



مروری بر نقش ژنتیک در رفتارهای اجتماعی زنبور عسل: از بهداشت کلنی تا زبان رقص

۱۱

لیلا قره داغی*^۱، فرهاد پرنیان خواجه دیزج^۱، مجید پسندیده^۲

۱- استادیار بخش تحقیقات علوم دامی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی آذربایجان شرقی، سازمان تحقیقات، آموزش و

ترویج کشاورزی، تبریز، ایران

۲- استادیار گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهرکرد، شهرکرد، ایران

تاریخ دریافت: ۱۴۰۴/۰۴/۱۶ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۰۵/۱۸

شناسه دیجیتال (DOI): 10.22034/HBSJ.2025.370013.1194

رایانامه: gharehdaghi.leila103@gmail.com



چکیده

عنصر کلیدی سلامت کلنی است، شامل شناسایی و حذف لاروهای بیمار یا مرده برای جلوگیری از گسترش پاتوژن‌ها می‌باشد. مطالعات ژنومی، با شناسایی شبکه‌ها و مسیرهای ژنی مرتبط با رفتار بهداشتی، بینش جدیدی در مورد مبانی مولکولی مقاومت در برابر بیماری‌ها و مکانیسم‌های مراقبت جمعی در کلنی ارائه می‌دهند. به‌طور مشابه، زبان رقص زنبور عسل (یک شکل پیچیده از ارتباط) به زنبورهای چراگر این امکان را می‌دهد که موقعیت دقیق منابع غذایی را به هم‌نوعان خود در

زنبورهای عسل رفتارهای اجتماعی قابل توجهی از خود نشان می‌دهند، مانند رفتار بهداشتی و زبان رقص زنبور، که برای بقا و بهره‌وری کلنی حیاتی هستند. این رفتارها اگرچه غریزی بوده و به پتانسیل ژنتیکی زنبورها مرتبط هستند، اما بیان و شدت آن‌ها توسط مکانیسم‌های ژنومی پیچیده‌ای تنظیم می‌شود که تحت تأثیر محیط و نیازهای کلنی می‌باشند. رفتار بهداشتی، که





مرتبط با این رفتار را کشف کرده است و سازگاری‌های تکاملی را که امکان چنین اشکال پیشرفته‌ای از ارتباط را فراهم می‌کند، نشان می‌دهد (Barron and Plath, 2017). با توجه به چالش‌های جهانی مانند از دست رفتن زیستگاه‌ها، تغییرات اقلیمی و بیماری‌ها و آفات که جمعیت زنبورهای عسل را تهدید می‌کنند، درک پایه ژنتیکی رفتارهای اجتماعی آن‌ها به‌طور فزاینده‌ای اهمیت یافته است. این مقاله به بررسی ژنومیک رفتارهای بهداشتی و رقص زنبور عسل می‌پردازد و پایه‌های ژنتیکی که این ویژگی‌های شگفت‌انگیز را هدایت می‌کنند، آشکار می‌کند. با این امر، کاربردهای بالقوه بینش‌های ژنومی در حفاظت و مدیریت زنبورها روشن می‌شود.

رفتار بهداشتی: ویژگی کلیدی برای انتخاب و اصلاح نژاد

زیست‌شناسان حدود ۶۰ سال نتوانستند پایه ژنتیکی رفتار بهداشتی زنبورها را کشف کنند. رفتار بهداشتی یک ویژگی ایمنی و اجتماعی مهم در زنبورهای عسل است. زنبورهای کارگر قادر به شناسایی و حذف شفییره‌های مرده و درحال مرگ از کلنی هستند. این امر مانع از شیوع مایت و/روآ و بیماری‌هایی مثل لوک آمریکایی و نوزادان گچی می‌شود (Wakgari and Yigezu, 2021). در سال ۱۹۶۵، روتنبورل با انجام تلاقی‌های کنترل شده بین زنبورهای عسل دارای رفتار بهداشتی و فاقد این رفتار، و بر اساس تحلیل الگوهای فنوتیپی در زنبورهای کارگر، دریافت که این رفتار تحت کنترل دو جایگاه ژنی است: یک جایگاه مسئول درپوش برداری سلول‌های شفییره‌های مرده و جایگاه دیگر مسئول حذف آن‌ها می‌باشد (Rothenbuhler, 1965). با این حال، تحلیل موریتز بر روی داده‌های روتنبورل به وجود حداقل ۳ جایگاه تاثیرگذار بر این ویژگی پیچیده اشاره داشت (Mortiz, 1988). محققان با انجام نقشه‌برداری QTL (جایگاه صفت کمی) در زنبورعسل، ۷ جایگاه ژنی را شناسایی کردند که در بروز رفتار بهداشتی نقش دارند. این یافته‌ها مبتنی بر آزمایش استاندارد منجمد سازی شفییره‌ها و سنجش درصد حذف شفییره‌های مرده توسط زنبورهای کارگر بود که دستیابی به این یافته‌ها تنها با استفاده از دو روش پیچیده میسر شد: ۱- کلنی سازی موقعیتی^۱: ایجاد کلنی‌های مصنوعی با ترکیب

کندو منتقل کنند. این رفتار به ترکیبی از تمایلات ژنتیکی و محرک‌های محیطی وابسته است. تحقیقات در مورد ژنومیک رفتار رقص زنبور، نقش ژن‌های خاصی را در هماهنگی حرکتی، حافظه و پردازش حسی نشان داده است که با هم این شکل پیچیده ارتباط را تسهیل می‌کنند. با ادغام نتایج حاصل از تحقیقات ژنومی، دانشمندان شروع به کشف طرح‌های ژنتیکی کرده‌اند که این رفتارهای منحصر به فرد را هدایت می‌کنند و درک عمیق‌تری از سازمان‌دهی اجتماعی زنبور عسل و اهمیت تکاملی آن ارائه می‌دهند. این مقاله پیشرفت‌های اخیر در ژنومیک رفتارهای بهداشتی و رفتار رقص را مورد تأکید قرار می‌دهد و اهمیت آن‌ها را در حفظ سلامت و بهره‌وری کلنی برجسته می‌کند. این یافته‌ها نه تنها درک ما از زیست‌شناسی زنبور عسل را افزایش می‌دهند، بلکه دیدگاه‌های مهمی برای بهبود مدیریت زنبورها و تلاش‌های حفاظت از آن‌ها در برابر چالش‌های جهانی جمعیت گرده‌افشان‌ها را ارائه می‌دهند.

کلمات کلیدی: رفتار زنبور عسل، ژنتیک، رفتار بهداشتی، رقص زنبورعسل، سلامت کلنی

مقدمه

زنبورهای عسل (*Apis mellifera*) به خاطر رفتارهای اجتماعی پیچیده خود که نقش حیاتی در حفظ سلامت و بقای کلنی دارند، به عنوان یک مدل ارزشمند شناخته می‌شوند (Kohno and Kubo, 2019). در میان این رفتارها، رفتار بهداشتی و زبان رقص زنبور (یک ابزار ارتباطی میان زنبورهای عسل) به عنوان دو رفتار حیاتی و برجسته شناخته شده‌اند که استفاده مؤثر از منابع غذایی و پیشگیری از بیماری‌ها را در داخل کندو تضمین می‌کنند. رفتار بهداشتی شامل شناسایی و حذف لاروهای بیمار یا مرده است که این فرآیند به کاهش گسترش عوامل بیماری‌زا و حمایت از سلامت کلنی کمک می‌کند. در سالیان اخیر پایه‌های مولکولی این رفتار در حال بررسی و شناسایی هستند و مطالعات ژنومی به مشارکت مسیرهای ژنی خاص مرتبط با حس بویایی، پردازش عصبی و پاسخ‌های ایمنی اشاره دارند (Harpure et al, 2019). زبان رقص زنبورعسل، دیگر رفتار نمادین، نمایانگر یک سیستم ارتباطی پیشرفته است. این رقص پیچیده به یکپارچگی مهارت‌های حرکتی، ورودی‌های حسی و حافظه وابسته است و عوامل ژنتیکی بر هر یک از این اجزا تأثیر می‌گذارند. تحقیقات ژنومی، برخی ژن‌های کلیدی

^۱ Contextual colony setup



پیامدهای قابل توجهی دارد این امر باعث می‌شود هم تعداد واقعی جایگاه‌های ژنی مؤثر بر صفت و هم میزان تأثیر هر یک از این جایگاه‌ها به درستی و به طور کامل شناسایی نشود، این پدیده در ژنتیک کمی تحت عنوان اثر بیویس^۲ شناخته می‌شود (Xu, 2003).

با در دسترس بودن یک ژنوم مرجع و فناوری‌های مقرون به صرفه توالی‌یابی با خوانش‌های کوتاه، امروزه امکان انجام مطالعات گسترده ارتباط ژنومی (GWAS) برای یافتن ارتباط بین تفاوت‌های ژنتیکی و تغییرات عملکردی صفات در افراد، کلنی‌ها و جمعیت‌ها فراهم شده است (Grozing et al., 2020). در یک مطالعه مشخص، پژوهشگران از حدود ۴۴ هزار نشانگر SNP برای تعیین ژنوتیپ ۱۲۲ زنبور کارگر با بالاترین توانایی در تشخیص و حذف سفیره‌های آلوده به مایت واری، و نیز ۱۲۲ زنبور کارگر فاقد این رفتار بهداشتی استفاده کردند. آن‌ها موفق به شناسایی ۶ نشانگر SNP روی کروموزوم‌های ۲، ۳ (دو نشانگر)، ۵ و ۷ شدند که با صفت رفتاری موردنظر ارتباط معناداری داشتند. اگرچه این نشانگرها درون ناحیه کدکننده ژن‌ها قرار نداشتند، اما با کمک توالی ژنوم زنبور عسل، چهار ژن کاندید در مجاورت این نشانگرها شناسایی شد که احتمالاً در بروز این رفتار نقش دارند (Spotter et al., 2016).

در مطالعه ای، ژنوم ۱۲۵ زنبور عسل نر از سه گروه مختلف توالی‌یابی شد: یک جمعیت کنترل با سطح متوسط رفتار بهداشتی و دو جمعیت که به طور انتخابی برای رفتار بهداشتی بالا پرورش یافته بودند. محققان از دو روش تحلیلی استفاده کردند: ابتدا بخش‌هایی از ژنوم را شناسایی کردند که در جمعیت‌های دارای رفتار بهداشتی بالا، نشانه‌هایی از انتخاب مصنوعی داشتند. سپس بررسی کردند که آیا این بخش‌های ژنومی می‌توانند رفتار بهداشتی را در جمعیت کنترل نیز پیش‌بینی کنند یا خیر. نتایج این تحلیل تلفیقی نشان داد که حدود ۷۳ ژن با رفتار بهداشتی در زنبورعسل مرتبط هستند (Harpur et al., 2019). گرچه این تعداد ژن در مقایسه با برخی مطالعات دیگر بیشتر است، اما با تعداد جایگاه‌های ژنی شناخته‌شده برای تنظیم رفتارها در گونه‌ای مانند مگس سرکه (*Drosophila*) همخوانی دارد. البته عملکرد دقیق این ژن‌ها هنوز به‌طور تجربی تأیید نشده است، اما جالب توجه است که

کنترل‌شده زنبورها از نظر ژنتیکی و محیطی برای جدا سازی اثرات ژنتیکی از عوامل محیطی. ۲- ادغام ژنتیکی^۱: ترکیب ژنوم کلنی‌های مختلف برای تقویت یا تضعیف صفات هدف. این فرآیندها به دلیل نیاز به کنترل دقیق شرایط آزمایشی و زمان‌بر بودن، بسیار دشوار محسوب می‌شوند (Lapidge et al., 2002).

انتشار ژنوم زنبور عسل، دامنه تحقیقات در حوزه ژنتیک و زیست‌شناسی مولکولی رفتار بهداشتی این حشره را به‌طور چشمگیری گسترش داد. در همین راستا، محققان با انجام یک مطالعه QTL و با استفاده از ۴۳۷ ریزماهواره، جایگاه‌های مرتبط با رفتار بهداشتی را شناسایی کردند. آن‌ها با تکیه بر توالی‌های تکرارشونده در ژنوم، موقعیت فیزیکی این جایگاه‌ها را در کروموزوم‌های ۲، ۵، ۹، ۱۰ و ۱۶ تعیین نموده و توانستند ژن‌های کاندید را از میان صدها ژن موجود در این نواحی مشخص کنند (Oxley et al., 2010). در مطالعه‌ای دیگر که با به‌کارگیری حدود ۲۰۰ ریزماهواره انجام شد، سه جایگاه ژنومی بزرگ بر روی کروموزوم‌های ۴، ۷ و ۹ در ارتباط با رفتار بهداشتی شناسایی گردید. این رفتار که معمولاً تحت عنوان رفتار بهداشتی در برابر مایت واری (VSH) شناخته می‌شود، شامل خارج کردن نوزادان آلوده به این مایت است. هر یک از این نواحی شناسایی شده بسیار گسترده بوده و در برگیرنده صدها ژن بودند (Behrens et al., 2011). یک سال بعد، پژوهشگران در قالب یک تحقیق QTL دیگر و با استفاده از ۱۳۴۰ نشانگر SNP جدید، موفق به شناسایی دو جایگاه ژنومی دیگر روی کروموزوم‌های ۱ و ۹ شدند. این نواحی که شامل حدود ۱۰۰ ژن بودند، بر مقاومت بهداشتی در برابر مایت واری تأثیرگذار تشخیص داده شدند (Tsuruda et al., 2012). اگرچه مطالعات QTL گامی بزرگ به سوی شناخت معماری ژنتیکی رفتار بهداشتی در زنبورعسل بود، اما این رویکرد محدودیت‌های مهمی نیز دارد. عمده ترین مشکل، قدرت تفکیک پایین آن است که نمی‌تواند به طور دقیق به ژن‌ها و جهش‌های خاص مسئول ایجاد تفاوت‌های رفتاری بین افراد و کلنی‌ها اشاره کند (Grozing et al., 2020; Goltz, 2025). افزون بر این، طرح‌های QTL اجرا شده در مطالعات زنبور عسل، معمولاً بر پایه نمونه‌های کوچکی از زنبورها با ترکیب ژنتیکی محدود بنا شده‌اند. کوچک بودن اندازه نمونه

^۲ Beavis Effect

^۱ Genetic Merging



چندین مورد از آن‌ها در مناطق ژنومی قرار گرفته‌اند که پیش‌تر به‌عنوان جایگاه‌های صفات کمی (QTL) مرتبط با رفتار شناخته شده بودند. این موضوع تا حدی از اعتبار یافته‌های این تحقیق پشتیبانی می‌کند (Harpur et al., 2019). انتظار می‌رود که مطالعات ژنومی باعث افزایش شناخت ما از ژنتیک بعضی از پیچیده‌ترین و جذاب‌ترین ویژگی‌های زنبور عسل شوند. این تلاش‌ها از طریق توسعه ابزارهایی برای اختلال در کارکرد ژن (برای نمونه، خاموشی بیان با کمک RNAi یا CRISPR-Cas9) و تأیید مستقیم روابط بین ژن‌ها و فنوتیپ‌ها ارتقا خواهند یافت. با این وجود، منابع گسترده‌ای که توسط ژنوم زنبور عسل ارائه شده باعث افزایش قابل توجه شناخت از مبنای ژنتیکی رفتار بهداشتی این حشره شده است. این روند موجب تسهیل انتخاب مبتنی بر نشانگر و برنامه‌های پرورش زنبور عسل می‌شود.

زبان رقص زنبورها

زبان رقص مشهور زنبور عسل که توسط کارل فن فریش در اواسط قرن بیستم رمزگشایی شد و به همین دلیل جایزه نوبل پزشکی یا فیزیولوژی را در سال ۱۹۷۲ دریافت کرد، احتمالاً منحصربه‌فردترین و اصلی‌ترین رفتار زنبور عسل است (Munz, 2016). این شکل از ارتباط نمادین که برای افراد متخصص در رشته زنبورشناسی آشناست، توسط زنبورهای کارگر در هنگام بازگشت به کندو از یک منبع غذایی به نمایش گذاشته می‌شود. این رقص حاوی یک سری حرکات ظریف است که با الگوی 8 مانند شکل گرفته و در بین آن چرخش‌هایی دورانی سریع صورت می‌گیرد. تغییرات دقیق در ضرب آهنگ، مدت و زاویه رقص به انتقال اطلاعات خاص در مورد کیفیت، فاصله و مسیر منابع غذایی برای دیگر زنبورها منجر می‌شود (Munz, 2016). به دنبال این حرکات، زنبورها کندو را برای جستجوی مکان‌های مورد نظر ترک می‌کنند. به این طریق، زنبورهای عسل عملیات رمزگذاری، رمزگشایی و اشتراک اطلاعات را در مورد مکان‌های خاص در محیط پیرامون کندو انجام می‌دهند. این فرآیند یکی از پیچیده‌ترین و تماشایی‌ترین نمونه‌ها از ارتباط جانوران در خارج از گستره زبانی بشر است.

زبان رقص چندین نسل از متخصصان زیست‌شناسی زنبورها را جذب خود کرده است، بنابراین مطالعات زیادی در ارتباط با جنبه‌های مختلف این رفتار انجام گرفته است (Munz, 2016). این مطالعات باعث شدند تا جنبه‌های جذاب‌تر و حتی ظریف‌تر

از این رقص آشکار شود. این جنبه‌ها شامل کشف صدا، لرزش و اجزای فرمونی رقص، بررسی‌ها در مورد نحوه محاسبه فاصله و زمان توسط زنبورها و همچنین وجود تفاوت‌های گونه‌ای و منطقه‌ای در بین زنبورها می‌شوند (Rueppell and Walton, 2024). بنابراین، احتمالاً این رفتار یکی از بهترین شکل‌های مورد بررسی رفتاری در حوزه جانورشناسی است. ژنومیک چه چیزی می‌تواند به این مسئله اضافه کند؟

مطالعات پیش از عصر ژنومیک درباره رفتار رقص زنبورهای عسل که عمدتاً با مقایسه‌ی ویژگی‌های ظاهری (فنوتیپی) گونه‌های مختلف با رفتارهای رقص متفاوت انجام شده‌اند، نشان می‌دهند که پایه‌ای ژنتیکی برای برخی از ویژگی‌های منحصربه‌فرد این رفتار وجود دارد؛ از جمله یک فاصله‌ی انتقالی مشخص که در آن، زنبورها از حرکت رقص دایره‌ای به رقص ارتعاشات شکمی تغییر حالت می‌دهند (Toth and Zayed, 2021). با این حال، پس از آن هیچ مطالعه ژنومیکی انجام نشده تا ژن‌های خاص یا سازوکارهای مولکولی مرتبط با این رفتار و تفاوت‌های آن میان گونه‌های مختلف زنبور عسل را شناسایی کند. این حوزه مستعد انجام مطالعات بیشتری است، به ویژه با توجه به این حقیقت که ژنوم گونه‌های مختلفی از زنبورها در دسترس می‌باشد. این مطالعات پتانسیل شفاف‌سازی اثرات وراثت و مسیرهای تکامل رقص را در اختیار دارند.

محققان بیان ژن مخصوص مناطق مغزی را در رفتار رقص گونه‌های *Apis dorsata*، *Apis mellifera* و *Apis florae* بررسی و مشاهده کردند که این گونه‌ها تفاوتی آشکار در نوع رفتار رقص دارند. این تحقیق به وجود شباهت‌هایی در الگوهای بیان ژن در زنبورهای کارگر این سه گونه از جمله الگوهای مرتبط با فرآیندهای تولید انرژی و متابولیسم اشاره داشت. همچنین، تفاوت‌های زیادی در بیان ژن بین گونه‌های مختلف زنبورها مشاهده شد. این امر بیانگر این است که مجموعه‌ای کانونی از ژن‌ها در گونه‌های مختلف وجود دارد که در رفتار رقص خودش را به نمایش می‌گذارد. با این وجود، بعضی ژن‌ها مخصوص یک گونه خاص هستند و به همین دلیل تفاوت‌هایی در رفتار رقص زنبورها به وجود می‌آید. ناحیه تنه قارچی در مغز زنبورها متفاوت‌ترین پروفایل بیان ژن را در مقایسه با دیگر مناطق مغز به نمایش گذاشت، در نتیجه این منطقه از مغز که در یادگیری، حافظه و حواس نقش دارد، در تنظیم رقص زنبورها مهم است (Sen Sarma et al., 2010). این تحقیق از رویکرد همبستگی استفاده کرده است، زیرا در آن زنبورهای



اشاره کرد. این مجموعه مقالات به جهش‌های عظیم در درک ما از مبنای مولکولی دیگر جنبه‌های رفتار زنبور عسل منتهی شده‌اند.

از جمله محدودیت‌های کلیدی در این حوزه، دشواری استانداردسازی اندازه‌گیری رفتار رقص و نیاز به مشاهده طولانی‌مدت توسط متخصصان است که جمع‌آوری داده‌های ژنومیک را با چالش مواجه می‌کند (Rueppell, 2014). همچنین، تأثیر عوامل محیطی (مانند تغییرات اقلیمی) بر تکامل این رفتار هنوز به‌طور کامل بررسی نشده است. با این وجود، یافته‌های ژنومیک در مورد سایر رفتارهای زنبور عسل (مانند تقسیم وظایف سنی و دفاع کندو) نشان می‌دهد که با پیشرفت فناوری‌های توالی‌یابی تک‌سلولی (scrNA-seq) و ویرایش ژن (CRISPR-Cas9)، می‌توان به مکانیسم‌های مولکولی دقیق‌تری در این زمینه دست یافت (Zayed & Robinson, 2012; Harper et al., 2020).

کاربردهای اصلاح نژادی این پژوهش‌ها می‌تواند شامل پرورش زنبورهای با دقت ارتباطی بالاتر برای بهبود گرده‌افشانی یا افزایش مقاومت به استرس‌های محیطی باشد. علاوه بر این، رمزگشایی زبان رقص می‌تواند به طراحی الگوریتم‌های ارتباطی در رباتیک یا سیستم‌های هوش مصنوعی الهام بخشد (Li et al., 2012). در آینده، ادغام داده‌های ژنومیک با تحلیل‌های مبتنی بر هوش مصنوعی برای تفسیر خودکار حرکات رقص، می‌تواند تحولی اساسی در درک این رفتار ایجاد کند. به‌طور کلی، اگرچه زبان رقص زنبورها هنوز چالش‌های ژنتیکی و عصبی بسیاری دارد، اما پیشرفت‌های فناوری، افق‌های جدیدی برای کشف رمز و راز این سیستم ارتباطی منحصر به فرد گشوده‌اند.

نتیجه‌گیری

رفتارهای اجتماعی پیچیده زنبورهای عسل، مانند رفتار بهداشتی و زبان رقص زنبور، نه تنها برای سلامت و کارایی کلنی‌ها ضروری است بلکه به‌طور مستقیم بر بقای کلنی در مواجهه با چالش‌های محیطی و بیماری‌ها و آفات تأثیر می‌گذارد. پیشرفت‌های ژنومیک نشان داده است که مکانیسم‌های مولکولی زیر بنای این رفتارها، توانایی کلنی را برای سازگاری با شرایط متغیر و تهدیدات بیرونی افزایش می‌دهد. به عنوان مثال، رفتار بهداشتی که توسط ژن‌هایی مانند GB11456 (نقش کلیدی در شناسایی پاتوژن‌ها) تنظیم می‌شوند، با کاهش

رقصان و غیررقصان به صورت مستقیم مقایسه نشدند. در نتیجه تصویر روشنی از ژن‌های تنظیم کننده رفتار رقص ارائه نشده است. در تحقیقی دیگر بر روی زنبورهای عسل، مؤلفه تخمین فاصله رقص مورد مطالعه قرار گرفت. در این تحقیق، از زنبورهای آموزش‌دیده‌ای استفاده شد که از بین تونل‌هایی با فواصل متفاوت حرکت می‌کردند (Sen Sarma et al., 2010). این تحقیق نشان داد که تفاوت‌هایی در بیان ژن در ناحیه لب‌های چشمی و تنه‌های قارچی (مناطق در مغز زنبور) در زنبورها در فواصل مختلف وجود دارد. این تحقیق به وجود ژن‌ها و مسیرهای خاص (مرتبط با مدل‌سازی سیناپسی، عوامل رونوشت و متابولیسم پروتئین) برای تخمین فاصله رقص اشاره داشت. یک تحقیق دیگر به وجود تفاوت‌ها در بیان microRNAها بین زنبورهای کارگر رقصان و غیررقصان اشاره داشت. این تحقیق ادعا داشت که ژن‌های هدف microRNAها با فعالیت کینازی، کارکرد عصبی و تولید انرژی ارتباط دارند (Li et al., 2012). در کل، این مطالعات نشان دادند که تغییرات بیان ژن در مغز، به ویژه در تنه قارچی مغز، احتمالاً در تولید زبان رقص نقش دارد. هرچند، این مطالعات همگی ماهیتی همبسته داشتند و به همین خاطر اطلاعات ما از نحوه تنظیم رفتار رقص توسط ژن‌ها هنوز در سطحی ابتدایی قرار دارد.

تا به امروز، پایه‌های ژنتیکی عصبی و وراثت پذیری زبان رقص در بین زنبورهای عسل نامشخص باقی مانده است (Dong et al., 2023). همین مسئله نمونه‌ای از بیولوژی زنبور عسل است که در آن علم ژنومیک هنوز نتوانسته به عمق شناخت ما از این جنبه خاص از ساختار بیولوژیکی زنبور عسل بیفزاید. ژنومیک زمانی کارایی دارد که با سطحی بالا از تأثیرگذاری به کار گرفته شود ولی متأسفانه، اندازه‌گیری رقص زنبورها به مشاهده دقیق و طولانی مدت متخصصان آموزش‌دیده نیاز دارد. در این وضعیت، عامل محدودکننده فنوتیپ است و نه ژنوتیپ. زبان رقص همچنان چالشی بزرگ برای متخصصان ژنوم زنبور عسل است. با این وجود، ژنومیک رفتاری زنبور عسل با موفقیت‌هایی هم همراه بوده است. بسیاری از رفتارهای زنبور عسل که امکان تعیین توالی فنوتیپی آنها وجود دارد به‌طور جامع در سطح ژنومی مورد بررسی قرار گرفته‌اند، که از بین آنها می‌توان به جستجوی گرده (Rueppell, 2014)، تقسیم وظیفه بر اساس سن (Zayed and Robinson, 2012)، یادگیری و حافظه (Muller, 2012) و رفتار دفاعی (Harper et al., 2020)



مرتبط با ژن GB11456 (واقع بر روی کروموزوم ۹ زنبورعسل) که با شدت رفتار بهداشتی همبستگی مثبت دارد، به زنبورداران اجازه می‌دهد تا کلنی‌های مقاوم به مایت واریا را با دقت بالا انتخاب کنند. همچنین، شناسایی ژن‌های مرتبط با دقت زبان رقص (مانند ژن‌های موثر در پردازش حسی) که با کارایی جستجوی گل ارتباط دارد، امکان پرورش زنبورهایی با توانایی بالاتر در گرده‌افشانی محصولات خاص را فراهم می‌کند. با توجه به چالش‌های بی‌سابقه‌ای که جمعیت گرده‌افشان‌ها با آن مواجه هستند، استفاده از بینش‌های ژنومی می‌تواند در توسعه استراتژی‌هایی برای افزایش مقاومت به آفات و بیماری‌ها و سلامت کلنی‌ها کمک کند. تحقیقات آینده باید بر ادغام ژنومیک با مطالعات بوم‌شناختی و محیطی تمرکز کند تا از جمعیت‌های جهانی زنبورها به شکل مؤثرتری حمایت شود.

میزان آلودگی به مایت واریا و بیماری‌هایی مانند لوک آمریکایی، شانس بقای کلنی را در طولانی مدت بهبود می‌بخشد (Oxley et al., 2010; Harpur et al., 2019) به طور مشابه، زبان رقص که بهینه‌سازی جستجوی منابع غذایی را ممکن می‌سازد، منجر به تأمین پایدار غذا و انرژی برای کلنی می‌شود، به ویژه در شرایطی که تغییرات اقلیمی و تخریب زیستگاه‌ها دسترسی به منابع غذایی را محدود می‌کند (Sen Sarma et al., 2010). این سازگاری‌های ژنتیکی، کلنی‌ها را قادر می‌سازد تا در محیط‌های چالش‌برانگیز مقاومت بیشتری داشته باشند و احتمال انقراض جمعیت‌های محلی را کاهش می‌دهند.

درک پایه ژنتیکی این رفتارها نه تنها دانش بنیادی ما را در مورد زیست‌شناسی زنبورعسل تکمیل می‌کند، بلکه زمینه را برای طراحی برنامه‌های اصلاح نژاد مبتنی بر نشانگرهای مولکولی فراهم می‌کند. به عنوان مثال، شناسایی نشانگر SNP



- Akongte, P. N., Oh, D., Lee, C., Choi, Y., & Kim, D. (2024). Diversity of Honeybee Behavior Is a Potential Inbuilt Trait for Varroa Tolerance: A Basic Tool for Breeding Varroa-Resistant Strains. *Agriculture*, 14(11), 2094.
- Barron AB, Plath, JA (2017) The evolution of honey bee dance communication: a mechanistic perspective. *J Exper Biol* 220(23):4339-4346.
- Behrens, D., Huang, Q., Geßner, C., Rosenkranz, P., Frey, E., Locke, B., ... & Kraus, F. B. (2011). Three QTL in the honey bee *Apis mellifera* L. suppress reproduction of the parasitic mite *Varroa destructor*. *Ecology and evolution*, 1(4), 451-458.
- Dong, S., Lin, T., Nieh, J. C., & Tan, K. (2023). Social signal learning of the waggle dance in honey bees. *Science*, 379(6636), 1015-1018.
- Goltz, C. (2025). The legal and political transgressions of honey bees. *Distinktion: Journal of Social Theory*, 1-14.
- Grozinger, C. M., & Zayed, A. (2020). Improving bee health through genomics. *Nature Reviews Genetics*, 21(5), 277-291.
- Harpur, B. A., Guarna, M. M., Huxter, E., Higo, H., Moon, K. M., Hoover, S. E., ... & Zayed, A. (2019). Integrative genomics reveals the genetics and evolution of the honey bee's social immune system. *Genome Biology and Evolution*, 11(3), 937-948.
- Kohn, H.; Kubo, T. Genetics in the Honey Bee: Achievements and Prospects toward the Functional Analysis of Molecular and Neural Mechanisms Underlying Social Behaviors. *Insects* 2019, 10, 348. <https://doi.org/10.3390/insects10100348>
- Lapidge, K. L., Oldroyd, B. P., & Spivak, M. (2002). Seven suggestive quantitative trait loci influence hygienic behavior of honey bees. *Naturwissenschaften*, 89, 565-568.
- Li, L., Liu, F., Li, W., Li, Z., Pan, J., Yan, L., ... & Su, S. (2012). Differences in microRNAs and their expressions between foraging and dancing honey bees, *Apis mellifera* L. *Journal of insect physiology*, 58(11), 1438-1443.
- Munz, T. (2016). *The dancing bees: Karl von Frisch and the discovery of the honeybee language*. University of Chicago Press.
- Oxley, P. R., Spivak, M., & Oldroyd, B. P. (2010). Six quantitative trait loci influence task thresholds for hygienic behaviour in honeybees (*Apis mellifera*). *Molecular Ecology*, 19(7), 1452-1461.
- Rothenbuhler, W. C. (1964). Behavior genetics of nest cleaning in honey bees. IV. Responses of F 1 and backcross generations to disease-killed brood. *American Zoologist*, 4(2), 111-123.
- Rueppell, O., & Walton, A. (2024). Social foraging of the honey bee colony. In *The Foraging Behavior of the Honey Bee (Apis mellifera, L.)* (pp. 65-83). Academic Press.
- Sen Sarma, M., Rodriguez-Zas, S. L., Gernat, T., Nguyen, T., Newman, T., & Robinson, G. E. (2010). Distance-responsive genes found in dancing honey bees. *Genes, Brain and Behavior*, 9(7), 825-830.
- Sen Sarma, M., Rodriguez-Zas, S. L., Hong, F., Zhong, S., & Robinson, G. E. (2009). Transcriptomic profiling of central nervous system regions in three species of honey bee during dance communication behavior. *PloS one*, 4(7), e6408.
- Spivak, M., & Gilliam, M. (1998). Hygienic behaviour of honey bees and its application for control of brood diseases and Varroa: Part II. Studies on hygienic behaviour since the Rothenbuhler era. *Bee world*, 79(4), 169-186.
- Spötter, A., Gupta, P., Mayer, M., Reinsch, N., & Bienefeld, K. (2016). Genome-wide association study of a Varroa-specific defense behavior in honeybees (*Apis mellifera*). *Journal of Heredity*, 107(3), 220-227.
- Toth, A. L., & Zayed, A. (2021). The honey bee genome--what has it been good for?. *Apidologie*, 52(1), 45-62.
- Tsuruda, J. M., Harris, J. W., Bourgeois, L., Danka, R. G., & Hunt, G. J. (2012). High-resolution linkage analyses to identify genes that influence Varroa sensitive hygiene behavior in honey bees. *PLoS One*, 7(11), e48276.
- Xu, S. (2003). Theoretical basis of the Beavis effect. *Genetics*, 165(4), 2259-2268.



A Review of the Role of Genetics in Honeybee Social Behaviors: From Colony Hygiene to the Waggle Dance



Leila Gharehdaghi^{*1}, Farhad Parnian-khajehtizaj¹, Majid Pasandideh²

1. Assistant Professor, Animal Science Research Department, East Azarbaijan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Tabriz, Iran

2. Assistant Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Shahrekord University, Shahrekord, Iran

DOI: 10.22034/HBSJ.2025.370013.1194

۱۸

Abstract:

Honey bees exhibit remarkable social behaviors, such as hygiene and dance communication, which are crucial for the survival and efficiency of their colonies. These behaviors are not merely instinctual but are underpinned by intricate genomic mechanisms that regulate their expression and functionality. Hygiene behavior, a key element of colony health, involves the detection and removal of diseased or dead brood to prevent the spread of pathogens. Genomic studies have identified specific gene networks and pathways responsible for this behavior, shedding light on the molecular basis of disease resistance and collective colony care. Similarly, the honey bee waggle dance—a sophisticated form of communication—enables foragers to convey the precise location of food sources to their hive mates. This behavior relies on a combination of genetic predispositions and environmental stimuli. Research into the genomics of the waggle dance has revealed the role of specific genes in motor coordination, memory, and sensory processing, which together facilitate this complex form of communication. By integrating insights from genomic research, scientists have begun to unravel the genetic blueprints that govern these unique behaviors, offering a deeper understanding of honey bee social organization and its evolutionary significance. This article highlights recent advances in the genomics of hygiene and dance behaviors, emphasizing their importance in maintaining colony health and efficiency. These findings not only enhance our understanding of honey bee biology but also provide valuable insights for improving bee management and conservation efforts in the face of global challenges to pollinator populations.

Keywords: Honey bee behavior, Genetics, Hygiene behavior, Waggle dance, Colony health

Corresponding Author: Leila Gharehdaghi*

Email: gharehdaghi.leila103@gmail.com

