

Méhészeti genomikai és genetikai vizsgálatok.

Heltai Botond, Dr. Stéger Viktor, Dr. Kolics Balázs, Dr. Barta Endre, Dr. Frank Krisztián, Dr. Bodó Szilárd, Fehér Péter, Tokár Alexandra és Szepesi Kinga.

Az Agrárminisztérium Nemzeti Agrárkutatói és Innovációs Központ Mezőgazdasági Biotechnológiai Kutatóintézet Alkalmazott Vad- és Haszonállat Genomika Csoportja elsőként kezdte el a háziméhek teljes genomanalízisét az országban, amely segítségével új DNS markerek fejlesztésén dolgoztunk. Célunk az élőlények generációkon továbbadott tulajdonságainak átöröklési szabályait megismerni. Kutatásaink újdonsága, hogy a teljes genom, örökítő anyag vizsgálatával bioinformatikai úton tudunk új DNS markereket azonosítani, mellyel jelentősen felgyorsul az egyes fajok, alfajok, fajták, egyedek azonosítására alkalmas genetikai markerek fejlesztése. Az előzetesen felhalmozott bioinformatikai és labor tapasztalatokat a méhészeti genetikai és genomikai kutatásokban is szeretnénk kamatoztatni.

Az Agrárminisztérium és OMME által támogatott Magyar Méhészeti Nemzeti Programban a kutatásaink célja a hazai méhek örökítő anyagának vizsgálata, és ezáltal olyan ismeretek megszerzése, melyek a méhészetek működését versenyképesebbé és hatékonyabbá teszik. Például csak most kezdik feltárni azokat a DNS szakaszokat, amik megkülönböztetik azt a méhet, amelyik eltávolítja időben a beteg fiasítást és amelyik nem. Amelyik leszedi méhtársáról az atkát és amelyik nem. Itt a bonyolultságot az adja, hogy nem egyetlen működő DNS szakasz (ezt nevezzük génnek), hanem valószínűsíthetően több gén, és eltérő mértékben felel egy tulajdonságért. Elsődleges célunk olyan genomi variációk feltérképezése, melyek DNS diagnosztikai markerek fejlesztését teszik lehetővé, amivel a méhek, illetve méhészeti termékek földrajzi eredetének, valamint faji/alfaji, esetleg populációs származásának meghatározásában segítenének. Hosszú távon az ilyen markerek alkalmazhatóak a méh nemesítésben, a méhegészségügyben, továbbá a méhészeti termékek eredetvédelmében.

Az irodalomban eddig leírt leggyakrabban alkalmazott markerek adaptálása, illetve a hazai genomikai adataink felhasználásával, olyan nagy elválasztó erejű marker szetteket készítettünk, amellyel a Kárpát-medencében felmérhető a krajnai méh ökotípusok előfordulása, összetétele. Természetesen a genetikailag távolabb álló olasz, valamint a buckfast hibridek elterjedése is jelezhető a hazai méhtenyésztők vonalainak ellenőrzésekor. A populációgenetikai markereink eddig kellőképpen változatosnak bizonyultak, valamint alkalmasak voltak a krajnai vonalak fajtatisztaságának megállapítására. A fiasításból történő DNS kivonással közvetlenül

ellenőrizhető az anya genotípusa, így lehetséges a tiszta krajnai vonalak fenntartása a méhtenyésztés, inszeminálás során.

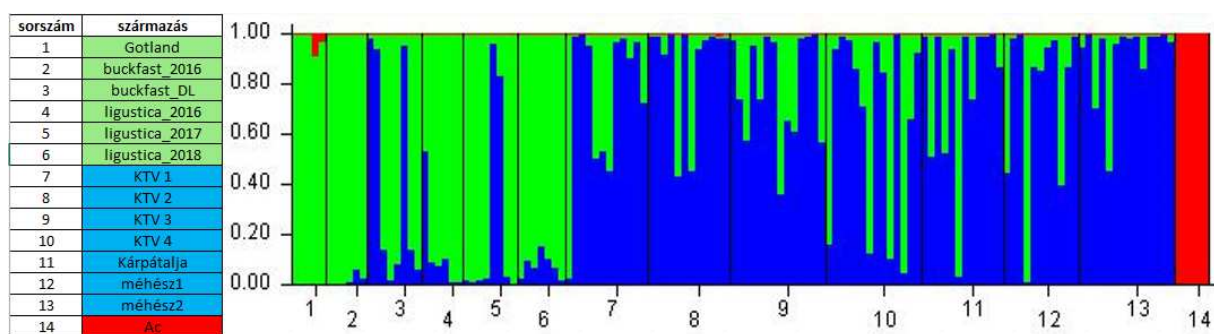
Egy hosszútávú méhtenyésztési program keretében a magyarországi méhtenyésztőkkel együttműködve a kiváló higiénikus viselkedésű méhcsaládok genetikai alapú nemesítésére is törekszünk. A gyakorlati méhtenyésztési programokban folyékony nitrogénes fagyasztásos kísérletekkel tudjuk meghatározni a 24 órás tisztítás mértékét (az elpusztított lárvák kihordásának sebességét), ami szorosan korrelál a méhek higiénikus tisztogató hajlamával (1. ábra). A programban a hazai teljesítményvizsgáló telepek legjobban teljesítő családjait teszteljük, továbbá több méhtenyésztő állományát is monitorozzuk. Hosszabb távon stabilabb, nagyszámú, kiváló higiénikus és termelési tulajdonságokkal rendelkező törzsállományok hozhatóak létre, amelyek mesterséges megtermékenyítéssel fenntarthatóak.

Optimalizáltuk a fiasításból történő DNS kivonást, így meg tudjuk állapítani az anya genotípusát és származását az anyák károsítása nélkül. Így közvetlenül meghatározható az anya genotípusa, azon keresztül a család jellemző fenotípusa is. A fejlesztett nagyszámú DNS markereink lehetővé teszik, hogy hatékonyan vizsgáljuk a teljes örökítő anyagukat, így számszerűsíthető a hibrid származás (2. ábra). Fontos, hogy a tenyészvonalak kiválasztásakor közvetlenül az anya és az őt megtermékenyítő herevonalakat adó anyák származását is vizsgáljuk, ami lehetővé teszi az irányított szelekciót a méhtenyésztők állományaiban.

Sikerült azonosítanunk több jó teljesítményű és kiváló tisztogató hajlammal rendelkező fajtatiszta méhcsaládot, így ajánlatos lenne ezeknek a családoknak az *ex situ* (eredeti élőhelyen kívüli) tárolása. A herék termékenyítő anyagának hosszú távú megőrzése megkönnyítené az inszeminálás lebonyolítását is.



1. ábra. Higiénikus viselkedés tesztelése folyékony nitrogénes fagyasztással.



2. ábra. Genetikai profil alapján prediktált méhfélék, Structure programban $K=3$ paraméterrel (csoportok száma); minden egyes kisebb oszlop egy méh egyedet reprezentál, a zöld szín az egyéb fajtákat, a kék a krajnai fajtát, a piros pedig az ázsiai származást jelenti a vizsgált 14 csoportban, eltérő mintaszámokkal.