

Globalny kryzys różnorodności biologicznej dotyczy także owadów zapylających, czyli jednej z najważniejszych grup organizmów niezbędnych do utrzymania ekosystemów lądowych. Patogeny są uważane za jeden z głównych czynników powodujących spadek liczebności zapylaczy, w tym pszczół. Pszczoła miodna (*Apis mellifera*) i jej patogeny, są najczęściej badane ze względu na ich znaczenie gospodarcze. Jednakże w Europie opisano dotychczas ponad 2000 gatunków pszczół, z których większość to pszczoły samotne. Do przenoszenia patogenów pomiędzy osobnikami różnych gatunków pszczół dochodzi podczas zbierania pokarmu z kwiatów, gdzie zakażone osobniki pozostawiają odchody zawierające wirusy zdolne do zakażeń kolejnych gospodarzy.

W maju 2022 roku uzyskałam finansowanie projektu pt. "Czy miejskie zapylacze są zdrowsze? Wpływ antropogenicznie zmienionego krajobrazu na transmisję wirusów u owadów zapylających." Celem projektu było opisanie, na podstawie sieci zapyteń, dróg możliwej transmisji wirusów u dzikich i udomowionych zapylaczy w krajobrazach zmienionych przez człowieka. W poprzednich dwóch latach (2020-2021) przy użyciu tej samej metodyki, na tych samych stanowiskach badawczych zebrano próbki w ramach innego projektu. Dane zebrane w tym projekcie pozwolą na obserwację nie tylko różnic między różnymi typami krajobrazu, ale także trendów i głębszą analizę danych poprzez porównanie trzech odłowów pszczół w następujących po sobie latach.

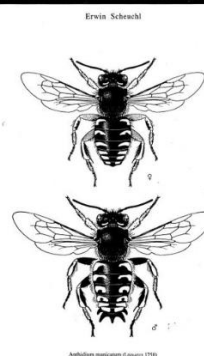
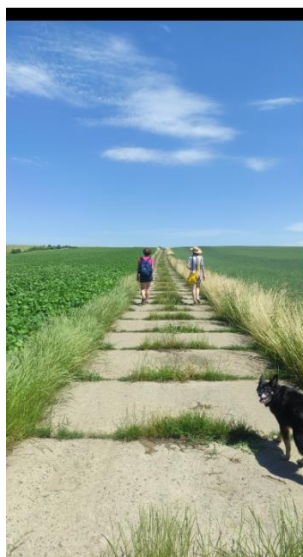
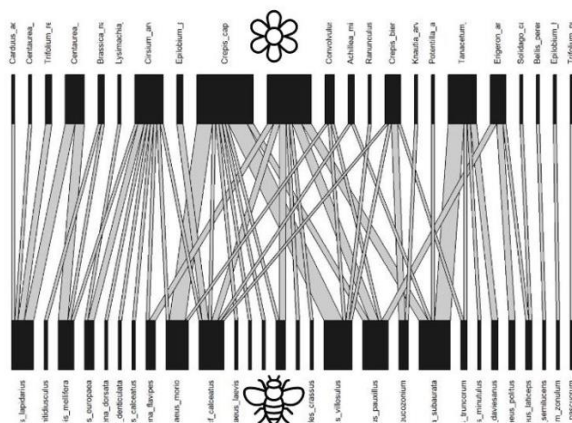
Nasza grupa badawcza z Zakładu Ekologii Roślin Instytutu Botaniki UJ pobrała próbki na planowanych powierzchniach badawczych (w krajobrazie wiejskim, miejskim i seminaturalnym) w lipcu 2022 roku [foto]. Specjalista botanik dokonał oznaczenia roślin bezpośrednio w terenie. Identyfikację gatunkową pszczół przeprowadzono w laboratorium Zespołu Ekologii Behawioralnej Instytutu Nauk o Środowisku za pomocą mikroskopu stereoskopowego [foto], porównując cechy morfologiczne na podstawie kluczy taksonomicznych pszczół polskich i europejskich [foto]. Zebraliśmy 1558 owadów zapylających, w tym 1315 osobników pszczół reprezentujących 91 gatunków. Rośliny odwiedzane przez pszczoły należą do 93 gatunków. Część okazów, których identyfikacja metodami makroskopowymi nie była możliwa została oznaczona metodami molekularnymi z wykorzystaniem barkodów DNA pobranymi z nóg pszczół [foto] we współpracy z Zespołem Ewolucji Symbioz z INoŚ UJ.

Różnorodność pszczół w latach 2021 i 2022 była znacznie większa niż w roku 2020. Równocześnie różnorodność pszczół była najniższa na terenach rolniczych, a najwyższa na terenach miejskich. Podczas analizy różnorodności roślin uzyskano podobne wyniki jak dla różnorodności pszczół.

Głównym narzędziem służącym do opisu przenoszenia wirusów pszczół miodnych w ekosystemie są sieci zapyteń [foto] utworzone na podstawie obserwacji odwiedzin różnych gatunków roślin przez różne gatunki pszczół. Stworzyłam 15 sieci zapyteń (po jednej dla każdego stanowiska badawczego oraz dla trzech typu krajobrazu) następnie przeanalizowałam parametry sieci takie jak wskaźnik powiązań sieci (czyli możliwe kontakty różnych gatunków pszczół odwiedzających te same gatunki roślin), zagnieżdżenie oraz modularność sieci [foto]. Dodatkowo zdobyte fundusze pozwoliły na wykonanie analizy liczby kopii wirusów w zebranych pszczołach przy użyciu metody qPCR, których wyniki nie są jeszcze w pełni opracowane.

Aleksandra Żmuda

Badania wykonano przy wsparciu finansowym Wydziału Biologii w ramach Programu Strategicznego Inicjatywa Doskonałości (Research Support Module) w Uniwersytecie Jagiellońskim.



**Band II: Megachilidae - Melittidae**

