

Molekularno genetske raziskave kranjske čebele



Andrej RAZPET, Simona SUŠNIK-BAJEC,
Dragomir KOMPAN, Peter DOVČ

Oddelek za zootehniko Biotehniške fakultete Univerze v Ljubljani

Uporaba različnih tipov DNA markerjev za študij populacij čebel

Mitohondrijska DNA: maternalno dedovanje

Restriktijski vzorci: nizka resolucija, manj uporabni za odkrivanje strukturiranosti populacij

Nukleotidna zaporedja: visoka resolucija, primerni za odkrivanje strukturiranosti populacij

Jedrni markerji: kodominantno dedovanje

Restriktijski vzorci: nizka resolucija, malo populacijsko specifičnih markerjev

Mikorsateliti: visoka resolucija, redki privatni aleli

Polimorfizmi posameznih nukleotidov: visoka resolucija, še malo podatkov

Mitohondrijska DNA in genetska čistost populacij

- Zaradi visoke stopnje genetske variabilnosti, se je proučevanje najbolj variabilnega dela mtDNA, ki se nahaja med gena *COI* in *COII* uveljavilo kot ustrezno orodje za razlikovanje in filogenetsko opredelitev populacij čebel. Ker gre v teh primerih v glavnem za razločevanje na ravni podvrst je bilo upravičeno začeti pričakovanje, da se posamezne podvrste vrste *Apis mellifera* med seboj razlikujejo glede na tip mtDNA. Porazdelitev tipov mtDNA v različnih taksonomskih skupinah (vrstah, podvrstah, lokalnih populacijah) je dokaj različna in različno dobro odraža stanje v populaciji.
- Kljub primerom pri drugih vrstah, ki potrjujejo pravilnost domneve, da se populacije in podpopulacije lahko razlikujejo po tipu mtDNA, je treba v primeru populacij čebel upoštevati, da gre za vrsto kjer postopek udomačitve ni primerljiv z drugimi vrstami domačih živali in posledično tudi ni bilo formiranja pasem v živinorejskem smislu. Posledica tega je verjetno bistveno večja genetska pestrost populacij čebel.

Pregled raziskav mtDNA pri čebelah v Sloveniji

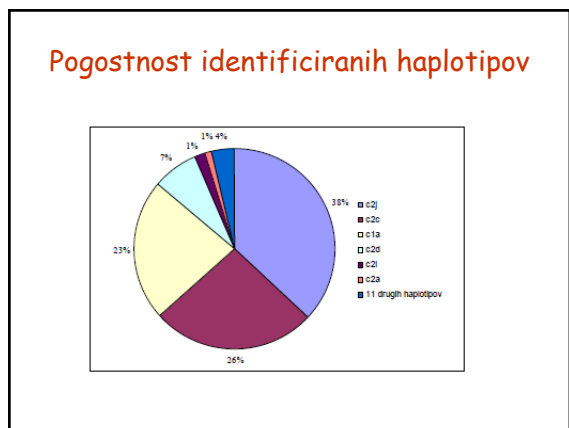
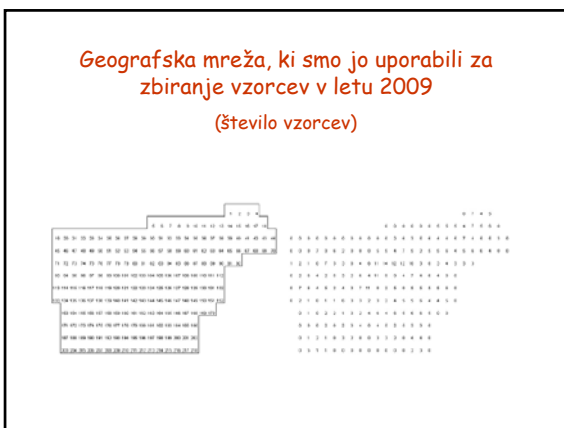
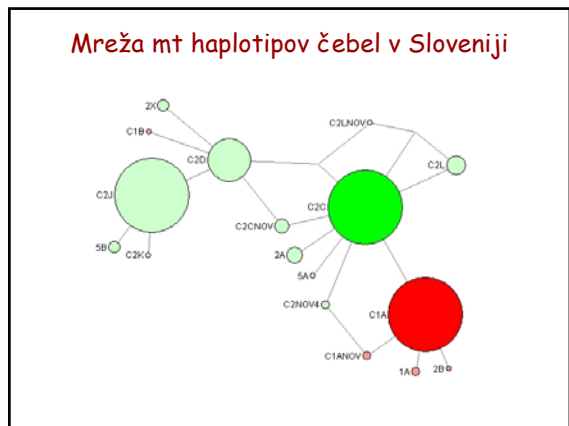
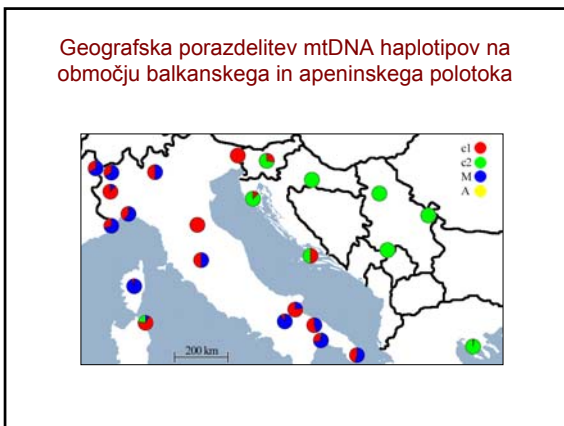
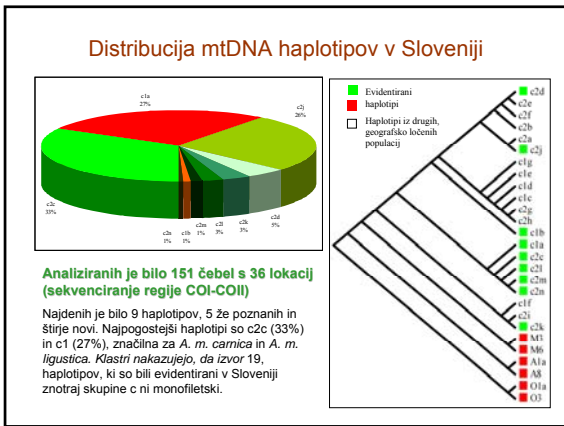
- Sušnik in sod., 2004 objavijo študijo mtDNA kranjske čebele, ki na relativno majhnem vzorcu nakazuje, da obstaja za populacijo specifičen mtDNA haplotip c2c.
- V letu 2008 je bila opravljena preliminarna raziskava vzorcev čebel z območja Stajerske in Primorske, z namenom potrditi ali ovreči hipotezo, da se v nekaterih regijah Slovenije vnaša tujerodne linije čebel, ki se križajo z avtohtono kranjsko čebelo. Naključen izbor vzorcev s Stajerske in Primorske je pokazal obstoj vsaj treh različnih haplotipov v mtDNA c2c, haplotip c1a in nov haplotip c2d*.
- Leta 2009 je bila opravljena študija vzorcev iz vzrejališč matič (Razpet in sod., 2009), ki je pokazala obstoj 9 različnih haplotipov, od katerih so bili tedaj 4 novi, še ne objavljeni haplotipi.
- V letih 2009-2010 je potekala sistematična študija mtDNA haplotipov v Sloveniji, ki je pokazala prisotnost 17 haplotipov, med njimi 10 novih haplotipov, ki jih pregled vzrejališč matič ni zajel. Prevladujejo haplotipi c2j (37%), c2c (26%) in c1a (23%).

Seznam mtDNA haplotipov v populaciji kranjske čebele v Sloveniji 2009

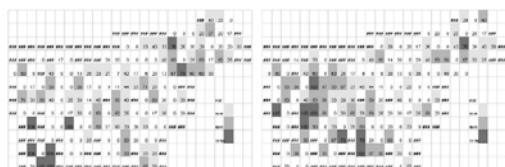
Posicija Haplotip	44	69	89	105	112	152	168	205	207	213	225	237	239	270	308	309	395	407	
c2c	T	-	T	C	T	T	A	A	A	C	G	T	A	T	T	T	A	C	C
c2c*	C	-	T	C	T	T	A	A	A	C	G	T	A	T	T	T	A	C	C
c2c**	T	-	T	C	T	T	A	A	-	C	G	T	A	T	T	T	A	C	C
c2d	T	-	T	C	T	T	A	A	A	C	G	T	A	C	T	T	A	T	C
c2d*	T	-	T	C	-	T	A	A	A	C	G	T	A	C	T	T	A	T	C
c2d**	T	-	T	C	-	T	A	A	A	C	A	T	A	C	T	T	A	T	C
c1a	T	C	T	C	T	T	A	A	A	C	G	T	A	T	T	T	A	C	C
c1b	T	C	T	C	T	T	A	A	A	C	G	T	A	C	T	T	A	T	C

Porazdelitev mtDNA haplotipov v populaciji kranjske čebele v Sloveniji 2009

Haplotip	N	%
c2c	48	33,10345
c2c*	2	1,37931
c2c**	4	2,758621
c2d	6	4,137931
c2d*	40	27,58621
c2d**	5	3,448276
c1a	39	26,89655
c1b	1	0,689655
skupaj	145	100



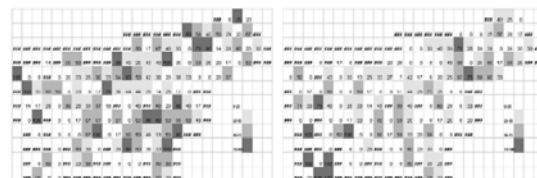
Razširjenost haplotipov C1a in C2c v % po sektorjih



C1a

C2c

Razširjenost haplotipov C2j in vseh C1 linij v % po sektorjih



C2j

C1

Zaključki

•Naša raziskava in tudi raziskave drugih populacij medonosne čebele kažejo, da je genetska pestrost večine populacij (z izjemo nekaterih otoških populacij) bistveno večja, kot smo pričakovali pred leti.

•Glede na stopnjo genetske pestrosti je malo verjetno, da je večji del te pestrosti posledica bolj intenzivnega izmenjevanja genetskega materiala med populacijami v zadnjih letih

•Trenutno nimamo zanesljivih genetskih markerjev, ki bi omogočali definiranje genetske čistosti populacij, če o njej sploh lahko govorimo.

