

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

Okres realizacji **2015-2020**

Autorzy: dr D. Geruła, dr B. Badek, T. Białek, dr hab. M. Bieńkowska, mgr M. Borański, R. Jemioła, E. Kołtowska, dr hab. Z. Kołtowski, prof. M. Korbin, dr B. Panasiuk, E. Skwarek, dr D. Teper, mgr P. Węgrzynowicz

Cel badań:

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.

Opis prac zrealizowanych w **2016 roku**:

Oceniono bioróżnorodność owadów zapylających na obszarach intensywnej uprawy rzepaku ozimego (powiat lipski i powiat puławski) i uprawach gryki (powiat lipski i powiat zwoleński). Ocenę zagęszczenia owadów na plantacjach rzepaku wykonano między godziną 9:00 i 13:00, tj. w porze nektarowania kwiatów rzepaku oraz największej aktywności przedstawicieli wszystkich grup zapylaczy. Liczebność owadów zapylających ustalano z wykorzystaniem metody transektów liniowych. Do szczegółowych badań taksonomicznych wykorzystano owady poławiane w pułapkach Moernickiego. Obserwacje prowadzono na początku, w pełni i pod koniec okresu kwitnienia roślin. W 2016 roku dominujące liczebnie okazały się pszczoły miodne *Apis mellifera* L., a pszczoły samotnice i trzmiele *Bombus* Latr. występowały w znacznie mniejszej liczbie. Stwierdzono istotne różnice w zagęszczeniu owadów pszczołowych w szt/m<sup>2</sup> w zależności od lokalizacji. Jednocześnie, obok badań bioróżnorodności owadów na poszczególnych obszarach badawczych, określano inne niż gryka rośliny pokarmowe. Podobnie jak w przypadku zagęszczenia owadów okolice badanych plantacji różniły się pod względem różnorodności pożytków, jednak nie znaleziono związku pomiędzy obfitością roślinności a zagęszczeniem owadów na plantacjach rzepaku.

Obserwacje owadów na kwitnących plantacjach gryki wykonywano w godzinach 8.00-10.00 według metodyki jak na rzepaku ozimym. Zagęszczenie owadów na w szt/m<sup>2</sup> plantacji gryki oraz liczba rodzajów pszczołowych *Apoidea* była istotnie wyższa niż na plantacjach rzepaku. Związane jest to z cyklem rozwojowym owadów. Zaobserwowano istotne różnice w zagęszczeniu owadów na poszczególnych plantacjach gryki. Okolice kwitnących plantacji gryki różniły się pod względem różnorodności pożytków, jednak nie znaleziono związku pomiędzy obfitością roślinności a zagęszczeniem owadów na plantacjach rzepaku.

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 8 linii hodowlanych pszczół kraińskich. 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 odmienność genetyczną. Jedną z miar zróżnicowania genetycznego populacji jest indeks utrwalenia alleli *F<sub>st</sub>*, który pokazuje jak silnie dane allele są utrwalone. Najmniej zróżnicowane okazały się Wineta i Kujawska indeks *F<sub>st</sub>* odpowiednio 0,027 i 0,044. W pozostałych populacjach indeks ten był przeciętny i wynosił 0,058-0,117. Najwyższy indeks utrwalenia (0,117), czyli największe zróżnicowanie genetyczne zaobserwowano w linii hodowlanej Dobra, jedynej rodzimej populacji pszczół kraińskich. Analiza wariacji molekularnej wykazała, że badane linie są przeciętnie spokrewnione ze sobą.

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 pszczoł 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. Analiza czystości rasowej i stopnia zróżnicowania fenotypowego wybranych populacji pszczoł na podstawie pomiarów morfometrycznych świadczy o wysokim poziomie cech podgatunkowych.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Rozpoczęto jedne z pierwszych w kraju badania bioróżnorodności hodowlanych populacji pszczoły miodnej wykorzystując techniki molekularne.

Możliwości zastosowania w praktyce uzyskanych wyników:

Wyniki badań będą przekazywane corocznie zainteresowanym rolnikom, sadownikom, pszczelarzom i hodowcom matek, jak również do ośrodków doradztwa rolniczego i organów nadzorujących hodowlę zwierząt gospodarskich.