

Pszczoły miodne (*Apis mellifera*), podobnie jak inne owady błonkoskrzydłe (np. osy i mrówki), są organizmami haplodiploidalnymi. Oznacza to, że samce (trutnie) rozwijają się z niezapłodnionych jaj i mają pojedynczy zestaw informacji genetycznej (pochodzący jedynie od matki), natomiast samice - podwójny (pochodzący od matki i ojca). Molekularny mechanizm, w jaki organizm przekłada fakt posiadania pojedynczego lub podwójnego zestawu informacji genetycznej na rozwój odpowiedniej płci bardzo długo pozostawał nieznany. Sprawę dodatkowo skomplikowało odkrycie, że w szczególnych przypadkach możliwe jest również powstanie diploidalnego samca (posiadającego podwójną liczbę chromosomów). Rozwiązaniem tej zagadki stało się odkrycie genu *csd* (ang. complementary sex determiner). Gen ten występuje w licznych odmianach (posiada wiele tzw. alleli) różniących się od siebie sekwencją w konkretnym fragmencie DNA (regionie hiperzmiennym). Okazuje się, że te pszczoły, które posiadają w swoim genomie dwa różne allele *csd*, rozwijają się jako samice, natomiast te, które posiadają dwa identyczne allele lub tylko jeden – jako samce. Fakt powstawania diploidalnych trutni nie pozostaje bez znaczenia dla kondycji rodziny pszczelej, gdyż samce takie, jako nieprzydatne (niemogące się rozmnażać), są eliminowane przez swoją rodzinę na wczesnym etapie rozwoju. Należy zdać sobie sprawę z tego, że diploidalne trutnie powstają niejako przez pomyłkę, gdyż rozwijają się z zapłodnionego jaja, z którego, zgodnie z planem, miała powstać samica, a w rezultacie powstaje organizm, który jest natychmiast niszczone. W efekcie liczba samic w rodzinie, w których dochodzi do powstawania diploidalnych trutni, zmniejsza się, a należy pamiętać, że siła i kondycja rodziny pszczelej zależy właśnie od liczby samic, które w znakomitej większości są robotnicami pracującymi na rzecz całej rodziny. Łatwo jest sobie wyobrazić, że jeśli w populacji pszczół jest bardzo dużo różnych alleli *csd*, prawdopodobieństwo spotkania się w pojedynczym organizmie dwóch identycznych alleli będzie małe i wpływ powstawania diploidalnych trutni na kondycję rodzin pszczelich będzie znikomy. Prawdopodobieństwo spotkania się identycznych alleli genu *csd* wzrośnie dramatycznie, gdy dojdą do głosu czynniki obniżające różnorodność genetyczną populacji pszczół, do których niestety również należy zaliczyć procedury hodowlane wprowadzone przez człowieka (np. wielkoskalowa hodowla matek pszczelich i ich sztuczna inseminacja). Nawet niewielkie zmniejszenie się liczebności rodzin pszczelich będzie prowadzić do jeszcze większego zawężenia puli alleli *csd*, co z kolei będzie prowadzić do narastania opisywanego problemu. Ten samonapędzający się mechanizm podnoszący ryzyko wyginięcia populacji został nazwany „wirem diploidalnych trutni”.

Aby w pełni zrozumieć te mechanizmy i przewidzieć ich wpływ na populację pszczół, należy podjąć próby oszacowania liczby wariantów *csd* oraz mechanizmów powstawania i rozprzestrzeniania się nowych alleli w populacji. W naszej najnowszej pracy wykazaliśmy, że liczba alleli *csd* została znacznie zaniżona z powodu niewłaściwych założeń ich rozmieszczenia w populacji. Pokazaliśmy, że allele *csd* są rozmieszczone nierównomiernie i doszliśmy do wniosku, że przyczyną tego stanu rzeczy jest bardzo duża częstość występowania mutacji, które ze względu na specyficzne cechy sekwencji genu *csd* mogą wystąpić podczas tworzenia gamet i powodować powstawanie nowych alleli.

Nasz projekt ma na celu scharakteryzowanie niektórych czynników wpływających na różnorodność alleli *csd* w populacji pszczół miodnych. Najpierw spróbujemy oszacować tempo powstawania nowych alleli *csd*. Chcemy użyć sekwencjonowania o wysokiej wydajności do genotypowania komórek jajowych i plemników. Ta metoda pozwoli na wykrycie możliwych mutacji, które mogą wystąpić podczas gametogenezy danej komórki. Mamy nadzieję, że liczba i charakter wykrytych mutacji pozwoli na określenie tempa pojawiania się nowych alleli *csd* i da nam wgląd w molekularne mechanizmy odpowiedzialne za ich powstawanie.

Hodowla pszczół w środowiskach zamieszkałych przez niewielką liczbę rodzin pszczelich prawdopodobnie powoduje zmniejszenie różnorodności *csd*. Chcielibyśmy sprawdzić nasilenie tego efektu, monitorując w sposób ciągły w ciągu kilku lat kilka takich rodzin hodowanych w środowisku miejskim. Planujemy również przeanalizować populację pszczół miodnych na obszarze, w którym znajduje się duża pasieka, w której rutynowo wykorzystuje się hodowlę na dużą skalę i sztuczną inseminację matek pszczelich. Chcemy oszacować wpływ takich procedur nie tylko na pulę alleli *csd* w takiej pasiece, ale także na populację pszczół hodowanych w jej sąsiedztwie.

Planujemy również stworzenie modelu komputerowego, który pozwoliłby na symulację przeżycia populacji pszczół w zależności od licznych zmiennych, których nie zawsze można kontrolować w czasie obserwacji prawdziwych populacji. Taki model pozwoli nam również przewidywać długofalowe skutki wprowadzanych do środowiska zmian.

Oczekujemy, że realizacja naszego projektu pozwoli na określenie mechanizmów i tempa powstawania nowych alleli *csd* oraz odpowie na pytania dotyczące czynników kształtujących różnorodność *csd* i ich możliwą rolę w przetrwaniu populacji pszczół miodnych. To z kolei może ostatecznie przyczynić się do opracowania bardziej wyrafinowanych strategii hodowli i ochrony pszczół, co ma ogromne znaczenie w kontekście obserwowanego ostatnio na całym świecie spadku liczby pszczół miodnych.