

**СЕЗОННЫЕ РИТМЫ МИКРОБИОМА МЕДОНОСНОЙ ПЧЕЛЫ *Apis mellifera*.  
МЕТААНАЛИЗ НА ОСНОВЕ ОТКРЫТЫХ ДАННЫХ**

**Кащенко Г.А. (РГАУ-МСХА), Смутин Д.В. (ИТМО, СПбГУТ, ИБМХ), Тальдаев А.Х.  
(ИБМХ, МФТИ), Асадуллин А.Ф. (СПбГУ)**

**Научный руководитель – Адонин Л.С. (СПбГУТ)**

**Введение.** Состав микробиома неоднороден не только в пространстве, но и во времени. Его структура зависит не только от географической локации, характеризующейся определённым рельефом, составом растительности, но и сезона, поскольку количество осадков, среднесуточное изменение температур и иные абиотические факторы среды оказывают как прямое, так и косвенное влияние на состав микрофлоры окружающей среды [1]. В отличие от большинства живых организмов (в т.ч. млекопитающих), микрофлора медоносной пчелы представлена незначительным количеством видов, выполняющих ряд функций, связанных с питанием, иммунным ответом и поведенческими особенностями различных каст внутри семьи [2], [3], [4]. Подавляющее большинство исследований направлено на изучение структуры микробиомов представителей различных каст улья и отдельных онтогенетических стадий лишь в летний сезон, тогда как именно в зимне-весенний сезон происходит наибольшее количество смертей среди пчелиных семей, что лишь частично может быть объяснено истощением пищевых ресурсов за период зимовки [5], [6], [7]. Анализ динамики таких сообществ способствует не только лучшему пониманию взаимодействия суперорганизма улья с окружающей средой и его адаптации к изменяющимся условиям, но и разработке подходов по обеспечению мер, направленных на защиту семей от патогенов в период снижения социального иммунитета пчёл.

**Основная часть.** Для анализа сезонной динамики микробиома медоносной пчелы (*Apis mellifera*) был применён метагеномный подход с использованием инструментов Kraken2 и Bracken, позволяющих классифицировать и количественно оценить таксономическое разнообразие. Последующий анализ выявил значительные сезонные флуктуации в структуре сообществ. Результаты показали, что весенние и осенние микробиомы демонстрируют сходство как между собой, так и с сообществами других сезонов, тогда как зимние и летние образцы формируют уникальные кластеры, что свидетельствует о выраженной сезонной изменчивости. Интересно, что летние сообщества, несмотря на активность пчёл, характеризуются повышенным разнообразием условно-патогенных видов, в то время как зимние ассоциированы с доминированием симбионтов, участвующих в метаболизме пищевых ресурсов семьи.

Полученные результаты указывают на подверженность зимнего микробиома значительным изменениям, включая снижение доли иммуномодулирующих бактерий (*Apilactobacillus* и *Bifidobacterium*), что может ослаблять устойчивость семей к патогенам. Это подчёркивает необходимость углубленного изучения микрофлоры, характерной для зимне-весеннего периода, когда социальный иммунитет колоний снижен, а внешнее воздействие стресс-факторов (низкие температуры и дефицит пищевых ресурсов) максимально.

**Выводы.** Проведенное исследование демонстрирует, что сезонные изменения микробиома пчелиных семей играют ключевую роль в их выживаемости. Уникальность зимних и летних сообществ, в отличие от переходных весенне-осенних, указывает на адаптивность микробиоты к экстремальным условиям этих сезонов. Однако традиционный акцент научного сообщества на летних исследованиях создает пробел в понимании процессов, приводящих к значительному проценту смертности семей в зимний сезон. Наши данные свидетельствуют, что зимой критически снижается доля защитных симбионтов, что может повышать уязвимость пчел к резким изменениям абиотических факторов и, как следствие, к инфекциям. Таким образом, мониторинг и поддержание нативного микробиома в зимний период должны стать приоритетом для разработки стратегий по снижению смертности медоносной пчелы. Ситуацию так же может улучшить рацион, включающий пробиотические добавки, способствующие созданию оптимальных условий для симбионтов. Дальнейшие исследования должны быть сосредоточены на длительном анализе микробных сукцессий в условиях контролируемой зимовки, что позволит выявить причинно-следственные связи между структурой сообществ и выживаемостью пчёл.

**Финансирование.** Работа выполнена в рамках Программы фундаментальных научных исследований в Российской Федерации на долгосрочный период (2021–2030 годы) (№ 122030100168-2).

#### **Список использованных источников.**

- [1] C. Mony, P. Vandenkoornhuysе, B. J. M. Bohannan, K. Peay, and M. A. Leibold, “A Landscape of Opportunities for Microbial Ecology Research,” *Front. Microbiol.*, vol. 11, p. 561427, Nov. 2020, doi: 10.3389/fmicb.2020.561427.
- [2] D. C. Copeland, K. E. Anderson, and B. M. Mott, “Early Queen Development in Honey Bees: Social Context and Queen Breeder Source Affect Gut Microbiota and Associated Metabolism,” *Microbiol Spectr*, vol. 10, no. 4, pp. e00383-22, doi: 10.1128/spectrum.00383-22.
- [3] Kwong, W. and Moran, N., “Gut microbial communities of social bees,” *Nature Reviews Microbiology*, vol. 14, no. 6, pp. 374–384, 2016, doi: <https://doi.org/10.1038/nrmicro.2016.43>.
- [4] D. Smutin, E. Lebedev, M. Selitskiy, N. Panyushev, and L. Adonin, “Micro”bee”ota: Honey Bee Normal Microbiota as a Part of Superorganism,” *Microorganisms*, vol. 10, no. 12, p. 2359, Nov. 2022, doi: 10.3390/microorganisms10122359.
- [5] E. L. Almeida, C. Ribiere, W. Frei, D. Kenny, M. F. Coffey, and P. W. O’Toole, “Geographical and Seasonal Analysis of the Honeybee Microbiome,” *Microb Ecol*, vol. 85, no. 2, pp. 765–778, Feb. 2023, doi: 10.1007/s00248-022-01986-x.
- [6] M. Papp *et al.*, “Natural diversity of the honey bee (*Apis mellifera*) gut bacteriome in various climatic and seasonal states,” *PLOS ONE*, vol. 17, no. 9, pp. 1–18, Sep. 2022, doi: 10.1371/journal.pone.0273844.
- [7] S. Subotic, A. M. Boddicker, V. M. Nguyen, J. Rivers, C. E. Briles, and A. C. Mosier, “Honey bee microbiome associated with different hive and sample types over a honey production season,” *PLoS ONE*, vol. 14, no. 11, p. e0223834, Nov. 2019, doi: 10.1371/journal.pone.0223834.