

23. Reid H.W. Experimental infection of red grouse with louping-ill virus (flavivirus group). I. The viraemia and antibody response // J. Comp. Pathol. 1975; 85(2): 223-229. DOI: 10.1016/0021-9975(75)90063-8

24. Rivers T.M., Schwentker F.F. Louping ill in man // J. Exp. Med. 1934; 59(5): 669-685. DOI: 10.1084/jem.59.5.669

Сведения об ответственном авторе:

Лубова Валерия Александровна - н.с. лаборатории природно-очаговых вирусных инфекций НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Г.П. Сомова Роспотребнадзора, Владивосток, Россия; e-mail: valeri_priority@mail.ru.

УДК: 57.08:578.8:595.79Hymenoptera
DOI: 10.62963/2073-2899-2025-50-117-120

РОЛЬ ПЕРЕПОНЧАТОКРЫЛЫХ (HYMENOPTERA) В РЕЗЕРВИРОВАНИИ И РАСПРОСТРАНЕНИИ ВИРУСОВ МЕДОНОСНОЙ ПЧЕЛЫ (*APIS MELLIFERA*)

¹Е.К. Мерлов, ^{1,2}П.А. Перепёлкина, ³Е.М. Щелканов, ¹А.И. Белов,
^{1,4}Е.П. Фоменко, ¹Т.С. Запорожец, ¹Д.В. Панкратов, ^{1,4}М.Ю. Щелканов

¹ НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Г.П. Сомова Роспотребнадзора, Владивосток, Российская Федерация

² Федеральный научный Центр биоразнообразия наземной биоты Восточной Азии ДВО РАН, Владивосток, Российская Федерация

³ Факультет естественных наук Государственного университета просвещения, Москва, Российская Федерация

⁴ Школа медицины и наук о жизни Дальневосточного федерального университета, Владивосток, Российская Федерация

Современные вирусологические и молекулярно-генетические данные свидетельствуют о том, что вирусы медоносной пчелы (*Apis mellifera*) могут поражать широкий спектр перепончатокрылых (Hymenoptera). В экспериментальных условиях показано, что такие вирусы могут эффективно амплифицироваться в настоящих осах, включая шмелей (Vespidae), и муравьях (Formicidae). Нельзя исключать, что вирусы, рассматриваемые сегодня как пчелиные, циркулируют среди Hymenoptera в целом – это требует пересмотра существующих представлений об экологии этих вирусов.

Ключевые слова: вирусы, перепончатокрылые, настоящие осы, шмели, муравьи, природный резервуар.

THE ROLE OF HYMENOPTERA IN THE RESERVATION AND SPREAD OF HONEY-BEE (*APIS MELLIFERA*) VIRUSES

¹E.K. Merlov, ^{1,2}P.A. Perepelkina, ³E.M. Shchelkanov, ¹A.I. Belov, ^{1,4}E.P. Fomenko,
¹T.S. Zaporozhets, ¹D.V. Pankratov, ^{1,4}M.Yu. Shchelkanov

¹ G.P. Somov Institute of Epidemiology and Microbiology of Rospotrebnadzor, Vladivostok, Russian Federation

² Federal Scientific Center of the East Asia Terrestrial Biodiversity, Far Eastern Branch of Russian Academy of Sciences, Vladivostok, Russian Federation

³ Faculty of Natural Sciences of the State University of Education, Moscow, Russian Federation

⁴ School of Medicine and Life Sciences, Far Eastern Federal University, Vladivostok, Russian Federation

*Modern virological and molecular genetic data indicate that honeybee (*Apis mellifera*) viruses can infect a wide range of Hymenoptera. It has been shown experimentally that such viruses can effectively amplify in vespids including bumblebees (*Vespidae*) and ants (*Formicidae*). It cannot be ruled out that viruses considered today as bee viruses are circulating among the Hymenoptera as a whole – this requires a revision of existing ideas about the ecology of these viruses.*

Keywords: *viruses, hymenoptereans, vespids, bumblebees, ants, natural reservoir*

Медоносная пчела (*Apis mellifera*) имеет колоссальное значение для человечества не только как поставщик мёда и других продуктов пчеловодства, но ещё и как опылитель значительной части сельскохозяйственных культур [6, 8]. От уровня здоровья пчелиных семей и более обширных популяций *A. mellifera* не только зависит экономика отдельных производителей сельскохозяйственных продукции и продовольственная безопасность целых регионов, но и – без всякого пафоса – устойчивое развитие всего человечества [16, 24].

Одним из наиболее актуальных факторов снижения численности *A. mellifera* являются вирусы [2, 3, 7, 15], составляющие, с точки зрения современных представлений, домен *Virae*, поражают все таксоны живой природы и являются самыми многочисленными её представителями на нашей планете [9, 17]. Медоносные пчёлы, являющиеся колониальными животными и формирующим крупные семьи, представляют удобную среду для циркуляции вирусов [9]. При этом, несмотря на то, что современные технологии молекулярно-генетической диагностики позволяют проводить эффективные мероприятия по оздоровлению популяций *A. mellifera* [4, 5, 9], поражающие их вирусы способны длительное время сохраняться в естественных резервуарах – в полном соответствии с концепцией природной очаговости инфекционных заболеваний [10-12] – возвращаясь и вызывая эпизоотии медоносной пчелы.

Природные резервуары вирусов медоносной пчелы, в настоящее время, изучены совершенно недостаточно. В Приморском крае такие исследования проводятся как расширительный факультативный элемент в рамках регулярного эколого-вирусологического мониторинга природно-очаговых инфекций, осуществляемого НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Г.П. Сомова Роспотребнадзора [1].

Присутствие вирусов *A. mellifera* у различных видов настоящих ос (Hymenoptera: *Vespidae*), взаимодействующих с медоносными пчелами, может представлять собой растущий риск передачи патогенных микроорганизмов, ослабляя защитные стратегии местных видов. Сбор этой информации необходим для продвижения исследований по распространению пчелиных вирусов, связанных с инвазивными видами, а также для разработки стратегий борьбы с пчелиными вирусами. Вместе с тем, до сих пор остаётся не до конца прояснённым вопрос популяционных взаимодействий, – в частности о паразитировании клещей *Varroa* spp. (*Mesostigmata*: *Varroidae*) на виспидах; крайне скудна информация о клинических проявлениях вирусных инфекций у ос, на что указывают многие авторы [18, 25, 30].

В научной литературе активно обсуждается ситуация с азиатским шершнем (*Vespa velutina*), который в начале нынешнего века проник в Европу из Юго-Восточной Азии и наносит заметный ущерб европейскому пчеловодству, в том числе – включившись в систему циркуляции вирусов *A. mellifera*. Давление со стороны *V. velutina* приводит к ослаблению ульев, которые дополнительно становятся восприимчивыми к патогенам [14, 19, 25]. Кроме того, это инвазивное насекомое обладает чрезвычайно высокой экологической пластичностью благодаря широкому спектру пригодных для его употребления пищевых ресурсов: цветочный нектар, фрукты большое количество видов насекомых – перепончатокрылых (Hymenoptera), полужесткокрылых (Hemiptera), жесткокрылых (Coleoptera), прямокрылых (Orthoptera), чешуекрылых (Lepidoptera) – паукообразных (Arachnida), мясо из туш погибших животных, фекалии, гниющие растения [22, 28]. Однако такой широкий и разнообразный рацион питания увеличивает вероятность межвидовых переходов вирусов.

Известно, что в экспериментальных условиях шмели (*Bombus* spp.) легко заражаются пчелиными патогенами: вирус острого паралича пчёл (ABPV – Acute bee paralysis virus) (Picornaviridae: Dicistroviridae, *Aparavirus*), израильским вирусом острого паралича (IAPV – Israeli acute paralysis virus) (Picornaviridae: Dicistroviridae, *Aparavirus*), кашмирский вирус пчёл (KBV – Kashmir bee virus) (Picornaviridae: Dicistroviridae, *Aparavirus*). Важно отметить, что ни один из указанных вирусов не увеличивал смертность рабочих особей при активной амплификации вируса в организме инфицированных насекомых [21], что свидетельствует о латентной инфекции, способствующей эффективному резервированию патогена. Эти результаты были подтверждены многократно [20, 23, 29].

Показано, что муравьи (Hymenoptera: *Formicidae*) могут не только заражаться вирусами пчёл, но и эффективно сохранять и накапливать их в своих популяциях [26, 27]. Муравьи – это широко распространённые в природе общественные насекомые, имеющие решающее значение для функционирования экосистемы, поскольку они обеспечивают ряд важнейших элементов экосистемной инженерии: почвообразование, разложение органических веществ, опыление растений и контроль популяций вредных насекомых. При этом, установлено, что геном, например, вируса хронического паралича пчёл (CBPV – Chronic bee paralysis virus) (неклассифицированный) полностью совпадает с пчелиными

вариантами, что указывает на отсутствие необходимости дополнительной адаптации [13]. Возможно, вирусы, которые сегодня рассматриваются как пчелиные, циркулируют среди всех перепончатокрылых (Hymenoptera), что требует более широкого взгляда на возможности их резервирования в дикой природе.

Литература

1. Запорожец Т.С., Беседнова Н.Н., Калинин А.В. и др. 80 лет на страже биологической безопасности у восточных рубежей России // Здоровье населения и среда обитания. 2021; (5): 5-15. DOI: 10.35627/2219-5238/2021-338-5-5-15
2. Мерлов Е.К., Гапека А.В., Иунихина О.В., Щелканов М.Ю. Современная таксономическая номенклатура вирусов медоносных пчёл // Дальневосточный журнал инфекционной патологии. 2023; 45(45): 129-132.
3. Мерлов Е.К., Мандро Н.М., Щелканов М.Ю. Вирус озера Синай (Nodamuvirales: Nodaviridae, Sinaivirus) как потенциальная причина гибели медоносных пчёл на юге российского Дальнего Востока // В сб.: Роль аграрной науки в развитии лесного и сельского хозяйства Дальнего Востока. Материалы VI Международной научно-практической конференции. Уссурийск: ПримГАТУ, 2023; 204-209.
4. Мерлов Е.К. Особенности профилактики вирусных заболеваний медоносных пчел в условиях пасек Приморского края // В сб.: Актуальные исследования молодых ученых - результаты и перспективы. Материалы научно-практической конференции молодых учёных. Благовещенск: ДВГАУ, 2024; 69-76.
5. Мерлов Е.К., Белик А.А., Милованкин П.Г., Карнаухова Е.В., Фоменко Е.П., Щелканов М.Ю. Конструирование праймеров для полногеномного секвенирования вируса острого паралича пчёл (Aparavirus apisacutum) // В кн.: Молекулярная диагностика и биобезопасность-2024. Материалы Конгресса с международным участием. Москва: ЦНИИЭ, 2024; 141.
6. Опыление пчёлами энтомофильных сельскохозяйственных культур. М.: Колос, 1972; 168 с.
7. Пулинец Е.К., Щелканов М.Ю., Мерлов Е.К. Мешотчатый расплод у медоносной пчелы: клинические признаки, профилактика и лечение // В сб.: Роль аграрной науки в развитии лесного и сельского хозяйства Дальнего Востока. Материалы VI Международной научно-практической конференции. Уссурийск: ПримГАТУ, 2023; 234-237.
8. Радченко В.Г., Песенко Ю.А. Биология пчёл (Hymenoptera, Apoidea). СПб.: Зоологический институт РАН, 1994; 350 с.
9. Руководство по вирусологии. Вирусы и вирусные инфекции человека и животных / Ред.: академик Д.К. Львов. М.: МИА, 2013; 1200 с.
10. Щелканов М.Ю., Львов Д.К. Экология: история становления основных концепций // В сб.: Новые и возвращающиеся инфекции в системе биобезопасности Российской Федерации. М.: Изд-во Первого МГМУ им. И.М. Сеченова, 2014; 6-20.
11. Щелканов М.Ю., Аристова В.А., Чумаков В.М., Львов Д.К. Историография термина «природный очаг» // В сб.: Новые и возвращающиеся инфекции в системе биобезопасности Российской Федерации. М.: Изд-во Первого МГМУ им. И.М. Сеченова, 2014; 21-32.
12. Щелканов М.Ю., Леонова Г.Н., Галкина И.В., Андрюков Б.Г. У истоков концепции природной очаговости // Здоровье населения и среда обитания. 2021; (5): 16-25. DOI: 10.35627/2219-5238/2021-338-5-16-25
13. Celle O., Blanchard P., Olivier V., Schurr F., Cougoule N., Faucon J.P., Ribiere M. Detection of chronic bee paralysis virus (CBPV) genome and its replicative RNA form in various hosts and possible ways of spread. *Virus Res.* 2008 May;133(2):280-4. doi: 10.1016/j.virusres.2007.12.011
14. Dalmon A., Gayral P., Decante D., Klopp C., Bigot D., Thomasson M., Herniou E.A., Alaux C., Le Conte Y. Viruses in the invasive hornet *Vespa velutina* // *Viruses*. 2019; 11(11): 1041. DOI: 10.3390/v11111041
15. Guo Y., Goodman C.L., Stanley D.W., Bonning B.C. Cell lines for honey bee virus research // *Viruses*. 2020; 12(2): 236. DOI: 10.3390/v12020236
16. Hartel S., Steffan-Dewenter I. Ecology: honey bee foraging in human-modified landscapes // *Curr. Biol.* 2014; 24(11): R524-R526. DOI: 10.1016/j.cub.2014.04.052
17. Khotimchenko Yu.S., Shchelkanov M.Yu. Viruses of the Ocean: On the shores of the aqua incognita. Horizons of taxonomic diversity // *Rus. J. Marine Biol.* 2024; 50: 1-24. DOI: 10.1134/S106307402401005X
18. Marzoli F., Forzan M., Bortolotti L., Pacini M.I., Rodriguez-Flores M.S., Felicioli A., Mazzei M. Next generation sequencing study on RNA viruses of *Vespa velutina* and *Apis mellifera* sharing the same foraging area // *Transbound. Emerg. Dis.* 2021; 68(4): 2261-2273. DOI: 10.1111/tbed.13878
19. Mazzei M., Cilia G., Forzan M., Lavazza A., Mutinelli F., Felicioli A. Detection of replicative Kashmir bee virus and Black queen cell virus in Asian hornet *Vespa velutina* (Lepelletier, 1836) in Italy // *Sci. Rep.* 2019; 9(1): 10091. DOI: 10.1038/s41598-019-46565-2
20. McKeown D.A., Evans E., Helgen J., Warner J., Zimmern R., Masterman R., Berrington A., Nemecek M., Costello C., Bernstein E., Hesketh-Best P.J., Mendel B., Spivak M., Schroeder D.C. Distinct

virome compositions and lack of viral diversification indicate that viral spillover is a dead-end between the western honey bee and the common eastern bumblebee // *Commun. Biol.* 2025; 8(1): 926. DOI: 10.1038/s42003-025-08351-x

21. Meeus I., de Miranda J.R., de Graaf D.C., Wackers F., Smagghe G. Effect of oral infection with Kashmir bee virus and Israeli acute paralysis virus on bumblebee (*Bombus terrestris*) reproductive success // *J. Invertebr. Pathol.* 2014; 121: 64-9. DOI: 10.1016/j.jip.2014.06.011

22. Monceau K., Bonnard O., Moreau J., Thiery D. Spatial distribution of *Vespa velutina* individuals hunting at domestic honeybee hives: heterogeneity at a local scale // *Insect Sci.* 2014; 21(6): 765-774. DOI: 10.1111/1744-7917.12090

23. Niu J., Meeus I., Smagghe G. Differential expression pattern of Vago in bumblebee (*Bombus terrestris*), induced by virulent and avirulent virus infections // *Sci. Rep.* 2016; 6: 34200. DOI: 10.1038/srep34200

24. Ratnieks F.L., Carreck N.L. Ecology. Clarity on honey bee collapse? // *Science.* 2010; 327(5962): 152-153. DOI: 10.1126/science.1185563

25. Rodriguez-Flores M.S., Mazzei M., Felicioli A., Dieguez-Anton A., Seijo M.C. Emerging risk of cross-species transmission of honey bee viruses in the presence of invasive vespids species // *Insects.* 2022; 14(1): 6. DOI: 10.3390/insects14010006

26. Schlappi D., Chejanovsky N., Yatez O., Neumann P. Foodborne transmission and clinical symptoms of honey bee viruses in ants *Lasius* spp. // *Viruses.* 2020; 12(3): 321. DOI: 10.3390/v12030321

27. Schlappi D., Kettler N., Glauser G., Straub L., Yanez O., Neumann P. Varying impact of neonicotinoid insecticide and acute bee paralysis virus across castes and colonies of black garden ants, *Lasius niger* (Hymenoptera: Formicidae) // *Sci. Rep.* 2021; 11(1): 20500. DOI: 10.1038/s41598-021-98406-w

28. Tan K., Hu Z., Chen W., Wang Z., Wang Y., Nieh J.C. Fearful foragers: honey bees tune colony and individual foraging to multi-predator presence and food quality // *PLoS One.* 2013; 8(9): e75841. DOI: 10.1371/journal.pone.0075841

29. Wang H., Meeus I., Smagghe G. Israeli acute paralysis virus associated paralysis symptoms, viral tissue distribution and Dicer-2 induction in bumblebee workers (*Bombus terrestris*) // *J. Gen. Virol.* 2016; 97(8): 1981-1989. DOI: 10.1099/jgv.0.000516

30 Yang S., Gayral P., Zhao H., Wu Y., Jiang X., Wu Y., Bigot D., Wang X., Yang D., Herniou E.A., Deng S., Li F., Diao Q., Darrouzet E., Hou C. Occurrence and molecular phylogeny of honey bee viruses in vespids // *Viruses.* 2019; 12(1): 6. DOI: 10.3390/v12010006

Сведения об авторах

Мерлов Евгений Константинович - заведующий сектором экспериментальной биомедицины НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Г.П. Сомова Роспотребнадзора, Владивосток, Россия; e-mail: zhenya.merlov.2000@mail.ru

УДК: 575.22: 578.833.2Flavivirus
DOI: 10.62963/2073-2899-2025-50-120-124

К РЕВИЗИИ ГЕНОТИПИЧЕСКОЙ СТРУКТУРЫ ВИРУСА КЛЕЩЕВОГО ЭНЦЕФАЛИТА (*ORTHOFLAVIVIRUS ENCEPHALITIDIS*)

¹П.Г. Милованкин, ¹В.А. Лубова, ¹А.Л. Шутикова, ^{1,2}О.В. Иунихина,
¹Д.В. Панкратов, ^{1,2}М.Ю. Щелканов

¹НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Г.П. Сомова Роспотребнадзора, Владивосток, Российская Федерация

²Школа медицины и наук о жизни Дальневосточного федерального университета, Владивосток, Российская Федерация

Целью настоящего исследования было изучение топологической структуры дендрограммы иерархических отношений для полногеномных нуклеотидных последовательностей штаммов вируса клещевого энцефалита, представленных в международной базе молекулярно-генетических данных в GenBank. Все штаммы этого вируса подразделяются на шесть геноти-