

Д. И. Гумеров

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ЛАБИЛЬНОСТЬ *VARROA DESTRUCTOR*
КАК ФАКТОР ЭПИЗОТИЧЕСКОГО ПРОЦЕССА
В ПОПУЛЯЦИЯХ *APIS MELLIFERA CARPATICА*

Казанский (Приволжский) федеральный университет, Казань, Россия

Поступила в редакцию 15.02.2026 г.

Принята к публикации 30.03.2026 г.

doi: 10.5922/vestniknat-2026-2-9

129

Для цитирования: Гумеров Д. И. Генетическая лабильность *Varroa Destructor* как фактор эпизоотического процесса в популяциях *Apis Mellifera Carpatica* // Вестник Балтийского федерального университета им. И. Канта. Сер.: Естественные науки. 2026. № 2. С. 127–138 doi: 10.5922/vestniknat-2026-2-9.

Глобальное сокращение популяций медоносных пчел (*Apis mellifera* Linnaeus, 1758) представляет серьезную угрозу для опыления сельскохозяйственных культур и продовольственной безопасности в целом. Среди множества факторов, вызывающих ослабление и гибель пчелиных семей, ключевое место занимает варроатоз – инвазионное заболевание, вызываемое эктопаразитическим клещом *Varroa destructor*. Несмотря на десятилетия исследований и применения различных методов борьбы, эффективность контроля над этим паразитом остается неполной. Проведен комплексный анализ генетической структуры популяций *V. destructor*, паразитирующих в семьях карпатской пчелы (*A. m. carpatica*) в условиях Республики Татарстан, в контексте концепции генетической лабильности паразита и его адаптационного потенциала. Проведено секвенирование фрагмента митохондриального гена *cox1* и филогенетический анализ методом ближайших соседей (*Neighbor-Joining*) с использованием 103 референтных последовательностей из базы *GenBank*. Установлено, что исследованные образцы принадлежат к корейскому (К) гаплотипу и кластеризуются с соответствующими изолятами. Выявленный однонуклеотидный полиморфизм (A/T-трансверсия) в двух образцах указывает на наличие внутрипопуляционной генетической дифференциации. Показано, что генетическая лабильность паразита, выражающаяся в существовании множественных геноваров в пределах одной колонии и их способности к быстрой смене доминирующих гаплогрупп под действием селективных факторов, является недооцененным фактором, снижающим эффективность акарицидных обработок и селекции устойчивых пород пчел. Обсуждаются поведенческие адаптации клеща, включая его способность модифицировать углеводородный профиль кутикулы хозяина и изменять трофические предпочтения в зависимости от плотности популяции. Полученные данные обосновывают необходимость регулярного молекулярно-генетического мониторинга структуры популяций *V. destructor* как обязательного элемента системы ветеринарно-санитарного надзора в пчеловодстве.

Ключевые слова: *Varroa destructor*, *Apis mellifera*, генетическая лабильность, геновар, филогения, митохондриальная ДНК, коадаптация



Введение

Современное пчеловодство переживает один из наиболее сложных периодов в своей истории. Накопленный за последние два десятилетия массив эмпирических данных неопровержимо свидетельствует о прогрессирующем сокращении популяций медоносных пчел в Северной Америке, Европе и Азии [1–3]. Учитывая, что на долю *A. mellifera* приходится около 80–90% опыления энтомофильных сельскохозяйственных культур, сложившаяся тенденция создает прямую угрозу глобальной продовольственной и пищевой безопасности [4–7]. Сокращение численности пчелиных семей имеет мультифакториальную природу, при этом различные факторы действуют синергетически, усиливая негативный эффект друг друга [7]. К числу основных причин исследователи относят интенсификацию мировой торговли пчелами и продуктами пчеловодства [4; 5; 7–9], что способствует интродукции неместных видов и патогенов в новые регионы; потерю и фрагментацию естественных кормовых угодий вследствие интенсификации сельского хозяйства и урбанизации [8; 10; 11]; загрязнение окружающей среды поллютантами [1; 12–14], пестицидами и агрохимикатами [15–18], оказывающими сублетальное воздействие на нервную систему и иммунитет насекомых; широкое распространение инфекционных и инвазионных болезней [19–22], среди которых варроатоз занимает лидирующее положение [23; 24].

Возбудителем варроатоза являются микроскопические клещи рода *Varroa* (Parasitiformes: Mesostigmata: Varroidae), специализированные эктопаразиты пчел рода *Apis*. Долгое время считалось, что глобальное распространение инвазии связано с видом *V. jacobsoni*, однако молекулярно-генетические исследования рубежа XX–XXI в. позволили пересмотреть таксономию и выделить вид *V. destructor*, который и оказался истинным виновником массовой гибели колоний *A. mellifera* [24]. *V. jacobsoni*, в отличие от *V. destructor*, сохраняет строгую специфичность к исходному хозяину – азиатской пчеле *A. cerana* и не способен эффективно размножаться на европейской пчеле. Жизненный цикл *V. destructor* тесно синхронизирован с развитием пчелиной семьи. Самка клеща проникает в ячейку с личинкой пчелы непосредственно перед ее запечатыванием. После запечатывания ячейки она откладывает яйца на развивающуюся куколку. Питание клещей осуществляется гемолимфой и клетками жирового тела – ключевого органа метаболизма и иммунитета насекомого. Вышедшие из яиц нимфы и имаго питаются на той же куколке, спариваются в ячейке, и после выхода молодой пчелы оплодотворенные самки покидают ячейку вместе с ней, начиная новый цикл на взрослых особях или проникая в новые ячейки с расплодом. Помимо прямого патогенного действия, связанного с изъятием питательных веществ и травмированием покровов, *V. destructor* выступает активным переносчиком вирусов, наиболее опасным из которых является вирус деформированного крыла (далее – DWV). Установлено, что именно клещ обеспечил глобальную пандемию DWV, превратив его из эндемичного, слабопатогенного агента в один из главных факторов гибели семей [25].



Первоначально считалось, что популяции *V. destructor* относительно однородны. Однако по мере накопления данных из разных географических регионов стало очевидно, что паразит обладает гораздо более сложной генетической структурой. В мировом масштабе выделяют два основных митохондриальных гаплотипа, патогенных для *A. mellifera*: японский (J-тип) и корейский (K-тип) [20; 23]. J-тип, вероятно, является исходным и первым совершил переход с *A. cerana* на *A. mellifera* в Японии после интродукции последней. Однако K-тип, возникший в Приморском крае России и в Корее, оказался более вирулентным и агрессивным. Он способен размножаться как на трутневом, так и на рабочем расплоде, что обеспечивает ему экспоненциальный рост численности и быстрое вытеснение J-типа на территориях, где они встречаются совместно, например, в Америке [24].

131

Россия обладает уникальным генофондом медоносных пчел, представленным аборигенными популяциями и породами: среднерусская (*A. m. mellifera*), серая горная кавказская (*A. m. caucasica*), карпатская (*A. m. carpatica*), башкирская и дальневосточные популяции, а также локальные типы, такие как татарский и бурзянская пчела. Считается, что дальневосточные популяции, длительное время контактировавшие с *A. cerana*, выработали определенные механизмы устойчивости, связанные с поведенческими реакциями. Однако в европейской части России, в том числе в Республике Татарстан, распространена карпатская порода, ценящаяся за продуктивность, миролюбие и низкую роильность. Ее устойчивость к варроатозу оценивается как невысокая, и регулярные вспышки заболевания фиксируются даже при систематических обработках [7]. Это позволяет предположить, что популяция паразита в регионе либо исходно обладает высокой вирулентностью, либо демонстрирует быструю адаптацию к применяемым акарицидам и к генетическим особенностям местных пчел. До настоящего времени систематических исследований генетической структуры *V. destructor* в Среднем Поволжье не проводилось.

Цель настоящей работы — анализ генетической структуры и оценка генетической лабильности популяций *V. destructor*, паразитирующих в семьях *A. m. carpatica* на пасеках Республики Татарстан. Для достижения цели были поставлены следующие задачи: (1) провести сбор образцов клещей и выделение ДНК из семей карпатской пчелы; (2) выполнить секвенирование варибельного фрагмента митохондриального гена *cox1*; (3) провести филогенетический анализ с привлечением референтных последовательностей из GenBank для определения гаплотипической принадлежности; (4) выявить наличие внутрипопуляционного полиморфизма и оценить его значение в контексте генетической лабильности вида; (5) обсудить поведенческие и экологические аспекты взаимодействия в системе паразит-хозяин, влияющие на микроэволюционные процессы.

Материалы и методы

Характеристика района исследований и объекты сбора. Исследования проведены в 2023–2025 гг. на базе стационарных пасек личных подсобных хозяйств, расположенных в пригородной зоне Казани (Республика Татарстан, Российская Федерация). Районы характеризу-



ются умеренно-континентальным климатом и развитым сельским хозяйством, включающим как крупные агрохолдинги, так и множество мелких пасек, что создает мозаичную структуру размещения пчелиных семей. Объектом исследования являлись имагинальные самки клеща *V. destructor*, отобранные с трутневого и рабочего расплода, а также со взрослых пчел в семьях *A. m. carpatica*. Все исследуемые семьи содержались в типовых многокорпусных ульях, и за весь период наблюдения владельцы пасек применяли стандартные схемы противопаразитарных обработок на основе амитраза и флувалината [7].

Отбор проб, выделение ДНК, ПЦР-амплификация и секвенирование. Сбор клещей проводили в весенне-летний период (май – август), соответствующий пику численности паразита [24]. Для обнаружения клещей на взрослых пчелах использовали метод обсыпки сахарной пудрой с последующим стряхиванием на белый лист. Изъятие клещей из запечатанного расплода осуществляли после распечатывания ячеек препаровальной иглой под контролем стереомикроскопа. Отобранных клещей фиксировали в 96 % этаноле и транспортировали в лабораторию. Кроме того, для оценки тотального разнообразия паразитов в улье использовали метод анализа экзогенной ДНК из ульевого мусора, как описано ранее [7]. Этот метод позволяет выявлять ДНК патогенов без отлова пчел, что снижает стресс для семьи и повышает репрезентативность выборки. Выделение тотальной ДНК из индивидуальных клещей и из образцов ульевого сора проводили с использованием коммерческого набора «Синтол» согласно протоколу производителя. Качество и концентрацию выделенной ДНК оценивали методом электрофореза в 1,5%-ном агарозном геле и на флуориметре Qubit 4.

Для амплификации фрагмента митохондриального гена *cox1* использовали универсальные праймеры, ранее показавшие высокую эффективность для идентификации *V. destructor*: LCO1490 (5'-GGTCAAC AAATCATAAAGATATTGG-3') и HCO2198 (5'-TAAACTTCAGGGTGA CCAAAAAATCA-3'). ПЦР проводили в 25 мкл реакционной смеси, содержащей 1× буфер, 2,5 мМ MgCl₂, 0,2 мМ каждого дНТФ, 0,5 мкМ каждого праймера, 1 ед. Taq-полимеразы и 50–100 нг геномной ДНК. Условия амплификации: начальная денатурация 95 °С – 3 мин; 35 циклов: 95 °С – 30 с, 52 °С – 30 с, 72 °С – 60 с; финальная элонгация 72 °С – 7 мин. Продукты ПЦР разделяли электрофорезом в 1,7%-ном агарозном геле, визуализировали бромистым этидием [26]. Положительные образцы очищали и секвенировали по методу Сэнгера с использованием тех же праймеров [27].

Филогенетический анализ. Полученные нуклеотидные последовательности выравнивали с использованием алгоритма ClustalW с последующей визуальной коррекцией. Для филогенетического анализа в базу данных GenBank были загружены 103 референтные последовательности гена *cox1* *V. destructor* из различных географических регионов (Европа, Азия, Северная и Южная Америка, Новая Зеландия), охватывающие известное разнообразие гаплотипов. В качестве внешней группы использовали последовательность *V. jacobsoni*. Использовали NJ-метод согласно алгоритму Сайтоу и Нея [27]. Выбор NJ-метода обусловлен его эффективностью для анализа внутривидовой изменчивости и хорошей воспроиз-



водимостью результатов при работе с митохондриальными маркерами. Эволюционные дистанции вычисляли по методу Таджимы-Нея, который учитывает разницу в частотах нуклеотидов и эффективен при анализе близкородственных последовательностей [27]. Оценку достоверности топологии проводили с использованием бутстрэп-анализа (1000 псевдорепликаций). Из анализа исключали позиции, содержащие пропуски [30]. Финальный выровненный фрагмент составил 719 пар оснований.

Результаты и обсуждение

Таксономическая идентификация и филогенетическое положение изолятов. В результате проведенного филогенетического анализа все исследованные образцы *V. destructor* из Республики Татарстан с высокой достоверностью (бутстрэп-поддержка 99 %) вошли в состав крупного кластера, соответствующего корейскому (K) гаплотипу (рис.). Ни один из образцов не проявил сродства к японской (J) гаплогруппе. Это согласуется с общемировой тенденцией доминирования K-типа в популяциях *A. mellifera* за пределами первичного ареала J-типа. Внутри кластера K-типа исследуемые образцы образовали компактную евразийскую субкладу. Такое широкое географическое распространение практически идентичных последовательностей указывает на недавнее и быстрое расселение ограниченного числа митохондриальных линий *V. destructor* по миру, вероятно, связанное с антропогенным переносом (торговля пчелопакетами и матками).

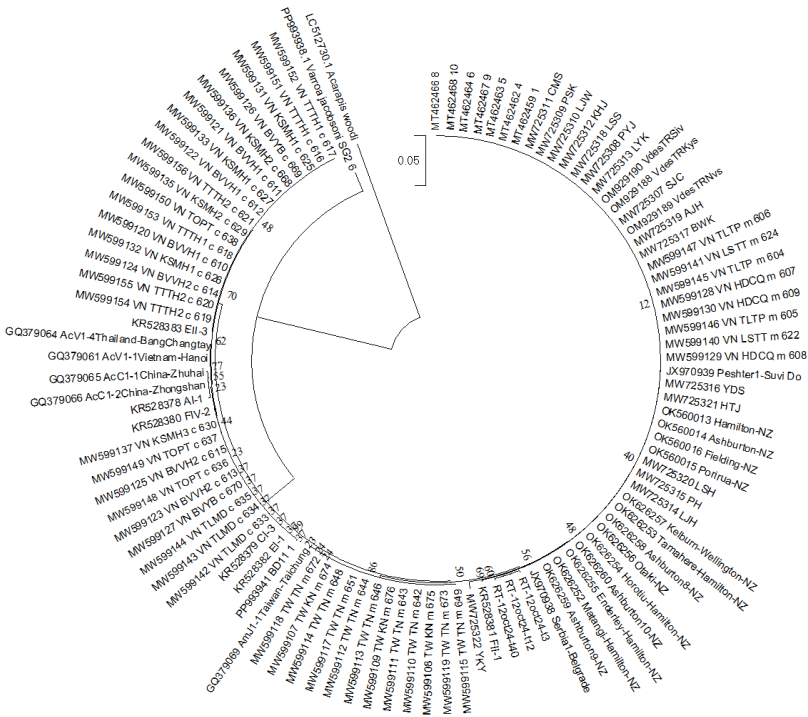


Рис. Филогенетическое положение изолятов

Внутрипопуляционный полиморфизм и адаптационный потенциал. При сравнении последовательностей образцов, полученных с одной пасеки, было обнаружено два варианта, различающихся по одной нуклеотидной позиции. В образце Tartarstan_2024_03 в позиции, соответствующей 318-й позиции выравнивания, находился тимин (Т), тогда как в остальных образцах – аденин (А) (табл.).

Исходные данные выравнивания последовательностей фрагмента *cox1* с указанием только переменных позиций

ID образца	Локус 127	Локус 189	Локус 245	Локус 318	Локус 327	Локус 389	Локус 412
RT-8sep23-t1	G	T	A	A	G	C	T
RT-12oct24-t12	G	T	A	A	G	C	T
RT-12oct24-t40	G	T	A	A	G	C	T
RT-22sep25-t3	G	T	A	T	G	C	T
RT-22sep25-t21	G	T	A	A	G	C	T
RT-22sep25-t24	G	T	A	A	G	C	T
K1 референс	G	T	A	A	A	C	T
J1 референс	A	C	G	A	A	T	C

Данная трансверсия (А/Т) синонимична, то есть не приводит к замене аминокислоты в кодируемом белке. Тем не менее сам факт наличия полиморфизма свидетельствует о том, что локальная популяция паразита не является абсолютно клональной, и в ней протекают микроэволюционные процессы. Учитывая, что митохондриальная ДНК наследуется по материнской линии и не рекомбинирует, выявление двух митотипов в пределах одной пасеки указывает либо на множественные заносы паразита из разных источников, либо на накопление мутаций *in situ*. В ранее опубликованных работах по Татарстану уже отмечалось присутствие двух и более генетических вариантов (геноваров) паразита в пределах одной пасеки [24]. Эти наблюдения критически важны, так как ставят под сомнение упрощенное понимание стабильности популяций паразита во времени и пространстве. Согласно современным представлениям, использование только короткого фрагмента *cox1* (458 п. н.) может маскировать более глубокую гетерогенность. После 2010 г. в практику вошел анализ конкатенированных последовательностей четырех митохондриальных генов (*cox1*, *cox3*, *atp6* и *cytb*) общей длиной 2696 п. н., что позволило выявить множество субгаплотипов внутри ранее единых групп, например, японские варианты J1-1 – J1-6. Можно предположить, что при переходе на мультилокусное генотипирование гетерогенность татарстанской популяции окажется еще выше. Генетическая лабильность *V. destructor* дополняется сложным поведением, направленным на оптимизацию паразитизма. Клещи способны различать пчел на разных стадиях жизненного цикла и с разными функциями в семье по углеводородному составу кутикулы. При низкой плотности популяции клещи предпочитают пчел-кормилиц, которые проводят много времени в зоне расплода, что обеспечивает максимальный репродуктивный успех па-



разита. Однако при увеличении заклещеванности химические профили пчел-кормилиц и пчел-фуражиров становятся более сходными, вероятно, вследствие стресс-индуцированных изменений метаболизма хозяина. Это приводит к переключению предпочтений клещей на фуражиров, которые, покидая улей, способствуют горизонтальному переносу паразита на новые семьи [29].

Данный механизм демонстрирует, что адаптация *V. destructor* не сводится только к генетическим изменениям, но включает и фенотипическую пластичность, что делает паразита еще более трудноконтролируемым. Недооценка генетической изменчивости *V. destructor* имеет прямое прикладное значение. На пасеках, где годами применяются одни и те же акарициды, создается мощное селективное давление [7]. Мутации, приводящие к устойчивости к флувалинату (пиретроидам) или амитразу (формаминам), могут возникать и фиксироваться в популяции паразита. Если в колонии исходно присутствует несколько геноваров (как в нашем случае), вероятность того, что хотя бы один из них несет аллели устойчивости, значительно возрастает. После обработки чувствительные особи погибают, а резистентный геновар занимает освободившиеся ниши, и в следующем сезоне вся популяция становится нечувствительной к препарату. Этот процесс может протекать очень быстро — за 1–2 года. Именно поэтому мониторинг генетической структуры популяций необходим для своевременной ротации акарицидов и выбора эффективных стратегий борьбы.

Взаимодействие с аборигенными пчелиными популяциями. Обнаружение генетически различных вариантов *V. destructor* в семьях *A. m. carpatica*, не обладающей высокой устойчивостью, ставит вопрос о возможном резервировании паразита в семьях местных пород, например, среднерусской пчелы. Аборигенные популяции, такие как татарский тип, прошедшие длительную коэволюцию с различными патогенами, могут обладать поведенческими механизмами резистентности, например, более активным гигиеническим поведением, позволяющим распечатывать и удалять зараженный расплод. Они не могут полностью элиминировать паразита, но способны сдерживать его численность на субклиническом уровне. В этом случае такие семьи выполняют роль резервуара, в котором сохраняются и эволюционируют различные геновары *V. destructor*. При подселении в такие семьи маток высокопродуктивных, но чувствительных пород (например, карпатской), происходит взрывной рост численности адаптированного к местным условиям геновара паразита, что и наблюдается на практике.

Заключение

В настоящей работе впервые проведен филогенетический анализ и дана генетическая характеристика популяций клеща *V. destructor*, паразитирующих в семьях карпатской пчелы на территории Республики Татарстан. Установлена принадлежность всех исследованных образцов к корейскому (К) митохондриальному гаплотипу, доминирующему в мировом пчеловодстве. Выявленный однонуклеотидный полимор-



физм (А/Т-трансверсия) свидетельствует о наличии внутрипопуляционной гетерогенности и указывает на активные микроэволюционные процессы. Показано, что генетическая лабильность *V. destructor*, включающая как митохондриальное разнообразие, так и способность к быстрым адаптивным изменениям (поведенческая пластичность, формирование резистентности к акарицидам), является ключевым фактором, определяющим неэффективность существующих методов борьбы и необходимость разработки новых подходов к контролю варроатоза. Полученные данные обосновывают необходимость регулярного молекулярно-генетического мониторинга структуры популяций паразита как обязательного элемента системы ветеринарного надзора за пчелами. Дальнейшие исследования должны быть направлены на расширение выборки, переход к мультилокусному генотипированию (секвенирование конкатенированных последовательностей) и изучение корреляции между генетическими вариантами паразита и устойчивостью к конкретным акарицидам, применяемым в регионе.

Список литературы

1. Kambale E. M., Hasbieva D. R. et al. A scientific note on the prevalence of *Nosema* spp. in honey bee colonies in relation to the proximity of mining regions and levels of heavy metal contamination // Human and Ecological Risk Assessment: An International Journal. 2026. Vol. 32 (1-2). P. 279–294. doi: 10.1080/10807039.2026.2614355.
2. vanEngelsdorp D., Meixner M. D. A historical review of managed honey bee populations in Europe and the United States and the factors that may affect them // Journal of Invertebrate Pathology. 2010. Vol. 103, suppl. 1. P. S80–S95. doi: 10.1016/j.jip.2009.06.011.
3. Goulson D., Nicholls E., Botías C., Rotheray E. L. Bee declines driven by combined stress from parasites, pesticides, and lack of flowers // Science. 2015. Vol. 347, iss. 6229. doi: 10.1126/science.1255957.
4. Shuralev E. A., Mukminov M. N., Ndayishimiye E. V. et al. Current status of *Nosema* spp. infection cases in *Apis mellifera* in eurasian countries and Ptp3 gene haplotypes in the Republic of Tatarstan, Russia // Veterinary Research Communications. 2024. Vol. 48, №4. P. 2691–2698. doi: 10.1007/s11259-024-10383-3. EDN: YXUOOP.
5. Шамаев Н. Д. Методы биотехнологии в изучении экологии и биогеографии медоносной пчелы и решении проблем интенсификации пчеловодства // Пчеловодство и апитерапия: актуальные вопросы, достижения и инновации : материалы Междунар. науч.-практ. конф., Рыбное, 15–16 декабря 2023 г. Рыбное, 2024. С. 194–198. EDN: ISBLYO.
6. Шамаев Н. Д., Шуралев Э. А., Мукминов М. Н. Эффективность использования *Apis Mellifera* в паразитологических исследованиях *in vitro* // XI Международная конференция молодых ученых: биоинформатиков, биотехнологов, биофизиков, вирусологов, молекулярных биологов и специалистов фундаментальной медицины : сб. тез., Научоград Кольцово, 24–27 сентября 2024 г. Новосибирск, 2024. С. 242–243. doi: 10.25205/978-5-4437-1691-6-118. EDN: IVDPGF.
7. Shamaev N., Shuralev E., Nikitin O. et al. Beekeeping practice-related factors that impact nosemosis prevalence in honey bees in the Republic of Tatarstan, Russia // Ankara Universitesi Veteriner Fakultesi Dergisi. 2025. Vol. 72, №3. P. 365–376. doi: 10.33988/auvfd.1594759. EDN: KLRLON.



8. Шамаев Н.Д., Шуралев Э.А., Мукминов М.Н. Распределение гаплотипов *Nosema apis* в условиях единичной пасеки Республики Татарстан // Вестник Рязанского государственного агротехнологического университета им. П.А. Костычева. 2024. Т. 16, №3. С. 92–101. doi: 10.36508/RSATU.2024.11.32.013. EDN: RFWYWM.

9. Shamaev N.D., Salnikov V.V., Yuzmanova L.A. et al. Regular occurrence of atypically small spores in *Apis mellifera carnica* (Hymenoptera: Apidae), naturally infected with *Nosema* spp. (Microsporidia) // Invertebrate Zoology. 2024. Vol. 21, №4 P. 478–486. doi: 10.15298/invertzool.21.4.03. EDN: CYMNHU.

10. Шамаев Н.Д., Камбале Э.М., Валиахметов Д.И. и др. Биоразнообразии генотипов *Nosema ceranae* в популяции *Apis mellifera* с гибридными признаками в условиях // Российский журнал «Проблемы ветеринарной санитарии, гигиены и экологии». 2024. №4 (52). С. 597–605. doi: 10.36871/vet.san.hyг.ecol.202404016. EDN: CFGQFZ.

11. Мукминов М.Н., Шуралев Э.А., Казарян Г.Г., Шамаев Н.Д. Микроспоридии, ассоциированные с инфекциями медоносных пчел // Пчеловодство и апитерапия: актуальные вопросы, достижения и инновации : материалы Междунар. науч.-практ. конф., Рыбное, 15–16 декабря 2023 г. Рыбное, 2024. С. 113–118. EDN: CEIONM.

12. Салихов Д.Г., Петров С.В., Шамаев Н.Д. и др. Оценка загрязнения почв тяжелыми металлами в биогеохимических провинциях Республики Татарстан // Journal of Agriculture and Environment. 2023. №8 (36). doi: 10.23649/JAE.2023.36.8. EDN: LNCFBW.

13. Шамаев Н.Д., Сальников В.В., Кошпаева Е.С., Сычев К.В. Увеличение заболеваемости нозематозом вблизи экологического стрессора // XI Международная конференция молодых ученых: биоинформатиков, биотехнологов, биофизиков, вирусологов, молекулярных биологов и специалистов фундаментальной медицины : сб. тез., Научоград Кольцово, 24–27 сентября 2024 г. Новосибирск, 2024. С. 569–570. doi: 10.25205/978-5-4437-1691-6-280. EDN: GMWPVA.

14. Шамаев Н.Д., Кошпаева Е.С., Сычев К.В., Иванов А.В. Молекулярная фитотерапия и применение пищевых добавок, направленные на борьбу с ваириморфозом у медоносных пчел // Пчеловодство и апитерапия: актуальные вопросы, достижения и инновации : материалы Междунар. науч.-практ. конф., Рыбное, 15–16 декабря 2023 г. Рыбное, 2024. С. 198–204. EDN: NASOBM.

15. Третьякова А.Б., Шамаев Н.Д. Системы мониторинга технологий и оптимизация ухода в современном пчеловодстве // Проблемы ветеринарной санитарии, гигиены и экологии : сб. науч. тр. 2025. №123. С. 92–97. doi: 10.31016/vet.san.2025-123-17. EDN: RVRCAZ.

16. Третьякова А.Б., Мукминов М.Н., Шамаев Н.Д. Оценка острой контактной токсичности имидаклоприда и тиаклоприда в отношении медоносных пчел: сравнительный анализ влияния на выживаемость и поведенческую активность // Вестник Балтийского федерального университета им. И. Канта. Сер.: Естественные науки. 2025. №4. С. 133–146. doi: 10.5922/vestniknat-2025-4-9. EDN: YPTTGO.

17. Третьякова А.Б., Мукминов М.Н., Шамаев Н.Д. Неоникотиноиды и их воздействие на медоносных пчел: сравнительный анализ острой пероральной токсичности имидаклоприда и тиаклоприда // Вестник Балтийского федерального университета им. И. Канта. Сер.: Естественные науки. 2026. №1. С. 54–69. doi: 10.5922/vestniknat-2026-1-4. EDN: HPCHOS.



18. Половинка Н. С., Шамаев Н. Д., Мукминов М. Н. Оценка связи между уровнем превалентности микроспоридиозов вызванных родом *Nosema* и практиками содержания *Apis mellifera* // Белые цветы : сб. тез. XII Междунар. молодежного науч. мед. форума, посвященного 80-летию победы в Великой Отечественной войне, Казань, 9–11 апреля 2025 г. Казань, 2025. С. 1455–1456. EDN: GLRTVE.

19. Mukminov M. N., Shuralev E. A., Shamaev N. D. *Nosema spp* parasite and a component of pathogen recognition sequence variant numbers relationship in the *Apis mellifera* host subspecies across local apiaries // Актуальные проблемы экологии и природопользования : сб. науч. тр. XXVI Междунар. науч.-практ. конф. : в 3 т. Москва, 2025. С. 32–36. EDN: HUPVSE.

20. Шамаев Н. Д., Шуралев Э. А., Мукминов М. Н. Территориальные и видовые закономерности геновар-специфических комбинаций у пчел и их паразитов // Российский журнал «Проблемы ветеринарной санитарии, гигиены и экологии». 2025. №2 (54). С. 271–277. doi: 10.36871/vet.san.hyг.ecol.202502013. EDN: KKNYZJ.

21. Шамаев Н. Д., Третьякова А. Б., Камбале Э. М. и др. Индикация и идентификация патогена *Melissococcus plutonius* с использованием экзогенной ДНК, выделенной из объектов ветеринарного надзора // Российский журнал «Проблемы ветеринарной санитарии, гигиены и экологии». 2025. №1 (53). С. 81–87. doi: 10.36871/vet.san.hyг.ecol.202501010. EDN: CMBACJ.

22. Шамаев Н. Д., Третьякова А. Б., Камбале Э. М. и др. Индикация патогенов медоносной пчелы с использованием экзогенной ДНК и выявление взаимосвязи между геноварами паразита и хозяина на отдельных пасеках Республики Татарстан // Экологическая безопасность и сохранение генетических ресурсов растений и животных России и сопредельных территорий : материалы XV Всерос. науч. конф. с междунар. участием, Владикавказ, 18–23 мая 2025 г. Владикавказ 2025. С. 352–356. EDN: OJWMUX.

23. Sidorova A. E., Shamaev N. D. Observations of r-type *Varroa destructor* (Acari: Varroidae) collected from local *Apis mellifera* apiary // Актуальные проблемы экологии и природопользования : сб. науч. тр. XXVI Междунар. науч.-практ. конф. : 3 т. М., 2025. С. 41–46. EDN: WIPASK.

24. Шамаев Н. Д., Шуралев Э. А., Мукминов М. Н. Идентификация *Acarapis woodi* и *Varroa destructor* у *Apis mellifera* с использованием экзогенной ДНК ульевого мусора // Вестник КрасГАУ. 2025. №11 (224). С. 120–133. doi: 10.36718/1819-4036-2025-11-120-133. EDN: TBGWDW.

25. Wilfert L., Long G., Leggett H. C. et al. Deformed wing virus is a recent global epidemic in honeybees driven by *Varroa* mites // Science. 2016. Vol. 351, №6273. P. 594–597. doi: 10.1126/science.aac9976/

26. Шамаев Н. Д., Шуралев Э. А., Ефимова М. А. Анализ и документирование гелей и мембран в программном обеспечении «Image Lab» при электрофорезе и блоттинге : учеб.-метод. пособие. Казань, 2021. EDN: TTTJAW.

27. Shamaev N. D., Batanova T., Iwatake Yu. et al. Diversity of genes encoding immune-related GTPase B2 protein, an inherited element responsible for resistance against virulent *Toxoplasma gondii* strains, among wild *Mus musculus* in local area of Japan // Journal of Veterinary Medical Science. 2024. Vol. 86, №10. P. 1056–1062. doi: 10.1292/jvms.24-0059. EDN: DTVOJW.



28. Shamaev N.D., Shuralev E.A., Petrov S.V. et al. Seroprevalence and B1 gene genotyping of *Toxoplasma gondii* in farmed European mink in the Republic of Tatarstan, Russia // *Parasitology International*. 2020. Vol. 76. P. 102067. doi: 10.1016/j.parint.2020.102067. EDN: TOFJHJ.

29. Cervo R., Bruschini C., Cappa F., Meconcelli S. et al. High Varroa mite abundance influences chemical profiles of worker bees and mite-host preferences // *Journal of Experimental Biology*. 2014. Vol. 217, №17. P. 2998–3004. doi: 10.1242/jeb.099978.

Об авторе

Динар Ильдусович Гумеров – асп., Казанский (Приволжский) федеральный университет, Россия.

ORCID: 0009-0004-8265-3554

E-mail: mrt924285@gmail.com

139

D. I. Gumerov

GENETIC LABILITY OF VARROA DESTRUCTOR AS A FACTOR OF THE EPIZOOTIC PROCESS IN APIS MELLIFERA CARPATICA POPULATIONS

Kazan (Volga Region) Federal University, Russia

Received 15 February 2026

Accepted 30 March 2026

doi: 10.5922/vestniknat-2026-2-9

To cite this article: Gumerov D.I., 2026, Genetic lability of *Varroa Destructor* as a factor of the epizootic process in *Apis Mellifera Carpatica* populations, *Vestnik of Immanuel Kant Baltic Federal University. Series: Natural Sciences*, №2. P. 129–140. doi: 10.5922/vestniknat-2026-2-9.

The global decline of honey bee (*Apis mellifera*) populations poses a serious threat to crop pollination and global food security. Among the multiple factors causing colony weakening and loss, varroosis, an invasive disease caused by the ectoparasitic mite *Varroa destructor*, plays a pivotal role. Despite decades of research and various control methods, effective management of this parasite remains elusive. The aim of this work was a comprehensive analysis of the genetic structure of *V. destructor* populations infesting Carpathian bee colonies (*A. m. carpatica*) in the Republic of Tatarstan, within the framework of the parasite's genetic lability and adaptive potential. Sequencing of the mitochondrial *cox1* gene fragment and phylogenetic analysis using the Neighbor-Joining method with 103 reference sequences from GenBank were performed. The studied samples were found to belong to the Korean (K) haplotype. The identified single nucleotide polymorphism (A/T transversion) in two samples indicates intrapopulation genetic differentiation. It is shown that the genetic lability of the parasite, manifested in the existence of multiple genovars within one colony and their ability to rapidly shift dominant haplogroups under selective pressure, is an underestimated factor reducing the effectiveness of acaricide treatments and the selection of resistant bee breeds. Behavioral adaptations of the mite, including its ability to modify the host's cuticular hydrocarbon profile and change trophic preferences depending on population density, are discussed. The obtained



data substantiate the need for regular molecular genetic monitoring of V. destructor population structure as an essential element of the veterinary and sanitary surveillance system in beekeeping.

Keywords: *Varroa destructor*, *Apis mellifera*, genetic lability, genetic variant, phylogeny, mitochondrial DNA, coadaptation

The author

Dinar I. Gumerov, PhD student, Kazan (Volga Region) Federal University, Russia.

ORCID: 0009-0004-8265-3554

E-mail: mrt924285@gmail.com