

Zadanie 4.2. Ocena bioróżnorodności owadów zapylających i pożytków pszczelich

Okres realizacji: **2017** (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 zrealizowanych prac:

Wykonano ocenę bioróżnorodności owadów zapylających na obszarach intensywnej uprawy rzepaku ozimego w dwóch miejscowościach powiatu puławskiego. Zagęszczenie owadów na plantacjach rzepaku wykonywano między godziną 9.00 i 13.00 w porze najintensywniejszego nektarowania kwiatów rzepaku i zarazem największej aktywności przedstawicieli wszystkich grup zapylaczy. Liczebność owadów zapylających ustalano z wykorzystaniem metody transektów liniowych, a do szczegółowych badań taksonomicznych wykorzystano owady poławiane do pułapek Moernickiego. Obserwacje prowadzono na początku, w pełni i pod koniec okresu kwitnienia roślin. Dominujące liczebnie (97%) okazały się pszczoły miodne *Apis mellifera* L., a pszczoły samotnice i trzmiele *Bombus* Latr. występowały w znacznie mniejszej liczbie. Stwierdzono niewielkie różnice w zagęszczeniu owadów pszczołowatych w szt/m² na poszczególnych plantacjach.

Jednocześnie obok badań bioróżnorodności owadów na poszczególnych obszarach badawczych określano inne niż rzepak 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.

Wykonano również badanie bioróżnorodności owadów na kwitnących plantacjach gryki w dwóch miejscowościach powiatu zwoleńskiego. Obserwacje wykonywano według podobnej metodyki jak na rzepaku ozimym w godzinach 8.00-10.00, kiedy kwiaty wydzielają nektar. Tu również dominowały pszczoły miodne (93%). Zaobserwowano istotne różnice w zagęszczeniu owadów na poszczególnych plantacjach gryki.

Okolice kwitnących plantacji różniły się pod względem różnorodności pożytków, jednak nie znaleziono związku pomiędzy obfitością roślinności a zagęszczeniem owadów na plantacjach gryki. Zarówno na plantacjach rzepaku jak i gryki zagęszczenie owadów było niewystarczające dla optymalnego zapylenia wszystkich kwiatów.

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. 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. Dla większości linii hodowlanych indeks zróżnicowania genetycznego F_{st} kształtował się na przeciętnym poziomie i wynosił 0,063 do 1,0. W jednej zaś był niski, co świadczy o znacznym spadku heterozygotyczności. Niezależnie od badań molekularnych wykonano ocenę czystości rasowej rodzin pszczelich 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 poddano analizie programem do automatycznego oznaczania punktów przecięcia się żyłek na skrzydle, następnie poddawano weryfikacji w oparciu o wskaźniki różnicujące je od populacji wzorcowej. Badane pszczoły charakteryzowały się wysokim poziomem cech podgatunkowych.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Kontynuowano jedne z pierwszych w kraju badań bioróżnorodności hodowlanych linii 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.