

Varroa destructor ve Taşıdığı Virüsler

Mustafa RÜSTEMOĞLU

Şırnak Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Bitki Koruma Bölümü, Şırnak, Türkiye.
Arıcılık Geliştirme Uygulama ve Araştırma Merkezi, Şırnak Üniversitesi, Şırnak, Türkiye.

<https://orcid.org/0000-0002-1298-1702>

Derleme Makalesi

Geliş Tarihi

08/11/2025

Kabul Tarihi

16/12/2025

DOI

[10.70562/tubid.1820131](https://doi.org/10.70562/tubid.1820131)

Özet

Varroa destructor, dünya genelinde bal arısı (*Apis mellifera*) kolonilerinin sağlığını tehdit eden en yıkıcı dış parazittir. Parazitin konak yağ dokusu ve hemolenf üzerinde beslenmesi yalnızca doğrudan fizyolojik hasara yol açmakla kalmaz; aynı zamanda çok sayıda bal arısı virüsünün biyolojik vektörü olarak ölümcül ikincil enfeksiyonları da tetikler. *Varroa*'nın orijinal konağı olan *Apis cerana*'dan *A. mellifera*'ya geçişi ve özellikle Kore ile Japonya–Tayland haplotiplerinin küresel yayılımı, akarın virülansını artırmış ve genetik çeşitliliğini azaltmıştır. Taşıdığı patojenler arasında en yaygın ve yıkıcı olan Deforme Kanat Virüsü (DWV) ve varyantları (DWV-A, DWV-B/VDV-1, DWV-C), koloni çöküşlerinin başlıca biyotik nedenidir. Bunun yanı sıra *Varroa*, ABPV, IAPV, KBV, BQCV ve SBPV gibi diğer RNA virüslerinin de taşınmasında ve yayılımında önemli rol oynamaktadır. Son yıllarda metagenomik analizlerle, yalnızca bal arısından değil, doğrudan akarın kendisinden kaynaklanan *Varroa destructor* virus-2 (VDV-2), VDV-3 ve *Varroa destructor* Macula-like virus (VdMLV) gibi akar-spesifik virüsler tanımlanmıştır. Bu bulgular, *Varroa*'nın yalnızca bir vektör değil, aynı zamanda kendine özgü bir viral ekosisteme sahip mikrohabitat olduğunu göstermektedir. Yeni nesil dizileme (NGS) teknolojileri sayesinde *Varroa* ve bal arısı viromlarının kapsamlı bir şekilde araştırılması mümkün olmuştur. NGS tabanlı yöntemler, yalnızca hedef virüslerin taranabildiği kısmi virom çalışmalarının yapıldığı PCR temelli yaklaşımlara kıyasla tüm viromun ortaya konulmasını sağlamıştır. Bu yöntemlerle virüslerin aktarım mekanizmaları, evrimi ve konak-parazit etkileşimleri daha iyi anlaşılmıştır. Gelecekte yapılacak kontrollü çalışmalar, *Varroa*'ya özgü virüslerin biyolojik mücadeledeki potansiyelini netleştirerek kimyasal akarisitlere ekolojik bir tamamlayıcı sağlayabilir.

Anahtar Kelimeler: *Varroa destructor*, *Apis mellifera*, bal arısı virüsleri, virüs–vektör etkileşimi, virom, bal arısı sağlığı, yeni nesil dizileme (NGS)

Varroa destructor and the Viruses It Carries

Review Article

Received

08/11/2025

Accepted

16/12/2025

DOI

[10.70562/tubid.1820131](https://doi.org/10.70562/tubid.1820131)

Abstract

Varroa destructor is one of the most destructive external parasites threatening the health of *Apis mellifera* colonies worldwide. Feeding on the host's fat body and hemolymph causes not only direct physiological damage but also triggers lethal secondary infections as *Varroa* serves as an efficient biological vector for numerous honey bee viruses. The host shift from *Apis cerana* to *A. mellifera*, along with the global spread of the Korean and Japan–Thailand haplotypes, has increased the mite's virulence and reduced its genetic diversity. Among the transmitted pathogens, the Deformed Wing Virus (DWV) and its variants (DWV-A, DWV-B/VDV-1, DWV-C) are recognized as the main biotic factors driving colony collapse. In addition, *Varroa* contributes to the transmission and dissemination of other RNA viruses, including ABPV, IAPV, KBV, BQCV, and SBPV. Recent metagenomic analyses have identified mite-specific viruses such as *Varroa destructor* virus-2 (VDV-2), VDV-3, and *Varroa destructor* Macula-like virus (VdMLV), which replicate exclusively within the mite. These findings indicate that *Varroa* is not only a vector but also a unique microhabitat hosting its own viral ecosystem. The advent of next-generation sequencing (NGS) technologies has enabled comprehensive characterization of *Varroa* and honey bee

viromes. Unlike PCR-based assays that detect only target viruses, NGS-based approaches have allowed the full virome to be revealed, providing deeper insights into viral transmission mechanisms, evolution, and host–parasite interactions. Future controlled studies may clarify the potential of *Varroa*-specific viruses in biological control, providing an ecological complement to chemical acaricides.

Keywords: *Varroa destructor*, *Apis mellifera*, honeybee viruses, virus–vector interaction, virome, honeybee health, NGS

1. Giriş

Bal arıları (*Apis mellifera* L.), doğal ekosistemlerin sürekliliği ve tarımsal üretimin sürdürülebilirliği açısından en önemli tozlayıcı canlılardır. Ancak son yıllarda, dünya genelinde bal arısı kolonilerinde gözlenen ciddi kayıplar, arıcılık ekonomisini ve gıda güvenliğini tehdit eder boyutlara ulaşmıştır (1-3). Koloni çöküşlerinin ardında pestisitler, beslenme yetersizlikleri ve çevresel stres faktörleri gibi birçok unsur yer alsa da bu kayıpların temel biyotik nedeni olarak *Varroa destructor* (4) öne çıkmaktadır (5-9).

Varroa destructor, batı bal arısında yaşayan en önemli ektoparazit olarak kabul edilir ve modern arıcılığın küresel ölçekte karşılaştığı en yıkıcı zararlılardan biridir. Parazit, hem doğrudan beslenme yoluyla konağı zayıflatmakta hem de taşıdığı çok sayıda virüs aracılığıyla ölümcül ikincil enfeksiyonlara neden olmaktadır (10-12). Bu çift yönlü etki, arı fizyolojisinde immün baskılanma, enerji metabolizmasının bozulması ve koloni düzeyinde çöküşlerle sonuçlanmaktadır (2, 13, 14).

Varroa'nın dünya genelindeki yayılımı, 1950'li yıllardan itibaren Asya'dan başlayarak kısa sürede diğer kıtalara ulaşmıştır (5). Parazitin orijinal konağı Asya bal arısı (*Apis cerana*) iken, evrimsel süreçte *A. mellifera*'ya geçiş yapması, türün yüksek virülanslı iki haplotipinin (Kore ve Japonya–Tayland kökenli) küresel ölçekte yayılmasına neden olmuştur (1). Bu konak değişimi, *Varroa destructor* popülasyonlarında genetik çeşitliliğin azalmasına yol açan bir darboğaz oluşturmuş, aynı zamanda parazitin yeni konağı üzerindeki etkisini dramatik biçimde artırmıştır (15, 16). Türkiye'de yapılan çalışmalar, popülasyonların büyük oranda Kore (K1) haplotipine ait olduğunu ve genetik varyasyonun düşük olduğunu göstermektedir (17-20).

Varroa destructor'un etkisi yalnızca parazitik beslenmeyle sınırlı değildir; akar aynı zamanda bal arısı virüslerinin en etkili biyolojik vektörüdür. Özellikle Deforme Kanat Virüsü (DWV) ve varyantları, *Varroa* ile olan etkileşimleri sonucu asemptomatik enfeksiyonlardan ölümcül sistemik enfeksiyonlara dönüşmektedir (10, 21, 22). Bu durum, “Bal Arısı Parazitik Akar Sendromu” (Bee Parasitic Mite Syndrome) olarak adlandırılan patolojik bir tabloyla sonuçlanmaktadır (8, 23).

Bu derleme, *Varroa destructor*'un taşıdığı ve/veya çoğalttığı virüsleri, **bu virüslerin** bal arısı sağlığı üzerindeki etkilerini ve son zamanlarda NGS (Yeni Nesil Dizileme) teknolojilerinin bu alandaki katkılarını ele almayı amaçlamaktadır.

2. *Varroa destructor*'un Biyolojisi ve Ekolojisi

2.1. Taksonomi ve Morfoloji

Varroa destructor, eklem bacaklılar (Arthropoda) şubesinin, örümceğimsiler (Arachnida) sınıfına ve Acarina takımının Varroidae familyasına ait bir ektoparazitir. Tür, ilk olarak Oudemans (24) tarafından *Varroa jacobsoni* olarak tanımlanmış, daha sonra Anderson ve Trueman (25) tarafından morfolojik ve genetik veriler temel alınarak yeniden sınıflandırılmış ve günümüzdeki adını almıştır. Uzun yıllar boyunca bu iki tür (*V. jacobsoni* ve *V. destructor*) birbirinden doğru biçimde ayırt edilememiştir (26, 27).

Dişi bireyler, parazitin esas aktif formunu oluşturur. Yassı ve oval şekilli vücutları 1,0–1,6 mm uzunluğunda, 1,1 mm genişliğindedir; renkleri açık kırmızıdan koyu kahverengiye değişir (28, 29). Kanatsız ve gözsüz olan bu akarlar, çevrelerini ön bacaklarındaki özel duyu organlarıyla algılar. Bu organlar, sıcaklık, titreşim ve kimyasal sinyallere karşı oldukça hassastır ve konağın tespitinde belirleyici rol oynar (11, 30, 31). Kimyasal yönelim, hem parazitin konak seçimi hem de üreme başarısı açısından temel bir davranışsal mekanizmadır (32).

2.2. Yaşam Döngüsü

Varroa destructor'un yaşam döngüsü tamamen arı kovanı içinde geçer ve iki ana evreden oluşur: foretik (taşınma) evre ve üreme evresi (5, 33). Foretik evre sırasında dişi akar, genellikle genç işçi arıların vücut segmentlerine tutunur ve konaktan hemolenf ile yağ dokusu (fat body) üzerinden beslenir. Bu evre sırasında akarlar, kovanlar arasında bal arılarının yağmalama (robbing) ve şaşırma (drifting) davranışları yoluyla kolayca taşınabilir (34, 35).

Üreme evresi ise kapalı yavru gözlerinde gerçekleşir. Döllenen dişi akarlar, petek gözü kapanmadan hemen önce yavru hücrelerine girer, burada dişi ve erkek yavrularını bırakır ve gelişen arı pupasıyla birlikte beslenir (36, 37). Erkek akarlar yalnızca hücre içinde yaşar ve çiftleşmeden sonra ölürken, dişi yavrular pupayla birlikte kovandan çıkarak döngüyü sürdürür. Uygun iklim koşullarında bir dişi akar yılda 10 kata kadar üreyebilir (5).

2.3. Konak-Parazit İlişkisi

Varroa'nın orijinal konağı olan *Apis cerana* (Asya bal arısı), milyonlarca yıllık ortak evrim süreci sonucunda parazite karşı belirgin savunma stratejileri geliştirmiştir. *A. cerana*'da akar üremesi yalnızca erkek yavru hücrelerinde gerçekleşir ve bu durum popülasyon artışını sınırlar (38, 39). Ayrıca, *A. cerana* bireyleri, akarları mekanik olarak uzaklaştırma (grooming) ve enfeste yavru gözlerini temizleme (hygienic behavior) yetenekleriyle de direnç gösterir (40).

Buna karşılık, *A. mellifera* (Batı bal arısı), bu parazite karşı aynı düzeyde davranışsal veya fizyolojik savunma mekanizmalarına sahip değildir. Bu nedenle, akar istilaları hızlı biçimde yayılır ve kolonilerde ölümcül düzeyde popülasyon artışına neden olur (2, 41). Ayrıca *V. destructor*, *A. mellifera*'da hem erkek hem işçi yavru hücrelerinde üreyebilme özelliğiyle konağa yüksek düzeyde adaptasyon göstermektedir (4, 37).

2.4. Yayılım ve Genetik Farklılıklar

Varroa destructor'un küresel yayılımı, 1950'li yıllardan itibaren hızla artmıştır: Pakistan (1955), Japonya (1958), Çin (1959), Bulgaristan (1967), Paraguay (1971), Almanya (1977) ve ABD (1987) yıllarında ilk tespitler yapılmıştır (5). Türkiye'de ise 1970'lerin sonlarında görülmeye başlanmıştır (42, 43). Uzun yıllar boyunca Avustralya bu parazitten arınmış tek kıta olarak kalmış, ancak 2022 yılında ilk salgın vakaları bildirilmiştir (44, 45).

Genetik düzeyde, *Varroa destructor* popülasyonlarının büyük kısmı iki haplotip grubuna ayrılır: **Kore (K1)** ve **Japonya-Tayland (J1)** kökenli hatlar (1) (Traynor ve ark., 2020). Türkiye'de yapılan moleküler analizler, tüm popülasyonların Kore haplotipine ait olduğunu ve genetik çeşitliliğin düşük düzeyde seyrettiğini göstermiştir (17-20).

3. *Varroa destructor*'un Arı Sağlığına Etkileri

3.1. Beslenme Biyolojisi ve Fizyolojik Zarar Mekanizması

Varroa destructor, hem yetişkin işçi arılardan hem de gelişmekte olan yavru arılardan beslenerek konak üzerinde çok yönlü fizyolojik hasara yol açar. Uzun süre boyunca akarın yalnızca arı hemolenfinden beslendiği düşünülse de, son çalışmalar asıl besin kaynağının yağ dokusu (fat body) olduğunu göstermiştir. Yağ dokusu; arıların bağışıklık fonksiyonlarında, enerji depolamada ve detoksifikasyon süreçlerinde merkezi rol oynar. Dolayısıyla bu dokunun tahribi, konağın metabolik ve bağışıklık kapasitesini ciddi biçimde düşürür (13, 14).

Akarın beslenme davranışı, konak gelişim evresine göre değişiklik gösterir. Larva evresinde yağ dokusu öncelikli besin kaynağı iken, pupa ve ergin evrelerde hemolenf tüketimi de gözlenmiştir (46, 47). Tekrarlayan beslenme, konak arının hem vücut ağırlığını hem de ömrünü azaltmakta; bağışıklık sisteminde baskılanmaya, yara iyileşmesinde gecikmeye ve ikincil patojenlere karşı duyarlılığın artmasına yol açmaktadır (11, 48).

3.2. Bağışıklık Baskılanması ve Metabolik Bozukluklar

Varroa'nın beslenmesi sırasında konağa aktardığı tükürük bileşikleri, immün yanıtı doğrudan baskılayan enzimler içerir. Akarın sürekli olarak yağ dokusu ve hemolenften beslenmesi, fenoloksidaz ve antimikrobiyal peptit üretimi gibi temel savunma mekanizmalarının bozulmasına neden olur (11, 13). Bu baskılanma, konağın hem bakteriyel hem de viral enfeksiyonlara açık hale gelmesini kolaylaştırır.

Metabolik düzeyde, *Varroa* istilası arılarda karbonhidrat ve lipid metabolizmasında dengesizliklere yol açar (14). Ayrıca, yağ dokusunun harabiyeti nedeniyle enerji depoları azalır; bu da özellikle kış mevsiminde koloni dayanıklılığını düşürür (2). Arıların davranışsal olarak daha az aktif hale gelmesi ve uçuş kabiliyetlerinin zayıflaması da bu enerji yetersizliğiyle ilişkilidir (5).

3.3. Virüslerle Sinerjik Etkileşim

Varroa destructor'un en yıkıcı etkisi, taşıdığı ve vektörlediği virüslerle olan sinerjik etkileşimidir. Akar, virüsleri doğrudan arının dolaşım sistemine enjekte ederek, doğal yollardan bulaşan

asemptomatik enfeksiyonları ölümcül sistemik enfeksiyonlara dönüştürür (10, 13, 49-51). Bu etkileşim, özellikle Deforme Kanat Virüsü (DWV) varyantlarının yayılmasıyla ilişkilidir.

Varroa aracılığıyla bulaşan DWV, genellikle kanat deformiteleri, kısalmış karın, düşük vücut ağırlığı ve bireysel ömrün kısalması gibi belirtilerle kendini gösterir (21, 52). DWV'nin B varyantı (aynı zamanda Varroa destructor virus-1, VDV-1) akarın içinde aktif olarak çoğalabildiği için, bu virüs Varroa tarafından biyolojik vektör şeklinde taşınır (53-55). Bu biyolojik aktarım, virüsün hem arı hem de akar popülasyonlarında kalıcı hale gelmesine neden olur.

Varroa istilasının varlığı, sadece DWV değil, aynı zamanda Akut Arı Felç Virüsü (ABPV), İsrail Akut Felç Virüsü (IAPV), Kara Kraliçe Hücresi Virüsü (BQCV) ve Yavaş Arı Felci Virüsü (SBPV) gibi diğer virüslerin prevalansını da artırmaktadır (9, 56-58). Bu virüslerin çoğu Varroa tarafından doğrudan taşınabilir ya da akarın neden olduğu immün zayıflama sonucu arı kolonilerinde yayılım avantajı kazanır (59).

Bu sinerjistik etkileşim, literatürde Bal Arısı Parazitik Akar Sendromu (Bee Parasitic Mite Syndrome) olarak tanımlanan tabloyu oluşturmaktadır (8, 23). Sendrom, yüksek Varroa yoğunluğu ve eş zamanlı viral enfeksiyonların bir arada görülmesiyle karakterizedir ve dünya genelindeki koloni kayıplarının temel biyolojik mekanizması olarak kabul edilmektedir (3, 60, 61).

4. Varroa destructor'un Taşıdığı Bal Arısı Virüsleri

Varroa destructor, yalnızca konak dokularıyla beslenen bir ektoparazit değil, aynı zamanda bal arısı virüslerinin en etkili biyolojik vektörüdür. Akar, virüsleri mekanik olarak taşımakla kalmaz; bazı virüsler onun bünyesinde aktif olarak replikasyon gösterebilir (53, 62, 63). Bu durum, Varroa'yı bal arısı kolonilerinde viral hastalıkların yayılımında merkezî bir unsur hâline getirmiştir (10, 12, 21).

Varroa tarafından taşınan veya çoğaltılan virüsler genellikle üç ana grupta incelenmektedir:

- (1) Deforme Kanat Virüsü kompleksi (DWV ve varyantları),
- (2) Akut-Kashmir-İsrail Arı Felç Virüsleri kompleksi (AKI kompleksi),
- (3) Diğer ilişkili arı virüsleri.

4.1. Deforme Kanat Virüsü (DWV) Kompleksi

Varroa destructor tarafından taşınan en önemli ve en yaygın virüs Deforme Kanat Virüsü (DWV)'dür. Bu virüs, *Iflaviridae* ailesine ait olup, bal arısı kolonilerinin çöküşlerinde birincil biyotik etken olarak kabul edilir (21, 56, 64, 65).

Varroa aracılığıyla bulaşan DWV enfeksiyonları, asemptomatik durumdan ölümcül sistemik enfeksiyona dönüşür. En belirgin klinik belirtiler kanat deformiteleri, şişkin karın, zayıf uçuş kabiliyeti ve erken ölümle karakterizedir (10, 22, 66).

DWV'nin üç ana genetik varyantı tanımlanmıştır: DWV-A, DWV-B (aynı zamanda Varroa destructor virus-1; VDV-1) ve DWV-C (54, 55, 67). DWV-B varyantı, Varroa akarının bünyesinde çoğalabilen varyanttır ve bu özelliğiyle biyolojik

vektörlük rolünü doğrular (53, 54). Bu varyant, yüksek virülansı nedeniyle kolonilerin kış döneminde çöküşünün başlıca nedeni olarak görülmektedir (68-70).

DWV kompleksindeki genetik çeşitliliğin azalması, Varroa aracılı bulaşmanın evrimsel baskısıyla ilişkilidir. Bu süreçte rekombinasyon olayları, DWV-B varyantının küresel ölçekte baskın hale gelmesine yol açmıştır (21, 71).

4.2. Akut–Kashmir–İsrail Arı Felç Virüsleri (AKI Kompleksi)

Bu grup, Varroa aracılığıyla taşınan ikinci en önemli virüs kompleksidir. *Dicistroviridae* ailesine ait olan bu virüsler, arılarda felç, titreme ve ani ölümle sonuçlanan hızlı enfeksiyonlar oluşturur (72, 73).

- **Akut Arı Felç Virüsü (ABPV):** Varroa'nın varlığı enfeksiyonun hem şiddetini hem de yayılım hızını artırır. ABPV'nin yüksek viral yükleri genellikle koloni çöküşleriyle ilişkilendirilmiştir (61).

- **İsrail Akut Felç Virüsü (IAPV):** İlk kez 2004 yılında tanımlanan IAPV, ABPV ile yakın akrabadır ve Varroa'nın en etkin vektörlerinden biri olduğu gösterilmiştir (48, 74). IAPV enfeksiyonları davranış bozuklukları, koordinasyon kaybı ve kovan dışında ölümlerle karakterizedir.

- **Keşmir Arı Virüsü (KBV):** Bu virüs de Varroa aracılığıyla taşınabilir ve özellikle DWV ile eş zamanlı enfeksiyonlarda yüksek mortaliteye neden olur (9, 57, 74, 75). KBV, çoğu zaman asemptomatik seyrederken, Varroa varlığında hızla patojenik hale gelir.

AKI kompleksindeki bu üç virüs, Varroa'nın viral aktarımındaki çok yönlülüğü ortaya koymakta; hem akut hem kronik enfeksiyonların tetikleyicisi olarak rol oynamaktadır (60, 76).

4.3. Varroa İlişkili Diğer Arı Virüsleri

DWV ve AKI kompleksine ek olarak, Varroa akarlarında veya enfekte kolonilerde varlığı sıkça bildirilen başka virüsler de bulunmaktadır:

- **Kara Kraliçe Hücresi Virüsü (BQCV):** Varroa akarlarında saptanmış ve bazı çalışmalarda akar dokularında çoğaldığı gösterilmiştir (77, 78).

- **Tulumsu Yavru Çürüklüğü Virüsü (SBV):** Varroa varlığında enfeksiyon şiddeti artmakta ancak doğrudan biyolojik taşınımına dair kanıtlar sınırlıdır (9, 79).

- **Kronik Arı Felci Virüsü (CBPV):** Varroa'nın varlığıyla ilişkili olsa da, aktif taşınım kanıtlanmamıştır (57, 80).

- **Yavaş Arı Felci Virüsü (SBPV):** Varroa aracılığıyla hem bireysel hem koloni düzeyinde bulaşabileceği bildirilmiştir (81, 82).

- **Göl Sina Virüsü (LSV):** Metagenomik analizlerde hem arılarda hem Varroa akarlarında tanımlanmıştır (83, 84).

Bu virüslerin bir kısmı Varroa tarafından aktif olarak taşınabilirken, bazıları akarın neden olduğu immün baskı nedeniyle dolaylı yayılım göstermektedir (59, 84).

5. Varroa destructor'a Özgü Virüsler

Son yıllarda metagenomik yaklaşımlar, yalnızca bal arısı kökenli değil, aynı zamanda *Varroa destructor*'a özgü virüslerin de bulunduğunu ortaya koymuştur (58, 63, 78, 85). Bu virüslerin önemli bir kısmı yalnızca akarın dokularında replikasyon göstermekte ve konağa (bal arısına) geçmemektedir. Bu nedenle, söz konusu virüslerin *Varroa* biyolojisi, evrimi ve potansiyel biyokontrol uygulamaları açısından önemi giderek artmaktadır.

5.1. *Varroa destructor virus-2 (VDV-2)*

VDV-2, *Picornavirales* takımına ait bir RNA virüsü olup, ilk kez Levin, Sela (86) tarafından tanımlanmıştır. Çalışmada virüsün hem *Apis mellifera* hem de *Varroa destructor* bireylerinde tespit edildiği, ancak aktif replikasyonun yalnızca akarda gerçekleştiği bildirilmiştir. Takip eden moleküler çalışmalar (9, 63) VDV-2'nin, *Varroa*'nın bağırsak ve yağ dokularında yüksek düzeyde çoğaldığını ve konağa taşınmadığını göstermiştir. Bu özellik, virüsün akar-spesifik bir simbiyotik ilişki içinde olabileceğini düşündürmektedir.

VDV-2'nin akar popülasyonlarında yüksek oranda bulunması ve *Varroa* fizyolojisini olumsuz etkileyebilme potansiyeli, bu virüsün biyolojik mücadele ajanı olarak değerlendirilebileceğini göstermektedir (78).

5.2. *Varroa destructor virus-3 (VDV-3)*

VDV-3, VDV-2'ye genetik olarak benzese de dizilim farklılıkları nedeniyle ayrı bir tür olarak kabul edilmektedir. Levin, Sela (63) tarafından tanımlanan bu virüsün *Varroa* örneklerinde yaygın olarak bulunduğu, fakat arı dokularında saptanmadığı bildirilmiştir. Elektron mikroskobu ve RT-PCR verileri, virüsün *Varroa*'nın sindirim sisteminde aktif olarak replikasyon yaptığını göstermektedir.

VDV-3, akar popülasyonlarında yüksek oranda saptanmasına rağmen, konağa geçmediği için zararsız (avirülen) bir form olarak değerlendirilmektedir. Bu nedenle *Varroa* ekosistemindeki potansiyel dengeleyici simbiyotlar arasında yer alabilir (9, 85).

5.3. *Varroa destructor Macula-like virus (VdMLV)*

VdMLV, *Tymoviridae* ailesine benzer yapıda bir RNA virüsü olup ilk kez De Miranda, Cornman (87) tarafından tanımlanmıştır. Virüs, *Varroa* örneklerinden izole edilmiş ve hem *Varroa* hem arı kaynaklı RNA dizilerinde tespit edilmiştir. Ancak, yapılan in situ hibridizasyon çalışmaları virüsün aktif replikasyonunun sadece *Varroa* dokularında gerçekleştiğini ortaya koymuştur.

VdMLV'nin *Varroa*'da uzun süreli latent enfeksiyon oluşturabildiği, bu enfeksiyonun akarın üreme başarısını azalttığı yönünde bulgular mevcuttur (88). Bu durum, virüsün *Varroa* popülasyonlarını doğal yolla baskılayan bir faktör olabileceğini düşündürmektedir.

5.4. *Varroa*'ya Özgü Diğer Virüsler

Metagenomik analizlerle, son yıllarda *Varroa destructor*'da yalnızca akarlarda görülen başka RNA virüsleri de keşfedilmiştir. Chang, Chen (58), Tayvan'da yürüttükleri RNA-virom analizinde,

Varroa örneklerinde VDV-4, VDV-5 ve VD-RV (Varroa-related virus) olarak adlandırılan yeni virüs dizileri tanımlamıştır. Benzer şekilde, Damayo, McKee (78) tarafından yapılan çalışmada da Varroa örneklerinde VdEV1 (Varroa destructor exclusive virus 1) olarak adlandırılan, yalnızca akarda çoğalan bir RNA virüsü rapor edilmiştir.

Bu bulgular, Varroa destructor'un karmaşık ve zengin bir viroma sahip olduğunu, ancak bu virüslerin çoğunun konağa geçiş yapmadan akarın kendi ekosisteminde döngüsel olarak devam ettiğini göstermektedir (89, 90).

5.5. Potansiyel Biyokontrol Yaklaşımları

Varroa'ya özgü virüslerin çoğalması, akarın metabolik süreçlerinde bozulmalara neden olabileceğinden, bu virüslerin biyolojik kontrol ajanı olarak kullanımı önemli bir araştırma alanı haline gelmiştir (63, 78). Akarın replikatif virüsleri, konak arıya zarar vermeden Varroa popülasyonlarını baskılama potansiyeline sahiptir. Bu yaklaşım, kimyasal akarisitlerin neden olduğu direnç ve kalıntı sorunlarına alternatif olarak ekolojik temelli kontrol stratejileri geliştirilmesine katkı sağlayabilir (1, 9, 11).

6. Metagenomik Yöntemlerle Varroa ve Arı Viromunun Belirlenmesi

6.1. Metagenomik Yöntemlerin Önemi

Son yıllarda metagenomik analizler, bal arılarında ve parazit akar *Varroa destructor*'da bulunan virüslerin çeşitliliğini belirlemede devrim niteliğinde ilerlemeler sağlamıştır (12, 91, 92). Geleneksel PCR temelli yöntemler yalnızca bilinen virüslerin tespitine olanak tanırken, yeni nesil dizileme (NGS) teknolojileri, konak ve vektör organizmalarda daha önce tanımlanmamış virüslerin de ortaya çıkarılmasına imkân tanımıştır (93-95).

Metagenomik yöntemler, yalnızca Varroa'nın taşıdığı virüslerin belirlenmesini değil, aynı zamanda bu virüslerin konak (arı) ve vektör (akar) arasındaki aktarım dinamiklerinin çözülmesini de sağlamaktadır (9). Metagenomik analizler ile Varroa'nın sadece bir taşıyıcı değil, aynı zamanda belirli virüslerde biyolojik replikasyonun gerçekleştiği bir konak olduğu da kanıtlanmıştır (58, 63, 78).

6.2. Varroa ve Arı Viromlarının Karşılaştırmalı Analizi

Metagenomik veriler, Varroa ve bal arısı viromlarının karmaşık ancak birbiriyle bağlantılı ekosistemler olduğunu göstermektedir. Arılarda tespit edilen virüslerin çoğu, aynı zamanda Varroa örneklerinde de bulunmuştur (9, 10). Bununla birlikte, bazı virüslerin yalnızca akar dokularında çoğaldığı, dolayısıyla Varroa'ya özgü simbiyotik virom oluşturduğu belirlenmiştir (63, 85, 89).

Örneğin, VDV-1 (DWV-B) hem arılarda hem Varroa'da aktif replikasyon gösterirken, VDV-2 ve VdMLV yalnızca akar içinde çoğalmaktadır (53, 78, 87). Bu farklılıklar, virüslerin Varroa-bal arısı etkileşimini yönlendiren evrimsel dinamikleri anlamada kritik öneme sahiptir (9, 22).

6.3. Yeni Virüslerin Keşfi ve Viromun Evrimi

Metagenomik yöntemler, Varroa ve bal arısı viromlarının dinamik, sürekli evrimleşen bir ekosistem olduğunu ortaya koymuştur. Kwon, Jung (95), Kore’de koloni kayıpları sonrası yapılan analizlerde, bilinen virüslerin yanı sıra yeni *Iflavirus* benzeri RNA virüsleri belirlemiştir. Benzer biçimde Kadleckova, Salakova (89), Avrupa’daki sağlıklı arı kolonilerinde daha önce tanımlanmamış DNA virüsleri (örneğin *Apis mellifera macula-like virus 2*) tanımlamıştır. Chang, Chen (58) ise Tayvan’da hem bal arılarında hem Varroa akarlarında yürüttüğü RNA-virom analizinde, VDV-4, VDV-5 ve Varroa-exclusive viruses (VdEVs) olarak adlandırılan yeni sekansları ortaya çıkarmıştır.

Bu bulgular, Varroa’nın yalnızca virüs taşıyıcısı değil, aynı zamanda virüs evrimi ve yeniden kombinasyon süreçlerinde aktif bir rol oynayan ekolojik bir merkez olduğunu göstermektedir (21, 54).

6.4. Geleceğe Yönelik Perspektifler

Metagenomik teknolojiler, Varroa ve bal arısı etkileşiminde mikrobiyal çeşitliliği ortaya koymak açısından büyük potansiyele sahiptir. Ancak elde edilen verilerin yorumlanması için standardize edilmiş protokoller, ortak referans veri tabanları ve konak–vektör ayırımını netleştiren deneysel doğrulamalar gereklidir (9, 73). Gelecekte yapılacak yüksek çözünürlüklü metatranskriptomik çalışmalar, yalnızca patojen tanımlamayı değil, aynı zamanda virüslerin Varroa biyolojisi ve arı bağışıklığı üzerindeki düzenleyici rollerini anlamayı da mümkün kılacaktır.

7. Sonuç ve Değerlendirme

Varroa destructor, modern arıcılığın karşı karşıya olduğu en ciddi biyotik tehditlerden biridir. Akarın etkisi yalnızca doğrudan beslenme zararıyla sınırlı kalmamakta, aynı zamanda bal arısı virüslerinin taşınması, çoğalması ve koloniler arasında yayılması süreçlerinde merkezi bir rol oynamaktadır (9, 10, 21). Bu nedenle Varroa–virüs etkileşimi, koloni çöküşlerinin temel biyolojik mekanizması olarak değerlendirilmektedir.

Metagenomik çalışmalar, hem Varroa hem de *Apis mellifera*’da karmaşık bir virom ekosisteminin bulunduğunu ortaya koymuştur. Varroa akarları yalnızca *Deforme Kanat Virüsü (DWV)* gibi bilinen patojenleri taşımakla kalmayıp, aynı zamanda VDV-2, VDV-3, VdMLV ve yeni tanımlanan *Varroa-exclusive viruses* gibi yalnızca akar bünyesinde çoğalan virüslere de ev sahipliği yapmaktadır (58, 63, 78). Bu durum, Varroa’nın bir “vektör” olmanın ötesinde, kendi viral ekosistemine sahip bir mikrohabitat olduğunu göstermektedir.

Bu derlemede öne çıkan sonuçlar şu şekilde özetlenebilir:

1. Varroa destructor, bal arısı fizyolojisinde hem bağışıklık hem enerji metabolizmasını bozan çift yönlü bir parazittir.
2. Akarın varlığı, başta DWV kompleksi olmak üzere çok sayıda RNA virüsünün bulaşmasını, replikasyonunu ve patojenitesini artırmaktadır.

3. Metagenomik yaklaşımlar sayesinde, Varroa'ya özgü yeni virüslerin tanımlanması mümkün olmuş; bu virüslerin akar biyolojisi ve kontrol potansiyeli yönünden önemli olabileceđi anlaşılmıştır.
4. Gelecekte yapılacak yüksek çözünürlüklü metatranskriptomik ve konak–vektör etkileşim modellerine dayalı çalışmalar, Varroa–virüs–bal arısı üçgeninde moleküler düzeyde yeni mekanizmaların aydınlatılmasına katkı sağlayacaktır.

Sonuç olarak, Varroa destructor'un taşıdığı ve bünyesinde barındırdığı virüsler, bal arısı sağlığı ve küresel arıcılık sürdürülebilirliği açısından kritik öneme sahiptir. Kimyasal kontrol yöntemlerinin direnç ve kalıntı sorunları dikkate alındığında, gelecekte Varroa'ya özgü virüslerin **biyolojik kontrol ajanı** olarak değerlendirilmesi, entegre zararlı yönetimi (IPM) kapsamında yenilikçi bir yaklaşım sunabilir. Bu amaçla, Varroa ve arı viromlarının ekolojik, genetik ve fonksiyonel temelde birlikte ele alınması gerekmektedir.

Kaynakça

1. Traynor KS, Mondet F, de Miranda JR, Techer M, Kowallik V, Oddie MAY, et al. Varroa destructor: A Complex Parasite, Crippling Honey Bees Worldwide. Trends Parasitol. 2020;36(7):592–606.
2. Noël A, Le Conte Y, Mondet F. Varroa destructor: how does it harm Apis mellifera honey bees and what can be done about it? Emerg Top Life Sci. 2020;4(1):45–57.
3. Warner S, Pokhrel L, Akula S, Ubah C, Richards S, Jensen H, et al. A scoping review on the effects of Varroa destructor on global honey bee decline. Sci Total Environ. 2024;906:167492.
4. Anderson D, Trueman J. Varroa jacobsoni (Acari: Varroidae) is more than one species. Exp Appl Acarol. 2000;24(3):165–89.
5. Rosenkranz P, Aumeier P, Ziegelmann B. Biology and control of Varroa destructor. J Invertebr Pathol. 2010;103 Suppl 1:S96–119.
6. Guzmán-Novoa E, Eccles L, Calvete Y, McGowan J, Kelly P, Correa-Benítez A. Varroa destructor is the main culprit for the death and reduced populations of overwintered honey bee (Apis mellifera) colonies in Ontario, Canada. Apidologie. 2010;41(4):443–50.
7. Le Conte Y, Ellis M, Ritter W. Varroa mites and honey bee health: can Varroa explain part of the colony losses? Apidologie. 2010;41(3):353–63.
8. McMenamin AJ, Genersch E. Honey bee colony losses and associated viruses. Curr Opin Insect Sci. 2015;8:121–9.
9. Lester PJ, Felden A, Baty JW, Bulgarella M, Haywood J, Mortensen AN, et al. Viral communities in the parasite Varroa destructor and in colonies of their honey bee host (Apis mellifera) in New Zealand. Sci Rep. 2022;12(1):8809.
10. Martin SJ, Highfield AC, Brettell L, Villalobos EM, Budge GE, Powell M, et al. Global honey bee viral landscape altered by a parasitic mite. Science. 2012;336(6086):1304–6.
11. Nazzi F, Le Conte Y. Ecology of Varroa destructor, the Major Ectoparasite of the Western Honey Bee, Apis mellifera. Annu Rev Entomol. 2016;61(1):417–32.
12. Grozinger CM, Flenniken ML. Bee Viruses: Ecology, Pathogenicity, and Impacts. Annu Rev Entomol. 2019;64:205–26.
13. Yang X, Cox-Foster DL. Impact of an ectoparasite on the immunity and pathology of an invertebrate: evidence for host immunosuppression and viral amplification. Proc Natl Acad Sci U S A. 2005;102(21):7470–5.

14. Annoscia D, Brown S, Di Prisco G, De Paoli E, Del Fabbro S, Frizzera D. Haemolymph removal by Varroa mite destabilizes the dynamical interaction between immune effectors and virus in bees. *Proc Biol Sci.* 2019;286:20190331.
15. Solignac M, Cornuet JM, Vautrin D, Le Conte Y, Anderson D, Evans J, et al. The invasive Korea and Japan types of Varroa destructor, ectoparasitic mites of the Western honeybee (*Apis mellifera*), are two partly isolated clones. *Proc Biol Sci.* 2005;272(1561):411–9.
16. Navajas M, Anderson D, De Guzman L, Huang Z, Clement J, Zhou T, et al. New Asian types of Varroa destructor: a potential new threat for world apiculture. *Apidologie.* 2010;41(2):181–93.
17. Warrit N, Hagen T, Smith D, Çakmak İ. A survey of Varroa destructor strains on *Apis mellifera* in Turkey. *J Apic Res.* 2004;43(4):190–1.
18. Ayan A, Aldemir O. Genetic characterization of Varroa destructor prevalent in honeybees (*Apis mellifera*) in Aydin, Turkey. *Mehmet Akif Ersoy Univ J Health Sci Inst.* 2018;6(1):26–32.
19. Koc N, Inak E, Jonckheere W, Van Leeuwen T. Genetic analysis and screening of pyrethroid resistance mutations in Varroa destructor populations from Turkey. *Exp Appl Acarol.* 2021;84(2):433–44.
20. Erdem E, Koc-Inak N, Rustemoglu M, Inak E. Geographical distribution of pyrethroid resistance mutations in Varroa destructor across Türkiye and a European overview. *Exp Appl Acarol.* 2024;92(3):309–21.
21. Wilfert L, Long G, Leggett HC, Schmid-Hempel P, Butlin R, Martin SJ, et al. Deformed wing virus is a recent global epidemic in honeybees driven by Varroa mites. *Science.* 2016;351(6273):594–7.
22. Piou V, Schurr F, Dubois E, Vetillard A. Transmission of deformed wing virus between Varroa destructor foundresses, mite offspring and infested honey bees. *Parasit Vectors.* 2022;15(1):333.
23. Shimanuki H, Calderone N, Knox D. Parasitic mite syndrome: The symptoms. *Am Bee J.* 1994;134:827–8.
24. Oudemans A. On a new genus and species of parasitic acari. *Notes from the Leyden Museum.* 1904;24:216–8.
25. Anderson DL, Trueman JW. *Varroa jacobsoni* (Acari: Varroidae) is more than one species. *Exp Appl Acarol.* 2000;24(3):165–89.
26. Evans JD, Lopez DL. Complete mitochondrial DNA sequence of the important honey bee pest, Varroa destructor (Acari: Varroidae). *Exp Appl Acarol.* 2002;27(1-2):69–78.
27. Gajic B, Stevanovic J, Radulovic Z, Kulisic Z, Vejnovic B, Glavinic U, et al. Haplotype identification and detection of mitochondrial DNA heteroplasmy in Varroa destructor mites using ARMS and PCR-RFLP methods. *Exp Appl Acarol.* 2016;70(3):287–97.

28. De Jong D, De Andrea Roma D, Goncalves L. A comparative analysis of *Varroa jacobsoni* in Brazil. *Apidologie*. 1982;13:47–59.
29. Maggi M, Sardella N, Ruffinengo S, Eguaras M. Morphometric notes on *Varroa destructor*. *Exp Appl Acarol*. 2012;57:227–35.
30. De Ruijter A, Kaas J. Sensory organs on the forelegs of *Varroa jacobsoni*. *Apidologie*. 1983;14:21–34.
31. Peck DT, Seeley TD. Mite bombs or robber lures? The roles of drifting and robbing in *Varroa destructor* transmission from collapsing honey bee colonies to their neighbors. *PLoS One*. 2019;14(6):e0218392.
32. Krejčí A, Votýpková K, Lukeš J, Votýpka J. *Varroa destructor*. *Trends Parasitol*. 2023;39(6):487–8.
33. Huang ZY, Bian G, Xi Z, Xie X. Genes important for survival or reproduction in *Varroa destructor* identified by RNAi. *Insect Sci*. 2019;26(1):68–75.
34. Frey E, Schnell H, Rosenkranz P. Invasion of *Varroa destructor* mites into mite-free honey bee colonies under the controlled conditions of a military training area. *J Apic Res*. 2011;50(2):138–44.
35. Seeley T, Smith M. Crowding honeybee colonies in apiaries can increase their vulnerability to the deadly ectoparasite *Varroa destructor*. *Apidologie*. 2015;46(6):716–27.
36. Boot W, Calis J, Beetsma J. Invasion of *Varroa jacobsoni* into honey bee brood cells: a matter of chance or choice? *J Apic Res*. 1993;32:167–74.
37. Garrido C. Reproduktionssteuerung bei der parasitischen Bienenmilbe *Varroa destructor* Anderson & Trueman (ehemals *Varroa jacobsoni*). Universität Hohenheim 2004.
38. Boot W, Calis J, Beetsma J. A. *cerana* erkek yavru gözlerinde *Varroa* üremesi. *J Apic Res*. 1996;35.
39. Rath W. Co-adaptation of *Apis cerana* Fabr. and *Varroa jacobsoni* Oud. *Apidologie*. 1999;30:97–110.
40. Mondet F, Beaufrepaire A, McAfee A, Locke B, Alaux C, Blanchard S, et al. Honey bee survival mechanisms against the parasite *Varroa destructor*: a systematic review of phenotypic and genomic research efforts. *Int J Parasitol*. 2020;50(6-7):433–47.
41. Nganso B, Fombong A, Yusuf A, Pirk C, Stuhl C, Torto B. Hygienic and grooming behaviors in African and European honeybees—new damage categories in *Varroa destructor*. *PLoS One*. 2017;12(6):e0179329.
42. İlikler I, Yüzbaflı A. Ege Bölgesi Balarılarında (*Apis mellifera* L.) Arı Zararlıları. Bornova, İzmir: Tarım ve Orman Bakanlığı; 1981.

43. Aydın L, Güleğen E, Çakmak İ, Girişgin A. The occurrence of *Varroa destructor* Anderson and Trueman, 2000 on honey bees in Turkey. *Turk J Vet Anim Sci.* 2007;31(3):189–91.
44. Rooth M. *Varroa* mite detected at Port of Melbourne on a ship from United States. *ABC Rural.* 2018;29.
45. Government A. *Varroa* mite (*Varroa destructor*): pest situation. National pest & disease outbreaks2022. Available from: <https://www.outbreak.gov.au/current-responses-to-outbreaks/varroa-mite>.
46. Piou V, Arafah K, Bocquet M, Bulet P, Vetillard A. The proteomic content of *Varroa destructor* gut varies according to the developmental stage of its host. *PLoS Pathog.* 2024;20(12):e1012802.
47. Han B, Wu J, Wei Q, Liu F, Cui L, Rueppell O, et al. Life-history stage determines the diet of ectoparasitic mites on their honey bee hosts. *Nat Commun.* 2024;15(1):725.
48. Di Prisco G, Pennacchio F, Caprio E, Boncristiani HF, Jr., Evans JD, Chen Y. *Varroa destructor* is an effective vector of Israeli acute paralysis virus in the honeybee, *Apis mellifera*. *J Gen Virol.* 2011;92(Pt 1):151–5.
49. Boecking O, Genersch E. Varroosis—the ongoing crisis in beekeeping. *J Verbrauch Lebensm.* 2008;3(2):221–8.
50. Jack CJ, Ellis JD. Integrated Pest Management Control of *Varroa destructor* (Acari: Varroidae), the Most Damaging Pest of (*Apis mellifera* L. (Hymenoptera: Apidae)) Colonies. *J Insect Sci.* 2021;21(5):6.
51. Lamas Z, Evans J. Deadly triangle: honey bees, mites, and viruses. *Front Bee Sci.* 2024;2:1418667.
52. Martin SJ, Brettell LE. Deformed Wing Virus in Honeybees and Other Insects. *Annu Rev Virol.* 2019;6(1):49–69.
53. Gisder S, Aumeier P, Genersch E. Deformed wing virus: replication and viral load in mites (*Varroa destructor*). *J Gen Virol.* 2009;90(Pt 2):463–7.
54. Ryabov EV, Wood GR, Fannon JM, Moore JD, Bull JC, Chandler D, et al. A virulent strain of deformed wing virus (DWV) of honeybees (*Apis mellifera*) prevails after *Varroa destructor*-mediated, or in vitro, transmission. *PLoS Pathog.* 2014;10(6):e1004230.
55. Gisder S, Genersch E. Direct Evidence for Infection of *Varroa destructor* Mites with the Bee-Pathogenic Deformed Wing Virus Variant B - but Not Variant A - via Fluorescence-in situ-Hybridization Analysis. *J Virol.* 2021;95(5):e01786–20.
56. de Miranda JR, Cordoni G, Budge G. The Acute bee paralysis virus-Kashmir bee virus-Israeli acute paralysis virus complex. *J Invertebr Pathol.* 2010;103 Suppl 1:S30–47.

57. Mondet F, de Miranda JR, Kretzschmar A, Le Conte Y, Mercer AR. On the front line: quantitative virus dynamics in honeybee (*Apis mellifera* L.) colonies along a new expansion front of the parasite *Varroa destructor*. *PLoS Pathog.* 2014;10(8):e1004323.
58. Chang F, Chen Y, Hsu P, Wu T, Sung I, Wu M, et al. RNA metagenomics revealed insights into the viromes of honey bees (*Apis mellifera*) and *Varroa destructor* in Taiwan. *J Invertebr Pathol.* 2025:108341.
59. Doublet V, Oddie MAY, Mondet F, Forsgren E, Dahle B, Furuseth-Hansen E, et al. Shift in virus composition in honeybees (*Apis mellifera*) following worldwide invasion by the parasitic mite and virus vector *Varroa destructor*. *R Soc Open Sci.* 2024;11(1):231529.
60. Francis RM, Nielsen SL, Kryger P. *Varroa*-virus interaction in collapsing honey bee colonies. *PLoS One.* 2013;8(3):e57540.
61. Flores JM, Gamiz V, Jimenez-Marin A, Flores-Cortes A, Gil-Lebrero S, Garrido JJ, et al. Impact of *Varroa destructor* and associated pathologies on the colony collapse disorder affecting honey bees. *Res Vet Sci.* 2021;135:85–95.
62. Ongus JR, Peters D, Bonmatin JM, Bengsch E, Vlak JM, van Oers MM. Complete sequence of a picorna-like virus of the genus *Iflavirus* replicating in the mite *Varroa destructor*. *J Gen Virol.* 2004;85(Pt 12):3747–55.
63. Levin S, Sela N, Erez T, Nestel D, Pettis J, Neumann P, et al. New Viruses from the Ectoparasite Mite *Varroa destructor* Infesting *Apis mellifera* and *Apis cerana*. *Viruses.* 2019;11(2):94.
64. Barroso-Arevalo S, Fernandez-Carrion E, Goyache J, Molero F, Puerta F, Sanchez-Vizcaino JM. High Load of Deformed Wing Virus and *Varroa destructor* Infestation Are Related to Weakness of Honey Bee Colonies in Southern Spain. *Front Microbiol.* 2019;10:1331.
65. Martin S, Ball B, Carreck N. The role of deformed wing virus in the initial collapse of *Varroa*-infested honey bee colonies in the UK. *J Apic Res.* 2013;52(5):251–8.
66. Bowen-Walker PL, Martin SJ, Gunn A. The transmission of deformed wing virus between honeybees (*Apis mellifera* L.) by the ectoparasitic mite *Varroa jacobsoni* Oud. *J Invertebr Pathol.* 1999;73(1):101–6.
67. Mordecai GJ, Wilfert L, Martin SJ, Jones IM, Schroeder DC. Diversity in a honey bee pathogen: first report of a third master variant of the Deformed Wing Virus quasispecies. *ISME J.* 2016;10(5):1264–73.
68. Moore J, Jironkin A, Chandler D, Burroughs N, Evans DJ, Ryabov EV. Recombinants between Deformed wing virus and *Varroa destructor* virus-1 may prevail in *Varroa destructor*-infested honeybee colonies. *J Gen Virol.* 2011;92(Pt 1):156–61.

69. Natsopoulou M, McMahon D, Doublet V, Frey E, Rosenkranz P, Paxton R. The virulent, emerging genotype B of Deformed wing virus is closely linked to overwinter honeybee worker loss. *Sci Rep.* 2017;7(1):5242.
70. Kevill JL, Stainton KC, Schroeder DC, Martin SJ. Deformed wing virus variant shift from 2010 to 2016 in managed and feral UK honey bee colonies. *Arch Virol.* 2021;166(10):2693–702.
71. Norton AM, Remnant EJ, Buchmann G, Beekman M. Accumulation and Competition Amongst Deformed Wing Virus Genotypes in Naive Australian Honeybees Provides Insight Into the Increasing Global Prevalence of Genotype B. *Front Microbiol.* 2020;11:620.
72. de Miranda JR, Genersch E. Deformed wing virus. *J Invertebr Pathol.* 2010;103 Suppl 1:S48–61.
73. De Miranda J, Bailey L, Ball B, Blanchard P, Budge G, Chejanovsky N. Standard methods for virus research in *Apis mellifera*. *J Apic Res.* 2013;52(4):1–56.
74. Chen Y, Pettis J, Evans J, Kramer M, Feldlaufer M. Transmission of Kashmir bee virus by the ectoparasitic mite *Varroa destructor*. *Apidologie.* 2004;35(4):441–8.
75. Shen M, Yang X, Cox-Foster D, Cui L. The role of varroa mites in infections of Kashmir bee virus (KBV) and deformed wing virus (DWW) in honey bees. *Virology.* 2005;342(1):141–9.
76. Genersch E, Aubert M. Emerging and re-emerging viruses of the honey bee (*Apis mellifera* L.). *Vet Res.* 2010;41(6):54.
77. Sabahi Q, Morfin N, Nehzati-Paghaleh G, Guzman-Novoa E. Detection and replication of deformed wing virus and black queen cell virus in parasitic mites, *Varroa destructor*, from Iranian honey bee (*Apis mellifera*) colonies. *J Apic Res.* 2020;59(2):211–7.
78. Damayo J, McKee R, Buchmann G, Norton A, Ashe A, Remnant E. Virus replication in the honey bee parasite, *Varroa destructor*. *J Virol.* 2023;97(12):e01149–23.
79. Forgach P, Bakonyi T, Tapasztó Z, Nowotny N, Rusvai M. Prevalence of pathogenic bee viruses in Hungarian apiaries: situation before joining the European Union. *J Invertebr Pathol.* 2008;98(2):235–8.
80. Ogihara M, Behri M, Yoshiyama M. Detection of bee viruses from *Apis mellifera* (Hymenoptera: Apidae) and *Varroa destructor* (Acari: Varroidae) in Japan. *Appl Entomol Zool.* 2024;59(4):293–303.
81. Santillán-Galicia M, Ball B, Clark S, Alderson P. Transmission of deformed wing virus and slow paralysis virus to adult bees (*Apis mellifera* L.) by *Varroa destructor*. *J Apic Res.* 2010;49(2):141–8.

82. de Miranda JR, Dainat B, Locke B, Cordon G, Berthoud H, Gauthier L, et al. Genetic characterization of slow bee paralysis virus of the honeybee (*Apis mellifera* L.). *J Gen Virol.* 2010;91(Pt 10):2524–30.
83. Daughenbaugh K, Martin M, Brutscher L. Honey bee infecting Lake Sinai viruses. *Viruses.* 2015;7:3285–309.
84. Lopes AR, Low M, Martin-Hernandez R, de Miranda JR, Pinto MA. *Varroa destructor* shapes the unique viral landscapes of the honey bee populations of the Azores archipelago. *PLoS Pathog.* 2024;20(7):e1012337.
85. Herrero S, Millan-Leiva A, Coll S, Gonzalez-Martinez RM, Parenti S, Gonzalez-Cabrera J. Identification of new viral variants specific to the honey bee mite *Varroa destructor*. *Exp Appl Acarol.* 2019;79(2):157–68.
86. Levin S, Sela N, Chejanovsky N. Two novel viruses associated with the *Apis mellifera* pathogenic mite *Varroa destructor*. *Sci Rep.* 2016;6(1):37710.
87. De Miranda J, Cornman R, Evans J, Semberg E, Haddad N, Neumann P, et al. Genome characterization, prevalence and distribution of a macula-like virus from *Apis mellifera* and *Varroa destructor*. *Viruses.* 2015;7(7):3586–602.
88. Erban T, Harant K, Hubalek M, Vitamvas P, Kamler M, Poltronieri P, et al. In-depth proteomic analysis of *Varroa destructor*: Detection of DWV-complex, ABPV, VdMLV and honeybee proteins in the mite. *Sci Rep.* 2015;5(1):13907.
89. Kadleckova D, Salakova M, Erban T, Tachezy R. Discovery and characterization of novel DNA viruses in *Apis mellifera*: expanding the honey bee virome through metagenomic analysis. *mSystems.* 2024;9(4):e0008824.
90. Jobart B, Delatte H, Lebreton G, Cazanove N, Esnault O, Clemencet J, et al. Parasite and virus dynamics in the honeybee *Apis mellifera unicolor* on a tropical island recently invaded by *Varroa destructor*. *J Invertebr Pathol.* 2024;204:108125.
91. Galbraith DA, Fuller ZL, Ray AM, Brockmann A, Frazier M, Gikungu MW, et al. Investigating the viral ecology of global bee communities with high-throughput metagenomics. *Sci Rep.* 2018;8(1):8879.
92. Bonning B. The insect virome: opportunities and challenges. *Curr Issues Mol Biol.* 2019;34.
93. Varghese F, van Rij R. Insect virus discovery by metagenomic and cell culture-based approaches. *Viral Metagenomics: Methods and Protocols.* New York: Springer; 2018. p. 197–213.

- 94.Kadleckova D, Tachezy R, Erban T, Deboutte W, Nunvar J, Salakova M, et al. The Virome of Healthy Honey Bee Colonies: Ubiquitous Occurrence of Known and New Viruses in Bee Populations. *mSystems*. 2022;7(3):e0007222.
- 95.Kwon M, Jung C, Kil EJ. Metagenomic analysis of viromes in honey bee colonies (*Apis mellifera*; Hymenoptera: Apidae) after mass disappearance in Korea. *Front Cell Infect Microbiol*. 2023;13:1124596.