

**ПЧЕЛОВОДСТВО ХОЛОДНОГО И
УМЕРЕННОГО КЛИМАТА
COLD AND MODERATE CLIMATE BEEKEEPING**



**МАТЕРИАЛЫ V-й МЕЖДУНАРОДНОЙ НАУЧНО-
ПРАКТИЧЕСКОЙ КОНФЕРЕНЦИИ
MATERIALS OF THE V-th INTERNATIONAL
SCIENTIFIC AND PRACTICAL CONFERENCE**

МОСКВА-ПСКОВ 2021 г.

Министерство науки и высшего образования РФ
Федеральное государственное бюджетное научное учреждение
«Федеральный научный центр лубяных культур» (ФГБНУ ФНЦ ЛК)
Министерство сельского хозяйства РФ
ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный заочный университет» (ФГБОУ ВО РГАУЗУ)
Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation
Federal Scientific Center for Bast Crops
Ministry of Agriculture of the Russian Federation
Russian State Agrarian Correspondence University»

УДК 638.1

Ответственный за выпуск – Еськов Евгений Константинович, д.б.н., проф., заслуженный деятель науки и техники РФ, почетный член Нью-йоркской АН

Члены редколлегии:

Ильясов Рустем Абузарович – д.б.н.

Мытько Сергей Иванович - Республиканское общественное объединение "Белорусские пчеловоды"

Николенко Алексей Геннадьевич - д.б.н., проф.

Саттаров Венер Нуруллоевич – д.б.н., проф.

Ярошевич Георгий Степанович – д. с-х н.

Responsible for the release – Eskov Evgeny Konstantinovich. Dr. Biol. Sci., Prof., Honored Worker of Science and Technology of the Russian Federation, Honorary Member of the New York Academy of Sciences

Members of the editorial board:

Pyasov Rustem Abuzarovich - Dr. Biol. Sci.

Mytko Sergey Ivanovich - Republican Public Association "Belarusian Beekeepers"

Nikolenko Alexey Gennadievich - Dr. Biol. Sci., Prof.

Sattarov Vener Nurulloevich – Dr. Biol. Sci., Prof.

Yaroshevich Georgy Stepanovich – Dr. Agricult. Sci.

Пчеловодство холодного и умеренного климата: Материалы 5-й Международной научно-практической конференции. Москва-Псков. 19-20 октября 2021 г. Псков – 270 с.

Cold and moderate climate beekeeping: Proceedings of the 5th International Scientific and Practical Conference. Moscow-Pskov. October 19-20. Pskov 2021 – 270 p.

© Коллектив авторов, 2021 год

© The team of authors, 2021 year

**МОРФОФИЗИОЛОГИЯ, ГЕНЕТИКА
MORPHOPHYSIOLOGY, GENETICS**

УДК 575.17:595.799

Р.А. Ильясов^{1,2,3,*}, М.В. Марсова¹, А.С. Ковтун¹, А.А. Ватлин¹, Р.А. Юнес¹, Л.Р. Гайфуллина², М.Д. Каскинова², А.Г. Николенко², Х.В.

Квон³, В.Н. Даниленко¹

R.A. Ilyasov^{1,2,3,*}, M.V. Marsova¹, A.S. Kovtun¹, A.A. Vatlin¹, R.A. Yunes¹, L.R. Gaifullina², M.D. Kaskinova², A.G. Nikolenko², H.W.

Kwon³, V.N. Danilenko¹

**ГЕНЕТИЧЕСКИЕ АСПЕКТЫ СОХРАНЕНИЯ ПОПУЛЯЦИЙ
МЕДОНОСНОЙ ПЧЕЛЫ *APIS MELLIFERA*
GENETIC ASPECTS OF THE CONSERVATION OF POPULATIONS
OF THE HONEYBEE *APIS MELLIFERA***

¹*Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, Москва, Россия*

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

³*Инчхонский национальный университет, Инчхон, Корея*

**e-mail: apismell@hotmail.com¹*

Vavilov 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, Russia³Incheon National University, Incheon, Korea *e-mail: apismell@hotmail.co*

Введение

Пчелы являются основными опылителями для более 80% видов цветковых растений (17, 21). Тесное взаимодействие между пчелами и растениями было сформировано длительной совместной эволюцией (7, 17). Каждый подвид медоносной пчелы адаптирован к уникальной местной среде и характеризуется собственными предпочтениями цветковых растений (21, 29). Помимо разведения

пчел для опыления сельскохозяйственных культур пчелы используются людьми для производства меда (17). Показано, что в результате нарушения среды обитания и ряда дополнительных потенциальных причин сокращение популяции пчел возросла в течение последнего десятилетия во всех странах мира (1, 3, 17). Сокращение популяции пчел приводит как экологическим, так и экономическим проблемам (33), поскольку может поставить под угрозу продовольственную безопасность человека (17, 24). Таким образом, сокращение популяций пчел представляет собой серьезную угрозу для человека и требует разработки эффективных стратегий сохранения и восстановления популяций пчел в разных регионах (2, 17). Изучение полиморфизма, генного и генетического разнообразия в популяциях подвидов пчел имеет решающее значение для разработки стратегий по сохранению их генофондов (7, 8, 17).

Гибридизации подвидов пчел и угроза потери локальных генофондов

Поток генов между подвидами медоносных пчел в настоящее время распространен в популяциях европейских пчел в связи с интродукцией подвидов и гибридов и невозможности последующего контроля их размножения (20, 27). В результате массовой гибридизации из-за ввоза пчелиных маток и транспортировки семей пчел в отдаленные регионы была нарушена естественная структура географического распределения подвидов пчел во всем ареале в Европе (15). В Германии в результате массовой интродукции *A. m. carnica* произошла интенсивная гибридизация с подвидом *A. m. mellifera*. В России подвид *A. m. mellifera* на большей части территории также подвержен гибридизации с подвидами пчел *A. m. caucasia* и *A. m. carpatica* (12, 13).

В результате широкого распространения подвидов *A. m. carnica*, *A. m. caucasia* и *A. m. ligustica* в Евразии произошла их

гибридизация с аборигенным для Северной Европы подвидом *A. m. mellifera* и замена пчелами гибридного происхождения (12, 15). Современные молекулярно-генетические данные показали, что неограниченный поток генов происходит между популяциями пчел подвидов *A. m. carnica*, *A. m. macedonica* и *A. m. cecropia* Балканских стран и Восточной Европы. Так, в Болгарии аборигенный подвид *A. m. macedonica* с 1980 года был почти полностью заменен интродуцированными подвидами *A. m. ligustica*, *A. m. carnica* и *A. m. caucasia* (14). Популяция пчел подвида *A. m. iberiensis* Балеарских островов также подвержена интенсивной гибридизации интродуцированными подвидами *A. m. carnica* и *A. m. ligustica* (6). Аборигенные пчелы подвида *A. m. mellifera* на острове Сардиния и подвида *A. m. intermissa* на острове Сицилия относительно недавно были полностью заменены интродуцированными пчелами подвида *A. m. ligustica* из материковой Италии (9).

Последствиями гибридизации могут быть снижение эффективного размера популяции и генетического разнообразия. Генофонды местных подвидов пчел в результате сокращения эффективной численности и массовой интрогрессии чужих генов могут быть потеряны в ближайшем будущем (30). Генетическое разнообразие медоносных пчел постоянно снижается под влиянием пестицидов, внутривидовой гибридизации, инфекционных и паразитарных заболеваний (5, 10). Снижение генетического разнообразия в популяциях пчел вызывает серьезную озабоченность, поскольку может привести к снижению иммунитета, адаптации и продуктивности и эффективного размера популяции медоносных пчел (22, 23).

Генетические исследования направленные на идентификацию подвидов позволят контролировать перемещения пчел и снизить процесс гибридизации подвидов (13, 15). Генетические исследования направленные на характеристику популяции позволят проводить мониторинг генетических процессов

в популяции, своевременно выявить критические моменты и разработать новые перспективные стратегии разведения пчел, основанные на анализе генетических показателей (13, 18, 27, 28, 31).

Роль микробиома кишечника в сохранении популяции пчел

Микробиом кишечника пчел играет важную роль в сохранении популяции пчел и участвует в деградации и детоксикации ксенобиотиков и пестицидов (тиаклоприд; имидаклоприд; флувалинат) путем повышения экспрессии ферментов детоксикации в кишечнике (32). Молочнокислые бактерии рода *Lactobacillus* представлены в кишечнике пчел наибольшим видовым разнообразием и характеризуются повышенным антиоксидантным потенциалом и позволяет пчелам переживать длительный зимний безоблетный период (19).

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 (4, 11, 16, 25). 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 (16). Было показано, что нарушение функционирования микробиома кишечника пчел приводит к снижению приспособленности популяций пчел, повышенной заболеваемости и сокращению численности популяций пчел (16, 25).

Нарушения микробиома кишечника могут быть вызваны ухудшением экологической обстановки в результате применения пестицидов в сельском хозяйстве, а также распространение новых патогенов в результате массовой транспортировки семей пчел (4,

11). Показано, что синдром распада пчелиных семей CCD объясняется нарушением функционирования микробиома кишечника, поскольку в фекалиях медоносных пчел, погибших из-за CCD, обнаружилась непереваренная пыльца вследствие поражения симбиотических бактерий вирусами и антибиотиками (26).

Заключение

Пчелы являются незаменимыми компонентами наземных экосистем, и их сохранение имеет важное экологическое и экономическое значение. Использование генетических подходов в сохранении пчел может иметь большое значение в сохранении пчел и в выявлении генетических угроз для адаптации популяций пчел. Популяционные генетические исследования могут быть использованы для оценки структуры популяции, потока генов, эффективного размера популяции и идентификации подвидов. Важную роль Генетические методы обеспечивают надежные и быстрые оценки численности популяции.

Благодарности

Работа выполнена при поддержке государственного задания (регистрационный номер АААА-А21-121011990120-7) –М.К., Л.Г., грантов Российского фонда фундаментальных исследований (РФФИ) (грант № 19-54-70002 e-Asia_t) - Р.И., А.Н.

Литература

1. *Bartomeus I., Park M.G., Gibbs J., Danforth B.N., Lakso A.N., Winfree R.* Biodiversity ensures plant-pollinator phenological synchrony against climate change // *Ecology Letters*. 2013. – V. 16, № 11. – P. 1331-8. <https://doi.org/10.1111/ele.12170>.
2. *Brown M.J.F., Paxton R.J.* The conservation of bees: a global perspective // *Apidologie*. – 2009. V. 40, № 3. P. 410-416. <https://doi.org/10.1051/apido/2009019>.
3. *Cameron E.P., Franck P., Oldroyd B.P.* Genetic structure of

nest aggregations and drone congregations of the southeast Asian stingless bee *Trigona collina* // *Molecular Ecology*. 2004. V. 13. P. 2357-2364. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2004.02194.x>.

4. *Carina Audisio M., Torres M.J., Sabaté D.P., Iburguren P., Apella M.P.* 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>.

5. *Cornman R.S., Tarpy D.R., Chen Y., Jeffreys L., Lopez D., Pettis J.S., VanEngelsdorp D., Evans J.D.* Pathogen webs in collapsing honey bee colonies // *Plos One*. 2012. V. 7, № 8. P. e43562. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0043562>.

6. *De la Rúa P., Galian J., Serrano J., Moritz R.F.A.* Molecular characterization and population structure of the honeybees from the Balearic Islands (Spain) // *Apidologie*. 2001. V. 32, № 5. P. 417-427. <https://doi.org/10.1051/apido:2001141>.

7. *Dellicour S., Kastally P., Varela S., Michez D., Rasmont P., Mardulyn P., Lecocq V.* Ecological niche modelling and coalescent simulations to explore the recent geographical range history of five widespread bumblebee species in Europe // *Journ. Biogeography*. 2017. V. 44, № 1. P. 39-50. <https://doi.org/10.1111/jbi.12748>.

8. *Duennes M.A., Lozier J.D., Hines H.M., Cameron S.A.* Geographical patterns of genetic divergence in the widespread Mesoamerican bumble bee *Bombus ephippiatus* (Hymenoptera: Apidae) // *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 2012. V. 64, № 1. P. 219-31. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2012.03.018>.

9. *Franck P., Garnery L., Solignac M., Cornuet J.-M.* Molecular confirmation of a fourth lineage in honeybees from the Near East // *Apidologie*. 2000. V. 31. P. 167-180. <https://doi.org/10.1051/apido:2000114>.

10. *Genersch E., Evans J.D., Fries I.* Honey bee disease overview // *Journal of Invertebrate Pathology*. 2010. V. 103, № Suppl. 1. P. 2-4. <https://doi.org/10.1016/j.jip.2009.07.015>.

11. *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 // *Journ. Apicultural Sci*. 2012. V. 56, № 1. P. 115-124. <https://doi.org/10.2478/v10289-012-0013-y>.

12. *Ilyasov R. A., Petukhov A. V., Poskryakov A. V., Nikolenko*

A. G. Local honeybee (*Apis mellifera mellifera* L.) populations in the Urals // Russian Journal of Genetics. – 2007. – V. 43, № 6. – P. 709-711. <https://doi.org/1134/S1022795407060166>.

13. *Ilyasov R.A., Poskryakov A.V., Petukhov A.V., Nikolenko A.G.* Molecular genetic analysis of five extant reserves of black honeybee *Apis mellifera mellifera* in the Urals and the Volga region // Russian Journ. Genetics. 2016. V. 52, № 8. P. 828-839. <https://doi.org/10.1134/S1022795416060053>.

14. *Ivanova E., Petrov P., Bouga M., Emmanouel N., Ivgin-Tunka R., Kence M.* Genetic variation in honey bee (*Apis mellifera* L.) populations from Bulgaria // Journ. Apicultural Sci. 2010. V. 54, № 2. P. 49-60.

15. *Jensen A.B., Palmer K.A., Chaline N., Raine N E., Tofilski A., Martin S.J., Pedersen B.V., Boomsma J.J., Ratnieks F.L.W.* Quantifying honey bee mating range and isolation in semi-isolated valleys by DNA microsatellite paternity analysis // Conservation Genetics. 2005. V. 6. P. 527-537. <https://doi.org/10.1007/s10592-005-9007-7>.

16. *Kacaniova M., Gasper J., Terentjeva M.* Antagonistic effect of gut microbiota of honeybee (*Apis mellifera*) against causative agent of American foulbrood *Paenibacillus larvae* // Journ. Microbiology Biotechnology and Food Sci. 2019. V. 9. P. 478-481. <https://doi.org/10.15414/jmbfs.2019.9.special.478-481>.

17. *López-Uribe M.M., Soro A., Jha S.* Conservation genetics of bees: advances in the application of molecular tools to guide bee pollinator conservation // Conservation Genetics. – 2017. V. 18, № 3. P. 501-506. <https://doi.org/10.1007/s10592-017-0975-1>.

18. *Muñoz I., Pinto M.A., De la Rúa P.* Effects of queenimportation on the genetic diversity of island honey bee populations (*Apis mellifera* Linneaus 1758) // Journ. Apicultural Research. 2014. V. 53. P. 296-302.

19. *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>.

20. *Oleksa A., Gawronski R., Tofilski A.* Rural avenues as a refuge for feral honey bee population // Journ. Insect Conservation. 2013. V. 17. P. 465-472. <https://doi.org/10.1007/s10841-012-9528-6>.

21. Ollerton J., Erenler H., Edwards M., Crockett R. Extinctions of aculeate pollinators in Britain and the role of large-scale agricultural changes // *Science*. 2014. V. 346, № 6215. P. 1360-1362. <https://doi.org/10.1126/science.1257259>.

22. Page Jr -Gene E Robinson M Kim Fondrk -Medhat E Nasr R.E. Effects of worker genotypic diversity on honey bee colony development and behavior (*Apis mellifera* L.) // *Behav Ecol Sociobiol.* – 1995. V. 36. P. 387-396. <https://doi.org/10.1007/BF00177334>.

23. Palmer M. R., Smith D. R., Kaftanoğlu O. Turkish honeybees: genetic variation and evidence for a fourth lineage of *Apis mellifera* mtDNA // *Journal of Heredity*. – 2000. – V. 91, № 1. – P. 42-46. <https://doi.org/10.1093/jhered/91.1.42>.

24. Potts S.G., Imperatriz-Fonseca V., Ngo H.V., Aizen M.A., Biesmeijer J.P., Breeze V. D., Dicks L.V., Garibaldi L.A., Hill R., Settele J., Vanbergen A.J. Safeguarding pollinators and their values to human well-being // *Nature*. 2016. V. 540, № 7632. P. 220-229. <https://doi.org/10.1038/nature20588>.

25. 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>.

26. Smaghe G., vanEngelsdorp D., Traynor K.S., Andree M., Lichtenberg E.M., Chen Y., Saegerman P., 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>.

27. Soland-Reckeweg G., Heckel G., Neumann P., Fluri P., Excoffier L. Gene flow in admixed populations and implications for the conservation of the Western honeybee, *Apis mellifera* // *Journal of Insect Conservation*. 2009. V. 13. P. 317-328. <https://doi.org/10.1007/s10841-008-9175-0>.

28. Solignac M., Vautrin D., Loiseau A., Mougél F., Baudry E., Estoup A., Garnery L., Haberl M., Cornuet J. M. Five hundred and fifty microsatellite markers for the study of the honeybee (*Apis mellifera* L.) genome // *Molecular Ecology Notes*. – 2003. – V. 3. – P. 307-311. <https://doi.org/10.1046/j.1471-8286.2003.00436.x>.

29. Tandon V., Kumar A., Rana P. Pollination – its type, threats

and role in environment conservation // International Journal of Current Research. 2016. V. 8, № 8. P. 35744-35751.

30. Uzunov A., Meixner M. D., Kiprijanovska H., Andonov S., Gregorc A., Ivanova E., Bouga M., Dobi P., Büchler R., Francis R., Kryger P. Genetic structure of *Apis mellifera macedonica* in the Balkan peninsula based on microsatellite DNA polymorphism // Journal of Apicultural Research. 2014. V. 53, № 2. P. 288-295. <https://doi.org/10.3896/IBRA.1.53.2.10>.

31. Wallberg A., Han F., Wellhagen G., Dahle B., Kawata M., Haddad N., Simões Z. L. P., Allsopp M. H., Kandemir I., De la Rúa P., Pirk P.W., Webster M.V.A worldwide survey of genome sequence variation provides insight into the evolutionary history of the honeybee *Apis mellifera* // Nature Genetics. 2014. V. 46, № 10. P. 1081-1088. <https://doi.org/10.1038/ng.3077>.

32. Wu Y., López Y., Chen Y., Wang S., Chen Y., Hu F., López 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>.

33. Zayed A. Bee genetics and conservation // Apidologie. 2009. V. 40. P. 237-262. <https://doi.org/10.1051/apido/2009026>.

34. López H., Powell J.E., Steele M.I., Dietrich P., 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>.

Аннотация. Под влиянием факторов окружающей среды и деятельности человека изоляция географических подвидов была нарушена и локальным генофондам подвидов стала угрожать опасность интрогрессивной гибридизации. Идентификация подвидов пчел молекулярно-генетическими методами позволяет снизить процесс гибридизации подвидов. Применение генетических методов в изучении популяции пчел позволяет оценить основные популяционно-генетические характеристики, такие как аллельное и генетическое разнообразие, инбридинг, эффективный размер

популяции, эффекты бутылочного горлышка. Знания генетических показателей популяции позволят разработать эффективные стратегии сохранения генофонда подвидов пчел. Показано, что микробиом кишечника вовлечен в модуляцию практически всех систем организма медоносной пчелы и играет важную роль в иммунитете и адаптации пчел к условиям среды обитания. Комплексные исследования генома и метаженома микробиома кишечника пчел могут открыть новые перспективы в консервативной генетике популяций подвидов пчел.

Ключевые слова: медоносная пчела, *Apis mellifera*, подвиды, генофонд, SNP, однонуклеотидный полиморфизм, гибридизация, интрогрессия, микробиом кишечника, молочнокислые бактерии

Abstract. Under the influence of environmental factors and human activities, the isolation of geographic subspecies was disrupted and the local gene pools of the subspecies were threatened by the danger of introgressive hybridization. The identification of subspecies of bees by molecular genetic methods makes it possible to reduce the process of hybridization of the subspecies. The use of genetic methods in the study of the population of bees makes it possible to assess the main population genetic characteristics, such as allelic and genetic diversity, inbreeding, effective population size, and bottleneck effects. Knowledge of the genetic parameters of the population will make it possible to develop effective strategies for preserving the gene pool of bee subspecies. It has been shown that the gut microbiome is involved in the modulation of almost all systems of the honeybee and plays an important role in the immunity and adaptation of bees to environmental conditions. Comprehensive studies of the genome and metagenome of the gut microbiome of bees may open up new perspectives in the conservative genetics of populations of subspecies of bees.

Keywords: honey bee, *Apis mellifera*, subspecies, gene pool, SNP, single nucleotide polymorphism, hybridization, introgression, gut microbiome, lactic acid bacteria