Gilliamella*, *Parasaccharibacter*, *Saccharibacter*, *Serratia*, *Snodgrassella*, *Frischella*) и грамположительных бактерий (роды *Lactococcus*, *Lactobacillus*, *Bifidobacterium*). Их функции и значимость для отдельной особи и локальной популяции

являются в последнее время предметом исследований лабораторий во всем мире. Наш интерес к изучению микробиома кишечника пчелы обусловлен их антимикробным, иммуномодулирующим, нейромодулирующим потенциалом. Лактобактерии и бифидобактерии являются классическими представителями пробиотических бактерий. Их использование в качестве пробиотиков, парaproбиотиков, постбиотиков, ингредиентов в фармакологических препаратах и персонализированных продуктах питания постоянно расширяется. До настоящего времени микробиом кишечника медоносной пчелы не использовался в качестве источника пробиотиков. Полный метагеномный анализ микробиома, с использованием алгоритмов поиска заданных генов и их комбинаций, позволяет быстро и эффективно отбирать перспективные штаммы бактерий. Последующие геномный, транскриптомный, протеомный и метаболомный анализы позволяют отобрать наиболее приемлемые в практическом отношении штаммы. В перспективе, предлагаемая технологическая платформа, отработанная на удобном модельном объекте *A. mellifera*, позволит использовать ее и на других животных объектах.

Ключевые слова: *Apis mellifera*, *Lactobacillus*, медоносная пчела, микробиом кишечника, молочнокислые бактерии, ксенобиотики и пестициды, детоксикация.

THE GUT MICROBIOME OF THE HONEY BEE *APIS MELLIFERA* – IS A POTENTIAL SOURCE OF BIOLOGICALLY ACTIVE INGREDIENTS

Ilyasov R.A.^{1, 2, 3}, Marsova M.V.¹, Kovtun A.S.¹, Vatlin A.A.¹, Yunes R.A.¹, Gayfullina L.R.², Kaskinova M.D.², Nikolenko A.G.², Kvon H.V.³, Danilenko V.N.¹

¹Vavilov Institute of General Genetics
of the Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia

²Institute of Biochemistry and Genetics, Ufa Federal Research Center
of the Russian Academy of Sciences, Ufa, Russia

³Incheon National University, Insect Disease Vector Research Center, Incheon, Korea

Annotation. The gut microbiome of the honey bee *Apis mellifera* contains a limited number of evolutionarily formed representatives of gram-negative (genera *Apibacter*, *Bartonella*, *Commensalibacter*, *Gilliamella*, *Parasaccharibacter*, *Saccharibacter*, *Serratia*, *Snodgrassella*, *Frischella*) and gram-positive bacteria (genera *Lactococcus*, *Lactobacillus*, *Bifidobacterium*). Their functions and significance for the individuals and the local population have recently been the subject of research in laboratories around the world. Our interest in the study of the gut microbiome of the honey bees is due to its antimicrobial, immunomodulatory, neuromodulatory potential. Lactobacteria and bifidobacteria are the classic probiotic bacteria. Their use as probiotics, paraprobiotics, postbiotics, pharmaceutical ingredients and personalized food products is constantly expanding. Until now, the honeybee gut microbiome has not been used as a source of probiotics. A complete metagenomic analysis of the microbiome, using algorithms for searching for specified genes and their combinations, makes it possible to quickly and efficiently select promising strains of bacteria. Subsequent genomic, transcriptome, proteomic, and metabolomic analyzes make it possible to select the most practically acceptable strains. In the future, the proposed technological platform, tested at a convenient model of *A. mellifera*, allows it to be used on other animals.

Keywords: *Apis mellifera*, *Lactobacillus*, honey bee, gut microbiome, lactic acid bacteria, xenobiotics and pesticides, detoxification.

Микробиом кишечника медоносной пчелы *Apis mellifera* содержит ограниченное количество эволюционно сформировавшихся представителей грамтрицательных

(роды *Apibacter*, *Bartonella*, *Commensalibacter*, *Gilliamella*, *Parasaccharibacter*, *Saccharibacter*, *Serratia*, *Snodgrassella*, *Frischella*) и грамположительных бактерий (роды *Lacto-*

coccus, *Lactobacillus*, *Bifidobacterium*) (Engel and Moran, 2013; Kešnerová et al., 2016). Их функции и значимость для отдельной особи и локальной популяции являются в последнее время предметом исследований лабораторий во всем мире (Evans et al., 2006; Belkaid and Hand, 2014; Silva et al., 2017; Kacaniova et al., 2019; Wang H et al., 2020). Наш интерес к изучению микробиома кишечника пчелы обусловлен их антимикробным, иммуномодулирующим, нейромодулирующим потенциалом (Kwong et al., 2017; Kacaniova et al., 2019; Vernier et al., 2020; Wang S et al., 2020; Nowak et al., 2021).

В медовом зобике и кишечнике пчел было показано постоянное присутствие таких молочнокислых бактерий как *Lactobacillus Firm-4* и *Firm-5*, *L. helveticus*, *L. kunkeei*, *L. helsingborgensis*, *L. kimbladii*, *L. mellis*, *L. mellifer*, *L. melliventris*, *L. apis*, *L. kullaberme*, *L. johnsonii*, *L. micheneri*, *L. timberlakei*, *L. quenuiae*, *Bifidobacterium asteroides*, *B. coryneforme*, *Fructobacillus fructosus*, *F. tropaeoli*, *F. pseudofrucosus* (Carina Audisio et al., 2011; Vásquez et al. 2012; Olofsson et al., 2016; Alberoni et al., 2016; Janashia and Alaux, 2016; Jones et al., 2017; Zheng et al., 2017; McFrederick et al., 2018; Bleau et al., 2020; Kešnerová et al., 2020). Данные группы бактерий являются наиболее важными микроорганизмами в кишечнике пчелы (Kešnerová et al., 2020). Здесь присутствуют также немногочисленные, но стабильно встречающиеся виды бактерий *Frischella perrara* (Gammaproteobacteria), *Parasaccharibacter apium*, *Bombella favourum*, *Bombella mellum*, *Bartonella apis* (Alpha 1), *Commensalibacter sp.* (Alpha 2.1), *Bombella apis* (Alpha 2.2) (Alphaproteobacteria) (Kešnerová et al., 2016; Jones et al., 2017; Dong et al., 2020; Bleau et al., 2020; Hilgarth et al., 2021).

Показано, что микробиом кишечника играет такую же важную роль для пчел, как и для млекопитающих (Engel and Moran, 2013; Zheng et al., 2017; Anderson and Ricigliano, 2017; Dong et al., 2020). Две основные функции микробиома кишечника пчел - это биосинтез питательных веществ и деградация биомассы. Было показано, что микробиом кишечника участвует в синтезе питательных веществ, которые отсутствуют в пище (Shi et al., 2010), а также в выделении

целлюлолитических ферментов, ответственных за расщепление и гидролиз биомассы (Shi et al., 2010). Микроорганизмы кишечника пчел оказывают влияние на выживаемость, общий размер тела и яйценоскость матки. Более того, было показано, что они играют важную роль в устойчивости насекомых к инсектицидам и пестицидам (Jing et al., 2020).

Микробиом контролирует гомеостаз кишечника пчел с помощью различных механизмов с участием таких веществ, как липополисахариды, фагеллины и пептидогликаны, которые взаимодействуют с Toll-подобными клеточными рецепторами и активируют внутриклеточные сигнальные пути, связанные с ростом клеток, репликацией, апоптозом и иммунным ответом. В свою очередь, иммунная система пчелы контролирует состав микроорганизмов, синтезируя антимикробные пептиды (абецин, апидацин, дефенсин и гименоптецин) (Saltykova et al., 2005; Пыасов et al., 2012), лектины, активные формы кислорода и бактериоцины, которые эффективно сдерживают распространение патогенных микроорганизмов (Evans et al., 2006; Valentini et al., 2014; Yiu et al., 2016; Kwong et al., 2017). Микробиом кишечника пчел может модулировать иммунитет хозяина, влиять на развитие и морфогенез иммунной системы, а также других органов и структур организма (Kwong et al., 2017). Слизистая оболочка кишечника пчел одновременно должна поддерживать условия для развития микроорганизмов и сдерживать чрезмерный рост их численности путем контроля иммунного ответа собственного организма (Belkaid and Hand, 2014). Микробиом кишечника оказывает защитное действие на пчел при инфекционных заболеваниях посредством модификации кишечной среды, подавления развития патогенов и индукции иммунного ответа хозяина. Микробиом пчел также продуцирует антимикробные пептиды, которые играют ключевую роль в защите от патогенов (Carina Audisio et al., 2011; Пыасов et al., 2012; Butler et al., 2013; Keerthi et al., 2013; Killer et al., 2014; Olofsson et al., 2016; Sandi and Salasia, 2016; Salman and Saleh, 2018; Kacaniova et al., 2019). Синдром распада пчелиных семей CCD объяс-

няется нарушением функционирования микробиома кишечника, поскольку в фекалиях медоносных пчел, погибших из-за CCD, обнаружилась непереваренная пыльца вследствие поражения симбиотических бактерий вирусами и антибиотиками (Shi et al., 2010; Smaghe et al., 2017). По сравнению с микробиомом других животных, микробиом кишечника пчел участвует преимущественно в метаболизме углеводов и адаптирован к богатому сахарами рациону хозяина. Микробиом способствует поглощению сахаров и деградации маннозы из нектара, который ядовит для пчел (Engel and Moran, 2013). Микробиом кишечника пчел влияет на преобразование нектара в мед, а смол и экссудатов в прополис благодаря ферментации (Pachila et al., 2017; Silva et al., 2017). Микробиом кишечника пчел участвует в деградации и детоксикации ксенобиотиков и пестицидов (тиаклоприд, имидаклоприд, флувалинат) путем повышения экспрессии ферментов детоксикации в кишечнике (Wu et al., 2020). Молочнокислые бактерии рода *Lactobacillus* представлены в кишечнике пчел наибольшим видовым разнообразием и характеризуются максимальными антиоксидантным потенциалом (Nowak et al., 2021). Микробиом кишечника пчел способствует ускорению роста, увеличению продолжительности жизни, повышению усвоения пищи и увеличению массы тела особей посредством модуляции инсулиноподобного сигнального пути, вовлеченного в процессы роста, размножения, старения и гомеостаза (Zheng et al., 2017). Микробиом пчел необходим для синтеза ферментов, которые участвуют в метаболизме полисахаридов (протеаз, гликозидаз), витаминов, короткоцепочечных жирных кислот (бутират, пропионат и ацетат), которые обеспечивают хозяина источниками энергии и способствуют детоксикации продуктов метаболизма (Sommer and Bäckhed, 2013; Wang H et al., 2020). Микробиом кишечника пчел участвует в модулировании поведения пчел путем влияния

на функции мозга и нервной системы, сенсорике, память и обучение посредством изменения уровней биогенных аминов (серотонин, октопамин и дофамин) и нейропептидов (Harris and Woodring, 1992; Leger and McFrederick, 2020; Vernier et al., 2020). Таким образом, микробиом кишечника вовлечен в модуляцию практически всех систем организма пчелы и представляет собой незаменимый и важный для выживания дополнительный орган. Геном пчелы и метагеном микробиома кишечника объединены в единый, функционально связанный друг с другом комплексный геном, который не должен рассматриваться отдельно.

Лактобактерии и бифидобактерии являются классическими представителями пробиотических бактерий и их использование в качестве пробиотиков, парапробиотиков, постбиотиков, ингредиентов в фармакологических препаратах и персонализированных продуктах питания постоянно расширяется (Nowak et al., 2021). До настоящего времени микробиом кишечника медоносной пчелы не использовался в качестве источника пробиотиков. Полный метагеномный анализ микробиома, с использованием алгоритмов поиска заданных генов и их комбинаций, позволяет быстро и эффективно отбирать перспективные штаммы бактерий (Kovtun et al., 2020). Последующие геномный, транскриптомный, протеомный и метаболомный анализы позволяют отобрать наиболее приемлемые в практическом отношении штаммы (Averina et al., 2020; Marsova et al., 2020; Poluektova et al., 2021). В перспективе, предлагаемая технологическая платформа, отработанная на удобном модельном объекте *A. mellifera*, позволит использовать ее и на других животных объектах.

Благодарности. Работа выполнена при поддержке государственного задания (регистрационный номер АААА-А21-12101 199 0120-7) – К.М, Г.Л., грантов Российского фонда фундаментальных исследований (РФФИ) (грант № 19-54-70002 e-Asia_t) - Р.И., Н.А.

Список источников

1. Alberoni D., Gaggia F., Baffoni L., Di Gioia D. Beneficial microorganisms for honey bees: problems and progresses // Applied

Microbiology and Biotechnology. – 2016. – V. 100, № 22. – P. 9469-9482. <https://doi.org/10.1007/s00253-016-7870-4>.

2. Anderson K. E., Ricigliano V. A. Honey bee gut dysbiosis: a novel context of disease ecology // *Current Opinion in Insect Science* – 2017. – V. 22. – P. 125-132. <https://doi.org/10.1016/j.cois.2017.05.020>.
3. Averina O. V., Zorkina Y. A., Yunes R. A., Kovtun A. S., Ushakova V. M., Morozova A. Y., Kostyuk G. P., Danilenko V. N., Chekhonin V. P. Bacterial metabolites of human gut microbiota correlating with depression // *International Journal of Molecular Sciences*. – 2020. – V. 21, № 23. P. 9234. <https://doi.org/10.3390/Ijms21239234>.
4. Belkaid Y., Hand Timothy W. Role of the microbiota in immunity and inflammation // *Cell*. – 2014. – V. 157, № 1. – P. 121-141. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2014.03.011>.
5. Bleau N., Bouzlama S., Giovenazzo P., Derome N. Dynamics of the honeybee (*Apis mellifera*) gut microbiota throughout the overwintering period in Canada // *Microorganisms*. – 2020. – V. 8, № 8. – P. 1146. <https://doi.org/10.3390/microorganisms8081146>.
6. Butler E., Alsterfjord M., Olofsson T. C., Karlsson C., Malmstrom J., Vasquez A. Proteins of novel lactic acid bacteria from *Apis mellifera mellifera*: an insight into the production of known extra-cellular proteins during microbial stress // *BMC Microbiology*. – 2013. – V. 13. – P. 235. <https://doi.org/10.1186/1471-2180-13-235>.
7. Carina Audisio M., Torres M. J., Sabaté D. C., Ibarguren C., Apella M. C. Properties of different lactic acid bacteria isolated from *Apis mellifera* L. bee-gut // *Microbiological Research*. – 2011. – V. 166, № 1. – P. 1-13. <https://doi.org/10.1016/j.micres.2010.01.003>.
8. Dong Z.-X., Li H.-Y., Chen Y.-F., Wang F., Deng X.-Y., Lin L.-B., Zhang Q.-L., Li J.-L., Guo J. Colonization of the gut microbiota of honey bee (*Apis mellifera*) workers at different developmental stages // *Microbiological Research*. – 2020. – V. 231. – P. 126370. <https://doi.org/10.1016/j.micres.2019.126370>.
9. Engel P., Moran N. A. The gut microbiota of insects – diversity in structure and function // *FEMS Microbiology Reviews*. – 2013. – V. 37, № 5. – P. 699-735. <https://doi.org/10.1111/1574-6976.12025>.
10. Evans J. D., Aronstein K., Chen Y. P., Hetru C., Imler J. L., Jiang H., Kanost M., Thompson G. J., Zou Z., Hultmark D. Immune pathways and defence mechanisms in honey bees *Apis mellifera* // *Insect Molecular Biology*. – 2006. – V. 15, № 5. – P. 645-656. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2583.2006.00682.x>.
11. Harris J. W., Woodring J. Effects of stress, age, season, and source colony on levels of octopamine, dopamine and serotonin in the honey bee (*Apis mellifera* L.) brain // *Journal of Insect Physiology*. – 1992. – V. 38, № 1. – P. 29-35. [https://doi.org/10.1016/0022-1910\(92\)90019-a](https://doi.org/10.1016/0022-1910(92)90019-a).
12. Hilgarth M., Redwitz J., Ehrmann M. A., Vogel R. F., Jakob F. *Bombella favorum* sp. nov. and *Bombella mellum* sp. nov., two novel species isolated from the honeycombs of *Apis mellifera* // *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. – 2021. – V. 71, № 2. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.004633>.
13. Ilyasov R. A., Gaifullina L. R., Saltykova E. S., Poskryakov A. V., Nikolenko A. G. Review of the expression of antimicrobial peptide defensin in honey bees *Apis mellifera* L // *Journal of Apicultural Science*. – 2012. – V. 56, № 1. – P. 115-124. <https://doi.org/10.2478/v10289-012-0013-y>.
14. Janashia I., Alaux C. Specific immune stimulation by endogenous bacteria in honey bees (Hymenoptera: Apidae) // *Journal of Economic Entomology*. – 2016. – V. 109, № 3. – P. 1474-1477. <https://doi.org/10.1093/jee/tow065>.
15. Jing T.-Z., Qi F.-H., Wang Z.-Y. Most dominant roles of insect gut bacteria: digestion, detoxification, or essential nutrient provision? // *Microbiome*. – 2020. – V. 8, № 1. – P. 38. <https://doi.org/10.1186/s40168-020-00823-y>.
16. Jones J. C., Fruciano C., Hildebrand F., Al Toufalilia H., Balfour N. J., Bork P., Engel P., Ratnieks F. L. W., Hughes W. O. H. Gut microbiota composition is associated with environmental landscape in honey bees // *Ecology and Evolution*. – 2017. – V. 8, № 1. – P. 441-451. <https://doi.org/10.1002/ece3.3597>.
17. Kacaniova M., Gasper J., Terentjeva M. Antagonistic effect of gut microbiota of honeybee (*Apis mellifera*) against causative agent of American foulbrood *Paenibacillus larvae* // *Journal of Microbiology Biotechnology and Food Sciences*. – 2019. – V. 9. – P. 478-481. <https://doi.org/10.15414/jmbfs.2019.9.special.478-481>.

18. Keerthi T. R., Anjali A. J., Honey C. Honey bee gut flora as a source of LAB (lactic acid bacteria) with probiotic capabilities // *The Journal of Food Technology*. Photon. – 2013. – V. 105. – P. 126-134.
19. Kešnerová L., Emery O., Troilo M., Liberti J., Erkosar B., Engel P. Gut microbiota structure differs between honeybees in winter and summer // *ISME J.* – 2020. – V. 14, № 3. – P. 801-814. <https://doi.org/10.1038/s41396-019-0568-8>.
20. Kešnerová L., Moritz R., Engel P. *Bartonella apis* sp. nov., a honey bee gut symbiont of the class Alphaproteobacteria // *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. – 2016. – V. 66, № 1. – P. 414-421. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.000736>.
21. Killer J., Dubna S., Sedlacek I., Svec P. *Lactobacillus apis* sp. nov., from the stomach of honeybees (*Apis mellifera*), having an in vitro inhibitory effect on the causative agents of American and European foulbrood // *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. – 2014. – V. 64, № 1. – P. 152-157. <https://doi.org/10.1099/ijms.0.053033-0>.
22. Kovtun A. S., Averina O. V., Alekseeva M. G., Danilenko V. N. Antibiotic resistance genes in the gut microbiota of children with autistic spectrum disorder as possible predictors of the disease // *Microbial Drug Resistance*. – 2020. – V. 26, № 11. – P. 1307-1320. <https://doi.org/10.1089/mdr.2019.0325>.
23. Kwong W. K., Mancenido A. L., Moran N. A. Immune system stimulation by the native gut microbiota of honey bees // *R Soc Open Sci.* – 2017. – V. 4, № 2. – P. 170003. <https://doi.org/10.1098/rsos.170003>.
24. Leger L., McFrederick Q. S. The gut–brain–microbiome axis in bumble bees // *Insects*. – 2020. – V. 11, № 8. – P. 517. <https://doi.org/10.3390/insects11080517>.
25. Marsova M., Poluektova E., Odorskaya M., Ambaryan A., Revishchin A., Pavlova G., Danilenko V. Protective effects of *Lactobacillus fermentum* U-21 against paraquat-induced oxidative stress in *Caenorhabditis elegans* and mouse models // *World Journal of Microbiology & Biotechnology*. – 2020. – V. 36, № 7. P. 104. <https://doi.org/10.1007/s11274-020-02879-2>.
26. McFrederick Q. S., Vuong H. Q., Rothman J. A. *Lactobacillus micheneri* sp. nov., *Lactobacillus timberlakei* sp. nov. and *Lactobacillus quenuiae* sp. nov., lactic acid bacteria isolated from wild bees and flowers // *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. – 2018. – V. 68, № 6. – P. 1879-1884. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.002758>.
27. Nowak A., Szczuka D., Górczyńska A., Motyl I., Kręgiel D. Characterization of *Apis mellifera* gastrointestinal microbiota and lactic acid bacteria for honeybee protection—a review // *Cells*. – 2021. – V. 10, № 3. – P. 701. <https://doi.org/10.3390/cells10030701>.
28. Olofsson T. C., Butler È., Markowicz P., Lindholm C., Larsson L., Vásquez A. Lactic acid bacterial symbionts in honeybees – an unknown key to honey's antimicrobial and therapeutic activities // *International Wound Journal*. – 2016. – V. 13, № 5. – P. 668-679. <https://doi.org/10.1111/iwj.12345>.
29. Poluektova E., Yunes R., Danilenko V. The putative antidepressant mechanisms of probiotic bacteria: relevant genes and proteins // *Nutrients*. – 2021. – V. 13, № 5. – P. 1591. <https://doi.org/10.3390/nu13051591>.
30. Salman S. M., Saleh G. Fructophilic lactic acid bacteria symbionts in honeybees – a key role to antimicrobial activities // *IOSR Journal of Pharmacy and Biological Sciences*. – 2018. – V. 13, № 1. – P. 58-62. <https://doi.org/10.9790/3008-1301055862>.
31. Saltykova E. S., Ben'kovskaia G. V., Sukhorukova O. V., Udalov M. B., Poskriakov A. V., Nikolenko A. G. Intraspecies variations of humoral immunity in honey bee *Apis mellifera* // *Journal of Evolutionary Biochemistry and Physiology*. – 2005. – V. 41, № 4. – P. 391–397.
32. Sandi N. A., Salasia S. I. O. Alternative antibiotics source from symbiont of lactic acid bacteria inside stomach of honeybees (*Apis mellifera* and *Apis dorsata*) against multiresistant antibiotics pathogenic bacteria // *Research Journal of Microbiology*. – 2016. – V. 11. – P. 93-100. <https://doi.org/10.3923/jm.2016.93.100>.
33. Shi W., Syrenne R., Sun J.-Z., Yuan J. S. Molecular approaches to study the insect gut symbiotic microbiota at the 'omics' age // *Insect Science*. – 2010. – V. 17, № 3. – P. 199-219. <https://doi.org/10.1111/j.1744-7917.2010.01340.x>.

34. Silva M. S., Rabadzhiev Y., Ellner M. R., Iliev I., Ivanova I., Santana W. C. Chapter 11. Microorganisms in honey // Honey analysis / De Toledo V. D. A. A. – Maringá, Paraná, Brazil: IntechOpen, 2017. – P. 3467-2583. ISBN: 978-953-51-2880-9.
35. Smagghe G., vanEngelsdorp D., Traynor K. S., Andree M., Lichtenberg E. M., Chen Y., Saegerman C., Cox-Foster D. L. Colony Collapse Disorder (CCD) and bee age impact honey bee pathophysiology // Plos One. – 2017. – V. 12, № 7. – P. e0179535. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0179535>.
36. Sommer F., Bäckhed F. The gut microbiota - masters of host development and physiology // Nature Reviews Microbiology. – 2013. – V. 11, № 4. – P. 227-238. <https://doi.org/10.1038/nrmicro2974>.
37. Valentini M., Piermattei A., Di Sante G., Migliara G., Delogu G., Ria F. Immunomodulation by gut microbiota: role of Toll-like receptor expressed by T cells // Journal of Immunology Research – 2014. – V. 2014. – P. 1-8. <https://doi.org/10.1155/2014/586939>.
38. Vásquez A., Forsgren E., Fries I., Paxton R. J., Flaberg E., Szekely L., Olofsson T. C., Ahmed N. Symbionts as major modulators of insect health: lactic acid bacteria and honeybees // Plos One. – 2012. – V. 7, № 3. – P. e33188. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0033188>.
39. Vernier C. L., Chin I. M., Adu-Oppong B., Krupp J. J., Levine J., Dantas G., Ben-Shahar Y. The gut microbiome defines social group membership in honey bee colonies // Sci Adv. – 2020. – V. 6, № 42. – P. eabd3431. <https://doi.org/10.1126/sciadv.abd3431>.
40. Wang H., Liu C., Liu Z., Wang Y., Ma L., Xu B. The different dietary sugars modulate the composition of the gut microbiota in honeybee during overwintering // BMC Microbiology. – 2020. – V. 20, № 1. – P. 61. <https://doi.org/10.1186/s12866-020-01726-6>.
41. Wang S., Wang L., Fan X., Yu C., Feng L., Yi L. An insight into diversity and functionalities of gut microbiota in insects // Current Microbiology. – 2020. – V. 77, № 9. – P. 1976-1986. <https://doi.org/10.1007/s00284-020-02084-2>.
42. Wu Y., Zheng Y., Chen Y., Wang S., Chen Y., Hu F., Zheng H. Honey bee (*Apis mellifera*) gut microbiota promotes host endogenous detoxification capability via regulation of P450 gene expression in the digestive tract // Microbial Biotechnology. – 2020. – V. 13, № 4. – P. 1201-1212. <https://doi.org/10.1111/1751-7915.13579>.
43. Yiu J. H. C., Dorweiler B., Woo C. W. Interaction between gut microbiota and Toll-like receptor: from immunity to metabolism // Journal of Molecular Medicine. – 2016. – V. 95, № 1. – P. 13-20. <https://doi.org/10.1007/s00109-016-1474-4>.
44. Zheng H., Powell J. E., Steele M. I., Dietrich C., Moran N. A. Honeybee gut microbiota promotes host weight gain via bacterial metabolism and hormonal signaling // Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America. – 2017. – V. 114, № 18. – P. 4775-4780. <https://doi.org/10.1073/pnas.1701819114>.

Сведения об авторах

1. **Ильясов Рустем Абузарович**, д.б.н, в.н.с, Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, 119991, Москва, ул. Губкина, 3, Россия. E-mail: arismell@hotmail.com.
2. **Марсова Мария Викторовна**, м.н.с, Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, 119991, Москва, ул. Губкина, 3, Россия. E-mail: masha_marsova@mail.ru.
3. **Ковтун Алексей Сергеевич**, к.б.н, н.с, Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, 119991, Москва, ул. Губкина, 3, Россия. E-mail: kovtunas25@gmail.com.
4. **Ватлин Алексей Александрович**, к.б.н, с.н.с, Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, 119991, Москва, ул. Губкина, 3, Россия. E-mail: vatlin_alexey123@mail.ru.

5. **Юнес Роман Абдуллаевич**, к.б.н., н.с, Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, 119991, Москва, ул. Губкина, 3, Россия. E-mail: romanyunes@gmail.com.

6. **Гайфуллина Луиза Римовна**, к.б.н., н.с, Институт биохимии и генетики, Уфимский федеральный исследовательский центр Российской академии наук, 450054, Уфа, Проспект Октября, 71, Россия. E-mail: lugim78@mail.ru.

7. **Каскинова Миляуша Дамировна**, к.б.н., н.с, Институт биохимии и генетики, Уфимский федеральный исследовательский центр Российской академии наук, 450054, Уфа, Проспект Октября, 71, Россия. E-mail: kaskinovamilyausha@mail.ru.

8. **Николенко Алексей Геннадьевич**, д.б.н., проф., Институт биохимии и генетики, Уфимский федеральный исследовательский центр Российской академии наук, 450054, Уфа, Проспект Октября, 71, Россия. E-mail: a-nikolenko@yandex.ru.

9. **Квон Хюн Вук**, д.б.н., проф., Инчхонский национальный университет, 22012, Инчхон, Ёнсу-гу, Академи-ро, 119, Республика Корея. E-mail: hwkwon@inu.ac.kr.

10. **Даниленко Валерий Николаевич**, д.б.н., проф., Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, 119991, Москва, ул. Губкина, 3, Россия. E-mail: valerid@vigg.ru.

УДК 638.144.52:638.123

ВЛИЯНИЕ ИНВЕРТИРОВАННОГО СИРОПА В КОМПЛЕКСЕ С МИКРОБИОЛОГИЧЕСКИМ ПРЕПАРАТОМ АПИНИК НА СЕКРЕТОРНУЮ ФУНКЦИЮ ВОСКОВОЙ ЖЕЛЕЗЫ И БИОЛОГИЧЕСКИЕ ПОКАЗАТЕЛИ ПЧЕЛ

Маннапов А.Г., Кричевцова А.Н.

ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет –
МСХА имени К. А. Тимирязева», Москва, Россия

Аннотация. Установлено, что добавление в инвертированный сахарный сироп препарата апиник, содержащего полезные для желудочно-кишечного тракта микроорганизмы str. Faecium и незаменимых аминокислот, или 10 %-й перги оказывает пролонгирующее влияние на продолжительность жизни пчел карпатской и серой горной кавказской пород. Использованные подкормки стабилизирует массу рабочих особей на уровне верхней границы физиологической нормы стандарта породы как у карпатских, так и у серых горных кавказских пчел, а также улучшают секреторную деятельность клеток восковой железы с ускорением образования восковых пластинок на восковых зеркальцах рабочих пчел.

Ключевые слова: карпатские пчелы, серые горные кавказские пчелы, инвертированный сахарный сироп, пчелит, микробиологический препарат апиник, продолжительность жизни, масса, восковые пластинки, восковая железа.

INFLUENCE OF INVERTED SYRUP IN COMPLEX WITH MICROBIOLOGICAL PREPARATION APINIK ON SECRETORY FUNCTION OF WAX IRON AND BIOLOGICAL INDICATORS OF BEES

Mannapov A.G., Krichevtsova A.N.

Russian State Agrarian University –
Moscow Agricultural Academy named after K. A. Timiryazev, Moscow, Russia

Annotation. It has been established that the addition of apinik preparation containing microorganisms useful for the gastrointestinal tract to the inverted sugar syrup str. Faecium and essential