

Rodzime pszczoły miodne w Polsce tradycyjnie zamieszkiwały lasy i puszcze, głównie zajmując dziuple w starych drzewach, przy czym liczba rodzin pszczelich nie przekraczała jednej na kilometr kwadratowy. Współczesne pasieki, zlokalizowane blisko pól uprawnych, obszarów miejskich i lasów, składają się z dziesiątek lub nawet setek rodzin. W ciągu swojej historii ewolucyjnej pszczoły miodne były poddane znacznej selekcji naturalnej, co spowodowało wyewoluowanie licznych podgatunków dostosowanych do lokalnych warunków środowiskowych. Pomimo prób regulacji prawa, pszczelarze bezkrytycznie importują materiał genetyczny z różnych stron świata. W połączeniu z naturalnym unasienianiem matek pszczelich w polskich pasiekach, praktyka ta prowadzi do zmieszania podgatunków, które w warunkach naturalnych nigdy by się nie spotkały.

Rozpoznając potencjał rodzimych linii pszczół miodnych, polskie władze w latach 70. XX wieku wprowadziły środki ochronne. Obecnie program ochrony zasobów genetycznych obejmuje pięć linii pszczół miodnych (cztery linie pszczoły środkowoeuropejskiej oraz jedną linię krainki). Niemniej jednak dotychczasowa ocena przynależności rasowej linii objętych ochroną oparta jest o analizę cech morfometrycznych i behawioralnych. Natomiast współczesne narzędzia molekularne pozwalają nam prześledzić potencjalne, historyczne incydenty mieszańcowania.

Współcześnie, głównym czynnikiem wpływającym na przeżywalność rodziny pszczoły jest presja patogenów. Pszczoły miodne muszą sobie radzić z patogenami i pasożytami, z którymi nie miały szansy koewoluować, takimi jak *Nosema ceranae* czy *Varroa destructor*. Presja patogenów prowadzi rocznie do istotnych upadków rodzin pszczelich, a istniejące metody wykrywania ich opierają się na ręcznym liczeniu zarodników lub mało wydajnych i kosztownych technikach molekularnych.

Kolejnym istotnym czynnikiem wpływającym na zdrowie pszczół miodnych jest ich mikrobiom, czyli skład bakteryjny ich przewodów pokarmowych. Mikrobiom pszczół od lat opisywany był jako stabilny, składający się z dziewięciu głównych taksonów bakteryjnych. Niemniej jednak najnowsze badania wskazują na różnorodność genetyczną symbiontów, które mogą w istotny sposób wpływać na adaptację pszczół do lokalnych warunków oraz ograniczać presję patogenów. Jednak badania te często opierają się na warunkach laboratoryjnych, pojedynczych populacjach pszczół lub pojedynczych stresorach.

W ramach tego projektu, wykorzystam wysokoprzepustowe sekwencjonowanie genów markerowych symbiontów i pszczelich patogenów, połączone z charakteryzacją składu genetycznego rodzin pszczelich z próbek historycznych i współczesnych do: I) Oceny czystości genetycznej i potencjalnej hybrydyzacji linii pszczół miodnych objętych programem ochrony zasobów genetycznych.

II) Opisania i zrozumienia wzajemnych relacji między wielkościami mikrobiomu, patogenami a genetycznym tłem pszczół miodnych.

III) Zrozumienia czynników wpływających na przeżycie rodzin pszczół miodnych w gradientach antropogenicznym (puszcze pierwotne, obszary rolnicze, miasta).

Takie podejście ma potencjał rewolucjonizacji panującego paradygmatu procesów kształtujących adaptację pszczół miodnych w obliczu antropogenicznej presji. Ponadto wyniki projektu będą kierować przyszłymi strategiami ochrony rodzimych linii pszczół miodnych w Polsce.