

Better-B newsletter

Numer 4 – czerwiec 2026

Różnorodność genetyczna ma kluczowe znaczenie dla odporności. Rodziny pszczele o wysokiej zmienności genetycznej są zdrowsze i lepiej radzą sobie z czynnikami stresogennymi. Różnorodność genetyczna stanowi również podstawę procesów ewolucyjnych, umożliwiając populacjom pszczoły miodnej dostosowanie się do lokalnego klimatu i warunków środowiskowych oraz wykształcenie odporności na patogeny. Aby lepiej zrozumieć, w jaki sposób różnorodność genetyczna zwiększa odporność, w ramach projektu Better-B zsekwencjonowano całe genomy ponad tysiąca pszczoł miodnych. Wyniki pozwoliły zidentyfikować geny, które prawdopodobnie odgrywają ważną rolę w adaptacji do różnych warunków klimatycznych. Sekwencjonowanie genomu wykorzystaliśmy również do zbadania zmian genetycznych zachodzących w populacjach pszczoły miodnej, które przetrwały ekspozycję na roztocza *Varroa* bez leczenia – co pokazuje naturalną zdolność pszczoł do zachowania różnorodności genetycznej. **Celem tych badań jest umożliwienie pszczelarzom wyboru pszczoł o takim tle genetycznym, które zapewnia odporność i dobre dostosowanie do lokalnych warunków środowiskowych.**

Jak pszczoły miodne są dostosowane do lokalnych warunków środowiskowych?



Resilience to climate and heat stress

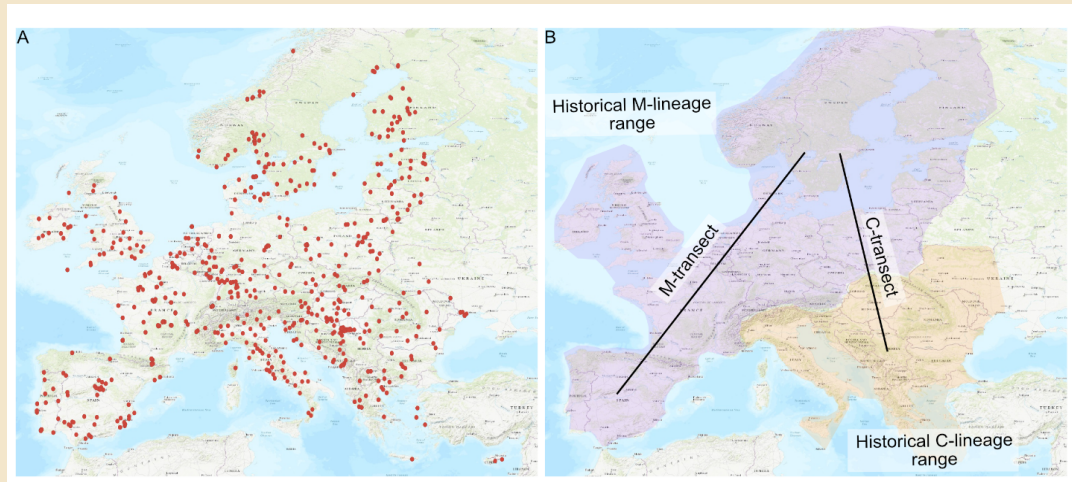
Pszczelarstwo w Europie prowadzone jest w bardzo zróżnicowanych warunkach klimatycznych, od gorących i suchych śródziemnomorskich lat po długie skandynawskie zimy, a warunki te szybko zmieniają się na skutek zmian klimatu. Kluczowe znaczenie ma zatem zapewnienie, aby pszczoły miodne były genetycznie dostosowane do lokalnych warunków klimatycznych, co sprzyja ich odporności i przetrwaniu rodzin. Aby odkryć geny istotne dla adaptacji do klimatu, zespoły badawcze Matthew Webstera (UU) i Alice Pinto (IPB), we współpracy z wieloma innymi partnerami projektu Better-B, zsekwencjonowały genomy ponad 1000 pszczoł miodnych zebranych z całej Europy.

Historia ewolucyjna pszczoły miodnej

Jeśli chcemy zrozumieć, w jaki sposób pszczoły miodne są dostosowane do swojego środowiska, musimy poznać ich historię ewolucyjną. Pszczoły miodne są obecne w Europie od niemal miliona lat, a więc pojawiły się na długo przed człowiekiem. Na skutek gwałtownych wahań klimatycznych związanych z epokami lodowcowymi oraz barier geograficznych, takich jak pasma górskie, dwie główne linie ewolucyjne uległy wzajemnej izolacji i wykształciły znaczne różnice genetyczne. Są to linia M, do której należą pszczoła środkowoeuropejska (*Apis mellifera mellifera*) oraz pszczoła iberyjska (*A. m. iberiensis*), oraz linia C, do której należą pszczoła włoska (*A. m. ligustica*) i pszczoła krańska (*A. m. carnica*). Naturalny zasięg występowania linii M w Europie obejmuje zachodnią część kontynentu, od Skandynawii po półwysep Iberyjski, natomiast linia C ograniczona jest do południowo-wschodniej Europy, półwyspu Apenińskiego i Bałkanów.

Dopiero w ciągu ostatnich 150 lat naturalny rozkład pszczoły miodnej w Europie został zaburzony przez przemieszczanie rodzin oraz import matek pszczelich przez pszczelarzy. Dotyczyło to głównie importu linii C do krajów północnych, co wpłynęło na tło genetyczne rodzimych dla tych obszarów pszczoł linii M. Mieszanie się linii pszczoły miodnej zwiększa różnorodność genetyczną, ale może też zaburzać dopasowanie między genami a środowiskiem, zmniejszając odporność lokalnych populacji. Badając genomy pszczoły miodnej, chcemy poznać wpływ transportu

pszczół na to, jak dobrze są one genetycznie dostosowane do swojego środowiska. Dążymy również do zidentyfikowania genów kontrolujących cechy istotne dla adaptacji do klimatu.



Rycina 1: (A) Lokalizacje pobierania próbek ponad 1000 pszczół z 33 krajów europejskich, których genomy zostały zsekwencjonowane w ramach projektu Better-B. (B) Zacięto historyczny zasięg występowania rodzimych dla Europy linii M (kolor fioletowy) i C (kolor pomarańczowy). Rozkład ten został zaburzony przez transport pszczół linii C dalej na północ. Porównaliśmy genomy pszczół wzdłuż dwóch transektów północ-południe (czarne linie), aby znaleźć geny kontrolujące adaptację do klimatu.

1000 genomów pszczoły miodnej

W ramach projektu Better-B zsekwencjonowano genomy pszczół robotnic zebranych w całej Europie (Ryc. 1A). Dane te wykazały, że transport pszczoły miodnej miał ogromny wpływ na jej skład genetyczny. W krajach takich jak Niemcy, Belgia, Holandia oraz krajach skandynawskich ponad 90% tła genetycznego stanowi obecnie zaimportowana linia C. Możliwe, że tak zakrojony na szeroką skalę import zaburzył adaptację do lokalnego środowiska, co skutkuje mniejszą odpornością pszczół.

Uwzględniając to mieszane tło genetyczne, porównaliśmy populacje pszczoły miodnej wzdłuż dwóch transektów północ-południe, aby zidentyfikować geny mogące tłumaczyć adaptację do klimatu (Ryc. 1B). Transekt linii M porównuje pszczoły z półwyspu Iberyjskiego z pszczołami z północnej Europy, które pochodzą ze specjalnych populacji „ochronnych”, niedotkniętych importem pszczół linii C. Transekt linii C porównuje pszczoły z południowo-wschodniej Europy z pszczołami z północnej Europy. Dzięki tym porównaniom możemy zidentyfikować konkretne warianty genetyczne, które różnią się częstością występowania między populacjami północnymi i południowymi oraz mogą tłumaczyć adaptację do różnych warunków klimatycznych.

Geny adaptacji do klimatu

Wykorzystaliśmy szeroki zakres metod statystycznych, aby zidentyfikować geny odpowiedzialne za adaptację do klimatu. Analizy te obejmują porównywanie genomów pszczół żyjących na różnych szerokościach geograficznych. Poszukujemy również korelacji między częstością występowania genów a parametrami klimatycznymi, takimi jak temperatura i opady. Dzięki zastosowanym metodom zidentyfikowaliśmy kilka genów o odmiennych wariantach w krajach północnych i południowych. Jeden szczególnie interesujący gen należy do rodziny tzw. „ciężkich łańcuchów miozyny”, która koduje białka będące ważnymi składnikami mięśni. Pszczoły miodne wykorzystują swoje duże mięśnie lotne do regulacji temperatury w ulu – zarówno wytwarzając ciepło w chłodne dni, jak i zwiększając przepływ powietrza w ulu, aby go schłodzić. Zakładamy, że różne warianty tego genu są korzystne w zależności od tego, czy

rodzina znajduje się w klimacie ciepłym, czy chłodnym. Promując wykorzystanie pszczoł z wariantami genetycznymi tego genu dopasowanymi do klimatu, możemy zwiększyć odporność i przeżywalność rodzin pszczelich.

Jak pszczoły miodne wykształcają odporność na *Varroa*?



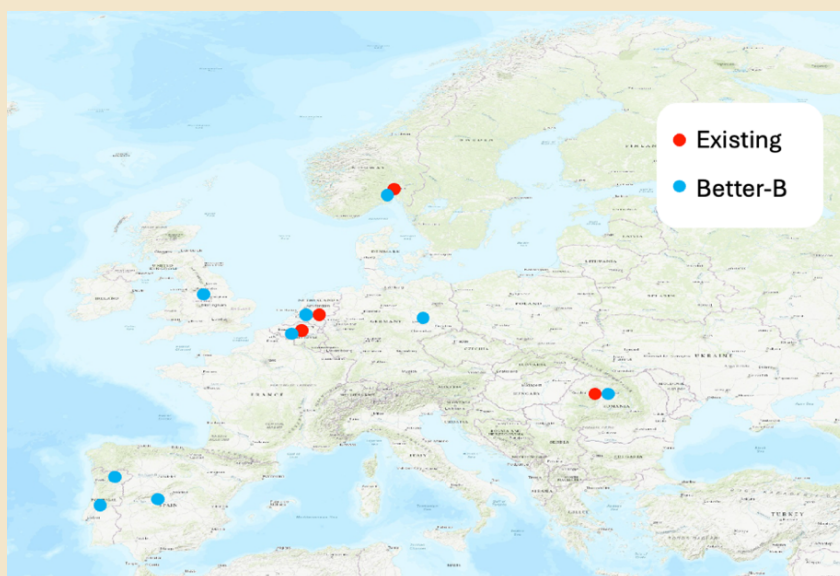
Local
adaptation
by Darwinian
selection

Roztocz *Varroa* jest główną przyczyną strat rodzin pszczelich w Europie, a większość rodzin nie jest w stanie przetrwać bez leczenia chemicznego. Mimo to w ciągu ostatnich dwudziestu lat u kilku populacji pszczoły miodnej wykształciła się naturalna odporność na tego pasożyta, dzięki której mogą one przetrwać bez interwencji pszczelarza. W ramach projektu Better-B zbadano cztery istniejące populacje, które przetrwały mimo obecności *Varroa* oraz założono nowe, nieleczone przeciwko *Varroa* populacje w dziewięciu różnych lokalizacjach w Europie. Dzięki sekwencjonowaniu genomów tych populacji możemy analizować zmiany zmienności genetycznej zachodzące w miarę nabywania przez populację odporności na *Varroa*.

Genetyka populacji przetrwałych bez leczenia przeciwko *Varroa*

Lokalizacje populacji, które przetrwały bez leczenia przeciwko *Varroa* przedstawiono na Rycinie 2. Zidentyfikowano cztery istniejące populacje w Cluj-Napoca (Rumunia), Gjerdrum (Norwegia), De Hoge Veluwe (Holandia) i Kalmthout (Belgia). Wszystkie te populacje przetrwały bez leczenia przeciwko *Varroa* przez wiele lat. Populacja norweska powstała już w 1999 roku, a holenderska w 2007 roku, natomiast zarówno populacja belgijska, jak i rumuńska są nieleczone od 2019 roku. Dodatkowo, partnerzy w konsorcjum Better-B założyli dziewięć nowych populacji na początku projektu w 2023 roku, w regionach o różnym klimacie w całej Europie. W każdej lokalizacji umieszczono na początku średnio około 56 rodzin, którymi zarządzano zgodnie z podejściem „darwinowskiej czarnej skrzynki” (ang. Darwinian black box). Protokół ten zakłada, że populacje ewoluują pod wpływem doboru naturalnego wywieranego przez *Varroa* i obejmuje coroczny podział rodzin w celu zapobiegania rojeniu. Spośród założonych populacji dwie nie przetrwały pierwszego roku bez leczenia przeciwko *Varroa*, co pokazuje jego niszczycielski wpływ na rodziny pszczele.

Zbadaliśmy ewolucję wszystkich populacji przetrwałych bez leczenia przeciwko *Varroa* za pomocą sekwencjonowania całego genomu. Interesowały nas trzy główne pytania: 1) Czy efekt „wąskiego gardła” populacyjnego wynikający z doboru naturalnego powoduje zmniejszenie zmienności genetycznej? 2) Czy niska zmienność genetyczna zwiększa ryzyko wymarcia populacji na skutek *Varroa*? 3) Jakie warianty genetyczne podlegają selekcji, ponieważ zwiększają odporność na *Varroa*?



Rycina 2: Lokalizacje populacji pszczoły miodnej przetrwałych mimo *Varroa*, badanych w ramach projektu Better-B

Wysoki poziom różnorodności genetycznej u europejskich pszczół miodnych

Porównaliśmy poziom różnorodności genetycznej w czterech istniejących populacjach, które przetrwały bez leczenia na *Varroa* z rodzinami pszczelimi z sąsiednich regionów, leczonymi przeciwko *Varroa*. Co zaskakujące, nie stwierdzono spójnych różnic. Jest to zaskakujące, ponieważ nielezione populacje doświadczyły znacznego zmniejszenia liczebności na skutek śmiertelności rodzin, co mogłoby sugerować obniżenie różnorodności genetycznej. Wyniki te podkreślają zatem naturalną zdolność pszczoły miodnej do utrzymywania zmienności genetycznej dzięki takim procesom, jak kopulacja matek z wieloma trutniami.

Porównując różnorodność genetyczną między wszystkimi populacjami, stwierdziliśmy, że najsilniej korelowała ona z ich historycznym pochodzeniem: rodziny o mieszanym (hybrydowym) pochodzeniu cechowały się większą różnorodnością genetyczną. Nie stwierdziliśmy jednak żadnego wpływu różnorodności genetycznej na przeżywalność populacji hodowanych metodą „darwinowskiej czarnej skrzynki”, co sugeruje, że różnorodność genetyczna we wszystkich tych populacjach jest wystarczająco wysoka, a śmiertelność wynikająca z *Varroa* ma inne przyczyny.

Porównanie czterech ustabilizowanych populacji przetrwałych bez leczenia na *Varroa* z otaczającymi je populacjami leczonymi przeciwko *Varroa* nie ujawniły żadnych konkretnych genów odpowiedzialnych za odporność na *Varroa*. Prawdopodobnie wynika to z faktu, że za odporność na *Varroa* odpowiada duża liczba genów, a warianty genetyczne podlegające selekcji różnią się między populacjami i środowiskami. Eksperymenty „darwinowskiej czarnej skrzynki” prowadzone w ramach Better-B pozwolą uzyskać kolejne populacje przetrwałe bez leczenia na *Varroa*, które będą kluczowym zasobem dla zrozumienia genetyki odporności na *Varroa*.

Co dalej?

W kolejnym etapie projektu zajmiemy się modelowaniem wpływu zmian klimatu na dostosowanie pszczół do ich środowiska. Pomoże nam to przewidzieć skutki zmian klimatu dla odporności rodzin pszczelich oraz określić, czy niektóre regiony Europy są szczególnie narażone na straty rodzin w wyniku zmieniającego się klimatu. Dzięki identyfikacji konkretnych wariantów genetycznych dopasowanych do danego klimatu, mamy również nadzieję pomóc pszczelarzom w wyborze linii pszczoły miodnej najlepiej dostosowanych do lokalnych warunków.

Ekspertyzy selekcji darwinowskiej są obecnie prowadzone w dziewięciu lokalizacjach w ramach projektu Better-B. W tych populacjach kształtuje się odporność na *Varroa*. Analizując zmiany genetyczne w populacjach, które przetrwały lub wyginęły, oraz porównując je między sobą, mamy nadzieję odkryć czynniki genetyczne sprzyjające odporności rodzin pszczelich.

Chcesz dowiedzieć się więcej?

Zapraszamy Państwa do udziału w naszym najbliższym [wydarzeniu otwartym](#), które odbędzie się 25 listopada 2026 roku w Bragança, w Portugalii, oraz online. Wydarzenie poprowadzimy zarówno w języku angielskim, jak i portugalskim (a także częściowo w języku hiszpańskim).

Będziemy kontynuować zgłębianie genetyki pszczoły miodnej i adaptacji lokalnej, dowiemy się, jak krajobraz wpływa na odporność na pestycydy, oraz lepiej zrozumiemy termoregulację wewnątrz ula. Serdecznie zapraszamy do dyskusji na temat koncepcji Better-B dotyczącej zrównoważonego pszczelarstwa opartego na dwutorowym podejściu do zarządzania, oddzielającym produkcję od reprodukcji. Po południu odbędzie się sesja praktyczna, podczas której dowiemy się, jak najlepiej pomóc rodzinie pszczelej w regulacji temperatury wewnątrz ula.

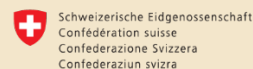
Learn more

www.better-b.eu

Follow us on LinkedIn

[Better-B Project](#)

This work was supported by the Better-B project, which has received funding from the European Union, the Swiss State Secretariat for Education, Research and Innovation (SERI) and UK Research and Innovation (UKRI) under the UK government's Horizon Europe funding guarantee (grant number 10068544).



Swiss Confederation