



## بوم‌شناسی و بیماری‌شناسی ویروس‌های زنبور عسل

سامان ملکی<sup>۱</sup>

۱- گروه جنگل‌شناسی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه لرستان، ایران.

تاریخ دریافت: دی ماه ۹۸ / تاریخ پذیرش: اسفند ماه ۹۸

شناسه دیجیتال (DOI): 10.22092/hbsj.2020.341275.1081

رایانامه: sam.maleki2017@hotmail.com



### چکیده

را بیشتر کرده است. رویکردهای ژنومیک به طور قابل توجهی درک گوناگونی از ویروس‌ها، پیچیدگی مسیرهای انتقال آن‌ها از جمله انتقال داخل ژنی و استراتژی‌های مختلف مبارزه با عفونت‌های ویروسی با واکنش‌های RNA مداخله‌گر را باعث شده‌اند. علاوه بر این، تأثیر ویروس‌ها بر روی زنبورها توسط سایر عوامل استرس‌زا از جمله انگل‌ها، تغذیه نامناسب و قرار گرفتن در معرض مواد شیمیایی تشدید می‌شود. ایجاد رابطه پیچیده بین ویروس‌ها و میزبان‌های زنبور عسل منجر به درک

زنبورها از جمله گونه‌های انفرادی، اجتماعی، وحشی و اهلی مسئول گرده افشانی نزدیک به سه چهارم گونه‌های گیاهی گلدار تولیدکننده محصولات غذایی هستند. اهمیت اکولوژیکی آن‌ها همراه با افزایش تلفات سالانه و کاهش جمعیت گونه‌های وحشی، توجه و تمرکز بر روی عوامل تاثیرگذار بر سلامت زنبور عسل از جمله پاتوژن‌های ویروسی



بهرتر استراتژی‌های مدیریتی و بوم‌شناسی خواهد شد.  
**واژه‌های کلیدی:** زنبور عسل، ویروس، اهمیت اکولوژیکی، RNA مداخله‌گر

### مقدمه

مطالعه در زمینه زیست‌شناسی ویروس‌های زنبور عسل از زمان انتشار اولین گزارشات منتشر شده از سال ۱۹۱۳ به طور چشمگیری گسترش یافته است (Chen and Siede, 2007; White, 1913). اطلاعات قابل توجهی در مورد انواع مختلف ویروس‌های بیماری‌زا و سویه‌های مختلف ویروسی، راه‌های انتقال و شرایط اپیدمی شدن آن‌ها در دست است. این اطلاعات تا حدودی به دلیل توسعه ابزارهای مولکولی و ژنومیک است که تشخیص و تعیین ویروس‌ها را تسهیل می‌کند (Gro- zinger and Robinson, 2015). پروتکل‌های استاندارد برای مطالعه ویروس‌ها در جمعیت زنبور عسل (Pirk et al., 2013) و علاقه زیاد محققان، ذی‌نفعان، سیاست‌گذاران روی این امر تاثیرگذار بوده است. علیرغم پیشرفت‌های سریع، هنوز شکاف دانش در اکولوژی ویروس‌های زنبور عسل و چالش راه حل‌های کاربردی در این زمینه وجود دارد (Brosi et al., 2017). در این مقاله نویسندگان اطلاعات موجود در مورد ویروس‌ها، زمینه‌های نوظهور و عوامل تاثیرگذار روی زنبور عسل را مرور می‌کنیم.

### طبقه‌بندی ویروس‌های زنبور عسل

در طول دهه گذشته، با توجه به پیشرفت‌های سریع و افزایش دسترسی رویکردهای توالی‌یابی، درک ما از تنوع ویروس‌های آلوده‌کننده زنبور عسل رشد چشمگیری داشته است. در گذشته جداسازی، شناسایی و ارزیابی شیوع و توزیع ویروس‌های جدید یک فرآیند سخت بود، که با استفاده از میکروسکوپ الکترونی و تشخیص آنتی‌بادی‌های واسط صورت می‌گرفت (Chen and Siede, 2007; Bailey, 1976). تکنیک‌های توالی‌یابی با توان بالا ترانسکریپوم‌ها، متاژنوم‌ها و ویروس‌ها (ایزوله ویروس‌های محصور شده) را از مقادیر نسبتاً کم ماده آسان کرده‌اند (Grozinger and Robinson, 2015). این روش‌ها همراه با افزایش مقدار داده‌های ژنومی در بانک‌های اطلاعاتی در دسترس عموم، به عنوان مثال [مرکز اطلاعات بیوتکنولوژی بین‌المللی (NCBI)] تجزیه و تحلیل پیشرفته‌ای از فناوری امیکس و کشف ژنوم‌های جدید ویروس را آسان کرده‌اند. علاوه بر این، رویکردهای بیوانفورماتیک

برای شناسایی توالی‌های ویروسی بر اساس خصوصیات توالی آنها توسعه یافته‌اند. در واقع با استفاده از این ابزارها امکان شناسایی ۱۴۴۵ دنباله ویروس RNA از بیش از ۲۲۰ گونه بی‌مهره فراهم شده است (shi et al., 2016). بنابراین، اکنون می‌توان غربالگری ویروس‌ها را در نمونه‌های به دست آمده از چندین گونه زنبور عسل و انگل‌های آنها از سراسر جهان به طور موثر و سریع انجام داد. چندین ویروس جدید و خانواده ویروسی در جمعیت زنبورها با استفاده از رویکردهای توالی‌یابی شناسایی شده‌اند و بدون شک این تعداد همچنان در حال افزایش است (McMenamin and Flenniken, 2018)، بنابراین به طور خلاصه آنها را در اینجا خلاصه می‌کنیم. با هدف نشان دادن تنوع انواع ژنوم ویروس‌ها که تاکنون شناسایی شده‌اند. اکثر ویروس‌های زنبور عسل دارای ژنوم RNA تک رشته‌ای مثبت ssRNA (+) هستند و بسیاری از آنها به راسته Picornavirales تعلق دارند (Brutscher et al., 2016). خانواده *Dicistroviridae* (کشمیر زنبور عسل KBV)، ویروس فلج حاد (ABPV) و سیاه شدن سلول‌های ملکه (BQCV) و (IAPV) یا خانواده *Flaviridae* ویروس‌های ssRNA+ دارای ویژگی‌های شناسایی مشخصی هستند (McMenamin and Flenniken., 2018).

از سال ۲۰۱۵ تا ۲۰۱۸ مطالعات توالی‌یابی، ترتیب توالی‌های مربوط به ssRNA (+) ویروس‌ها در چندین خانواده و جنس دیگر مشخص کرده‌اند. اینها شامل خانواده‌های *(Nodaviridae)*، *(Secoviridae)*، *(Tymoviridae)* و *(Flaviviridae)* می‌شود. جنس *(Sobemovirus)* و *(Negevirus)*، جنس جدید *(Halictivirus)* و یک ویروس شبیه نورا (Miranda et al., 2010; de Bigot et al., 2017; Galbraith et al., 2018; Remnant et al., 2018; Schoonvaere et al., 2018).

ویروس خانواده‌های *Tymoviridae* و *Secoviridae* به طور معمول ویروس مرتبط با گیاه هستند. ویروس دیگری از خانواده *Secoviridae*، ویروس لکه حلقوی توتون (TRSV)، در زنبور عسل اروپایی (*Apis mellifera*) آلوده شده و تکثیر می‌شود (Li et al., 2014). این امکان وجود دارد که تشخیص این ویروس‌ها صرفاً به دلیل وجود ویروس در نمونه‌های گرده و عفونت فعال زنبورها نباشد، بنابراین تحقیقات آینده تعیین وسعت دامنه میزبانی گیاهان و زنبورها در ویروس‌های مشابه و / یا به عنوان ناقل ویروس‌های گیاهی خواهد بود (Bristow and Martin, 1999). ویروس بال دژدیس (DWV) (شکل ۱) یک ویروس RNA، که یکی از ویروس‌های شناخته شده





علائم آسیب زا در دو گونه زنبور عسل بخصوص زنبور مخملی (*Bombus terrestris*) و (*Bombus pascuorum*) و همچنین زنبور عسل اروپایی می شود (Galbraith et al., 2018).

است (De Miranda and Genersch, 2010) در بیش از ۲۰ گونه زنبور تشخیص داده شده است و شواهدی وجود دارد که نشان می دهد در چندین گونه از آنها تکثیر می شود و باعث



شکل ۱) زنبور مبتلا به ویروس DWV: پاها کوتاه و پهن، دفرمه شدن بال ها و شکم

#### انواع سویه ها و صفات ویروسی

با وجود تعداد زیاد جمعیت، سرعت تولیدمثل، میزان جهش زیاد (بعضی از ویروس های RNA میزان جهش بیش از یک میلیون برابر بیشتر از میزبان خود دارند) و توانایی نو ترکیب شدن ویروس ها می توانند به سرعت تغییرات توالی را جمع کنند (Andino and Domingo, 2015)، در واقع ویروس RNA اغلب به عنوان سویه های بینابینی در حال تغییر (-quasispecies) یا (*swarms mutant*) جایی که یک میزبان شامل انواع مختلفی از دنباله ی ویروسی است. این انواع دنباله درجات مختلفی از سازگاری را نشان می دهند و همچنین ممکن است مکمل یکدیگر باشند.

#### انتقال ویروس ها در جمعیت های زنبور عسل

ویروس های زنبور عسل به آسانی در گونه های میزبان منتقل می شوند (Tehel et al., 2016). بیشتر ویروس های زنبور عسل در ابتدا در زنبور عسل اروپایی و سایر گونه ها زنبور عسل کشف شده اند (Zhang et al., 2012). بسیاری از ویروس های زنبور عسل می توانند با کنه های واروا تکثیر شوند (Gisder et al., 2009). از روش های توالی یابی برای ارزیابی ویروسی های دیگر زنبور عسل استفاده شده است.

توالی های مربوط به ویروس های تک رشته ای منفی (-ssRNA) در خانواده (*Bunyaviridae et*) (Schoonvaere et al., 2016) (Schoonvaere et al., 2018); راسته (*Mononegavirales*) و خانواده (*Orthomyxoviridae*) در زنبورها کشف شده اند. علاوه بر این، ویروس های خانواده *Rhabdoviridae*، مربوط به راسته *Mononegavirales*، شناسایی شده اند (Remnant et al., 2017; Levin et al., 2017). در حالی که ویروس های *Partitiviridae* اوایل در گیاهان و قارچ ها شناسایی شده اند به کمک آنالیز متاژنومیک ویروس های خانواده ی *partitiviruses* را در بیش از ۲۲۰ گونه بی مهره شناسایی کرده اند (Shi et al., 2014; Nibert et al., 2014).

سرانجام، دو ویروس دی ان ای دو رشته ای (dsDNA) روی زنبور عسل اروپایی و زنبور عسل باغی اروپایی (OcNV) گزارش شدند. دو توالی ویروسی مختلف مربوط به ویروس های دی ان ای تک رشته ای (ssDNA) از خانواده *Circoviridae* و همچنین توالی های ویروسی مربوط به خانواده (*Parvoviridae*) مشخص شده اند (Galbraith et al., 2018). بنابراین، روش های ترتیب توالی یابی، شناسایی ویروس های مرتبط با زنبورها و انگل های آنها را به طرز چشمگیری افزایش داده است.





### تأثیرات آسیب‌شناسی ویروس‌های زنبور عسل

تأثیر ویروس‌ها بسته به نوع و میزبان متفاوت است و از عفونت‌های بدون علامت یا پنهان گرفته تا عفونت‌های با علائم خاص که باعث ایجاد ناهنجاری، فلج یا مرگ متفاوت است. تأثیر ویروس خاص یا فشار ویروس بر روی میزبان با دوز و همچنین ژنوتیپ میزبان، مرحله رشد و وضعیت فیزیولوژیکی متفاوت است. عوامل دیگر، از جمله سایر عوامل بیماری‌زا، وضعیت تغذیه‌ای، میکروبیوم و قرار گرفتن در معرض مواد شیمیایی بر اثرات آسیب‌شناختی عفونت‌های ویروسی تأثیر می‌گذارند. برای زنبورهای عسل جایی که صدها یا هزاران فروند در یک کندو زندگی می‌کنند، ساختار اجتماعی می‌تواند تأثیر عوامل استرس‌زا مختلف از جمله عفونت‌های ویروسی را تشدید کند. به عنوان مثال، یکی از بهترین ویژگی‌های تغییر رفتاری ناشی از استرس که بر سلامت کلونی زنبور عسل تأثیر می‌گذارد، بلوغ رفتاری شتاب زده کارگران است، به گونه‌ای که رفتار آنها از پرستاری (مراقبت از نوزاد) سریعاً به حالت رفتاری آزار دهنده عوض می‌شود (Barron, 2015).

### پاسخ‌های مولکولی زنبورها به عفونت‌های ویروسی

تأثیرات پاتولوژیک ویروس‌ها بر روی زنبورها توسط معادلات پیچیده بین میزبان و ویروس انجام می‌شود، که همزمان در سطح سلولی و مولکولی به وقوع می‌پیوندد. زنبورها از مجموعه مکانیسم‌های دفاعی ضد ویروسی، از جمله اتوفاجی، آپوپتوز، بیوسنتز ایکوزانوئید، درون‌بری، مسیر JAK / STAT و NFκB و مسیرهای JNK و MAPK و آران‌ای مداخله‌گر استفاده می‌کنند.

### نقش مسیرهای متابولیک در فعل و انفعالات

#### زنبور عسل و ویروس

رابطه بین متابولیسم سلولی، وضعیت تغذیه‌ای و دفاع ضد ویروسی در زنبورها نیاز به اکتشاف بیشتر دارد. زنبورها که رژیم‌هایی با پروتئین بالاتر مصرف می‌کنند ویروس کمتری دارند (DeGrandi-Hoffman *et al.*, 2010). علاوه بر این، چندین مطالعه رونویسی ژن‌های دخیل در فرآیندهای متابولیک در زنبورهای عسل آلوده به ویروس را مشخص کرده‌اند (Chen *et al.*, 2014; Brutscher *et al.*, 2017). این مطالعات نشان داده‌اند که کانال‌های حساس به پتاسیم داخلی (KATP) در محدود کردن عفونت ویروسی نقش دارند؛ این کانال‌ها به تغییرات متابولیکی در سلول پاسخ می‌دهند (به عنوان مثال، مقادیر نسبی ATP و ADP).

(Schoonvaere *et al.*, 2016 ; Lamp *et al.*, 2016)

مطالعات ویروس‌های جدید را شناسایی کرده‌اند.

بسیاری از مسیرهای انتقال ویروس در بین گونه‌های زنبور عسل در یک جامعه وجود دارد. زنبورهای آلوده می‌توانند ویروس‌ها را روی گل‌ها پخش و این ویروس‌ها می‌توانند زنبورهای دیگری را که از این گل‌ها بازدید می‌کنند آلوده کنند (McArt *et al.*, 2014; Tehel *et al.*, 2016; Koch *et al.*, 2017).

به همین ترتیب، ترشحات زنبور عسل همچنین می‌تواند کنه‌های واروارا بر روی گل‌ها انتقال و از این طریق این ویروس‌ها را به کلونی‌های دیگر منتقل کند (Schwarz and Huck, 1997; Peck *et al.*, 2016).

اگرچه نظریه‌ها در مورد آیا این کنه ویروس‌ها را انتقال می‌دهند هنوز مشخص نیست. زنبورها می‌توانند با ورود به کندوی اشتباه، در هنگام غارت (جایی که آنها به طور فعال به جستجو و حمله به کندوهای ضعیف برای بدست آوردن منابع غذایی می‌پردازند) وارد کندوهای دیگر شوند (Birmingham *et al.*, 2004; Forfert *et al.*, 2015; DeGrandi-Hoffman

*et al.*, 2017). با این حال، پویایی انتقال تا حد زیادی تحت تأثیر صفات جامعه‌گل و شبکه‌های گرده‌افشانی گیاهان قرار خواهد گرفت. تقریباً تأثیر فصلی در شیوع ویروس و انتقال آن وجود دارد. در کلنی‌های زنبور عسل اروپایی در مناطق معتدل، جمعیت W و جمعیت ویروس‌های مرتبط در پاییز افزایش می‌یابد (Traynor *et al.*, 2016; Locke *et al.*, 2017).

مسیرهای انتقال، مقدار انتقال و وضعیت فیزیولوژیکی زنبور عسل بر توانایی ویروس در ایجاد عفونت حاد یا مزمن و تأثیر کلی ویروس بر میزبان نیز تأثیرگذارند. به عنوان مثال، آلوده شدن زنبورهای بالغ با مقادیر کم ویروس به طور معمول باعث ایجاد عفونت‌های مزمن نمی‌شود بلکه منجر به اثرات منفی بر روی زنبورها می‌شود (Meeus *et al.*, 2014; Wang *et al.*, 2017). بنابراین، در حالی که روشن است که ویروس‌های متعدد را می‌توان به راحتی توسط میزبان‌های متعدد در یک جامعه زنبور عسل به اشتراک گذاشت، سؤالات بی‌شماری شامل اینکه: ۱- چه ویژگی‌هایی از ویروس‌ها گونه‌های مختلف میزبان را آلوده می‌کند؟ ۲- سوبه‌های خاص از چه راهی برای آلوده کردن میزبان‌ها استفاده می‌کنند؟ ۳- چه مسیر اصلی انتقال در این زمینه وجود دارد و چه تأثیراتی بر این ویروس‌ها در جمعیت زنبورها و جوامع دارد. پاسخ به این سؤالات می‌تواند توانایی ما در مدیریت این عفونت‌های ویروسی را بهبود بخشد.





## نقش نشانگرهای زیستی در سلامت زنبور عسل

نقش نسبی مسیرهای ایمنی زنبور عسل در زمینه عفونت های ویروسی خاص در درجه اول در سطح رونویسی بررسی شده است. (Nazzi et al., 2012 ; Galbraith et al., 2015). آزمایش ها در هر دو سطح زنبور و کلنی انجام شده، مسیر عفونت ویروس، بافت (های) مورد بررسی، زمان سنجش پس از عفونت و مرحله رشد زنبورها متفاوت است. اگرچه عملکرد پپتیدهای ضد میکروبی AMP ها، که به دلیل توانایی آن ها در مقابل آلودگی های باکتریایی و اختلال در غشاهای باکتریایی مشخص می شوند، در زنبورهای آلوده به ویروس ناشناخته مانده است. اما تعداد بیشماری ژن نیز وجود دارد که به طور متفاوتی در زنبورهای آلوده به ویروس بیان می شوند.

شناسایی تغییرات رونویسی (نشانگرهای زیستی) ممکن است کلنی یا جمعیت زنبورهای در معرض خطر را شناسایی کند (Zanni et al., 2017). این تغییرات رونویسی می تواند شامل پاسخ های ضد ویروسی یا تغییرات فیزیولوژیکی یا رفتاری باشد. نشانگرهای زیستی ممکن است ژنهایی مانند PGRP-2 و سیتوکروم P450 را داشته باشد، زیرا چندین مطالعه بیان بیشتری در پاسخ به ویروس ها و / یا کنه های واروآ ثبت کرده اند (Brutscher et al., 2017 Chen et al., 2014 ;).

علاوه بر این، مطالعات بررسی پاسخ های رونویسی از زنبورعسل اروپایی جمع آوری شده از کندو همبستگی منفی بین سطح ویتلوژنین و سطح آلودگی کنه واروآ، که با بار DWV و مرگ و میر کلونی ارتباط مثبت دارند، نشان داده است. (Smart et al., 2016 ; Zanni et al., 2017) ویتلوژنین در کارگران زنبورعسل اروپایی، بسیاری از وظایف، از جمله نقش در تغذیه، ایمنی و طول عمر را دارد. سطح ویتلوژنین به شدت با بلوغ رفتاری همراه است و کاهش سطح آن به چراگری زودرس منجر می شود. بنابراین، کاهش سطح ویتلوژنین ممکن است نشانه استرس فیزیولوژیکی و تسریع بلوغ رفتاری باشد. اگر به اندازه کافی از کارگران در اثر ابتلا به ویروس قرار گرفته و جمعیت را بی ثبات کرده و منجر به فروپاشی کلنی شود. مهم تر از آن، درک نقش (های) بیولوژیکی ژن ها که نشانگرهای زیستی بالقوه سلامت زنبور عسل هستند برای تفسیر معنی تغییر در سطح بیان نسبی مورد نیاز است. سطح بالای بیان ژن های خاص می تواند نشان دهنده کلنی ها یا جمعیت هایی باشد که سطح عفونت ویروسی بسیار آسیب رسان داشته و در معرض خطر هستند. بنابراین باید برای کاهش آلودگی های ویروسی (کنترل مثلاً سطح کنه واروآ) یا برای کاهش اثرات درمان شوند. سطح بالاتری از بیان ژنهای

ضد ویروسی ممکن است یک کلونی یا جمعیتی را نشان دهد که دارای نقص ایمنی بالایی است و می تواند به طور مؤثر با عفونت ویروسی مبارزه کند و به عنوان معیار انتخاب در برنامه های پرورش زنبور عسل گنجانده شود.

## تأثیر مواد شیمیایی زیست محیطی بر فعل و

### انفعالات عامل بیماری زا/میزبان

نتیجه عفونت های ویروسی زنبور عسل تحت تأثیر عوامل غیرزنده، از جمله مواد شیمیایی محیطی است. زنبورها از طریق رژیم های غذایی خود در معرض مواد شیمیایی قرار می گیرند، زیرا هر دو شهد و گرده حاوی انواع مختلفی از ریز مغذی ها و ترکیبات گیاهی ثانویه هستند (Vaudo et al., 2015). به عنوان گرده افشان های کلیدی محصولات کشاورزی، زنبورها با تماس مستقیم با مواد شیمیایی موجود در هوا یا روی سطح یک گل یا به طور غیرمستقیم از طریق مصرف منابع آلوده (Sponsler and Johnson, 2017) و با تماس با موم آلوده در کندو در معرض مواد شیمیایی قرار می گیرند (Mullin et al., 2010). در اینجا ما به بررسی تأثیر انواع مختلف مواد شیمیایی بر تعامل زنبور و ویروس ها می پردازیم.

## فیتوشیمیایی

ترکیبات فیتوشیمیایی که در شهد و گرده وجود دارد، می تواند سلامت زنبورها را بطور مثبت یا منفی تحت تأثیر قرار دهد (Jamieson et al., 2017). تحقیقات اخیر که تأثیر سودمندی فیتوشیمیایی ها را بررسی کرده است، به عنوان محرک ایمنی که در کاهش تأثیر عوامل بیماری زا نقش دارد مشخص کرد که (0/16 ppm تیمول) در هنگام تغذیه زنبورهای تازه ظاهر شده کندو ها به مدت هفت روز سطح طبیعی عفونت DWV را کاهش می دهد. قرار گرفتن در معرض ترکیبات فیتوشیمیایی همچنین با افزایش تولید پپتید ضد میکروبی (AMP)، که نشانه فعال شدن سیگنال های ایمنی است، ارتباط دارد (Palmer-Young., 2017 : Mao et al., 2013). حال، اگرچه چندین مطالعه مشخص کرده اند که ممکن است AMP ها در زمینه عفونت ویروس افزایش بیان داشته باشند، اما نقش آنها در دفاع ضد ویروسی ناشناخته است.

## مواد شیمیایی کشاورزی

مواد شیمیایی شامل سموم دفع آفات، علف کش ها، قارچ کش ها و مواد وابسته به گیاهان زراعی هستند. مواد شیمیایی که بیشترین خطر را برای زنبور عسل دارد، حشره



که آلودگی کنه‌ها از عوامل اصلی مرتبط با مرگ و میر کلنی در مناطق معتدل است (Doke et al., 2015; Nazzi and Le, 2016; Conte, 2016). کنه‌کش‌ها (به عنوان مثال تیمول، کومافوس، اسید فرمیک) به طور مکرر مورد استفاده قرار می‌گیرند. در حقیقت، یک آزمایش در سال ۲۰۱۰ در ۹۰۰ کلونی زنبور عسل در آمریکای شمالی انجام شد که در موم ۹۸٪ از کلنی‌ها کنه‌کش پیدا شد (Mullin et al., 2010).

### مدیریت تلفیقی آفات

مدیریت تلفیقی آفات، شیوه‌ای است که از تمامی تکنیک‌های مفید و سودمند، بهترین‌ها را بر اساس اصول صحیح اکولوژیکی در سیستم‌های جاری کنترل آفات تلفیق نموده و حفظ کمی و کیفی محیط زیست را نیز میسر می‌سازد. مدیریت تلفیقی آفات (IPM) عبارت از کاربرد همزمان دو یا چند روش مناسب مبارزه از قبیل شیمیایی، بیولوژیک، زراعی، فیزیکی، میکروبی و رفتاری در کنترل آفات می‌باشد، مشروط بر این که در اثر اجرای چنین عملیاتی جمعیت آفت مورد نظر در زیر سطح زیان اقتصادی نگهداشته شده و کمترین آسیب نیز به مصرف‌کنندگان محصولات، دشمنان طبیعی، سایر موجودات زنده و محیط زیست وارد شود.

### بحث و نتیجه‌گیری:

بوم‌شناسی ویروسی زنبور عسل شامل ژنومیک، فیزیولوژی، رفتار، محیط زیست و زیست‌شناسی تکاملی یک زمینه به سرعت در حال گسترش است. با توسعه ابزارهای جدید ژنومیک و افزایش علاقه دانشمندان، ذینفعان، سیاست‌گذاران و عموم مردم تعداد مطالعات ویروسی در جمعیت‌های زنبور عسل مدیریت شده و وحشی در سال‌های اخیر به طرز چشمگیری افزایش یافته است (Tehel et al., 2016). این مطالعات تنوع گونه‌های ویروسی، سویه‌ها و گونه‌های آلوده کننده، مسیرهای انتقال پیچیده این ویروس‌ها در داخل و در بین گونه‌های زنبور عسل و پاسخ‌های پیچیده مولکولی و فیزیولوژیکی را روشن کرده است. این مطالعات همچنین نشان داده‌اند که چندین عامل زنده و غیرزنده می‌تواند بر توانایی زنبور عسل در مقاومت یا تحمل یک عفونت ویروسی تأثیر بگذارد. بوم‌شناسی ویروس‌های زنبور عسل پر از معماها و رازهای جذاب است که تحقیق توسط یک جامعه یکپارچه و مشترک محققان را نیاز دارد (von Frisch, 1950).

کش‌ها هستند که به گونه‌ای طراحی شده‌اند که در فرآیندها و مسیرهای خاص در حشرات دخالت می‌کنند (مثلاً سیستم‌های رشدی یا عصبی) (Johnson, 2015). با این حال، ممکن است سایر مواد شیمیایی زراعی تأثیرات منفی داشته باشند. به عنوان مثال، عناصر بی اثر مورد استفاده در فرمولاسیون‌ها برای تقویت اثربخشی ماده فعال، بر زنبورها اثر منفی دارند (Mullin, 2015) که شامل افزایش مرگ و میر می‌شود (Fine et al., 2017). علف‌کش‌ها که به منظور مهار رشد گیاهان طراحی شده‌اند، دسترسی به منابع گل را محدود می‌کنند و بر وضعیت تغذیه‌ای زنبور عسل تأثیر منفی می‌گذارند (Bohnenblust et al., 2016)، بنابراین غیرمستقیم بر نتیجه عفونت‌های ویروس زنبور عسل تأثیر می‌گذارد (DeGrandi-Hoffman and Chen, 2015). میزان تأثیر مواد شیمیایی مختلف بر سلامت زنبورها بسته به نوع زنبور خاص و میزان قرار گرفتن در معرض آنها متفاوت است، که بسته به منطقه جغرافیایی و سیستم محصول، می‌تواند از میزان قابل توجهی تا غیر قابل کشف متغیر باشد (Di Prisco et al., 2013).

مطالعات کمی وجود دارد که به طور مستقیم تأثیر مواد شیمیایی بر عفونت ویروس در زنبورها را بررسی کند. با این حال مطالعاتی نشان داده‌اند که قرار گرفتن در معرض کلاس‌های شیمیایی متنوع - نئونیکوتینوئید و ارگانوسیلیکون‌ها می‌تواند سطح ویروسی را افزایش دهد (O'Neal et al., 2007; Di Prisco et al., 2013; Fine JD et al., 2017). راه‌های تأثیرگذاری این مواد و نحوه‌ی عمل آنها زیاد مشخص نیست. درک این مکانیسم‌ها ممکن است بینش بیشتری در مورد پاسخ‌های ایمنی ضد ویروسی زنبور عسل ایجاد کند و توانایی ما را در مدیریت استفاده از آگروشیمیایی در مزرعه برای به حداقل رساندن تأثیرات روی زنبورها و سایر جمعیت حشرات و در عین حال اثربخشی آنها در مدیریت آفات بهبود بخشد (Bidding et al., 2015). یکی از مکانیسم‌های بالقوه که قرار گرفتن در معرض حشره‌کش باعث افزایش جمعیت ویروسی می‌شود، برای نئونیکوتینوئیدها شناسایی شده است، که در زمینه سلامت زنبورها بطور گسترده مورد مطالعه قرار گرفته است (Wood and Goulson., 2017). زنبورها به طور طبیعی با DWV آلوده شده و به صورت خوراکی و موضعی در معرض نئونیکوتینوئیدها قرار می‌گیرند.

### تأثیر سموم دفع آفات روی زنبور عسل

زنبورداران به طور روزمره از کنه‌کش‌ها برای کنترل جمعیت کنه‌ها و اروا در کلنی زنبور عسل استفاده می‌کنند. از آنجا





نیست. بنابراین آشنایی با بیماری های ویروسی زنبور عسل و شناسایی و تشخیص به موقع آن ها، می تواند علاوه بر جلوگیری از خسارت وارده به زنبورداران، با افزایش تولید فرآورده های عسل، باعث ارزش افزوده بخش کشاورزی و درآمدهای صادراتی گردد.

تشخیص عفونت های ویروسی در زنبورعسل، بعلت فقدان علائم بالینی مشخص و واضح و مستندات روشن از تغییرات پاتولوژیک، با مشکل مواجه می باشد. کاربرد میکروسکوپ الکترونی و روش های سرولوژیک برای تشخیص عفونت های ویروسی خفیف و غیر آشکار در نمونه هایی که تعداد بسیار کمی از ویروس ها در آن ها حضور دارند چندان دقیق

## منبع ها:

- Andino, R., Domingo, E. 2015. Viral quasispecies. *Virology* 479-480:46-51.
- Bailey, L., Ball, B.V. 1991. *Honey Bee Pathology*. London: Acad. Press: 402-14 White GF. 1913. Sacbrood, a Disease of bees. Washington, DC: US Dep. Agric.
- Bailey, L. 1976. Viruses Attacking the Honey bee. *Adv. Virus Res.* 20:271-304.
- Barron, A.B. 2015. Death of the bee hive: understanding the failure of an insect society. *Curr. Opin. Insect Sci.* 10:45-50.
- Biddinger, D.J., Rajotte, E.G. 2015. Integrated Pest and Pollinator management—Adding a new dimension to an accepted paradigm. *Curr. Opin. Insect Sci.* 10:204-9.
- Bigot, D., Dalmon, A., Roy, B., Hou, C., Germain, M. 2017. The Discovery of Halictivirus Resolves the Sinai-virus Phylogeny. *J. Gen. Virol.* 98:2864-75.
- Birmingham, A.L., Hoover, S.E., Winston, M.L., Ydenberg, R.C. 2004. Drifting bumble bee (Hymenoptera: Apidae) workers in commercial greenhouses May be Social Parasites. *Can. J. Zool.* 82: 1843-53.
- Bohnenblust, E.W., Vaudo, A.D., Egan, J.F., Mortensen, D.A., Tooker, J.F. 2016. Effects of the herbicide dicamba on nontarget plants and pollinator visitation. *Environ. Toxicol. Chem.* 35:144-51.
- Bristow, P.R., Martin, R.R., 1999. Blueberry shock Ilarvirus, a Pollen-borne virus of highbush blueberry. *Phytopathology* 89:124-30.
- Brosi, B.J., Delaplane K.S., Boots M., de Roode J.C. 2017. Ecological and evolutionary approaches to managing honeybee disease. *Nat. Ecol. Evol.* 1:1250-62.
- Brutscher, L.M., Daughenbaugh, K.F., Flenniken, M.L. 2017. Virus and dsRNA-triggered transcriptional responses reveal key components of honey bee antiviral defense. *Sci. Rep.* 7:6448.
- Brutscher, L.M., McMenamin, A.J., Flenniken, M.L. 2016. The Buzz about honey bee viruses. *PLOS Pathog.* 12:e1005757.
- Chen, Y., Siede R. 2007. Honey bee viruses. *Adv. Virus Res.* 70:33-80.
- Chen, Y.P., Pettis, J.S., Corona, M., Chen, W.P., Li C.J. 2014. Israeli acute paralysis virus: epidemiology, pathogenesis and implications for honey bee Health. *PLOS Pathog.* 10: e1004261.
- Cornman, R.S., Boncristiani, H., Dainat, B., Chen, Y., VanEngelsdorp D. 2013. Population-genomic variation within RNA viruses of the western honey bee, *Apis mellifera*, Inferred from deep sequencing. *BMC Genom.* 14:154.
- Cornman, R.S. 2017. Relative abundance of deformed wing virus, *Varroa destructor* virus 1, and their recombinants in honey bees (*Apis mellifera*) assessed by kmer analysis of public RNA-Seq data. *J. Invertebr. Pathol.* 149:44-50.
- De Miranda, J.R., Cordoni, G., Budge, G. 2010. The acute bee paralysis virus-kashmir bee virus-israeli acute Paralysis Virus Complex. *J. Invertebr. Pathol.* 103 (30): S30-47.
- De Miranda, J.R., Gensch, E. 2010. Deformed wing virus. *J. Invertebr. Pathol.* 103 (48): S48-61.
- DeGrandi-Hoffman, G., Ahumada, F., Graham, H. 2017. Are Dispersal mechanisms changing the host-parasite





relationship and increasing the virulence of *Varroa destructor* (Mesostigmata: Varroidae) in managed honey bee (Hymenoptera: Apidae) colonies? Environ. Entomol. 46: 737–46.

DeGrandi-Hoffman, G., Chen, Y., Huang, E., Huang, M.H. 2010. The Effect of diet on protein concentration, hypopharyngeal gland development and virus load in worker honey bees (*Apis mellifera* L.). J. Insect Physiol. 56:1184–91.

DeGrandi-Hoffman, G., Chen, Y. 2015. Nutrition, Immunity and Viral Infections in honey bees. Curr. Opin. Insect Sci. 10:170–76.

Di Prisco, G., Annoscia, D., Margiotta, M., Ferrara, R., Varricchio, P. 2016. A Mutualistic Symbiosis Between a Parasitic mite and a Pathogenic virus undermines honey bee Immunity and health. PNAS 113:3203–8.

Di Prisco, G., Cavaliere, V., Annoscia, D., Varricchio, P., Caprio, E. 2013. Neonicotinoid clothianidin adversely affects insect immunity and promotes replication of a viral pathogen in honey bees. PNAS 110:18466–71.

Doke, M.A., Frazier, M., Grozinger, C.M. 2015. Overwintering honey bees: biology and management. Curr. Opin. Insect Sci. 10:185–93.

Fine, J.D., Cox-Foster, D.L., Mullin, C.A. 2017. An inert pesticide adjuvant synergizes viral pathogenicity and mortality in honey bee larvae. Sci. Rep. 7:40499.

Forfert, N., Natsopoulou, M.E., Frey E., Rosenkranz, P., Paxton, R.J., Moritz, R.F. 2015. Parasites and pathogens of the honeybee (*Apis mellifera*) and their influence on inter-colonial transmission. PLOS ONE 10: e0140337.

Galbraith, D.A., Fuller, Z.L., Brockman, A., Frazier, M., Gikungu, M.W. 2018. Investigating the viral ecology of global bee communities with high-throughput metagenomics. Sci. Rep. 8:8879.

Galbraith, D.A., Yang, X., Nino, E.L., Yi S., Grozinger C. 2015. Parallel epigenomic and transcriptomic responses to viral infection in honey bees (*Apis mellifera*). PLOS Pathog. 11:e1004713.

Genersch, E., von der Ohe, W., Kaatz, H., Schroeder, A., Otten, C. 2010. The German bee monitoring project: a long term study to understand periodically high winter losses of honey bee colonies. Apidologie 41:332–52.

Gisder, S., Aumeier, P., Genersch, E. 2009. Deformed wing virus: replication and viral load in mites (*Varroa destructor*). J. Gen. Virol. 90:463–67.

Grozinger, C.M., Robinson, G.E. 2015. The power and promise of applying genomics to honey bee health. Curr. Opin. Insect Sci. 10:124–32.

Jamieson, M.A., Burkle, L.A., Manson, J.S., Runyon, J.B., Trowbridge, A.M., Zientek, J. 2017. Global change effects on plant–insect interactions: the role of phytochemistry. Curr. Opin. Insect Sci. 23:70–80.

Johnson, R.M. 2015. Honey bee toxicology. Annu. Rev. Entomol. 60: 415–34.

Koch, H., Brown, M.J.F., Stevenson, P.C. 2017. The role of disease in bee foraging ecology. Curr. Opin. Insect Sci. 21:60–67.

Lamp, B., Url, A., Seitz, K., Eichhorn, J., Riedel, C. 2016. Construction and rescue of a Molecular clone of Deformed wing virus (DWV). PLOS ONE 11:e0164639.

Levin, S., Galbraith, D., Sela, N., Erez, T., Grozinger, CM., Chejanovsky N. 2017. Presence of *Apis* rhabdovirus-1 in populations of pollinators and their parasites from two continents. Front. Microbiol. 8:2482.

Levitt, A.L., Singh, R., Cox-Foster D.L., Rajotte, E., Hoover, K. 2013. Cross-species transmission of honey bee viruses in associated arthropods. Virus Res. 176:232–40.

Li, J.L., Cornman, R.S., Evans, J.D., Pettis, J.S., Zhao Y. 2014. Systemic spread and propagation of a plant-pathogenic virus in European honeybees, *Apis mellifera*. mBio 5: e00898-13.

Locke, B., Semberg, E., Forsgren, E., de Miranda, J.R. 2017. Persistence of subclinical deformed wing virus infections in honeybees following *Varroa* mite removal and a bee population turnover. PLOS ONE 12:e0180910.

Mao, W., Schuler, M.A., Berenbaum, M.R. 2013. Honey constituents up-regulate detoxification and immunity genes in the western honey bee *Apis mellifera*. PNAS 110:8842–46.







- Maori, E., Paldi, N., Shafir, S., Kalev, H., Tsur, E. 2009. IAPV, a bee-affecting virus associated with Colony Collapse Disorder can be silenced by dsRNA ingestion. *Insect Mol. Biol.* 18:55–60.
- McArt, S.H., Koch, H., Irwin, R.E., Adler, L.S. 2014. Arranging the bouquet of disease: floral traits and the transmission of plant and animal pathogens. *Ecol. Lett.* 17:624–36.
- McMahon, D.P., Furst, M.A., Caspar, J., Theodorou, P., Brown, M.J., Paxton, R.J. 2015. A sting in the spit: widespread cross-infection of multiple RNA viruses across wild and managed bees. *J. Anim. Ecol.* 84:615–24.
- McMenamin, A., Flenniken, M.L. 2018. Recently identified bee viruses and their impact on bee pollinators. *Curr. Opin. Insect Sci.* 26:120–29.
- Meeus, I., de Miranda, J.R., de Graaf, D.C., Wackers, F., Smagghe, G. 2014. Effect of oral infection with Kashmir bee virus and Israeli acute paralysis virus on bumblebee (*Bombus terrestris*) reproductive success. *J. Invertebr. Pathol.* 121:64–69.
- Mullin, C.A. 2015. Effects of 'inactive' ingredients on bees. *Curr. Opin. Insect Sci.* 10:194–200.
- Natsopoulou, M.E., McMahon, D.P., Doublet, V., Frey E., Rosenkranz, P., Paxton, R.J. 2017. The virulent, emerging genotype B of Deformed wing virus is closely linked to overwinter honeybee worker loss. *Sci. Rep.* 7: 5242.
- Nazzi, F., Brown, S.P., Annoscia, D., Del Piccolo, F., Di Prisco, G. 2012. Synergistic parasite-pathogen interactions mediated by host immunity can drive the collapse of honeybee colonies. *PLOS Pathog.* 8: e1002735.
- Nazzi, F., Le Conte, Y. 2016. Ecology of *Varroa destructor*, the major ectoparasite of the Western honey bee, *Apis mellifera*. *Annu. Rev. Entomol.* 61:417–32.
- Nibert, M.L., Ghabrial, S.A., Maiss, E., Lesker, T., Vainio, E.J. 2014. Taxonomic reorganization of family Partitiviridae and other recent progress in partitivirus research. *Virus Res.* 188:128–41.
- O'Neal, S.T., Swale, D.R., Anderson, T.D. 2017. ATP-sensitive inwardly rectifying potassium channel regulation of viral infections in honey bees. *Sci. Rep.* 7:8668.
- Palmer-Young, E.C., Tozkar, C.O., Schwarz, R.S., Chen, Y., Irwin RE. 2017. Nectar and pollen phytochemicals stimulate honey bee (Hymenoptera: Apidae) immunity to viral infection. *J. Econ. Entomol.* 110:1959–72.
- Peck, D.T., Smith, M.L., Seeley, T.D. 2016. *Varroa destructor* mites can nimbly climb from flowers onto foraging honey bees. *PLOS ONE* 11:e0167798.
- Piot, N., Snoeck, S., Vanlede, M., Smagghe, G., Meeus, I. 2015. The effect of oral administration of dsRNA on viral replication and mortality in *Bombus terrestris*. *Viruses* 7:3172–85.
- Pirk, C.W.W., de Miranda, J.R., Kramer, M., Murray, T.E., Nazzi F. 2013. Statistical guidelines for *Apis mellifera* research. *J. Apicult. Res.* 52:1–24.
- Remnant, E.J., Shi, M., Buchmann G, Blacquiere T, Holmes EC, *et al* .2017. A diverse range of novel RNA viruses in geographically distinct honey bee populations. *J. Virol.* 91:e00158-17.
- Schoonvaere, K., De Smet, L., Smagghe, G., Vierstraete, A., Braeckman, B.P., de Graaf DC. .2016. Unbiased RNA shotgun metagenomics in social and solitary wild bees detects associations with eukaryote parasites and new viruses. *PLOS ONE* 11:e0168456.
- Schoonvaere, K., Smagghe, G., Francis, F., de Graaf, D.C. 2018. Study of the metatranscriptome of eight social and solitary wild bee species reveals novel viruses and bee parasites. *Front. Microbiol.* 9:177.
- Schwarz, H.H., Huck, K.1997. Phoretic mites use flowers to transfer between foraging bumblebees. *Insectes Soc.* 44: 303–10.
- Shi, M., Lin, X.D., Tian, J.H., Chen, L.J., Chen, X. 2016. Redefining the invertebrate RNA virosphere. *Nature* 540: 539–43.
- Smart, M., Pettis, J., Rice N., Browning, Z., Spivak, M. 2016. Linking measures of colony and individual honey bee health to survival among apiaries exposed to varying agricultural land use. *PLOS ONE* 11: e0152685.





- Sponsler, D.B., Johnson, R.M. 2017. Mechanistic modeling of pesticide exposure: the missing keystone of honey bee toxicology. *Environ. Toxicol. Chem.* 36:871–81.
- Tehel, A., Brown, M.J., Paxton, R.J. 2016. Impact of managed honey bee viruses on wild bees. *Curr. Opin. Virol.* 19:16–22.
- Traynor, K.S., Rennich, K., Forsgren, E., Rose, R., Pettis, J.S. 2016. Multiyear survey targeting disease incidence in US honey bees. *Apidologie* 47:325–47.
- Vaudo, A.D., Tooker, J.F., Grozinger, C.M., Patch, H.M. 2015. Bee nutrition and floral resource restoration. *Curr. Opin. Insect Sci.* 10:133–41.
- Von Frisch, K. 1950, *Bees: Their Vision, Chemical Senses, and Language*. Ithaca, NY: Cornell Univ. Press.
- Wang H., Meeus, I., Piot, N., Smagghe, G. 2017. Systemic Israeli acute paralysis virus (IAPV) infection in bumblebees (*Bombus terrestris*) through feeding and injection. *J. Invertebr. Pathol.* 151:158–64.
- Wood, T.J., Goulson, D. 2017. The environmental risks of neonicotinoid pesticides: a review of the evidence post 2013. *Environ. Sci. Pollut. Res.* 24:17285–325.
- Yue, C., Schroder, M., Gisder, S., Genersch, E. 2007. Vertical-transmission routes for deformed wing virus of honeybees (*Apis mellifera*). *J. Gen. Virol.* 88:2329–36.
- Zanni, V., Galbraith, D.A., Annoscia, D., Grozinger, C.M., Nazzi, F. 2017. Transcriptional signatures of parasitization and markers of colony decline in *Varroa-infested* honey bees (*Apis mellifera*). *Insect Biochem. Mol. Biol.* 87:1–13.
- Zhang, X., He, S.Y., Evans, J.D., Pettis, J.S., Yin, G.F., Chen, Y.P. 2012. New evidence that deformed wing virus and black queen cell virus are multi-host pathogens. *J. Invertebr. Pathol.* 109:156–59.





## Ecology and pathogenicity of viruses Bee



**S. Maleki<sup>1</sup>**

1- Department of Forestry, Faculty of Agriculture and Natural Resources, Lorestan University, Iran.  
DOI: 10.22092/hbsj.2020.341275.1081

٤٧

### Abstract

Bees including solitary, social, wild, and managed species are key pollinators of flowering plant species, including nearly three-quarters of global food crops. Their ecological importance, coupled with increased annual losses of managed honey bees and declines in populations of key wild species, has focused attention on the factors that adversely affect bee health, including viral pathogens. Genomic approaches have dramatically expanded understanding of the diversity of viruses that infect bees, the complexity of their transmission routes including intergenus transmission and the diversity of strategies bees have evolved to combat virus infections, with RNA-mediated responses playing a prominent role. Moreover, the impacts of viruses on their hosts are exacerbated by the other major stressors bee populations face, including parasites, poor nutrition, and exposure to chemicals. Unraveling the complex relationships between viruses and their bee hosts will lead to improved understanding of viral ecology and management strategies that support better bee health.

**Key words:** Bee, virus, Ecological Importance, Invertebrate, RNAi

**Corresponding Author:** S. Maleki

**Email:** sam.maleki2017@hotmail.com

