

REVIEW ARTICLE / DERLEME MAKALESİ

Bal Arılarının Bağırsak Yapısına Etki Eden Faktörler

Factors Affecting The Intestinal Structures of Honey Bees

Seçil ALDEMİR¹, Rahşan İvgin TUNCA², Erkan TOPAL¹, Rodica MARGAOAN^{3,4}

¹Ege Tarımsal Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü Menemen, İzmir/Türkiye

²Muğla Sıtkı Koçman Üniversitesi, Ula Meslek Yüksek Okulu, Muğla/Türkiye

³Tarım Bilimleri ve Veterinerlik Üniversitesi, Bahçe Bitkileri Fakültesi, Cluj-Napoca/Romanya

⁴Transilvanya İleri Bahçe Kültürleri Araştırma Enstitüsü, Cluj-Napoca/Romanya

MAKALE BİLGİSİ

ÖZET

Geliş : 21.06.2019

Kabul : 30.06.2019

Anahtar kelimeler:

Bal arısı, Bağırsak, mikroflora,
Beslenme, Hastalık

Sorumlu yazar:

Seçil ALDEMİR

seçil.aldemir@tarimorman.gov.tr

Arıcılık, çevre koşulları ile iç içe yapılan bir üretim faaliyetidir. Son yıllarda koloni kayıplarının ardından çalışılan bir konu da bal arılarında bağırsak mikroflorasıdır. Bağırsak mikroflorasının; metabolizma, bağışıklık fonksiyonu, büyüme-gelişmede rol oynadığı ve özellikle arı sağlığının korumasına etkili olduğu anlaşılmıştır. Bal arılarında ki bağırsak yapısına; parazit ve patojenlerle mücadelede kullanılan kimyasallar maddeler, mevsim, flora, besin kaynakları, bireyin yaşı veya kovan içi görevi ve birçok diğer faktör etki edebilmektedir. Bu çalışmada, son dönemlerde dünyada yapılmış olan bal arıların bağırsak yapısı ve bu yapıyı etkileyen çalışmalar derlenmiştir. Bal arısı bağırsak yapısını ve mikrobiyotasını etkileyen faktörlerin yetiştiricilik uygulamaları üzerindeki etkileri dikkat çekilerek açıklanmaya çalışılmıştır.

ARTICLE INFO

ABSTRACT

Received : 21.06.2019

Accepted : 30.06.2019

Keywords:

Honeybee, Gut microflora,
Nutrition, Disease

Corresponding author:

Seçil ALDEMİR

seçil.aldemir@tarimorman.gov.tr

Beekeeping is a production activity that is related with environmental conditions. Another topic that has been studied following colony losses in recent years is intestinal microflora in honey bees. Intestinal microflora has an important role in metabolism, immune function, growth-development and especially bee health protection. The intestinal structure of honey bees can be affected by chemicals used against both parasites and pathogens, seasons, flora, nutrient sources, the age of the individual or hive task and many other factors. In this study, the literature evaluating intestinal structure of honey bees and factors affecting this structure is reviewed. The effects of the factors affecting the bee intestinal structure and microbiota on the cultivation practices were tried to be explained.

1. Giriş

Tozlaştırıcılar içinde yer alan arılar, karasal ekosistem sürdürülebilirliğinin ve tarımsal üretkenliğin kilit unsurlarından biridir. Arılar da dahil olmak üzere tüm hayvanlar, genellikle mikrobiyota olarak adlandırılan çeşitli mikroorganizma topluluğu ile ilişkili olup (Engel ve ark. 2016) son yıllarda bal ve bombus arılarının mikrobiyotası ile ilgili çalışmalar artmıştır (Martinson ve ark. 2011; Kwong ve Moran, 2013).

Böcek bağırsakları, mikrobiyal gelişim için en uygun üreme alanıdır. Temel fonksiyonların yürütülebilmesi için böcekler ve bağırsak mikrobiyotası arasında oldukça önemli bir ilişki vardır. Böceklerin sindirim sistemlerindeki morfolojik ve fizikokimyasal özelliklerindeki farklılıklar mikroorganizma topluluk yapısını büyük ölçüde etkiler.

Bağırsak mikroorganizmaları ile konakçı bireyler arasındaki yakın ilişki evriminin önündeki tek engel yeterli bulaşmanın olmamasıdır. Termitler, karıncalar ve arılar gibi sosyal böcekler, beslenmede uzmanlaşmış yararlı işlevler sağladıkları için istisnadır. Bağırsak mikroorganizmaları, birçok türün beslenmesi, fizyolojisi, bağışıklık tepkileri ve patojen direncinde kritik öneme sahiptir (Pal ve Karmakar, 2018).

Hayvan bağırsağındaki mikroorganizmalar; gıdaların sindirimi, detoksifikasyon, patojenlere ve parazitlere karşı koruma, modülasyon geliştirme ve bağışıklığın artmasına katkı sağlayabilmektedirler (Flint ve ark. 2012; Hooper ve ark. 2012; Engel ve Moran, 2013; Khan ve ark. 2017; Raymann ve Moran, 2018; Bonilla-Rosso ve Engel, 2018). Bonilla-Rosso ve Engel (2018) arı bağırsağı mikrobiyotasının basit bileşiminin, böcek bireylerin rolünün ortaya konulmasını sağladıklarını belirtmişlerdir. Ayrıca sosyal arıların sağlıklı gelişim gösteren bağırsak mikrobiyotasının potansiyel olarak zararlı mikroorganizmaların koloni oluşturmalarını engellediklerini bildirmişlerdir.

Bal ve bombus arılarını içeren yüksek derecede sosyal arılar ve soliter arılar her yerde bulunurlar. Yürütülen geniş çaplı araştırma sonuçlarına göre Soliter atalardan gelen eusosyal corbiculate arının ortaya çıkması, beş ana bağırsak bakterisi (Snodgrassella, Gilliamella, Lactobacillus Form-4, Lactobacillus Form-5, Bifidobacterium) soyunun kazanılmasıyla örtüşmekte ve özel mikrobiyomların sosyalliğin gelişimini kolaylaştırdığı hipotezini desteklemektedir (Kwong ve ark. 2017).

Bal arıları, popülasyonlar boyunca değişmediği düşünülen çekirdek bir bağırsak mikrobiyal topluluğunu barındıran ekolojik ve ekonomik olarak önemli olan polinatörlerdir (Jones ve ark. 2018a). Bal arısı bağırsak mikrobiyotasına az sayıda bakteri türü hakimdir. Bal arılarının fizyolojisi, gelişimi ve davranışları nispeten iyi anlaşılmış ve bu olaylarla ilgili

olarak analizler yapılmıştır. Bu güne kadar, bal arısı bağırsağında ki mikrobiyota ile ilgili yapılan çalışmalar mikrobiyotanın; beslenmeyi, kilo alımını, endokrin sinyalizasyonunu, bağışıklık fonksiyonunu ve patojen direncini etkilediğini göstermektedir. İnsanlarda olduğu gibi, mikrobiyota bağırsakların distal kısmında yoğunlaşmakta ve bu bölgede bitki hücre duvarı bileşenlerinin sindirilmesine ve fermentasyonuna katkıda bulunmaktadır. Benzer şekilde, birçok arı bağırsak bakterisi arı bağırsağına özgüdür ve bireyler arasında sosyal etkileşim yoluyla doğrudan aktarılabilmektedir (Zheng ve ark. 2018). Bal arılarının özel bağırsak mikrobiyal yapısı, tıpkı memeli mikrobiyotasında ki gibi çoğunlukla konakçıya uyarlanmış, fakültatif anaerobik ve mikroaerofilik bakterilerden oluşmaktadır. Bununla birlikte, arı bağırsağının mikrobiyal yapısı, arılara özgü olan ve bireyler arasındaki sosyal etkileşimler yoluyla aktarılan, sadece dokuz bakteri (Bartonella apis, Parasaccharibacter apium, Frischella perrara, Snodgrassella alvi, Gilliamella apicola, Bifidobacterium spp., Lactobacillus Form-4, Lactobacillus Form-5, Diğer) türünün egemen olduğu memeli mikrobiyotasından çok daha basittir (Kwong ve Moran, 2016; Raymann ve Moran, 2018).

Son dönemlerdeki metagenomik analizler, çeşitli nedenlerle arının mikroflorasını meydana gelen değişikliklerin belirlenmesinde yararlıdır. Karbonhidrat metabolizması, koloni çökmesi sendromu, hastalık ilerleyişinin belirlenmesi, niş adaptasyonu ve beslenme gibi faktörler endüstriyel üretimde artış veya azalmadan sorumludur. Bal arısında koloni çökme sendromunun nedensel ajanları, yani bakteriler, parazitler, virüs, metagenomik analizlerle bağırsakta tanımlanmıştır. Bal arısı bağırsak metagenomu, koloni sağlığının biyolojik bir belirteci olarak katkı sağlar. Bal arısı bağırsağı, yararlı ve patojenik mikroorganizmaların rolünü incelemek için yeni bir paradigmadır. Hijyen, hastalık direnci, antibiyotik direnci, besin üretimi yani flora ve çevre, bal arı bağırsağı mikrobiyotasının etkilediği ve/veya etkilendiği kilit noktalar (Asraf, 2016). Bu makalede bağırsak mikrobiyotasının etkilendiği bu noktalar üzerinde yapılan çalışmalar değerlendirilmiştir.

2. Bağırsak Mikrobiyotasını Etkileyen Faktörler

2.1. Kimyasallar

Antibiyotiklerin yoğun kullanımının bal arısı bağırsağı mikrobiyomundaki çekirdek türlerin genetik çeşitliliğini azalttığı rapor edilmiştir (Raymann ve ark. 2018). Arıların maruz kaldığı faktörlerin, mikrobiyal topluluğun bazı üyelerinin nispi azlığı veya çokluğu üzerinde bazı etkileri vardır. Yani, kullanılan besin maddesi, neonikotinoid pestisit maruziyeti gibi farklı parametrelerinin baskın bal arısı bağırsak bakterilerini etkileyebileceği ve laboratuvar temelli çalışmaların bu

farklılıkları tetikleyen etkenin ne olduğunun anlaşılması için zorunlu olduğu bildirilmektedir (Jones ve ark. 2018a).

Farklı miktarlarda fungusit içeren polenlerin tüketiminin bal arıları ve bakıcı arıların bağırsaklarındaki bakteri kompozisyonu ve çeşitliliği üzerindeki etkilerini test etmek için iki yıl süreyle iki deney yapılmıştır. İlk olarak düşük doz olarak verilen mantar ilacıyla beslenen arılarda *Gilliamella* sp. ve bakteri taksonlarının sayısı daha düşük tespit edilmiştir. Yüksek doz fungusit uygulamasında bireyler arasında bakteri dağılımında özellikle *Lactobacillus* sp. türünde artış olduğu gözlenmiştir. Sonuç olarak bağırsak mikrobiyal topluluklarında görülen kayda değer farklılıkların, çevresel ve diyet faktörleri nedeniyle olduğu şeklinde yorumlanmaktadır (DeGrandi-Hoffman ve ark. 2017).

2.2. Hastalıklar

Nosema apis ve *Nosema ceranae* ergin bal arılarının bağırsak sistemine yerleşerek *Nosemosis*'e neden olmaktadır. *Nosemosis* en yaygın arı hastalıklarından birisidir ve dünya çapında önemli arı kayıplarına neden olur. Bu hastalık direkt olarak; sindirim sistemi bozukluklarına, arıların ortalama ömrünün kısalmasına ve koloni sayısının düşmesine indirekt olarak ise bal üretiminin ve polen toplamanın azalmasına ve kolonide önemli kış kayıplarına neden olmaktadır (Özüüçü ve Aydın, 2018; Panek ve ark. 2018). *Nosema ceranae* enfeksiyonu bağırsak bütünlüğünü bozmakta ve bal arılarındaki enerji metabolizmasını etkilemektedir. Enfeksiyon ayrıca, bağışıklık tepkisini önemli ölçüde baskılayabilmekte ve bal arılarında feromon üretimini değiştirebilmektedir (Paris ve ark. 2018). Bal arılarında *Nosema* spp. ve diğer patojenlerle mücadelesinde kullanılan yöntemlerin patojene karşı savunma, fizyoloji ve genel bal arısı sağlığı için ciddi sonuçlar doğurabilecek olan bağırsak mikroorganizma kompozisyonunda değişiklik olduğu bildirilmiştir (Diaz ve ark. 2018).

Bal arısı kolonileri, tam aydınlatılmayan Koloni Çökme Bozukluğu (CCD) olarak adlandırılan durum nedeniyle yüksek kayıplar yaşamaktadır. Çeşitli etkileşimli faktörlerin koloni düşüşleri ile bağlantılı olduğu ifade edilmektedir. Koloni Çökme Bozukluğu nedeniyle beslenme, sindirim ve boşaltım sistemi gibi birçok noktada sıkıntılar yaşanmaktadır (VanEngelsdorp ve ark. 2017).

3. Bağırsak Mikroorganizmalarının Arı Biyolojisine Etkileri

Bağırsak bakterilerinin genç yetişkin arılarda kilo alımını arttırdığı, insülin ve vitellogenin seviyelerini düzenleyen genlerin ekspresyonunu etkilediği ve sakkaroz duyarlılığını arttırdığı bildirilmiştir. Bağırsak

bakterileri bağırsağın fizikokimyasal koşullarını ve pH seviyelerini değiştirmektedir (Zheng ve ark. 2017).

Bal arılarının sağlıklı bağırsak mikrobiyotasının arının patojene dayanıklılığı üzerinde etkilidir. Nektar akışı bittikten sonra da benzer bir karbonhidrat kaynağı ile besleme uygulamasının arı bağırsak mikrobiyotasında çok az değişikliğe yol açtığı ve arıların bağırsaklarındaki mikrobiyal dengeyi koruduğu bildirilmiştir (D'Alvise ve ark. 2018).

Beta, Form-5 ve Gamma-1 filotiplerinin bal arısının yaşına ve bağırsak morfolojisinden etkilenecek sürekli bir kolonizasyon modeline sahip olduğu ve mikrobiyotaların topluluk yapısı sayısı bal arısı yaşam döngüsü boyunca değiştiğini bildirilmiştir. Larvalarda ve yeni çıkan işçi arıların bağırsaklarında bakterilerin olmadığını daha sonraki süreçte diğer işçi arılarla olan trophallaxis teması yoluyla işçi arınının bağırsagında bakteriyel floranın geliştiği bildirilmiştir. Yapılan moleküler düzeydeki çalışmalarda Beta ve Gamma-1 filotipleri için sırasıyla "*Candidatus snodgrassella alvi*" ve "*Candidatus gilliamella apicola*" adları önerilmiştir (Martinson ve ark. 2012).

4. Çevre ve Besin Üretimi

4.1. Flora ve Çevre

Bağırsak bakterileri gelişim, bağışıklık, sindirim ve ökaryotik konukçularının sağlığında önemli rol oynamaktadır. Son yıllarda, gıda seçimlerini de içeren çevresel faktörlerin, bağırsak mikrobiyotasının bileşimi ve aktivitesinin şekillendirilmesinde önemli rol oynadığına dair kanıtlar giderek artmaktadır. Bal arılarının bağırsak mikrobiyotasının kompozisyonu ve çeşitliliği üzerinde çevresel faktörlerin rolü hakkında Çin siyah bal arılarının bağırsak bakteriyel toplulukları, moleküler metodlar kullanılarak analiz edilmiştir. Kendi doğal alanlarında yetiştirilen Çin siyah bal arılarının diğer bölgelerden alınan Çin siyah bal arılarının bağırsak bakterileri daha fazla çeşitliliğine ve zenginliğine sahip olduğunu göstermiştir. Sonuçlar, ulusal doğa rezervlerin, Çin siyah bal arılarının bağırsak bakterilerinin çeşitliliği üzerinde önemli etkileri olan biyolojik, ekolojik ve evrimsel süreçleri koruduğu bildirilmiştir (Zhao ve ark. 2018).

Arizona ve Maryland bölgelerinde Moran ve ark. (2012), saha başına dört koloni olarak 40 işçi arının bağırsak mikrobiyotasını araştırdıkları bir çalışma gerçekleştirmişlerdir. Çalışmada, 16S ribozomal RNA gen bölgelerini çoğaltmak için universal primerler kullanılmışlardır. Elde edilen amplikonlar 454 pyrotag metodları kullanılarak sekanslanmıştır. Sonuçta; biri *Gammaproteobacteria* içinde ("*Candidatus gilliamella apicola*"), biri *Betaproteobacteria* içinde ("*Candidatus gilliamella apicola*"), ve diğer ikisi de *Lactobacillus* içinde olan dört filotipin, frekansları değişiklik gösterse de, her arıda mevcut olduğu belirlenmiştir. Tüm

kolonilerde ve her iki bölgede aynı tipik bakteriyel filotiplerin bulunduğu saptanmıştır.

Arabistan'da doğal bal arılarının bağırsak mikroflorasının yapısal çeşitliliği, iki farklı coğrafi bölgede (Riyad ve Al-Baha) *Apis mellifera jemenitica*'da kültüre bağımlı yöntemler ve 16S ribozomal RNA (rRNA) geni ile 100 bakteri izolatu elde edilmiştir. Bu izolatlar için yapılan filogenetik analizler sonucunda izolatların *Proteobacteria*, *Firmicutes* ve *Actinobacteria* olarak üç filada toplandıği tespit edilmiştir. Filumdaki bakteriler; *Proteobacteria* en baskın (17 tür), *Firmicutes* (13 tür) ve *Actinobacteria* (4 tür) olarak belirlenmiştir. Tanımlanan bazı bakterilerin (*Citrobacter sp.*, *Providencia vermicola*, *Exiguobacterium acetylicum* ve *Planomicrobium okeanokoites*) ilk kez *Apis* cinsinde tespit edildiği bildirilmiştir. Tespit edilen diğer bakterilerin *Proteus*, *Enterobacter*, *Bacillus*, *Morganella*, *Lactobacillus* ve *Fructobacillus* cinslerine ait olduğu belirlenmiştir. Çevresel farklılıkların bağırsak mikroorganizması üzerine etkileri bildirilmiştir (Khan ve ark. 2017).

Türkiye'de Kars İli'nde farklı istasyonlardan alınan Kafkas ırkına ait (*Apis mellifera caucasica*), canlı ve ölü arı örneklerinin, vücut yüzeyleri ile sindirim sistemlerine ait mikrofungus florasının belirlenmesine yönelik yapılan çalışma sonucunda; *Penicillium*, *Alternaria*, *Mucor*, *Trichoderma*, *Fusarium*, *Aspergillus*, *Ulocladium*, *Verticillium* ve *Zythia* cinslerine ait toplam 13 farklı fungus türü teşhis edilmiştir (Kırpık ve ark. 2010). Muğla yöresinde belirlenen üç istasyondan yapılan balarısı örneklemelerinden izole edilen fruktofilik laktik asit bakterilerinin (FLAB) biyokimyasal testler ve 16S rRNA dizi analizi ile fenotipik ve genotipik özelliklerinin ortaya konulduğu bir çalışmada farklı morfolojik ve biyokimyasal özelliklere sahip olan 5 izolatu (AT2, AT5, AT9, AT12, MA4-4) 16S rRNA nükleotid dizileri belirlenmiş ve moleküler filogenetik analizleri yapılmıştır. Oluşturulan filogenetik ağaç incelendiğinde AT2, *Enterococcus faecium* (%99.9 benzerlik), AT5, AT9, AT12, MA4-4 ise *Enterococcus casseliflavus* (%99.6-99.8 benzerlik) türlerine ait suşlar olarak tanımlanmıştır. Bugüne kadar yapılan araştırmalarda balarılarının bağırsak florasından izole edilen *Enterococcus sp.* türleri hakkında çok sınırlı sayıda çalışma bulunmaktadır. Literatürde rapor edilen sınırlı sayıda araştırma *Apis mellifera* ve *Apis dorsata* türleri üzerinde yapılan çalışmaları kapsamaktadır. Bu çalışma, *Apis mellifera anatoliaca* yerel ekotipi bağırsak mikroflorası üzerine yapılmış ilk araştırma olması yanında, balarılarının bağırsak mikroflorasından izole edilen *Enterococcus* türleri hakkındaki sınırlı sayıda çalışmaya da katkı sağladığı bildirilmiştir (Dönmez ve Şahin, 2018). Ellegard ve ark. (2018), bal arılarının bağırsaklarından izole ettikleri toplam 17 strainin (4'ü *Lactobacillus*, 13'ü ise *Bifidobacterium*, *Gilliamella*, *Snodgrassella*, *Frischella* ve *Commensalibacter* genuslarına ait toplam 17 strain) genomunu sekanslamışlardır. Elde

edilen bu genom dizileri, ortaya çıkan bağırsak mikrobiyota modelinin gelecekteki analizine yardımcı olacak kapsamlı bir referans veri tabanının geliştirilmesinde önemli bir adımı temsil etmektedir. Koloni sağlığının en iyi göstergelerinden biri bal üretimini performansdır.

Mikrobiyal topluluk yapısı ve koloni üretkenliği arasında bir ilişki olup olmadığına yönelik yürütülen bir çalışmada, bağırsak mikrobiyomunun 3 ana bakteri tarafından (*Proteobacteria*, *Bacilli* ve *Actinobacteria*) domine edildiği ve bunun dışında 23 farklı bakteri türünün bulunduğu tespit edilmiştir. Yoğun olarak *Frischella* ve *Gilliamella* cinsi bakteriler tespit edilirken bal verimi yüksek olan arılarda bağırsak mikrobiyomunun zengin olduğu belirlenmiştir (Horton ve ark. 2015).

4.2. Besin Üretimi

Arı ekmeği mikrobiyomu ve arazi florası üzerine Donkersley ve ark. (2018) bir çalışma gerçekleştirmişlerdir. Bakteri kompozisyonunu belirlemek için Illumina MiSeq DNA sekanslama ve Degrade Gradient Jel Elektrofrezini (DGGE) kullanmışlardır. Illumina MiSeq verilerine göre, *Pseudomonas*, *Arsenophonus*, *Lactobacillus*, *Erwinia* ve *Acinetobacter* belirlenen en yaygın cinsler olurken bunlardan *Acinetobacter* ve *Lactobacillus*, DGGE tarafından bulunan dizilerden güvenle tanımlanabilecek en yaygın cinsler olarak tespit edilmiştir. Bunun yanında bakteriyel kompozisyon ile peyzaj topluluğu arasında anlamlı korelasyon olduğunu ve arı ekmeği bakteriyel topluluk kompozisyonunun kovan yeri ile önemli ölçüde değiştiğini bildirilmişlerdir.

Bal arısı bağırsağı mikrobiyotasının, flavonoidler ve dış polen duvarı bileşenleri de dahil olmak üzere geniş bir polen türevi substrat yelpazesini kullandığı ve bu durumun, rektalıtıvar sekonder bitki metabolitlerinin ve polen sindiriminin degradasyonunda önemli bir rol oynadığı bildirilmiştir. Buna karşılık, organik asitlerin ve aromatik bileşik bozunma ara maddelerinin birikiminden çok sayıda türe ait bakterinin sorumlu olduğu belirlenmiştir. *Bifidobacterium asteroides*, arı gelişimini etkilediği bilinen hormonların üretimini uyarmaktadır. Çapraz beslemeli etkileşimler için kanıt bulurken, metabolik çıkışın en büyük payından sorumlu olan *Lactobacilli*'nin tek kolonize arılarda da tanımlanan metabolik değişikliklerin yaklaşık % 80'inden sorumludur. Bu durum bal arısı bağırsak bakterilerinin bağırsaktaki çok çeşitli bileşikleri bağımsız olarak kurup metabolize edebileceğini göstermektedir (Kesnerova ve ark. 2017).

Arı ürünleri, farklı LAB (Laktik Asit Bakterileri)'ni içeren bir mikrobiyotaya sahiptir. Bu bakteriler; polen, nektar tüketilerek ve koloninin yaşlı arılarıyla temas edilerek elde edilmektedir. Bal arıları ile ilişkili olan ve doğal olarak oluşan probiyotik laktik asit bakterilerinin (LAB) çeşitliliğini araştırmak ve bu bakterilerin bal

arısı stresörlerini yönetmek için probiyotik olarak kullanılabilme durumlarını anlamak için laboratuvar çalışması yapılmıştır. Bal arısı ortamından izole edilen probiyotik LAB'nin arılara profilaktik besin olarak verilmesi, arıların stresin üstesinden gelmelerine ve sağlıklarını sürdürmelerine yardımcı olabileceği ifade edilmiştir. Bal arılarının (*Apis cerana indica* Fabricius, *Apis mellifera* Linnaeus, *Apis florea* Fabricius, *Apis dorsata* Fabricius, *Tetragonula iridipennis* Smith) farklı türlerinden elde edilen bal midesi, bal, arı ekmeği, arı poleni ve arı sütü, LAB varlığı açısından incelenmiştir. Sonuçlar, analiz edilen örneklerde zengin bir LAB çeşitliliğini göstermiştir. 42 izolat, 7 LAB genusunda *Enterococcus* (% 23.8), *Micrococcus* (% 18.8), *Streptococcus* (% 13.8), *Pediococcus* (% 13.8), *Lactobacillus* (% 10.0), *Lactococcus* (% 10.0) ve *Leuconostoc* (% 10.0) olarak gruplanmıştır (Mathialagan ve ark., 2018).

Pek çok yeni çalışma kovan içindeki genç arıların bağırsaklarındaki çekirdek mikrobiyota fikrini desteklerken, bu çekirdeğin tarlacı arılarda veya kovana geri taşıdıkları polenlerde mevcut olup olmadığı bilinmemektedir. Ön midede tespit edilen 13 adet laktik asit bakterisi, çevre ve arı ekmeğinde sinerji içinde benzer bulunmuştur. Depolanmış polen ve balda, yüksek ozmotolerant ile aside dayanıklı bakterilerin *Lactobacillus kunkeei* ve *Alpha 2.2* (*Acetobacteraceae*) hakim olduğu tespit edilmiştir. Arı ekmeği mikrobiyal ortamının işçi görevinden etkilendiği belirlenmiştir (Corby-Harris ve ark. 2014).

Bir diğer çalışmada farklı gıda kaynakları ile beslenen arıların sindirim sistemi üzerinde farklı etkiye sahip olduğu ortaya konmuştur (özellikle orta midenin epitel tabakasında). Arıların bal ile beslenmesinin orta bağırsak epitel tabakasının üzerinde hiçbir zararlı etkisi olmadığı gibi bağırsak içeriği tamamen sindirim ve maksimum besinden faydalanma sağlar. Maya ve malt kullanımının her birinin mide epitel tabakasına zarar verdiği ve besin kaynağına bağlı farklılıklar olduğu gösterilmiştir. Epitel tabakasındaki en ciddi hasar asidik invert şurubu ile beslenen arılarda bulunmuştur. Farklı yemlerin arıların ömrüne olan etkisi ile ilgili olarak yapılan bir çalışmada; balla beslenmenin (27 gün), enzimli invert şurup ile yapılan beslemeye oranla (23,74 gün), arıların ömrü üzerinde olumlu bir etkisi olduğu asitli invert şurup (12 gün), bira mayası ve maltında arıların ömrünü kısalttığı bildirilmiştir. Sonuçlara göre doğal polen, bal veya enzimli invert şurup kullanılması eğer yoksa takviyelerin pratik yapılması gerektiği belirtilmiştir (Mirjanic ve ark. 2013).

Bağırsak mikrobiyotasının modülasyonu, entomolojik alanda böceklerle ilgili problemlerin yönetimi için pratik ve başarılı bir yaklaşım olarak kabul edilmiştir. Bugüne kadar, sadece birkaç çalışma bakteri desteğinin; kolonilerin sağlık durumu, koloni üretkenliği ve bağırsak simbiyotları üzerindeki etkisini araştırmıştır. Bu amaçla arıların bağırsaklarından izole edilen

bifidobakter ve laktobasilleri içeren bir şeker şurubu hazırlanmıştır. Bu şeker şurubu, dört hafta boyunca haftada bir kez açık alanda bulunan bir arı kovanının çerçevelerine püskürtülmüştür. Arı bağırsağında yararlı bağırsak mikroorganizmalarının varlığı, denatüre gradient jel elektroforezi ve yeni nesil dizileme ile araştırılmıştır. Uygulanan bakteriler; kuluçka popülasyonunda (% 46.2), polende (%53.4) ve üstlükteki hasat edilebilir balda (%59.21) önemli bir artışa yol açmıştır. Sonuç olarak, yararlı bakterilerin uygulanması, kolonilerin üretkenliğini arttırmış ve yeni nesil bal arılarında bağırsak mikrobiyotasının kompozisyonunu etkilemiştir (Alberoni ve ark. 2018).

5. Diğer

Son zamanlarda gündemde olan transgenik bitkilerin arılar üzerine etkilerine yönelik çalışmalarda yapılmaktadır (Babendreier ve ark. 2007). *Apis cerana indica* bal arısı bağırsağından elde edilen *Lactobacillus plantarum*'un probiyotik potansiyele ve nutrasötik ve farmasötik endüstrilerin yanı sıra gıda olarak kullanım içinde potansiyele sahip olduğu bildirilmiştir (Chandran ve Keerthi, 2018).

Schwarz ve ark. (2015) arı mikrobiyota genom komplekslerinin farklı kombinasyonlarının, arıcılıkta verimdeki ve ölüm oranlarındaki bölgesel farklılıkları açıklayabileceğini söylemişlerdir. Bunu anlamak için, hologenom paradigması ışığında yönetim ve araştırma yaklaşımlarının göz önünde bulundurulması gerektiğini belirtmişlerdir. Bu paradigma; bal arısının formda olmasının arı ve mikrobiyota genomlarının birleşimi tarafından belirlenmesini içermektedir.

6. Sonuç

Koloninin etkinliğinin ortaya konulması için bazı faktörlerin bir arada olması gerekmektedir. Özellikle çevresel faktörlerden bitkisel kaynakların çeşitliliği, miktarı, iklim gibi etkenlerin yanında doğru arıcılık uygulamaları bakım, besleme ve hastalıklarla mücadele yapılması gibi faktörler, arıcılığın başarılı bir şekilde yapılmasını etkileyen unsurların bir kısmıdır. Son yıllarda arı ölümleri ile birlikte çalışılan bir konu olan bağırsak mikrobiyotası çevre ve arıcı uygulamalarından direk etkilenen bir konudur.

Bağırsak florası besin maddelerinin sindirimi ve bağırsıklık direncinin geliştirilmesinde etki etmekte özellikle hastalık ve zararlılara karşı direnç oluşturmaktadır. Yapacağımız tek yönlü beslemeler, yanlış koloni yönetimi, aşırı ve zamansız ilaç uygulamaları bağırsakta mikroorganizmaların durumunu olumsuz etkilemektedir. Arıların yaşam mücadelesinde arıcıların yapacağı doğru uygulamalar neslin devamını sağlayacağı gibi üretimde de artışa neden olabilecektir.

Literatür

- Alberoni, D., Baffoni, L., Gaggia, F., Ryan, P. M., Murphy, K., Ross, P. R., Di Gioia, D. (2018). Impact of beneficial bacteria supplementation on the gut microbiota, colony development and productivity of *Apis mellifera* L. *Beneficial microbes*, 9(2), 269-278.
- Asraf, S. A. K. S. (2016). Gut microbiome of honey bee-An industrially relevant pollinator. *The IIOAB Journal*, 7(1), 21.
- Babendreier, D., Joller, D., Romeis, J., Bigler, F., & Widmer, F. (2007). Bacterial community structures in honeybee intestines and their response to two insecticidal proteins. *FEMS microbiology ecology*, 59(3), 600-610.
- Bonilla-Rosso, G., & Engel, P. (2018). Functional roles and metabolic niches in the honey bee gut microbiota. *Current opinion in microbiology*, 43, 69-76.
- Chandran, H C. Keerthi T R. (2018). Probiotic potency of *Lactobacillus plantarum* KX519413 and KX519414 isolated from honey bee gut. *FEMS Microbiology Letters*, 365(4).
- Corby-Harris, V., Maes, P., & Anderson, K. E. (2014). The bacterial communities associated with honey bee (*Apis mellifera*) foragers. *PloS one*, 9(4), e95056.
- D'Alvise, P., Böhme, F., Codrea, M. C., Seitz, A., Nahsen, S., Binzer, M., Hasselmann, M. (2018). The impact of winter feed type on intestinal microbiota and parasites in honey bees. *Apidologie*, 49(2), 252-264.
- DeGrandi-Hoffman, G., Corby-Harris, V., DeJong, E. W., Chambers, M., Hidalgo, G. (2017). Honey bee gut microbial communities are robust to the fungicide Pristine® consumed in pollen. *Apidologie*, 48(3), 340-352.
- Diaz, T., del-Val, E., Ayala, R., & Larsen, J. (2018). Alterations in honey bee gut microorganisms caused by *Nosema* spp. and pest control methods. *Pest Management Science*. doi:10.1002/ps.5188
- Donkersley, P., Rhodes, G., Pickup, R. W., Jones, K. C., & Wilson, K. (2018). Bacterial communities associated with honeybee food stores are correlated with land use. *Ecology and evolution*, 8(10), 4743-4756.
- Dönmez A İ., Şahin, N. (2018). Anadolu Balırsı Muğla Ekotipi (*Apis mellifera anatoliaca* Bağırsak Mikroflorasından Fruktofilik Laktik Asit bakterilerinin İzolasyonu ve Tanımlanması. 6. Uluslararası Muğla Arıcılık Ve Çam Balı Kongresi Kitabı: 30-35.15-19 Ekim 2018, Fethiye/Muğla, Türkiye.
- Ellegaard, K.M., Engel, P. (2018). New Reference Genome Sequences for 17 Bacterial Strains of The Honey Bee Gut Microbiota. *Microbiology Resource Announcements*, 7 (3):e00834-18.
- Engel, P., Moran, N. A. 2013. The gut microbiota of insects—diversity in structure and function. *FEMS microbiology reviews*, 37(5), 699-735.
- Engel P, Kwong WK, McFrederick Q, Anderson KE, Barribeau SM, Chandler JA, Cornman RS, Dainat J, de Miranda JR, Doublet V, Emery O, Evans JD, Farinelli L, Flenniken ML, Granberg F, Grasis JA, Gauthier L, Hayer J, Koch H, Kocher S, Martinson VG, Moran N, Munoz-Torres M, Newton I, Paxton RJ, Powell E, Sadd BM, Schmid-Hempel P, Schmid-Hempel R, Song SJ, Schwarz RS, vanEngelsdorp D, Dainat B. (2016). The bee microbiome: impact on bee health and model for evolution and ecology of host-microbe interactions. *mBio* 7(2):e02164-15. doi:10.1128/mBio.02164-15.
- Flint, H. J., Scott, K. P., Louis, P., Duncan, S H. (2012). The role of the gut microbiota in nutrition and health. *Nature reviews Gastroenterology & hepatology*, 9(10), 577.
- Hooper, L. V., Littman, D R., Macpherson, A J.(2012). Interactions between the microbiota and the immune system. *Science* 336, 1268–1273.
- Horton, M. A., Oliver, R., & Newton, I. L. (2015). No apparent correlation between honey bee forager gut microbiota and honey production. *PeerJ*, 3, e1329.
- Kešnerová, L., Mars, R. A., Ellegaard, K. M., Troilo, M., Sauer, U., Engel, P. (2017). Disentangling metabolic functions of bacteria in the honey bee gut. *PLoS biology*, 15(12), e2003467.
- Khan, K. A., Ansari, M. J., Al-Ghamdi, A., Nuru, A., Harakeh, S., Iqbal, J. (2017). Investigation of gut microbial communities associated with indigenous honey bee (*Apis mellifera jemenitica*) from two different eco-regions of Saudi Arabia. *Saudi journal of biological sciences*, 24(5), 1061-1068.
- Kırpık, M A., Aydoğan, M N., Örtücü, S., Hasenekoğlu, İ. (2010). Kafkas Arısı (*Apis mellifera caucasica* Pollmann, 1889) (Hymenoptera: Apidae)'nın, Dış Yüzey ve Sindirim Sistemi Mikrofungus Florasının Belirlenmesi. *Kafkas Univ Vet Fak Derg* 16 (Suppl-B): S347-S352, 2010.
- Kwong, W. K., Moran, N. A. (2013). Cultivation and characterization of the gut symbionts of honey bees and bumble bees: description of *Snodgrassella alvi* gen. nov., sp. nov., a member of the family Neisseriaceae of the Betaproteobacteria, and *Gilliamella apicola* gen. nov., sp. nov., a member of Orbaceae fam. nov., Orbales ord. nov., a sister taxon to the order 'Enterobacteriales' of the Gammaproteobacteria. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 63(6), 2008-2018.
- Kwong, W. K., Moran, N. A. (2016). Gut microbial communities of social bees. *Nature Reviews Microbiology*, 14(6), 374.

- Kwong, W. K., Medina, L. A., Koch, H., Sing, K. W., Soh, E. J. Y., Ascher, J. S., Moran, N. A. (2017). Dynamic microbiome evolution in social bees. *Science advances*, 3(3), e1600513.
- Jones, J. C., Fruciano, C., Hildebrand, F., Al Toufalilia, H., Balfour, N. J., Bork, P., Hughes, W. O. (2018a). Gut microbiota composition is associated with environmental landscape in honey bees. *Ecology and evolution*, 8(1), 441-451.
- Jones, J. C., Fruciano, C., Marchant, J., Hildebrand, F., Forslund, S., Bork, P., Hughes, W. O. H. (2018b). The gut microbiome is associated with behavioural task in honey bees. *Insectes Sociaux*, 1-11.
- Mathialagan, M., Johnson Thangaraj Edward, Y.S., David, P.M.M., Senthilkumar, M., Srinivasan M.R., & Mohankumar, S. (2018). Isolation, Characterization and Identification of Probiotic Lactic Acid Bacteria (LAB) from Honey Bees. *International Journal Current Microbiology and Applied Sciences*, 7(04): 894-906.
- Martinson, V. G., Danforth, B. N., Minckley, R. L., Rueppell, O., Tingek, S., & Moran, N. A. (2011). A simple and distinctive microbiota associated with honey bees and bumble bees. *Molecular Ecology*, 20(3), 619-628.
- Martinson, V. G., Moy, J., & Moran, N. A. (2012). Establishment of characteristic gut bacteria during development of the honey bee worker. *Applied and environmental microbiology*, p. 2830-2840
- Moran, N. A., Hansen, A. K., Powell, J. E., & Sabree, Z. L. (2012). Distinctive gut microbiota of honey bees assessed using deep sampling from individual worker bees. *PloS one*, 7(4), e36393.
- Mirjanic, G., Tlak-Gajger, I., Mladenovic, M., Kozaric, Z. 2013. Impact of different feed on intestine health of honey bees. In XXXXIII International Apicultural Congress, Apimondia, Kyiv, Ukraine (pp. 29-09).
- Panek, J., Paris, L., Roriz, D., Mone, A., Dubuffet, A., Delbac, F., & El Alaoui, H. (2018). Impact of the microsporidian *Nosema ceranae* on the gut epithelium renewal of the honeybee, *Apis mellifera*. *Journal of invertebrate pathology*, 159, 121-128.
- Paris, L., El Alaoui, H., Delbac, F., Diogon, M. (2018). Effects of the gut parasite *Nosema ceranae* on honey bee physiology and behavior. *Current opinion in insect science*. 26:1-6.
- Pal, S., Karmakar, P. (2018). Symbionts associated with insect digestive system and their role in insect nutrition. *Journal of Entomology and Zoology Studies* 2018; 6(5): 421-425
- Raymann, K., & Moran, N. A. (2018). The role of the gut microbiome in health and disease of adult honey bee workers. *Current opinion in insect science*.
- Raymann, K., Bobay, L. M., Moran, N. A. (2018). Antibiotics reduce genetic diversity of core species in the honeybee gut microbiome. *Molecular ecology*, 27(8), 2057-2066.
- Schwarz, R. S., Huang, Q., & Evans, J. D. (2015). Hologenome theory and the honey bee pathosphere. *Current opinion in insect science*, 10, 1-7.
- Özüüçli, M., Aydın, L. (2018). Türkiye Bal Arılarında Ciddi Tehlike; Nosemosis. *Uludag University Journal of the Faculty of Veterinary Medicine*, 37(2), 35-40.
- VanEngelsdorp D, Traynor K S, Andree M, Lichtenberg E M, Chen Y, Saegerman C. (2017). Colony Collapse Disorder (CCD) and bee age impact honey bee pathophysiology. *PLoS ONE* 12(7): e0179535. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0179535>.
- Zheng, H., Powell, J. E., Steele, M. I., Dietrich, C., Moran, N. A. (2017). Honeybee gut microbiota promotes host weight gain via bacterial metabolism and hormonal signaling. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 114(18), 4775-4780.
- Zheng, H., Steele, M. I., Leonard, S. P., Motta, E. V., Moran, N. A. (2018). Honey bees as models for gut microbiota research. *Lab Animal*, 47(11), 317.
- Zhao, Y., Chen, Y., Li, Z., Peng, W. (2018). Environmental factors have a strong impact on the composition and diversity of the gut bacterial community of Chinese Black Honeybees. *Journal of Asia-Pacific Entomology*, 21:261-267.