

## Zadanie 4.2. Ocena bioróżnorodności owadów zapylających i pożytków pszczelich

Okres realizacji: 2015-2020

Kierownik zadania: dr D. Gerula

Wykonawcy: T. Białek, dr hab. M. Bieńkowska, mgr M. Borański, R. Jemiola, dr T. Jęcz, E. Kołtowska, dr hab. Z. Kołtowski, prof. M. Korbin, dr B. Panasiuk, E. Skwarek, dr D. Teper, mgr P. Węgrzynowicz

Celem badań była ocena bioróżnorodności dzikich owadów zapylających i monitorowanie bioróżnorodności roślin pokarmowych, tzw. pożytków pszczelich, na terenach intensywnych upraw ogrodniczych i rolnych, oraz ocena bioróżnorodności hodowlanych populacji pszczoły miodnej.

W roku 2015 oceniono wstępnie bioróżnorodność dzikich owadów zapylających na 2 obszarach uprawy gryki. Liczenie owadów wykonywano między godziną 9:00 a 10:00, tj. w porze nektarowania kwiatów gryki oraz największej aktywności przedstawicieli wszystkich grup zapylaczy. Liczebność owadów zapylających ustalano z wykorzystaniem metody transektów liniowych. Obserwacje w powiecie lipskim (I) prowadzono pod koniec okresu kwitnienia roślin, natomiast w powiecie puławskim (II) w pełni kwitnienia roślin.

W 2015 dominujące liczebnie okazały się pszczoły miodne *Apis mellifera* L., a pszczoły samotnice i trzmiele *Bombus* Latr. występowały w znacznie mniejszej liczbie. Na II obszarze, w porównaniu do I obszaru, stwierdzono obecność trzmienia drzewnego *B. hypnorum*, natomiast nie stwierdzono na nim trzmienia ziemnego. Zagęszczenie owadów pszczołowych w szt/m<sup>2</sup> było w 2015 roku na obszarze II czterokrotnie wyższe niż na I obszarze badawczym, przy czym zagęszczenie samych trzmieli było wyższe blisko sześciokrotnie. Jednocześnie obok badań bioróżnorodności owadów na poszczególnych obszarach badawczych określano inne niż gryka rośliny pokarmowe. I obszar badawczy to okolica uboga w rośliny pożytkowe dla pszczołowych. Dominują tam pola uprawne w niezbyt wysokiej kulturze. II obszar badawczy to stanowisko bardzo urozmaicone topograficznie. Wokół porastały lasy, łąki a także plantacje wiśni, ogrody przydomowe. Lista gatunków pożytkowych spotkanych w najbliższej okolicy pola gryki była bogatsza w porównaniu do I obszaru badawczego.

Do oceny zróżnicowania genetycznego linii hodowlanych pszczoły miodnej na poziomie molekularnym zastosowano metodę SSR- PCR, z użyciem sześciu par starterów mikrosatelitarnych. Próby do badań pobrano z 2 pasiek hodowlanych, od 4 linii hodowlanych pszczół, reprezentujące zarówno pszczoły kraińskie jak i pszczoły kaukaskie. Dane z mikrosatelitów przeanalizowano za pomocą programu GenAlEx, w celu wyznaczenia parametrów statystycznych opisujących stopień zróżnicowania i pokrewieństwa genetycznego pomiędzy badanymi populacjami. Na podstawie otrzymanych wartości dystansu genetycznego przeprowadzono analizę głównych współrzędnych (PCoA). W każdej linii hodowlanej zaobserwowano rodziny pszczele blisko spokrewnione genetycznie ze sobą jak i te, u których stwierdzono odmienną genetyczną. Najwyższy współczynnik zróżnicowania genetycznego odnotowano u pszczół kraińskich. Jak wykazała analiza wariacji molekularnej (AMOVA), udział zróżnicowania genetycznego stanowiącego o różnicach pomiędzy liniami hodowlanymi w całkowitym zróżnicowaniu zaobserwowanym w badanych próbach wyniósł 13%. Najniższą wartość dystansu genetycznego (najbliższe pokrewieństwo) stwierdzono pomiędzy liniami pszczół kaukaskich, natomiast najwyższą pomiędzy liniami pszczół kraińskich.

Ocenę czystości rasowej matek pszczelich wykonano na podstawie obrazu prawego skrzydła, pierwszej pary u robotnic. Do badań tych pobrano pszczoły z tych samych rodzin, z których pobierano osobniki do badań molekularnych. Skrzydła pszczół wypreparowano a następnie skanowano do plików cyfrowych. Zdjęcia skrzydeł o wysokiej rozdzielczości poddano analizie programem do

automatycznego oznaczania punktów przecięcia się żyłek na skrzydle, następnie poddawano weryfikacji w oparciu o wskaźniki różnicujące je od populacji wzorcowej. W przypadku pszczoł kaukaskich, dodatkowo wykonano pomiary długości języczków robotnic. Obliczono średnią długość języczków dla każdej rodziny pszczelej i rasy a następnie porównywano je ze wzorcem dla podgatunku.

#### Możliwości zastosowania w praktyce uzyskanych wyników

Rozpoczęto jedne z pierwszych w kraju badania bioróżnorodności hodowlanych populacji pszczoły miodnej wykorzystując techniki molekularne. Wyniki badań będą przekazywane corocznie zainteresowanym rolnikom, sadownikom, pszczelarzom i hodowcom matek, jak również do ośrodków doradztwa rolniczego i organów nadzorujących hodowlę zwierząt gospodarskich.