

Praca została wykonana w ramach programu wieloletniego IO (2015-2020) „Działania na rzecz poprawy konkurencyjności i innowacyjności sektora ogrodniczego z uwzględnieniem jakości i bezpieczeństwa żywności oraz ochrony środowiska naturalnego”, finansowanego przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi.

ZRÓŻNICOWANIE GENETYCZNE I MORFOLOGICZNE LINII HODOWLANYCH PSZCZOŁY MIODNEJ

Dariusz Gerula¹, Bogumiła Badek², Tomasz Białek¹, Małgorzata Bieńkowska¹, Małgorzata Korbin², Beata Panasiuk¹, Ewa Skwarek¹, Paweł Węgrzynowicz¹

¹Zakład Pszczelnictwa, Instytut Ogrodnictwa, ul. Kazimierska 2, 24-100 Puławy

²Zakład Hodowli Roślin Ogrodniczych, Instytut Ogrodnictwa, ul. Pomologiczna 18, 96-100 Skierniewice

E-mail: dariusz.gerula@inhort.pl

WSTĘP

Hodowla pszczoł w Polsce jest jedną z lepiej zorganizowanych w Europie i na świecie dzięki pracy wielu autorytetów z dziedziny genetyki populacji oraz upowszechnieniu sztucznego unasieniania. Intensywny import pszczoł z zagranicy w ciągu ostatnich dziesięcioleci diametralnie wpłynął na zmianę pogłowia pszczoł. Pszczoły miejscowe zostały niemalże wyparte przez inne rasy geograficzne. Wybór tych ras nie był przypadkowy, musiały one posiadać cechy bardziej pożądane przez pszczelarzy niż pszczoły miejscowe. W chwili obecnej 28 ras geograficznych otrzymało przez systematyków statut podgatunku, z czego 12 jest użytkowanych w Europie, a w Polsce dopuszcza się prace hodowlane nad czterema podgatunkami pszczoły miodnej (Ryc. 1). Pszczelarze zaopatrują się w pszczoły które pochodzą nawet z innych kontynentów czego przykładem jest afrykańska wysokogórska *A. m. monticola* używana przez hodowców europejskich w pracach z pszczołą Buckfast, czy choćby pszczoła szara wysokogórska *A. m. caucasica* pochodząca z pogranicza Europy i Azji. Introdukcja obcych podgatunków pszczoły miodnej nie jest ścigana prawem ponieważ w jego rozumieniu nie są traktowane jako „inwazyjne”, natomiast nieodwracalnie zmienia pogłowie pszczoł w pasiekach jak i dziko żyjących.

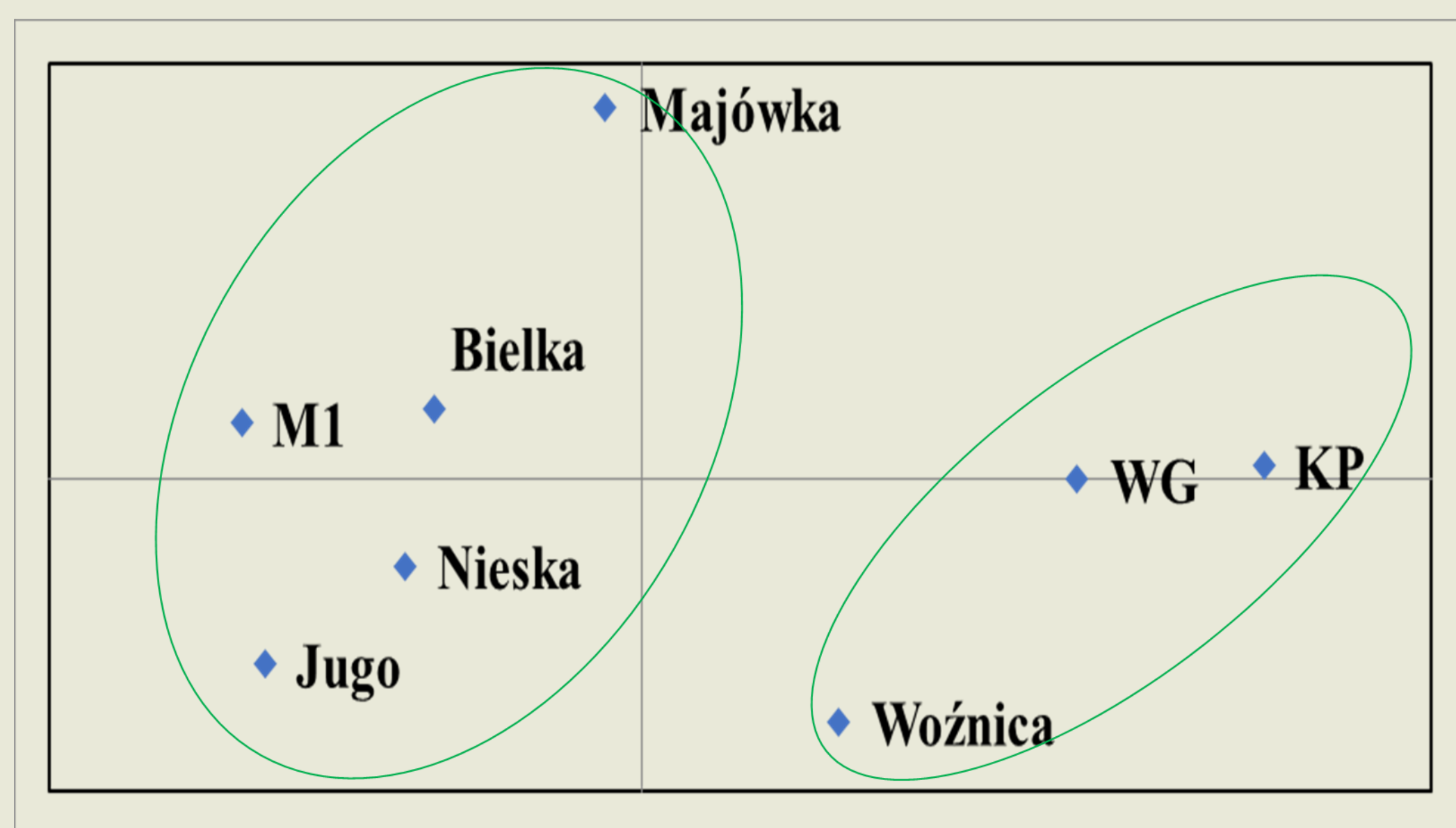
Cel pracy

Ocena bioróżnorodności hodowlanych linii pszczoły miodnej poprzez analizę zróżnicowania genetycznego i morfologicznego.

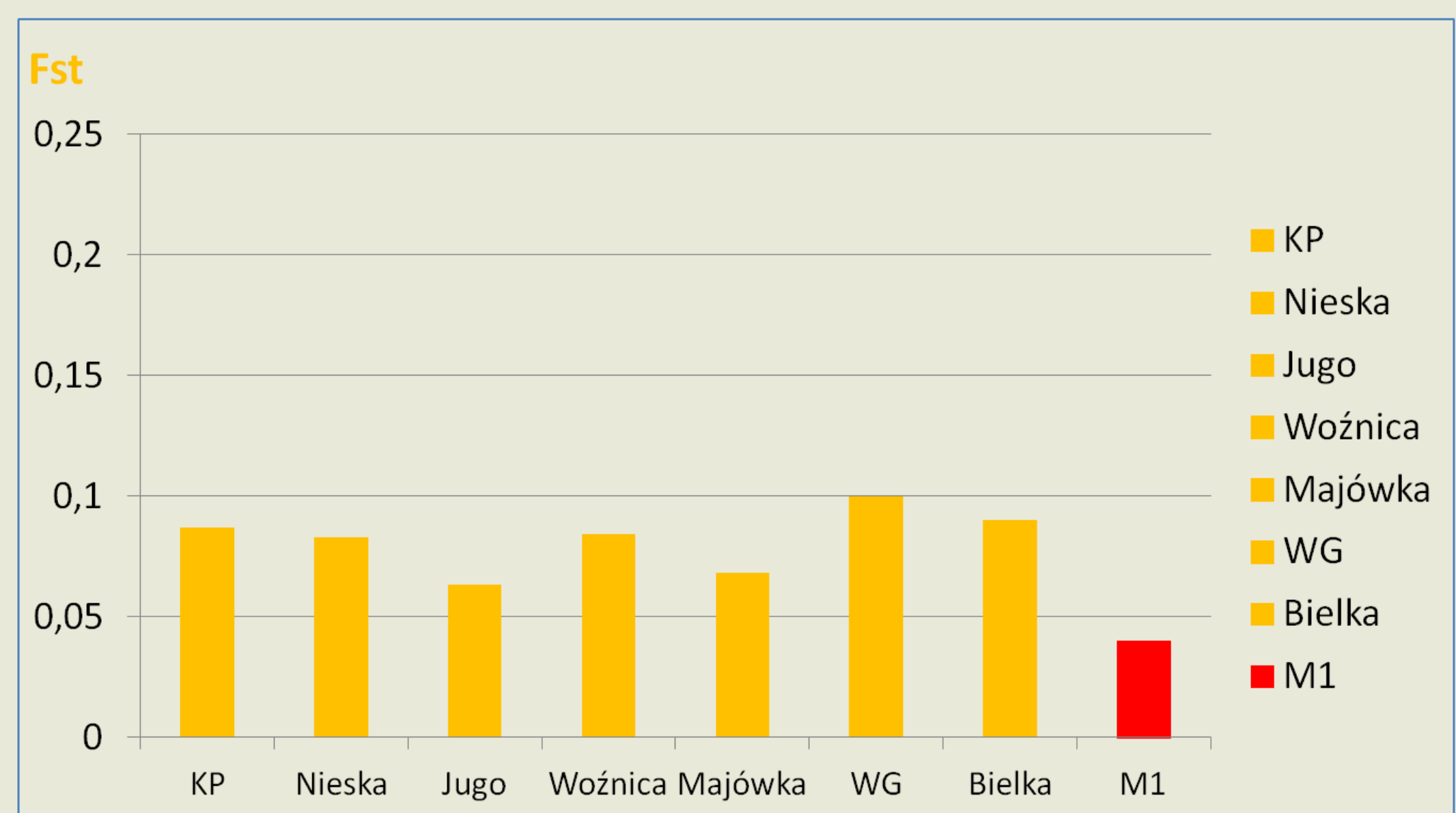
Materiał i metody

W 2017 roku przebadano łącznie 113 rodzin pszczelich z 8 linii hodowlanych pszczoł kraińskich i kaukaskich. Do oceny zróżnicowania genetycznego pomiędzy wytypowanymi do analiz liniami i rodzinami na poziomie molekularnym zastosowano metodę SSR-PCR, z użyciem sześciu par starterów mikrosatelitarnych. W celu wyznaczenia parametrów statystycznych opisujących stopień zróżnicowania genetycznego pomiędzy badanymi liniami hodowlanymi i rodzinami pszczelimi zastosowano analizę wariancji molekularnej (AMOVA). Na podstawie otrzymanych wartości dystansu genetycznego przeprowadzono analizę głównych współrzędnych (PCoA), umożliwiającą graficzne przedstawienie związku pomiędzy zróżnicowaniem molekularnym, a odległością genetyczną pomiędzy analizowanymi próbami. Analizę zróżnicowania morfometrycznego i ocenę czystości rasowej matek pszczelich wykonano na podstawie użytkowania prawego skrzydła robotnic (morfometria geometryczna), gdzie weryfikacja rasowa opiera się na analizie kanonicznej cech (współrzędnych 19 punktów przecięcia się żyłek).

Rycina 2. Grupowanie metodą PCoA wskazujące na odmienne pochodzenie ewolucyjne pszczoł kraińskich i kaukaskich



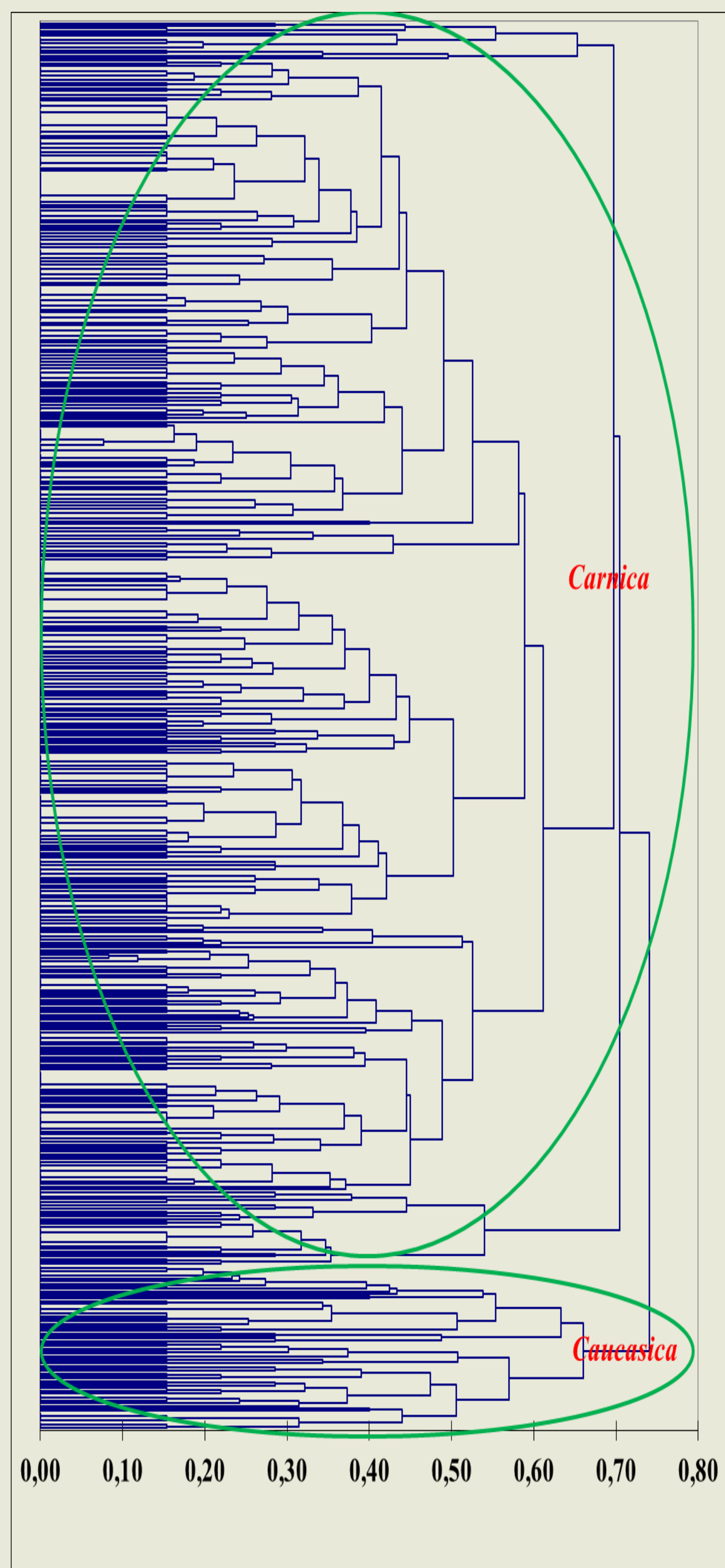
Rycina 3. Wskaźniki zróżnicowania genetycznego i morfologicznego wewnątrz populacji, wartość indeksu utrwalenia alleli (Fst)



Wyniki

Badania molekularne wykazały obecność w każdej linii hodowlanej rodzin pszczelich blisko spokrewnionych jak i odmiennych genetycznie. Analiza PCoA, przeprowadzona pomiędzy 8 liniami hodowlanymi, potwierdziła przynależność badanych genotypów do dwóch subpopulacji, grupujących linie pszczoł kraińskich i kaukaskich (Ryc. 2), wskazując ich odmienne pochodzenie ewolucyjne. Większość badanych linii pszczoł określono, jako przeciętnie zróżnicowane, o niewielkiej izolacji od pozostałych, indeks utrwalenia alleli (F_{st}) wynosił 0,04 – 0,10. (Ryc. 3) Najmniejsza wartość współczynnika F_{st} uzyskana dla linii M1 sugeruje intensywny przepływ genów między nią a innymi populacjami. Zróżnicowanie morfometryczne badanych linii pszczoł w obrębie podgatunku było niewielkie, zatem na podstawie analizy użytkowania skrzydła niemożliwe było wskazanie konkretnej linii. W obrębie linii hodowlanej występowały rodziny zarówno podobne jak i odmienne morfometrycznie, zatem mogą być również odmienne genetycznie. Wszystkie badane linie pszczoł miały obraz skrzydła zbliżony dla wzorca, co świadczy o ich przynależności do konkretnego podgatunku. Wskaźniki zmienności genetycznej były wysoko skorelowane z wskaźnikami zmienności morfologicznej.

Rycina 4. Dendrogram zróżnicowania genetycznego 565 genotypów pszczoły miodnej uzyskany metodą UPGMA w oparciu o polimorfizm identyfikowany metodą SSR



Podsumowanie i wnioski

W Instytucie Ogrodnictwa w 2017 roku kontynuowano badania, zaplanowane na kilka lat, których celem jest ocena bioróżnorodności hodowlanych linii pszczoły miodnej poprzez analizę zróżnicowania genetycznego i morfologicznego. Badane linie są również oceniane pod względem przynależności do podgatunku na podstawie badań morfometrycznych, a po zgromadzeniu pszczoł referencyjnych ocena ta będzie wykonana również w oparciu o badania molekularne. Wskaźniki utrwalenia alleli w populacjach (F_{st}) świadczą o przeciętnym lub niskim zróżnicowaniu genetycznym badanych populacji pszczoł. Analiza czystości rasowej i stopnia zróżnicowania fenotypowego wybranych populacji pszczoł na podstawie pomiarów morfometrycznych świadczy o wysokim poziomie cech podgatunkowych.