

Zadanie 6.4. Doskonalenie metod selekcji i oceny wartości hodowlanej pszczół

Okres realizacji: 2008-2014

Kierownik zadania: **dr Dariusz Gerula**

Wykonawcy: mgr P. Węgrzynowicz, T. Białek, E. Skwarek, dr B. Panasiuk, dr hab. M. Bieńkowska, E. Kołtowska

Celem badań było określanie przynależności rasowej (podgatunkowej) pszczół zarejestrowanych w Krajowym Centrum Hodowli Zwierząt (KCHZ) oraz nadzór merytoryczny nad prawidłową pracą komputerowego systemu pomiaru cech morfologicznych pszczół i wzorcami cech morfometrycznych dla poszczególnych ras pszczół.

W roku sprawozdawczym przebadano pszczoły z 698 rodzin pszczelich, a w trakcie 6-letniego okresu przebadano próby z 4392 rodzin. W zależności od roku, próby pochodziły od 28 hodowców i reprezentowały 42 linie hodowlane należące do trzech podgatunków pszczół: kraińskich, kaukaskich i środkowoeuropejskich. Łącznie w trakcie całego okresu badań zdyskwalifikowano 3,3% prób pszczół. Liczba zdyskwalifikowanych prób pszczół różniła się w zależności od podgatunku, do którego należały badane pszczoły. Największą czystością podgatunkową charakteryzowały się pszczoły kraińskie. W trakcie całego okresu badań zdyskwalifikowano tylko 2,5% prób. Odsetek prób zdyskwalifikowanych był nieco wyższy dla pszczół kaukaskich i środkowoeuropejskich – odpowiednio 5,9 i 13%.

Długość jęczyczków jest u pszczół cechą taksonomiczną, a w przypadku pszczół kaukaskich również użytkową. Dłuższy jęczyzek pozwala robotnikom na korzystanie z głęboko umiejscowionego nektaru koniczyny czerwonej. Badania długości jęczyczków pszczół kaukaskich są zalecane w przypadku trudności w interpretacji wyników badań przynależności podgatunkowej wykonywanych na podstawie użyłkowania skrzydła. W roku 2014 wykonano pomiary długości jęczyczków robotnic z 76 rodzin pszczelich, a w trakcie całego okresu badań – z 328 rodzin. Zarówno w roku sprawozdawczym jak w trakcie wieloletniego okresu badań stwierdzono duży odsetek rodzin zdyskwalifikowanych, który wynosił średnio ponad 44,7%.

W latach 2011-2014 prowadzono badania przynależności podgatunkowej pszczół na podstawie mikrosatelitów DNA. W badaniach wykorzystywano 17 niesprzężonych loci mikrosatelitarnych. W celu przyporządkowania genotypów do określonych podgatunków wykorzystano metodę probabilistyczną opartą na statystyce Bayesa (algorytm STRUCTURE). Do badań wybierano pszczoły zdyskwalifikowane na podstawie użyłkowania skrzydeł. U jednych powodem dyskwalifikacji mogło być skrzyżowanie badanych pszczół z pszczołami innego podgatunku, zaś inne nie zostały zaliczone do żadnego z podgatunków, dla których opracowano modele morfometryczne. W roku 2014 przebadano 73, a w trakcie całego okresu badań 135 prób pszczół pochodzących z pasiek hodowlanych z terenu Polski.

Zweryfikowano zróżnicowanie podgatunkowe pszczół przy użyciu techniki SSR. Stwierdzono wysoką zależność między wskaźnikami czystości rasowej pszczół (ocenianej na podstawie obrazu skrzydła) a udziałem w ich genotypie genów z populacji ancestralnych.

Wyniki badań przekazywano corocznie bezpośrednio hodowcom matek oraz organowi nadzorującemu hodowlę zwierząt gospodarskich, czyli Krajowemu Centrum Hodowli Pszczół. Wyniki weryfikacji przynależności podgatunkowej pszczół były podstawą do wpisu matek do ksiąg hodowlanych. Wyniki badań DNA mogą być wykorzystane w celu udoskonalania metod oceny podgatunkowej bazujących na badaniach morfometrycznych.