

Клещ *Varrona underwoodi* – Потенциальный паразит Европейских пчел*

Нами была построена дендрограмма филогенетических отношений методом ближайших соседей с 2000 бутстрэп репликациями на основе *r*-дистанций между последовательностями гена *COX1* мтДНК клеща *V. underwoodi*, *V. destructor*, *V. jacobsoni*. Последовательность гена *COX1* мтДНК LC532104 *V. underwoodi* из России (гаплотип China 1 MH205176) была объединена в один кластер со всеми последовательностями (MH205173, MH205174, MH205176, MH205177) из Китая. Отдельными кластерами располагались последовательности *COX1* мтДНК представителей *V. destructor* — KJ403739, KJ403742, KJ403742, KJ403742 из Саудовской Аравии, а также *V. jacobsoni* — MF462134 из Папуа-Новой Гвинеи и AF010479 из Австралии (рис. 3).

Из дендрограммы видно, что в кластере *V. underwoodi* образец LC532104 из России расположен наиболее близко к самому северным образцом MH205176 из Китая, они находились на расстоянии 450 км друг от друга. Расстояние между российским образцом и наиболее удаленным от него самым южным китайским образцом MH205177 составило 3 тыс. км. Кроме того, на дендрограмме можно увидеть, что кластер *V. underwoodi* генетически более близок к *V. destructor*, чем к *V. jacobsoni*. Самый южный образец *V. underwoodi* (MH205177) был наиболее удален от остальных образцов этого вида и оказался ближе к кластеру *V. destructor*. Вероятно, этот образец относится к новому подвиду *V. underwoodi*.

Распространение *V. underwoodi* в северных провинциях Китая значительно выше,

чем в южных. Более высокое заражение пчел в холодных регионах объясняется тем, что массовое размножение паразита происходит в семьях, выращивающих расплод в зимний безоблетный период. Кроме того, в Северной Азии продолжительность выращивания расплода трутней немного короче [10]. Идентичность последовательностей гена *COX1* мтДНК *V. underwoodi* из Приморского края и провинции Jilin (Китай) позволяет предположить, что гаплотип *China 1 MH205176 V. underwoodi* адаптирован к паразитированию на пчелах *A. cerana*, обитающих в холодном климате Северной Азии. Возможно, дальневосточный регион заселен единой популяцией *V. underwoodi* гаплотипа *China 1 MH205176*, распространенной на обширной территории Северной Азии.

Как отмечалось, клещи, отобранные в Приморском крае, были идентифици-

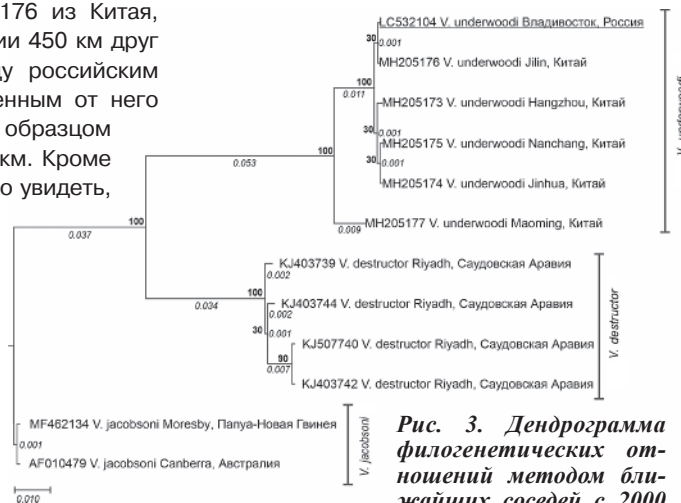


Рис. 3. Дендрограмма филогенетических отношений методом ближайших соседей с 2000

бутстрэп-репликациями на основе *r*-дистанций между последовательностями гена *COX1* мтДНК трех видов клеща (цифры на каждой ветви указывают генетические дистанции)


рованы как подвид *V. underwoodi* на основании их морфометрии, находившейся в диапазоне ранее описанных популяций *V. underwoodi*, а также последовательности гена *COX1* мтДНК, идентичным с образцом МН205176. Низкий уровень генетической дивергенции представителей *V. underwoodi* из удаленных друг от друга регионов российского Дальнего Востока и Северного Китая можно также объяснить низкой скоростью молекулярной эволюции, обусловленной паразитическим образом жизни внутри семей *A. cerana*. Аналогичным образом можно объяснить отсутствие различий между образцами *V. destructor* KJ403742 и KJ403740 из отдаленных регионов Саудовской Аравии, образцами *V. jacobsoni* MF462134 и AF010479 из таких далеких стран, как Папуа-Новая Гвинея и Австралия. Таким образом, скорость молекулярной эволюции у всех видов клещей рода *Varroa* очень низкая, а их геномы более консервативны, чем геномы их хозяев [9].

Определенный нами средний уровень генетической дивергенции — 7% между *V. destructor* и *V. jacobsoni* был очень близок к средней генетической дивергенции в 6% между *V. destructor* из Южной Кореи, Франции, Вьетнама, Китая, Японии, Непала, Шри-Ланки и *V. jacobsoni* из Индонезии, Малайзии, Лаоса, Борнео, Папуа-Новой Гвинеи (Tscheg et al., 2019). Генетическая дивергенция на основе последовательностей мтДНК между видами насекомых варьирует в диапазоне от 8 до 17%, а генетическое расстояние *r*-дистанция по мтДНК — в диапазоне от 0,100 до 0,200. Средняя генетическая дивергенция между *V. underwoodi*, *V. destructor* и *V. jacobsoni* по нуклеотидной последовательности гена *COX1* мтДНК лежит в пределах от 7 до 10%, а *r*-дистанция — от 0,072 до 0,099, которые согласуются с диапазоном генетических различий между видами насекомых (Tan et al., 2011; Han et al., 2016; Eimanifar et al., 2017; Ilyasov et al., 2018, 2019).

Присутствие *V. underwoodi* в закрытых ячейках расплода рабочих особей в одной семье *A. mellifera* в Папуа-Новой Гвинее (Roberts et al., 2015) показывает, что может произойти межвидовая смена хозяина и переход паразита с *A. cerana* на *A. mellifera*. Выше отмечалось, что *V. underwoodi* пока не обнаружен на пасаках российского Дальнего Востока. Однако миграция *A. cerana* между Россией

и Китаем может привести к появлению в дальневосточном регионе новых гаплотипов *V. underwoodi*, способных паразитировать в семьях *A. mellifera*. Поскольку *V. underwoodi* генетически близок с *V. destructor*, обычным паразитом как *A. mellifera*, так и *A. cerana*, высока вероятность, что этот клещ начнет паразитировать на *A. mellifera* (Roberts et al., 2020). Следовательно, надо быть готовым к появлению у *A. mellifera* нового паразита (Anderson, 2000; Anderson, Trueman, 2000; Mucoz et al., 2008; Rosenkranz et al., 2010; Roberts et al., 2015), [9, 10].

Разрушительные эффекты для *A. mellifera* могут вызвать даже не сами клещи, а межвидовой перенос новых, не характерных для данного вида патогенов — вирусов и бактерий. Известно, что *V. destructor* и *V. underwoodi* имеют различный видовой состав микробиома кишечника и могут стать переносчиками разных видов вирусов (восемь РНК-вирусов и один ДНК-вирус) (Sandionigiet al., 2015; Sacca et al., 2020) [6, 11]. В популяции *A. cerana* клещи *V. destructor* переносят вирусы *DWV*, *IAPV*, *BQCV*, *KBV*, *CBPV*, *SBV* и *AmFV*, а *V. underwoodi* — вирусы *DWV*, *CBPV*, *AmFV*, *BQCV*, *IAPV* и *KBV* [6, 11]. Кроме того, один и тот же вирус неодинаково действует на разные виды пчел. Так, вирус мешотчатого расплода *kSBV* уничтожил 95% популяции *A. cerana*, но не был вирулентен для *A. mellifera* (Choi et al., 2010; Koetz, 2013; Vung et al., 2017), [11]. В кишечнике рабочих особей *A. mellifera*, инфицированных *V. destructor*, наблюдается повышенное количество *Snodgrassella alvi* и уменьшение *Lactobacillaceae* (Hubert et al., 2017; Marche et al., 2019; Bleau et al., 2020). Микробиом пораженной *V. destructor* пчелиной личинки становится сходным с микробиомом клеща, что свидетельствует об обмене микробиомом кишечника между пчелой и паразитом (Sandionigi et al., 2015). Искусственное заражение пчел патогенной микроспорицией *Nosema ceranae* также изменяет состав микробиома кишечника и провоцирует рост численности *Gilliamella apicola* (Rubanov et al., 2019). Было показано, что заражение *V. destructor* представляет собой более важный фактор нарушения и изменения микробиома кишечника взрослых особей *A. mellifera*, чем заражение микроспоридиями *N. ceranae*, *N. apis* и трипаносомой *Lotmaria passim* (Hubert et al., 2017).



Для борьбы с этими паразитами часто используют химические вещества — фумагиллин (против *Nosema spp.*) и щавелевую кислоту (против *V. destructor*), которые в свою очередь уменьшают разнообразие и численность бактерий микробиома кишечника медоносной пчелы (Raymann et al., 2017; Diaz et al., 2019). Это может негативно влиять на физиологию, иммунитет, выживаемость и адаптацию к условиям окружающей среды (Bleau et al., 2020; Sacca et al., 2020), [2]. Однако селекция медоносных пчел по гигиеническому поведению на устойчивость к *V. destructor* позволит использовать меньше акарицидов и других химических веществ и, следовательно, предотвратить нарушения состава микробиома кишечника (Çakmak, Fuchs, 2013).

Для борьбы с распространением *V. destructor* и предотвращения потенциального перехода *V. underwoodi* также можно применять методы селекции. Сейчас в мире существует девять популяций медоносной пчелы, устойчивых к *V. destructor*: Ireland North County Dublin в Ирландии; подвид *A. m. scutellata* в Бразилии и Южной Африке; Toulouse во Франции; популяция на острове Fernando de Noronha в Бразилии; Приморская в Приморском крае России; Gotland в Швеции; Avignon во Франции; Arnot Forest Ithaca в штате Нью-Йорк, США; популяция на острове Marmara в Турции (Mondragyn et al., 2005; Allsopp 2006; Locke and Fries 2011; Çakmak, Fuchs, 2013; Locke, 2016; Conlon et al., 2018; McMullan, 2018; van Alphen, Fernhout 2020). Селекция пчел по гигиеническому поведению против *V. destructor* может также оказаться эффективной и против *V. underwoodi*.

Работа выполнена при поддержке государственного задания (регистрационный номер АААА-А21-121011990120-7) — Р.А. Ильясов, грантов Российского фонда фундаментальных исследований (РФФИ, грант № 19-54-70002 e-Asia 1) — А.Г. Николенко и Программы постдокторских исследований в Инчхонском национальном университете (2017–2019) — Р.А. Ильясов.

**Р.А. ИЛЬЯСОВ^{1,2,3}, Д.И. ТАКАХАШИ⁴, М.Л. ЛИ²,
М.Ю. ПРОЩАЛЫКИН⁵, А.С. ЛЕЛЕЙ⁵, Х.В. КВОН²,
В.Н. ДАНИЛЕНКО¹, А.Г. НИКОЛЕНКО³**

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

²Отделение наук о жизни, специализация в области биологических наук и Центр исследований насекомых-переносчиков болезней, Инчхонский национальный университет, г. Инчхон, Корея;

³Институт биохимии и генетики Уфимского федерального исследовательского центра РАН, г. Уфа;

⁴Факультет естественных наук, Университет Киото Сангё, г. Киото, Япония;

⁵ФНЦ биоразнообразия наземной биоты Восточной Азии ДО РАН, г. Владивосток

Клещи рода *Varroa* — эктопаразиты медоносных пчел рода *Apis*. Клещи *V. underwoodi*, в отличие от хорошо известных *V. destructor* и *V. jacobsoni*, до сих пор мало изучены. Согласно зарубежным публикациям, признанный ареал распространения *V. underwoodi* в популяции *A. cerana* включает Непал, Южную Корею, Японию, Малайзию, Индию, Индонезию, Папуа-Новую Гвинею, Вьетнам и Китай, за исключением России. Хотя *V. underwoodi* ранее описывался на пчелах подвида *A. c. ussuriensis* в Приморском крае России, этот факт до сих пор остается малоизвестным в связи с небольшим количеством публикаций на английском языке. Поскольку *V. destructor* и *V. jacobsoni* способны легко переходить на другие виды пчел, возможна вероятность того, что *V. underwoodi* также может в дальнейшем перейти с *A. cerana* на *A. mellifera*.

Ключевые слова: *Varroa underwoodi*, *Varroa destructor*, *Varroa jacobsoni*, ген *COX1* мтДНК, Приморский край, гаплотип China 1 MH205176, северная граница ареала, микробиом кишечника, вирусы.

ЛИТЕРАТУРА

1. Вавилов Н.И. Закон гомологических рядов в наследственной изменчивости / Труды III Всерос. съезда по селекции и семеноводству. — Саратов, 1920.
2. Ильясов Р.А., Марсова М.В., Ковтун А.С., Ватлин А.А., Юнес Р.А., Гайфуллина Л.П., Каскинова М.Д., Кwon Х.В., Николенко А.Г., Даниленко В.Н. Роль микробиома кишечника медоносных пчел // Пчеловодство. — 2021. — №7.
3. Кузнецов В.Н. Китайская восковая пчела *Apis cerana cerana* F. (Hymenoptera, Apidae) на Дальнем Востоке России. — М., 2005.
4. Кузнецов В.Н., Лелей А.С. О паразитировании клещей рода *Varroa* Oudemans, 1904 (Acari: Varroidae) на китайской восковой пчеле *Apis cerana cerana* Fabricius, 1793 (Hymenoptera: Apidae) в Приморском крае. — Владивосток, 2005.
5. Anderson D.L., Halliday R.B., Otis G.W. The occurrence of *Varroa underwoodi* (Acarina: Varroidae) in Papua New Guinea and Indonesia // *Apidologie*. — 1997. №28. doi: 10.1051/apido:19970305.
6. Chen G., Wang S., Jia S., Feng Y., Hu F., Chen Y., Zheng H. A new strain of virus discovered in China specific to the parasitic mite *Varroa destructor* poses a potential threat to honey bees // *Viruses*. — 2021. — №13 (4). doi: 10.3390/v13040679.
7. Huang S. The main kinds of honeybee ectoparasitic mites and the first found of *Varroa underwoodi* in China // *Apiculture of China*. — 2004. — №6.
8. Ilyasov R.A., Han G.Y., Lee M.-L., Kim K.W., Proshchalykin M.Y., Lelej A.S., Takahashi J.-I., Kwon H.W. Phylogenetic relationships of Russian Far-East *Apis cerana* with other North Asian populations // *Journal of Apicultural Science*. — 2019. — №63 (2). doi: 10.2478/jas-2019-0024.
9. Ilyasov R.A., Takahashi J.I., Proshchalykin M.Y., Lelej A.S., Lee M.L., Kwon H.W., Nikolenko A.G. First evidence of presence of *Varroa underwoodi* mites on native *Apis cerana* colonies in Primorsky Territory of Russia based on COX1

gene // Journal of Apicultural Science. — 2019. — №65 (1). doi: 10.2478/JAS-2021-0014.

10. Wang S., Chen G., Lin Z., Wu Y., Hu F., Zheng H. Occurrence of multiple honeybee viruses in the ectoparasitic mites *Varroa* spp. in *Apis cerana* colonies // Journal of Invertebrate Pathology. — 2019. -№166. doi: 10.1016/j.jip.2019.107225.

11. Wang S., Lin Z., Dietemann V., Neumann P., Wu Y., Hu F., Zheng H. Ectoparasitic mites *Varroa underwoodi* (Acarina: Varroidae) in eastern honeybees, but not in western honeybees // Journal of Economic Entomology. — 2019. — №112 (1). doi: 10.1093/jee/toy288.

12. Woo K.S. New honeybee mite *Varroa underwoodi* on *Apis cerana* in South Korea // Mitsubachi Kagaku (Honeybee Science). — 1992. — №13.

СВЕДЕНИЯ ОБ АВТОРАХ: *Ильясов Рустем Абузарович*, д-р биол. наук, вед. науч.сотр., e-mail: apismell@hotmail.com; *Николенко Алексей Геннадьевич*, д-р биол. наук, проф., e-mail: a-nikolenko@yandex.ru; *Кwon Хюн Вук*, д-р биол. наук, проф., e-mail: hwkwon@inu.ac.kr; *Такахашии Дзюн Ичи*, д-р биол. наук, проф., e-mail: jit@cc.kyoto-su.ac.jp; *Лелей Аркадий Степанович*, д-р биол. наук, проф., e-mail: lelej@biosoil.ru; *Прошчалыкин Максим Юрьевич*, канд. биол. наук, ст. науч. сотр., e-mail: proshchalikin@biosoil.ru; *Даниленко Валерий Николаевич*, д-р биол. наук, проф., e-mail: valerid@vigg.ru.

MITE VARROA UNDERWOODI — A POTENTIAL PARASITE OF APIS MELLIFERA

*R.A. Ilyasov, J.I. Takahashi, M.L. Lee,
M.Yu. Proshchalykin, A.S. Lelej, H.W. Kwon,
V.N. Danilenko, A.G. Nikolenko*

Species of the genus *Varroa* are ectoparasitic mites of the *Apis* honeybees. Unlike the well-known species of ticks *V. destructor* and *V. jacobsoni*, *V. underwoodi* is still poorly studied. According to foreign publications, the recognized distribution area of *V. underwoodi* in the *A. cerana* population includes Nepal, South Korea, Japan, Malaysia, India, Indonesia, Papua New Guinea, Vietnam, and China, with the exception of Russia. Although *V. underwoodi* was previously described on honey bees of the subspecies *A. c. ussuriensis* in the Primorsky Territory of Russia, this fact is still little known due to the small number of publications in English. Since *V. destructor* and *V. jacobsoni* have the ability to easily switch to other bee species, there is a possibility that *V. underwoodi* may also later switch from Asian honey bees *A. cerana* to European honey bees *A. mellifera*.

Keywords: *Varroa underwoodi*, *Varroa destructor*, *Varroa jacobsoni*, mitochondrial *COX1* gene, Primorsky Territory of Russia, haplotype China 1 MH205176, the northern border of a range, gut microbiome, viruses.

