



کشف اسرار بیولوژیکی: نقش ژنومیک زنبورعسل در درک زندگی اجتماعی آن

۲۴

لیلا قره داغی^{۱*}، شبنم پری چهره دیزجی^۲، قربان الیاسی زرین قبایی^۳

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 بخش تحقیقات زنبورعسل، موسسه تحقیقات علوم دامی کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران
۳- هیئت علمی بخش تحقیقات علوم دامی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی آذربایجان شرقی، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، تبریز، ایران.

تاریخ دریافت: ۱۴۰۳/۲/۷ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۳/۵/۱۶
شناسه دیجیتال (DOI): 10.22034/HBSJ.2024.365597.1161
رایانامه: l.gharedaghi@areeo.ac.ir



و همچنین بهبود سلامت، زاد و ولد و مدیریت این حشره دارد. ژنومیک زنبورعسل در ۱۴ سال گذشته با رشدی فزاینده روبه‌رو شده است. مقاله حاضر به بررسی نقش علم ژنومیک در ارتقا و شناخت جنبه‌های بنیادی ساختار بیولوژیکی زنبورعسل از جمله منشأ تکامل و سلامت/بیماری می‌پردازد. با وجود اینکه ژنومیک باعث شده تا حوزه‌های

چکیده

یکی از مهمترین پیشرفت‌ها در تاریخ تحقیقات زنبورعسل، انتشار اطلاعات توالی DNA (ژنوم) زنبورعسل غربی (*Apis mellifera*) در سال ۲۰۰۶ بود که ظاهراً کاربردهای نامحدودی در جهت افشای اسرار بیولوژی، زندگی اجتماعی





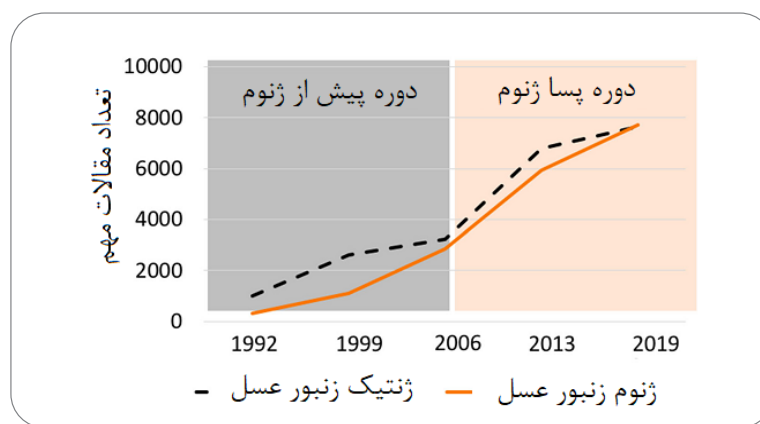
مختلف مطالعاتی در ارتباط با زندگی زنبورعسل رشد داشته باشند، ولی این ابزار تنها بخشی از یک رویکرد سیستم محور و چند وجهی است. علاوه بر این، اعتقاد بر این است که تحقیقات در مورد زنبورعسل از ادغام کامل ژنومیک با رویکردهای کلاسیک در حوزه تکامل، رفتارشناسی، فیزیولوژی و میکروبیولوژی بیشترین بهره را خواهد برد. این اطلاعات به ما کمک می‌کند تا بهترین راهکارها برای حفظ این گونه حیاتی را پیدا کرده و درک بهتری از زندگی اجتماعی آن داشته باشیم.

کلمات کلیدی: ژنومیک، زنبورعسل، اسرار بیولوژیکی

مقدمه

زنبورعسل غربی^۱، بدون شک یکی از مهمترین حشرات در زندگی بشر است. دلیل این اهمیت، پراکندگی این حشره در کل جهان، مزایای اقتصادی و همچنین تاریخچه طولانی تعامل این حشره با انسانهاست. زنبورعسل در سال ۲۰۰۶ در بین حشراتی قرار گرفت که توالی ژنومی آنها پس از *Anopheles gambiae* و پشه مالاریا *Drosophila melanogaster* کشف شد (Robinson, 2002). این پیشرفت منجر به ارائه اولین توالی ژنومی برای یک حشره اجتماعی شد. این حجم انبوه از داده‌ها مسیر را برای توسعه علم ژنتیک رفتاری هموار ساخت، به این امید که ژنوم زنبورعسل باعث آشکارسازی تفاوت‌های نوین و بنیادی با ژنومهای

حشرات غیراجتماعی شود. پس از انتشار اولیه ژنوم زنبورعسل، بر روی جلد مجله Nature یک عبارت برجسته با عنوان «طرحی برای اجتماعی بودن» به چشم می‌خورد (کنسرسیوم^۲ توالی‌یابی ژنوم زنبورعسل، ۲۰۰۶). این عبارت بیانگر خوش‌بینی پیرامون پتانسیل ژنوم زنبورعسل در آشکارسازی اسرار مولکولی زندگی اجتماعی پیچیده این حشره است. امروزه، اکثر متخصصان ژنتیک بر این مسئله تأکید دارند که ژنوم، طرحی برای ساخت یک موجود زنده نیست، بلکه مجموعه‌ای پویا از دستورالعملهاست که توسط محیطی که در آن قرار دارد، تفسیر می‌شود (Bell and Robison, 2011). ژنوم‌ها اولین قدم در یک فرآیند تنظیمی چند سطحی هستند که یک موجود زنده را از سطح ژنوتیپ به فنوتیپ ارتقا می‌دهند. امروزه ژنومیک زنبورعسل به یک حوزه مطالعاتی روبه‌رشد و پویا تبدیل شده به طوریکه تعداد زیادی مقاله در ارتباط با ژنوم زنبورعسل منتشر شده است (نمودار ۱). هدف این مقاله ارائه چند مثال توضیحی و پرسیدن این سوالات هست: آیا ژنوم توانسته مطابق با انتظارات عمل کند؟ اگر دنیایی بدون ژنوم زنبورعسل تصور شود، چه اطلاعات مهمی در مورد بیولوژی زنبورعسل از دست خواهد رفت؟ چه اسراری از بیولوژی زنبورعسل مانده که ژنوم نتوانسته یا اینکه هرگز نخواهد توانست آشکار سازد؟ در ادامه و به دنبال بررسی این سوالات، مجموعه‌ای از مثال‌ها برای اشاره به بعضی موفقیت‌های بزرگ و تعدادی از مسائل حل‌نشده در ارتباط با ژنوم زنبورعسل ارائه می‌گردد.



نمودار ۱: تحقیقات در مورد ژنتیک و ژنومیک زنبورعسل در سه دهه گذشته رشد کرده است. آثار مربوط به ژنوم زنبورعسل در سال ۲۰۰۶ در این مطالعات رشد داشته (امری که با تعداد مقالات مهم در گوگل اسکولار در بازه زمانی مورد نظر مشهود است). در حقیقت، مطالعات مرتبط با ژنومیک اخیراً بر مطالعاتی که تنها بر مسئله ژنتیک تمرکز دارند، غلبه کرده‌اند، در نتیجه ژنوم زنبورعسل به بخشی حیاتی از تحقیقات در مورد زنبورعسل تبدیل شده است.



مطالعات موردی: زمانی که ژنومیک زنبور عسل برای پاسخ به سوالات بنیادین در حوزه سلامت زنبور عسل استفاده گردید چه نتیجه‌ای در برداشت؟

۱- در مورد منشأ زنبور: اجداد زنبور عسل و تاریخچه تکامل

از دیدگاه فناوری، جغرافیای زیستی زنبور عسل، از زمان تحلیل‌های ریخت‌شناسی بر روی نژادهای بومی زنبور عسل در آفریقا، اروپا و آسیا، مسیری طولانی را پشت سر گذاشته است (Ruttner, 2013). با این حال، هنوز هم تحقیقات به دنبال پاسخ به منشأ اصلی زنبور عسل است. بر مبنای تجزیه تحلیل PCA^۳ داده‌های ریخت‌شناسی، روتنر^۴ در سال ۱۹۸۸ فرض نمود که زیرگونه‌های *Apis mellifera* می‌توان به اجداد اروپایی، آفریقایی و آسیایی نسبت داد. لیکن با استفاده از شاخص‌های وراثت میتوکندریایی از ژنوم مادر، اولین موج از تحلیل‌های ژنتیک جمعیت زنبور عسل بر وجود زیرگونه‌های ژنتیکی مجزا تأکید داشتند. این زیرگونه‌ها را می‌توان به اجداد این حشره در اروپا، آفریقا یا آسیا گروه‌بندی نمود (Sheppard and Meixner, 2003). در اوایل دهه ۱۹۹۰، تعداد زیادی از جایگاه‌های ریز ماهواره‌ای^۵ توالی‌یابی شدند (Estoup et al., 1995). این امر به محققان اجازه داد تا از این جایگاه‌ها برای مطالعات ژنتیک جمعیت‌های بومی و مدیریت‌شده زنبور عسل استفاده کنند (Franck et al., 2001). که در این میان ریزماهوره‌ها کمک شایانی به دسته‌بندی جمعیت‌های خالص و ترکیبی زنبور عسل کردند.

انتشار ژنوم زنبور عسل به محققان اجازه داد تا مستقیماً چندشکلی‌های تک‌نوکلئوتیدی را مورد بررسی قرار داده در مورد ژن‌های مورد نظرشان انجام دهند (Harpur and Zayed, 2013).

اولین تحلیل‌ها به منشأ تکاملی زنبورهای *Apis mellifera* در خارج از آفریقا اشاره دارد (Whitfield et al., 2006).

این یافته شگفت‌انگیز به تکامل زندگی زنبورهای عسل در آسیا و اروپا اشاره دارد. در حقیقت، دو گونه مجزا از زنبورهای عسل در خارج از آفریقا تکامل یافتند، اجداد M

در غرب و شمال اروپا و اجداد C و O در شرق اروپا و همچنین اجداد O در آسیا. هرچند، تحلیل مجدد این مجموعه داده توسط هان و همکاران (۲۰۱۲) نشان داد که حذف زنبورهای ناخالص در شمال آفریقا باعث شده تا محققان در مورد منشأ جمعیت زنبور عسل *Apis mellifera* چندان مطمئن نباشند (Han et al., 2012).

به دنبال انجام مطالعات در حوزه چندشکلی تک‌نوکلئوتیدی^۶ (SNP)، مطالعاتی در ارتباط با ژنومیک جمعیت صورت گرفت که هدفشان تعیین توالی ژنوم گونه‌های مختلف زنبورهای عسل بود. این مطالعات نشان دادند که تنوع ژنتیکی وسیعی در بین جمعیت‌های بومی و ناخالص زنبورهای عسل وجود دارد (Chen et al., 2016; Wal-berg et al., 2017; Rahimi et al., 2023). زنبور عسل بومی خاورمیانه، *A. m. yementica* (اجداد Y)، از لحاظ ژنتیکی از اجداد آفریقایی A و آسیایی O متفاوت بوده (Cridland et al., 2017) و به یک گونه آسیایی جدید از اجداد M تعلق دارد، گونه‌ای که قبلاً فقط به اروپا نسبت داده شده بود (Chen et al., 2016). با وجود تمامی این منابع ژنومی و پیشرفت چشمگیر در شناخت تنوع و پیشینه تکاملی زنبور عسل، منشأ تکامل این حشره همچنان نامشخص است. دو نظریه خروج از آفریقا و آسیا محتمل‌ترین موارد ممکن هستند (Cridland et al., 2017). با وجود در اختیار داشتن ابزارهای لازم در توالی‌یابی و تحلیل سریع ژنوم‌های زنبور، عامل محدودکننده در درک منشأ تکامل این حشره، دسترسی به نمونه‌های خالص زنبور عسل به ویژه از آفریقا و آسیاست (Dogantzis and Zayed, 2019). این مثال نشان می‌دهد که چطور علم ژنومیک در صورت نبود شناخت بیولوژیکی تأثیرگذاری مناسبی ندارد، یعنی تخصص ژنومیک هرگز نمی‌تواند جایگزین زیست‌شناسان آموزش‌دیده‌ای شود که قادر به شناسایی و نمونه‌یابی تعداد زیاد گونه‌های بومی زنبور عسل هستند.

۲- هولوبیونت^۷: کندوی زنبور عسل به عنوان یک جامعه ژنومیک

وقتی ژنوم یک زنبور عسل توالی‌یابی می‌شود، در واقع ژنوم کل یک جامعه اکولوژیکی از گونه‌های مشابه به تصویر کشیده می‌شود. بنابراین، می‌توان زنبور عسل را به عنوان یک هولوبیونت در نظر گرفت (Schwartz et al., 2015)،

6- Single Nucleotide Polymorphism

7- Holobionet

3- Principle component analysis

4- Ruttner

5- Microsatellite





یعنی متشکل از جامعه‌ای متنوع از باکتری‌ها، ویروس‌ها، انگل‌ها و قارچ‌ها. علاوه بر این، کندو خود یک ابر موجود زنده است که میزبان گونه‌های مختلفی از حشرات (برای نمونه: بیدها و سوسک‌ها)، مخمرها و دیگر میکروبهاست. در زمان اولین توالی‌یابی ژنوم زنبور عسل، محققان تلاش می‌کردند تا ژنوم دیگر گونه‌هایی که احتمال دارد همراه ژنوم زنبور عسل توالی‌یابی شده باشند را شناسایی کرده و آن را به عنوان آلودگی DNA دیگر گونه‌ها از ژنوم زنبور عسل حذف نمایند. هرچند، زیست‌شناسان به درکی عمیق‌تر از یکپارچگی ژنوم‌های گونه‌های مختلف رسیدند. موارد متعددی از همزیستی بین گونه‌ها وجود دارد (برای نمونه، شته‌ها و همزیست‌های باکتریایی آنها یعنی *Buchnera*) به طوری که ژنوم‌های میزبان و همزیست‌های آن حالتی "همکاری"^۸ گونه دارند، در نتیجه ژن‌های موجود در ژنوم یک گونه فرصت پیدا می‌کنند تا به کمک مسیره‌های بیولوژیکی در کارکرد و کنترل ژن‌های گونه دیگر همکاری یا دخالت داشته باشند (Wilson and Duncan, 2015). این مسئله تصویری زیبا از این ایده به دست می‌دهد که ژنوم و تاریخچه تکامل یک گونه در صورتی کامل خواهند بود که در کنار هم قرار گیرند. بنابراین، متخصصان ژنوم باید پیشینه موجود زنده یا ابر موجود زنده را توالی‌یابی کرده و بستر ژنومیک ژن‌های گونه‌ها را مدنظر قرار دهند. زنبور عسل هم از این قاعده مستثنی نیست. با توجه به این، چه اطلاعاتی در مورد ژنوم جمعی هولوبیونت زنبور عسل وجود دارد و اینکه این دیدگاه چه بینشی در مورد بیولوژی زنبور عسل در اختیار بشر قرار می‌دهد؟

کنه‌های *Varroa* یکی از مهم‌ترین گونه‌هایی هستند که در تقابل با زنبور عسل *Apis mellifera* و دیگر گونه‌های *Apis*، می‌باشند. ژنوم *Varroa destructor* به عنوان آفت رایج زنبورستان‌های جهان توالی‌یابی شده است (Cornman et al., 2010). این اطلاعات در توسعه راهبردهای کنترل ژنومی که ممکن است مختص کنه‌های *Varroa* باشد، اهمیت دارد، مانند RNA مداخله‌گر یا RNAi توسط باکتری‌های مهندسی شده دستگاه گوارش زنبور عسل (Leonard et al., 2020). علاوه بر این، کنه *Varroa* با ویروس‌های متعددی در کلنی زنبور عسل ارتباط دارد. بسیاری از این ویروس‌ها پاتوژن‌هایی هستند که به سلامت زنبورها مربوط می‌شوند (Wilfert et al., 2016). مطالعات ژنومی اطلاعات مهمی را در مورد جامعه

ویروس مرتبط با زنبورهای عسل ارائه کرده‌اند (Brutscher et al., 2016) و توالی ژنوم کامل (Fung et al., 2018) بسیاری از ویروس‌های رایج زنبور عسل (مانند ویروس تغییر دهنده شکل بال، ویروس فلجی حاد و مزمن زنبور عسل، ویروس لارو کیسه‌ای و ویروس فلجی حاد اسرائیلی) آشکار ساخته‌اند، تکنیک‌های ژنومی توانسته‌اند بررسی‌های متاژنومیک از ویروس‌های زنبور عسل ارائه دهند (Cox-Foster et al., 2007). دسترسی به توالی ژنومی کامل زنبور عسل، این مطالعات را تسهیل ساخته و امکان حذف اطلاعات ژنوم میزبان با استفاده از مجموعه داده‌های متاژنومی را فراهم می‌کند، به طوری که توالی‌های غیر زنبور عسل را می‌توان به راحتی شناسایی و بیش از پیش مورد مطالعه قرار داد. این رویکرد منجر به کشف ویروس‌های جدید شده که قبلاً در زنبورهای عسل شناخته نشده بودند (Galbraith et al., 2018). مطالعه ویروس‌های زنبور عسل درک عمیق‌تری از مجموعه کنه *Varroa* و نحوه تقابل این پاتوژن‌ها برای برهم زدن ایمنی میزبان (Brutscher et al., 2015) و رفتار دفاعی (Geffre et al., 2020) ارائه کرده است، چون بسیاری از ویروس‌ها احتمالاً توسط کنه *Varroa* منتقل می‌شوند.

یکی دیگر از زمینه‌های مورد توجه در زمینه ژنومیک زنبور عسل، میکروبیوم^۹ باکتریایی آن می‌باشد (Moran, 2015). ژنوم باکتری‌های بیماری‌زای زنبور عسل مانند *Pae-nibacillus larvae* که عامل بیماری لوک آمریکایی است (Chan et al., 2011) توالی‌یابی شده‌اند. فراتر از پاتوژن‌ها، میکروبیوم مرتبط با دستگاه گوارش زنبورهای عسل کارگر بالغ مورد توجه قرار گرفته و توالی متاژنومی دستگاه گوارش زنبور عسل به درک محققین از این مجموعه کمک زیادی کرده است. به نظر می‌رسد که مجموعه باکتریایی دستگاه گوارش زنبور عسل از گونه‌های نسبتاً کمی در مقایسه با سایر حشرات تشکیل شده است، اما علیرغم میزبانی از تعداد کمی از گونه‌ها، احتمال می‌رود که دارای تنوع عملکردی بالایی باشد (Engel et al., 2012). میکروبیوم دستگاه گوارش زنبور عسل عمدتاً از ۹ گونه باکتری تشکیل شده که تصور می‌شود هر کدام جایی مخصوص در داخل دستگاه گوارش زنبور عسل دارند. بعضی از این باکتری‌ها احتمالاً جدید و مخصوص زنبور عسل هستند، از جمله باکتریوم اسید استیک که در روده میانی *Bombella apis* پیدا شده (Yun et al., 2017) و به تجزیه دیواره‌های گرده کمک می‌کند (Bonilla-Rosso



زنبور عسل ایفا کند (Simone-Finstrom *et al.*, 2017). اگر چه سازوکار این عمل هنوز شناخته نشده است. در نتیجه، مطالعات ژنومی زنبورهای عسل شگفتی‌های جدیدی را در رابطه با پیچیدگی تعامل با میکروب‌ها در زندگی، سلامت و بیماری زنبور عسل ارائه کرده است. بنابراین در این حوزه، درک بشر از زیست‌شناسی زنبور عسل با ادغام تکنیک‌های ژنومی و البته با استفاده از آنها فراتر از ژنتیک زنبور عسل افزایش یافته است.

نتیجه‌گیری کلی

هیچ حوزه‌ای از بیولوژی زنبور عسل نبوده که در نتیجه انتشار ژنوم زنبور عسل تحت تاثیر قرار نگرفته باشد. تحقیقات در ارتباط با زنبور عسل همیشه حالتی روبه‌رشد بوده لیکن با این وجود کاملاً مشخص است که ژنوم زنبور عسل در بعضی از حوزه‌ها کارایی بیشتری داشته است. برای مثال، مبحث جدیدی همچون متاژنومیک که در این مقاله مورد بحث قرار گرفت تا سال ۲۰۰۶ اصلاً وجود خارجی نداشت. در نهایت، باید بر این تأکید شود که ژنومیک زنبور نمی‌تواند در خلأ و به تنهایی تاثیرگذار باشد. چرا که ژنومیک ابزاری برای رسیدن به هدف است و خودش یک هدف نیست. حوزه زنبورشناسی هنوز هم به جانورشناسان، فیزیولوژیست‌ها، متخصصان ژنتیک، بوم‌شناسان و زیست‌شناسان تکاملی با استعداد و نخبه نیاز دارد. در واقع، شدیداً اعتقاد بر این است که این یکپارچگی، همراه با علم ژنومیک به عنوان عضوی مهم از آن، کلیدی برای اکتشاف‌های جدید در آینده است.

(and Engel, 2018). گونه‌های اصلی ساکن روده کوچک شامل *Frischella per-* و *Snodgrassella alvi*، *Gil liamella apicola* *rara* می‌باشند و در رکتوم^{۱۰} یا روده بزرگ نیز *Lactobacillus* و *Bifidobacterium* هستند. کارکردهای اصلی این گروه‌های باکتریایی شامل متابولیسم کربوهیدرات، تجزیه ساکارید، تخمیر و تسهیل تغذیه زنبور عسل می‌باشد (Kwong and Moran, 2016). اگر چه دسته بندی باکتری‌های زنبور عسل هنوز هم نیاز به مطالعات بیشتری دارد، ولی مباحثی در مورد میزبانی گونه‌های بیشتری از باکتری‌ها در بدن زنبورهای عسل مطرح شده است (Mattila *et al.*, 2012). اختلال‌ها در میکروبیوم دستگاه گوارش زنبور عسل با حالات بیماری و همچنین حملات باکتری‌های پاتوژنی ارتباط دارند (Kwong and Moran, 2016). توالی‌یابی هدفمند ژنوم‌های باکتری (Smith *et al.* 2019) و مطالعات فراژنومی^{۱۱}، اطلاعات مفیدی را در مورد جامعه باکتریایی و نقش آن در سلامت و بهداشت ارائه می‌کند (Raymann and Moran, 2018).

جدا از دستگاه گوارش زنبور کارگر، کندوی زنبور عسل جایگاه بسیاری از جوامع میکروبی اضافی در شان موم، بره موم و ذخایر غذایی، به ویژه ذخایر گرده (نان زنبور عسل) است. نان زنبور عسل در نتیجه فعالیت مجموعه‌ای گسترده از میکروب‌ها است. مطالعات نشان داده‌اند که وجود مخمرها و باکتری‌های اسید لاکتیک مانند باسیلوس به تجزیه گرده ذخیره‌شده و هضم آن کمک می‌کند (Gilliam, 1979). هر چند، مطالعات ژنومی و متاژنومی نان زنبور عسل طیف متنوعی از میکروب‌ها را نشان داده‌اند که نه تنها شامل باکتری‌های هسته اسید لاکتیک (-Vasquez and Olofs- son, 2009)، بلکه شامل باکتری‌های غیر هسته‌ای مانند فروکتوباسیلوس^{۱۲} و سایر لاکتوباسیلوس^{۱۳}‌ها می‌شود. این مسئله ممکن است باعث رشد سایر گونه‌های باکتریایی خاص زنبور عسل شود (Rokop *et al.*, 2015). به نظر می‌رسد که این فرآیندها برخلاف تصویری که قبلاً وجود داشت (تجزیه گرده) به حفظ و ذخیره گرده کمک می‌کنند (Anderson *et al.*, 2014). بره موم (رزین‌های گیاهی جمع‌آوری شده توسط زنبور عسل) ممکن است نقشی مهم در حفظ میکروبیوم‌های سالم درون کندو و همچنین در معده

10- Rectum

11- Meta genome

12- *Fructobacillus* sp

13- *Lactobacillus* sp





منبع ها:

- Anderson, K. E., Carroll, M. J., Sheehan, T. I. M., Mott, B. M., Maes, P., & Corby-Harris, V. (2014). Hive-stored pollen of honey bees: many lines of evidence are consistent with pollen preservation, not nutrient conversion. *Molecular ecology*, 23(23), 5904-5917.
- Bell, A. M., & Robinson, G. E. (2011). Behavior and the dynamic genome. *Science*, 332(6034), 1161-1162.
- Bonilla-Rosso, G., & Engel, P. (2018). Functional roles and metabolic niches in the honey bee gut microbiota. *Current opinion in microbiology*, 43, 69-76.
- Brutscher, L. M., Daughenbaugh, K. F., & Flenniken, M. L. (2015). Antiviral defense mechanisms in honey bees. *Current opinion in insect science*, 10, 71-82.
- Brutscher, L. M., McMenamin, A. J., & Flenniken, M. L. (2016). The buzz about honey bee viruses. *PLoS Pathogens*, 12(8), e1005757.
- Chan, Q. W., Cornman, R. S., Birol, I., Liao, N. Y., Chan, S. K., Docking, T. R., ... & Foster, L. J. (2011). Updated genome assembly and annotation of *Paenibacillus larvae*, the agent of American foulbrood disease of honey bees. *BMC genomics*, 12, 1-16.
- Chen, C., Liu, Z., Pan, Q., Chen, X., Wang, H., Guo, H., ... & Shi, W. (2016). Genomic analyses reveal demographic history and temperate adaptation of the newly discovered honey bee subspecies *Apis mellifera sinixinyuan* n. ssp. *Molecular biology and evolution*, 33(5), 1337-1348.
- Cornman, R. S., Schatz, M. C., Johnston, J. S., Chen, Y. P., Pettis, J., Hunt, G., ... & Evans, J. D. (2010). Genomic survey of the ectoparasitic mite *Varroa destructor*, a major pest of the honey bee *Apis mellifera*. *BMC genomics*, 11, 1-15.
- Cox-Foster, D. L., Conlan, S., Holmes, E. C., Palacios, G., Evans, J. D., Moran, N. A., ... & Lipkin, W. I. (2007). A metagenomic survey of microbes in honey bee colony collapse disorder. *Science*, 318(5848), 283-287.
- Cridland, J. M., Tsutsui, N. D., & Ramirez, S. R. (2017). The complex demographic history and evolutionary origin of the western honey bee, *Apis mellifera*. *Genome Biology and Evolution*, 9(2), 457-472.
- De La Rúa, P., Galián, J., Serrano, J., & Moritz, R. F. A. (2001). Genetic structure and distinctness of *Apis mellifera* L. populations from the Canary Islands. *Molecular Ecology*, 10(7), 1733-1742.
- Dogantzis, K. A., & Zayed, A. (2019). Recent advances in population and quantitative genomics of honey bees. *Current opinion in insect science*, 31, 93-98.
- Engel, P., Martinson, V. G., & Moran, N. A. (2012). Functional diversity within the simple gut microbiota of the honey bee. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 109(27), 11002-11007.
- Estoup, A., Garnery, L., Solignac, M., & Cornuet, J. M. (1995). Microsatellite variation in honey bee (*Apis mellifera* L.) populations: hierarchical genetic structure and test of the infinite allele and stepwise mutation models. *Genetics*, 140(2), 679-695.
- Franck, P., Garnery, L., Loiseau, A., Oldroyd, B. P., Hepburn, H. R., Solignac, M., & Cornuet, J. M. (2001). Genetic diversity of the honeybee in Africa: microsatellite and mitochondrial data. *Heredity*, 86(4), 420-430.
- Galbraith, D. A., Fuller, Z. L., Ray, A. M., Brockmann, A., Frazier, M., Gikungu, M. W., ... & Grozinger, C. M. (2018). Investigating the viral ecology of global bee communities with high-throughput metagenomics. *Scientific reports*, 8(1), 8879.
- Geffre, A. C., Gernat, T., Harwood, G. P., Jones, B. M., Morselli Gysi, D., Hamilton, A. R., ... & Dolezal, A. G. (2020). Honey bee virus causes context-dependent changes in host social behavior. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 117(19), 10406-10413.
- Gilliam, M. (1979). Microbiology of pollen and bee bread: the genus *Bacillus*. *Apidologie*, 10(3), 269-274.
- Han, F., Wallberg, A., & Webster, M. T. (2012). From where did the Western honeybee (*Apis mellifera*) originate?





Ecology and evolution, 2(8), 1949-1957.

Harpur, B. A., & Zayed, A. (2013). Accelerated evolution of innate immunity proteins in social insects: adaptive evolution or relaxed constraint? *Molecular biology and evolution*, 30(7), 1665-1674.

Kwong, W. K., & Moran, N. A. (2016). Gut microbial communities of social bees. *Nature reviews microbiology*, 14(6), 374-384.

Leonard, S. P., Powell, J. E., Perutka, J., Geng, P., Heckmann, L. C., Horak, R. D., ... & Moran, N. A. (2020). Engineered symbionts activate honey bee immunity and limit pathogens. *Science*, 367(6477), 573-576.

Mattila, H. R., Rios, D., Walker-Sperling, V. E., Roeselers, G., & Newton, I. L. (2012). Characterization of the active microbiotas associated with honey bees reveals healthier and broader communities when colonies are genetically diverse. *PLoS One*, 7(3), e32962.

Moran, N. A. (2015). Genomics of the honey bee microbiome. *Current opinion in insect science*, 10, 22-28.

Rahimi, A., Kahrizi, D., Mirmoayedi, A., Zarei, L., Jamali, S. (2023). Genetic Characterizations of the Iranian Honey Bee (*Apis mellifera* meda Skorikov 1929) Populations Using the Microsatellite DNA Markers. *Biochem Genet.* Dec;61(6):2293-2317. doi: 10.1007/s10528-023-10368-y. Epub 2023 Apr 5. PMID: 37017852.

Raymann, K., & Moran, N. A. (2018). The role of the gut microbiome in health and disease of adult honey bee workers. *Current opinion in insect science*, 26, 97-104.

Robinson, G. E. (2002). Sociogenomics takes flight. *Science*, 297(5579), 204-205.

Rokop, Z. P., Horton, M. A., & Newton, I. L. G. (2015). Interactions between cooccurring lactic acid bacteria in honey bee hives. *Applied and Environmental Microbiology*, 81(20), 7261-7270.

Ruttner, F. (2013). *Biogeography and taxonomy of honeybees*. Springer Science & Business Media.

Schwarz, R. S., Huang, Q., & Evans, J. D. (2015). Hologenome theory and the honey bee pathosphere. *Current opinion in insect science*, 10, 1-7.

Sheppard, W. S., & Meixner, M. D. (2003). *Apis mellifera pomonella*, a new honey bee subspecies from Central Asia. *Apidologie*, 34(4), 367-375.

Simone-Finstrom, M., Borba, R. S., Wilson, M., & Spivak, M. (2017). Propolis counteracts some threats to honey bee health. *Insects*, 8(2), 46.

Vásquez, A., & Olofsson, T. C. (2009). The lactic acid bacteria involved in the production of bee pollen and bee bread. *Journal of apicultural research*, 48(3), 189-195.

Wallberg, A., Schoening, C., Webster, M. T., & Hasselmann, M. (2017). Two extended haplotype blocks are associated with adaptation to high altitude habitats in East African honey bees. *PLoS Genetics*, 13(5), e1006792.

Whitfield, C. W., Behura, S. K., Berlocher, S. H., Clark, A. G., Johnston, J. S., Sheppard, W. S., ... & Tsutsui, N. D. (2006). Thrice out of Africa: ancient and recent expansions of the honey bee, *Apis mellifera*. *Science*, 314(5799), 642-645.

Wilfert, L., Long, G., Leggett, H. C., Schmid-Hempel, P., Butlin, R., Martin, S. J. M., & Boots, M. (2016). Deformed wing virus is a recent global epidemic in honeybees driven by *Varroa mites*. *Science*, 351(6273), 594-597.

Wilson, A. C., & Duncan, R. P. (2015). Signatures of host/symbiont genome coevolution in insect nutritional endosymbioses. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 112(33), 10255-10261.

Yun, J. H., Lee, J. Y., Hyun, D. W., Jung, M. J., & Bae, J. W. (2017). *Bombella apis* sp. nov., an acetic acid bacterium isolated from the midgut of a honey bee. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 67(7), 2184-2188.





Unraveling biological secrets: the genomic role of honeybee in understanding of its social life

Leila Gharehdaghi^{1*}, Sabnam Parichehreh Dizaji², Ghorban Elyasi Zarringhabaie³

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 Honey bee research Department, Animal Science Research of Iran, Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran.

3- Scientific Member of Animal Science Research Department, East Azarbaijan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Tabriz, Iran.

DOI: 10.22034/HBSJ.2024.365597.1161

Abstract

One of the most significant advancements in the history of honeybee research was the unveiling of the DNA sequence (genome) of the Western honeybee (*Apis mellifera*) in 2006, which apparently has unlimited applications in unraveling biological secrets, social life, as well as improving health, reproduction, and management of this insect. Honeybee genomics has seen significant growth in the past 14 years. This article examines the role of genomics in enhancing and understanding fundamental aspects of the biological structure of honeybees, including evolutionary origins and health/disease. While genomics has led to growth in various research areas related to honeybee life, it is just a part of a systemic and multi-faceted approach. Furthermore, it is believed that research on honeybees will benefit the most from integrating genomics fully with classical approaches in evolution, behavior, physiology, and microbiology. This information would help us to find the best solutions to preserve this vital species and to have a better understanding of its social life.

Key words: Genomics, Honey Bee, Biological Secrets

Corresponding Author: Leila Gharehdaghi

Email: l.gharehdaghi@areeo.ac.ir

