

УДК 579.25

**Молекулярные аспекты дифференциации каст у пчел: мета-анализ данных scRNAseq**  
**Неуров А.М. (ИТМО) Тальдаев А.Х. (ИБМХ, МФТИ)**

**Научный руководитель – кандидат биологических наук, доцент Адонин Л.С. (СПбГУТ),**  
**Смутин Д.В. (ИТМО)**

**Введение.** Кастовая социальная структура пчел - уникальный пример сложной организации, где каждая каста выполняет определенные функции, обеспечивающие выживание и эффективность колонии. В пчелиной семье существует три основные касты: матка, рабочие пчелы и трутни, каждая из которых обладает своими уникальными морфологическими и физиологическими характеристиками [1].

Современные методы секвенирования, такие как секвенирование одноклеточной РНК (scRNAseq), открывают новые горизонты для изучения молекулярных основ дифференциации и деления каст. Эти технологии позволяют исследовать экспрессию генов на уровне отдельных клеток, обеспечивая более глубокое понимание того, как генетические и молекулярные механизмы определяют функции и роли различных каст в колонии [2]. Метаанализ данных секвенирования scRNA дает возможность интегрировать результаты различных исследований, выявляя общие закономерности и уникальные особенности отдельных типов клеток - важные биомаркеры каст пчел.

Поэтому целью данной работы было изучение молекулярных механизмов и генетических маркеров подразделения касты рабочих пчел и исследование влияния экспрессии генов на функциональные роли.

**Основная часть.** Сравнение профилей экспрессии генов между образцами может показать уникальные молекулярные характеристики, присущие различным подгруппам рабочих пчел, а также выявить специфические биомаркеры, которые могут быть использованы для определения принадлежности пчелы к касте рабочих. Эти биомаркеры будут полезны для дальнейших исследований в области пчеловодства и экологии. Результаты показали, как изменения в экспрессии определенных генов влияют на функциональные роли рабочих пчел, установив корреляцию между повышенной экспрессией генов, связанных с метаболизмом, и увеличением активности по сбору нектара [3].

Полученные данные могут открыть новые направления для дальнейших исследований, направленных на изучение влияния внешних факторов, таких как изменения климата и использование пестицидов, на экспрессию генов и на здоровье и выживаемость пчелиных колоний. Эти результаты значительно углубят понимание молекулярных основ кастовой дифференциации в пчелиных колониях и их роли в экосистемах.

**Выводы.** Исследование молекулярных механизмов и генетических маркеров касты рабочих пчел с использованием scRNAseq позволило выявить ключевые гены и молекулярные пути, определяющие их функциональные роли.

#### **Список использованных источников:**

1. Yadav S., Kumar Y., Jat B.L. Honeybee: Diversity, castes and life cycle // *Industrial entomology*. – 2017. – С. 5-34.
2. Jovic D., Liang X., Zeng H., Lin L., Xu F., Luo Y. Single-cell RNA sequencing technologies and applications: A brief overview // *Clinical and translational medicine*. – 2022. – № 12(3). – С. 694.
3. Vannette R.L., Mohamed A., Johnson B.R. Forager bees (*Apis mellifera*) highly express immune and detoxification genes in tissues associated with nectar processing // *Scientific reports*. – 2015. – № 5(1). – С. 16224.