

DEBRECENI EGYETEM
MEZŐGAZDASÁG-, ÉLELMISZERTUDOMÁNYI ÉS KÖRNYEZETGAZDÁLKODÁSI
KAR

ÁLLATTENYÉSZTÉSI TUDOMÁNYOK DOKTORI ISKOLA

Doktori Iskola vezető:

Dr. Kovács András
egyetemi tanár, az MTA doktora

Témavezető:

Dr. Kusza Szilvia
tudományos főmunkatárs

**A MAGYARORSZÁGI MÉZELŐMÉH-POPULÁCIÓKBAN (*APIS MELLIFERA*
CARNICA PANNONICA POLL.) MEGJELENŐ HATÁR MENTI FAJTÁK
KIMUTATÁSA GENETIKAI ÉS MORFOLÓGIAI MÓDSZEREKKEL**

Készítette:

Péntek-Zakar Erika
doktorjelölt

Debrecen

2014

A MAGYARORSZÁGI MÉZELŐMÉH-POPULÁCIÓKBAN (*APIS MELLIFERA CARNICA PANNONICA* POLL.) MEGJELENŐ HATÁR MENTI FAJTÁK KIMUTATÁSA GENETIKAI ÉS MORFOLÓGIAI MÓDSZEREKKEL

Értekezés a doktori (PhD) fokozat megszerzése érdekében
az állattenyésztési tudományok tudományágban

Írta: **Péntek-Zakar Erika** okleveles agrármérnök

Készült a Debreceni Egyetem Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskolája
(Állatnemesítés-Génmegőrzés, Állatökológia programja) keretében

Témavezető: Dr. Kusza Szilvia PhD

A doktori szigorlati bizottság:

elnök: Dr. Mihók Sándor professor emeritus, CSc
tagok: Dr. Hidas András tudományos főmunkatárs, CSc
Dr. Sárospataki Miklós egyetemi docens, PhD

A doktori szigorlat időpontja: 2014. január 14.

Az értekezés bírálói:

Aláírás

.....

.....

.....

.....

A bírálóbizottság:

Aláírás

elnök:

.....

.....

tagok:

.....

.....

.....

.....

.....

.....

.....

.....

Az értekezés védésének időpontja: 2014.

TARTALOMJEGYZÉK

TARTALOMJEGYZÉK.....	2
1. BEVEZETÉS.....	4
2. IRODALMI ÁTTEKINTÉS	7
2.1. A MÉZELŐ MÉH JELENTŐSÉGE A VILÁGON ÉS MAGYARORSZÁGON	7
2.2. A MÉZELŐ MÉH RENDSZERTANA ÉS FÖLDRAJZI ELTERJEDÉSE	9
2.3. AZ EGYES FAJTÁK BEMUTATÁSA.....	12
2.3.1. <i>A krajnai fajta (Apis mellifera carnica, Pollmann) származása, története, helyzete és jellemzői.....</i>	12
2.3.2. <i>Olasz fajta (Apis mellifera ligustica).....</i>	13
2.3.3. <i>Német fajta (Apis mellifera mellifera)</i>	14
2.3.4. <i>Kaukázusi fajta (Apis mellifera caucasica)</i>	14
2.3.5. <i>Buckfast vonal.....</i>	14
2.4. A MÉZELŐ MÉH GENETIKAI SAJÁTOSSÁGAI	15
2.5.3. <i>A mitokondriális DNS (mtDNS) mint molekuláris genetikai marker.....</i>	16
2.5.3.1. <i>A citokróm-oxidáz I (COI) gén jellemzése.....</i>	18
2.5.3.2. <i>Az észak-mediterrán „C” származási vonal jellemzése.....</i>	19
2.5.3.3. <i>A mézelőméh-állományok genetikai diverzitásának meghatározására vonatkozó vizsgálatok mitokondriális DNS marker felhasználásával.....</i>	19
2.5.3.4. <i>Restrikciós fragment hossz polimorfizmus (RFLP) a mézelő méh mtDNS vizsgálatokban</i>	20
2.5.3.5. <i>Szekvenálás a mézelő méh mtDNS vizsgálatokban</i>	23
2.5.4. <i>Nukleáris markerek.....</i>	27
2.5.4.1. <i>Mikroszatellitek</i>	27
2.5.4.2. <i>DNS ujjlenyomat vizsgálat</i>	34
2.5.4.3. <i>Véletlenszerűen Amplifikált Polimorf DNS (RAPD)</i>	34
2.5.4.4. <i>Enzim elektroforézis</i>	35
2.6. MÉHTENYÉSZTÉS, NEMESÍTÉS	36
2.6.1. <i>Fajtajelleg vizsgálatok világszerte.....</i>	37
2.6.2. <i>Fajtajelleg vizsgálat Magyarországon</i>	42
3. ANYAG ÉS MÓDSZER.....	46
3.1. MINTAGYŰJTÉS.....	46
3.2. A GENOMIÁLIS DNS IZOLÁLÁSA	47

3.2. MITOKONDRIÁLIS DNS VIZSGÁLAT	48
3.3. MIKROSZATELLIT ANALÍZIS	52
3.4. FAJTAJELLEG VIZSGÁLAT	55
4. EREDMÉNYEK	58
4. 1. A MITOKONDRIÁLIS DNS VIZSGÁLAT EREDMÉNYEI	58
4. 2. A MIKROSZATELLIT VIZSGÁLAT EREDMÉNYEI	69
4.3. A FAJTAJELLEG VIZSGÁLAT EREDMÉNYEI	91
4.4. A GENETIKAI ÉS FAJTAJELLEG VIZSGÁLATOK ÖSSZEHAJONLÍTÁSA	98
5. KÖVETKEZTETÉSEK, JAVASLATOK.....	100
6. ÚJ ÉS ÚJSZERŰ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK.....	104
7. AZ EREDMÉNYEK GYAKORLATI HASZNOSÍTHATÓSÁGA.....	105
8. ÖSSZEFOGLALÁS.....	106
9. SUMMARY	109
10. PUBLIKÁCIÓS JEGYZÉK	113
11. PUBLIKÁCIÓK AZ ÉRTEKEZÉS TÉMAKÖRÉBEN.....	130
12. MELLÉKLET.....	132
RÖVIDÍTÉSEK JEGYZÉKE	145
ÁBRÁK JEGYZÉKE	146
TÁBLÁZATOK JEGYZÉKE	147
KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS.....	148
NYILATKOZAT	149

1. BEVEZETÉS

A méhészet az állattenyésztés különleges ágazata. A méhek élete sokkal jobban függ a természetes környezettől, illeszkedik az ökológiai gazdálkodáshoz, mint a többi gazdasági haszonállat, nem csupán élelmiszer előállító „funkciójával”, hanem közvetett hasznán, a megporzáson keresztül is.

A mézelő méhek (*Apis mellifera* L.) nélkülözhetetlenek a mezőgazdasági növények beporzása szempontjából – több mint 15 milliárd dollár értéknövekedést eredményeznek körülbelül 130 kultúrnövény esetében – különösen a nagy értékű különlegességeknél, mint a bogyósok, a csonthéjas gyümölcsök és zöldségek (Delaplane és Mayer, 2000). Szükségesek a napraforgó, az alma, a körte, a bab és számos mezőgazdasági növény beporzásához, de e hártvásszárnyúak végzik az európai vadvirágok 85%-nak beporzását is. Mindezek következtében megőrzésük szükségszerű a bioszféra természetes rendszerében, hiányuk beláthatatlan következményekkel járna az élővilágra, többek között az Európai Unióban élő mintegy félmillió főállású és hobbi tevékenységet folytató méhészt is érintené. Az élelmiszeripar, gyógyszeripar és vegyipar is hasznosítja a méhcsaládok által létrehozott termékeket, mint a mézet, propoliszt, viaszt, méhpempőt valamint a méhmérget (Szalainé, 2002).

Magyarországon is felbecsülhetetlen hasznót jelent a közel félmillió méhcsalád beporzó tevékenysége, mely a genetikai diverzitás fenntartásán túl elősegíti a mezőgazdasági kultúrák termésátlagának növekedését is (Szalainé, 2002). A magyar méhészet a mezőgazdaság bruttó termelési értékének 1%-át, míg az állattenyésztés közel 3%-át adja (47/2010. (XII. 31.) VM rendelet). Az akácméz egyedisége és minősége miatt Hungaricumnak számít (Internet 8).

A méhek természetes úton a szabadban párosodnak, ezért a here nem ismert, azonosítása nem megoldható. Ebből következően nagyon nehéz kontrollálni a párosodásokat, így a fajták közötti génáramlás általános (Franck és mtsai, 1998). Mindkét szülő ismeretének, és így a klasszikus tenyésztési eljárások bevezetésének egyik feltétele a populációk genetikai varianciájának hazai kutatása, az esetleges génszennyezések felismerése, valamint az eredmények adaptálása és alkalmazása a méhtenyésztésben is. A XX. század elejétől jellemző a méhtenyésztésben a méhanyák kereskedelme, ahol főként a kiváló fajták dominálnak, mint az olasz fajta (*Apis mellifera ligustica*) Olaszországban, valamint a krajnai fajta (*Apis mellifera carnica*) a volt Jugoszláviában és Északnyugat-Európában (Peer, 1957).

Jelenleg az egyetlen elismert és tenyészthető méhfajta Magyarországon a pannon méh (*Apis mellifera carnica pannonica*), tenyésztése ellenőrzött és szabályozott körülmények között folyik. Ennek ellenére a méhészeti termékek exportja mellett jelenleg már a méhanyák exportjával és importjával, valamint az esetleges természetes hibridizálódással is számolni kell. Ennek következtében a Kárpát-medence ökológiai feltételeihez kiválóan alkalmazkodott, az évszázadok alatt meghonosodott, illetve az anyanevelők által kialakított *Apis mellifera carnica pannonica* méh génállományának megváltozására is számítani lehet (Szalainé és Molnár, 2000). A méhészek hazánkban több esetben felfedeztek az olasz fajtára jellemző sárga potrohú egyedeket. Hipotézisük igazolására molekuláris genetikai és fajtajelleg vizsgálatokat végeztünk. E két módszer kiválóan kiegészíti egymást, mivel csupán fenotípusos jegyek felmérésével nem lehet meghatározni egy-egy populáció genetikai szerkezetét, azaz más genotípusoktól való eltérés mértékét. Mivel a genetikai állomány általában nem, vagy időben később fejeződik ki fenotípusban, a génmegőrzést szolgáló tenyésztés egyik fő feladata e ritka allélok felkutatása, majd fenntartása és megőrzése. A génmegőrzésben fontos ritka allélok kimutatásában molekuláris genetikai markerek voltak segítségünkre, melyek a DNS lánc speciális régiói, és nagymértékű polimorfizmust mutatnak szekvenciájukban az egyedek között az adott fajon vagy fajtán belül.

Munkánk során a következő kérdésekre kerestünk válaszokat:

A magyar mézelőméh-populációkban megjelenő idegen méhfajták kimutatása genetikai markerekkel (mitokondriális DNS és mikroszatellit markerek) valamint fajtajelleg vizsgálati paraméterek felhasználásával.

- A hazai mézelőméh-populációk és külföldi kontroll állományok, valamint a génbankban elérhető szekvenciák haplotípusainak kimutatása a mitokondriális citokróm-oxidáz I régió egy meghatározott szakasza által.
- A honos krajnai pannon méh genetikai diverzitásának vizsgálata, és összehasonlítása kontroll populációkkal mikroszatellit markerek segítségével.

- A honos mézelőméh-populációk jellemzése három gyakran alkalmazott fajtajelleg vizsgálati paraméteren túl (szín, szipóka hossza, kubitális index) egy, a hazai gyakorlatban új paraméter bevonásával (K19-es szög).

2. IRODALMI ÁTTEKINTÉS

2.1. A mézelő méh jelentősége a világon és Magyarországon

Korábban úgy vélték, hogy a mézelő méh (*Hymenoptera: Apis mellifera* Linnaeus 1758) Indiából származik. Viszont a teljes genom szekvenciát ismertető tanulmányból kiderült, hogy az *Apis* nem valójában afrikai eredetű (The Honeybee Genome Sequencing Consortium, 2006). A Burmában talált ősközületbe ágyazott méhlet életkorát mintegy 100 millió évre becsülték a kutatók. A kaparódarazsakkal erős rokonságot mutató ősméh faj (*Melittosphex burmensis*) a *Sphecidae* és a *Melittidae* családok kevert tulajdonságait mutatja, és az *Apiformes* csoport ősi képviselője. A jelenlegi ismertek szerint az *Apis* genus 30 millió évvel ezelőtt alakult ki (Danforth és Poinar, 2006).

A mézelő méh házasítása mintegy 6000 évvel ezelőtt kezdődött, és a selyemlepke mellett voltaképpen az egyetlen korán házasított rovarfaj. A méhészet ma is sok ember megélhetését teremti meg hazánkban és világszerte egyaránt. A méhészetben főként mézet, de ezen kívül propoliszt, méhviaszt, méhmérget, pollent és méhpempőt termelnek, illetve tenyészállatokat is előállítanak a méhészek (Örösi, 1957).

1961 és 2006 között a fejlett és fejlődő országok mezőgazdasága növekvő mértékben függött a megporzó rovaroktól (Aizen és mtsai, 2009). Világszinten a mezőgazdaság teljes bevételének 9,5%-át a rovarmegporzás adta, ami 153 billió eurót jelentett (Gallai és mtsai, 2009). Becslések szerint a világon 1,5 millió tonna mézet állítottak elő 2012-ben. Fontos megemlíteni, hogy a méztermelés 42,6%-al növekedett 1961 óta. A méhészek világszerte 80 millió méhcsaláddal méhészkedtek 2012-ben, ami 61,5%-os növekedést jelent 1961-hez képest, de a méhészek tulajdonában lévő méhcsaládok száma nem minden régióban növekedett. Európában, Észak-Amerikában csökkent, míg 1961 és 2012 között igen jelentős családszám növekedés következett be Ázsiában, Afrikában, Dél-Amerikában és Óceániában. Az 1. táblázatban a világ első öt méz előállító országának méztermelése látható (Internet 10).

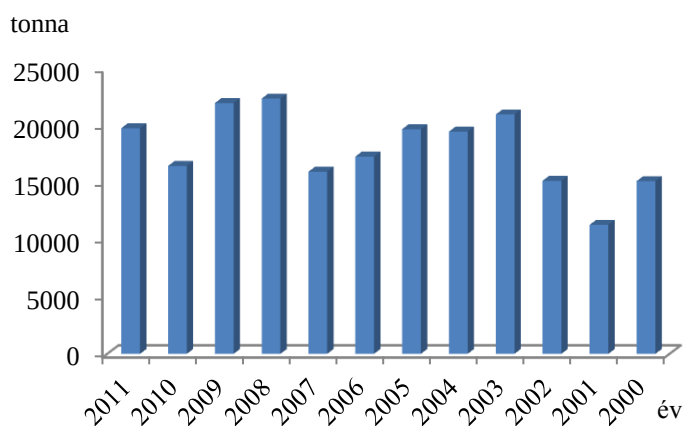
A magyar méhészet kicsi, ám jelentős ágazata az agráriumnak. A méhészeti ágazat jelenleg mintegy 16.000 család megélhetéséhez nyújt kiegészítő vagy fő jövedelemforrást, így közvetve hozzájárul a vidék népességmegtartó képességéhez. A méhészetek létfontosságú szerepet töltenek be az ökológiai egyensúly fenntartásában (47/2010. (XII. 31.) VM rendelet melléklete). Magyarország méztermelése 2000 és

2011 között az időjárás függvényében erősen ingadozott (1. ábra) (Internet 3), 2012-ben hazánkban 17.000 tonna mézet állítottak elő (Internet 10).

1. táblázat: A világ első öt méz előállító országa, az értékek ezer tonnában értendők (Forrás: Internet 10)

	Ország	2009	2010	2011	2012
1.	Kína	407.367	409.149	446.089	436.000
2.	Törökország	82.003	81.115	94.245	88.162
3.	Ukrajna	74.100	70.900	70.300	70.134
4.	USA	66.413	80.042	67.294	66.720
5.	Oroszország	53.598	51.533	60.010	64.898
	Világ	1.199.945	1.212.586	1.282.102	1.592.700

A hazai mézfogyasztás ezzel szemben igen kevés (0,6 kg/fő/év), és csekély mértékben nőtt az előző Magyar Méhészeti Nemzeti Program jelentéséhez képest. Ez a lakosság mézzel, és méhészeti termékekkel szembeni negatív attitűdjét tükrözi. Így a magyar méhészek számára a megélhetés biztosítása az exportra termelés.



1. ábra: Magyarország méztermelése 2000 és 2011 között (Forrás: Internet 3)

A megtermelt méz jelentős része, mintegy 80%-a külföldi piacokra, az utóbbi évtizedekben szinte teljes egészében a nyugat-európai országokba került. Az Európai Unió mézfogyasztásának mindössze 50-55 %-át tudja belső termelésből kielégíteni (47/2010. (XII. 31.) VM rendelet melléklete).

Hazánk termőhelyi adottsága egyike a Földünkön található hat legjobbnak. A kaptárok jelentős részét a múlt század elején meghonosított Nagy-Boczonádi (NB) fekvőkaptár teszi ki, és egyharmadát a modern rakodó kaptárok képezik. A méhészetek száma a kilencvenes évek elejétől folyamatosan csökkent, majd 1997-től lassú, de egyértelmű növekedést mutatott. A méhcsaládok száma hasonló tendenciát követett, viszont 1998-tól ugrásszerű növekedést figyelhettünk meg, ami a kedvező méztermelési lehetőségeknek köszönhető. Magyarországon tradicionálisan kisüzemi, hobbi tevékenységet folytató méhészetek terjedtek el. A kilencvenes évektől azonban egyre inkább meghonosodtak a professzionális és nagyüzemi méhészetek is. A méhcsaládok száma ma több mint 900.000, ebből a professzionális méhészek által birtokolt méhcsaládok száma mintegy 220.000 család. Az Európai Unió 27 tagállama között Magyarország rendelkezik a hatodik legtöbb méhcsaláddal. A méhészek számát tekintve középmezőnybe tartozik hazánk, de a méhsűrűség figyelembe vételével a második helyen áll. Az átlagos méhcsalád-sűrűség Magyarországon 10 méhcsalád/km² (47/2010. (XII. 31.) VM rendelet). Az országos átlaghozam kaptáronként megközelítőleg 17 kg méz (Dömöcsök, 2008).

2.2. A mézelő méh rendszertana és földrajzi elterjedése

A Hártyásszárnyúak (*Hymenoptera*) rendjében 143.000 fajt írtak le, melyek közül mintegy 1.000 található a méhfélék (*Apidae*) családjában. A méhfélék családjának 580 faja közösségi életet él. A mézelő méh (*Apis mellifera* Linnaeus 1758) rendszertanában Papp (1997) szerint a következő kategóriákat különböztethetjük meg:

Ízeltlábúak törzse (*Arthropoda*)

Rovarok osztálya (*Insecta*)

Hártyásszárnyúak rendje (*Hymenoptera*)

Fullánkosok alrendje (*Aculeata*)

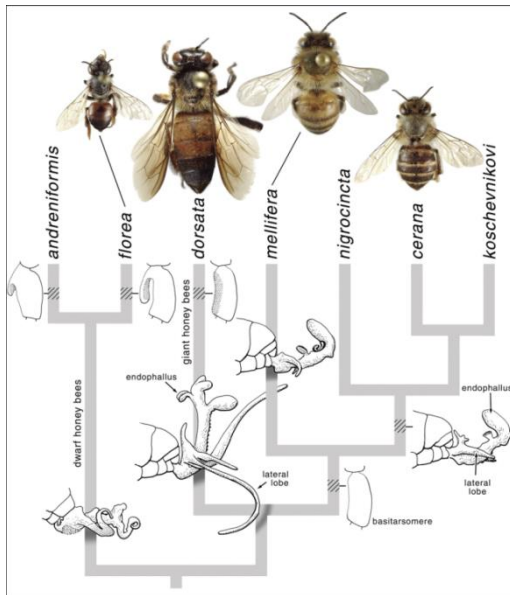
Méhfélék családja (*Apidae*)

Apis nem

Bár a nagyobb rendszertani kategóriákban többnyire egyetértés tapasztalható a kutatók között, egyes alkategóriákban van némi ellentmondás. Melo és Goncalves

(2005) szerint a mézelő méh a méhalkatúak osztágába (*Apoidea*), a méhszabásúak öregcsaládjába (*Apiformes*), az *Apinae* alcsaládba sorolható, továbbá megállapítanak egy úgynevezett „*Apidae sensu lato*” kategóriát is, amelybe beletartozik az összes méhcsalád.

A mézelő méh az *Apis* nem legismertebb tagja. Az *A. mellifera*-n kívül az *A. cerana* (*A. indica*) bír nagyobb gazdasági jelentőséggel, míg a többi öt faj (*A. dorsata*,



2. ábra: Az *Apis* nemben a fajok közötti rokonkapcsolat (Forrás: Grimaldi és Engel, 2005)

A. florea, *A. andreniformis*, *A. nigrocincta*, *A. koschevnikovi*) Dél- és Délkelet-Ázsia lakója, és gazdaságilag szinte jelentéktelen (2. ábra).

Az óriási földrajzi és ökológiai sokféleség a méhalkatúaknál rendkívül gazdag morfológiai és etológiai variációt eredményezett. A mézelő méh (*A. mellifera*) fajon belül az északi vagy fekete méh (*A. m. mellifera*), az olasz (*A. m. ligustica*), a krajnai (*A. m. carnica*) valamint a kaukázusi (*A. m. caucasica*) gazdaságilag jelentős fajták (Rothenbuhler és mtsai, 1968) (3. ábra).

Az alfaj (*subspecies*) a zoológiában és a botanikában a fajon belüli úgynevezett

másodrendű taxonómiai egység. Egy állat- vagy növényfajon belül a különböző populációkat akkor tekintjük eltérő alfajoknak, ha öröklődő tulajdonságaikban jelentősen különböznek, illetve ha eltérő földrajzi elterjedési területük van. Az elterjedési terület határán az eltérő alfajok természetesen szabadon kereszteződnek és átmeneti formákat hoznak létre (Dudich és Loxsa, 1978).

„A fajtán olyan többé-kevésbé egységes jellegű állatok csoportját értjük, amelyeket meghatározott alaki, színbeli, szervműködési tulajdonságok és bélyegek határolnak el a faj többi egyedétől, illetve fajtáitól, és amelyek ezeket a tulajdonságokat hasonló külső viszonyok között át is örökítik ivadékaikra” (Horn, 1976).

Továbbra is kérdéses, hogy a mézelő méh faj alatti rendszertani csoportjai (például *A. m. carnica*, *A. m. ligustica*) az emberi szelekciónak köszönhetően jöttek-e létre, vagy természetes szelekciós folyamatok nyomán alakultak ki. Viszont a 152/2004. (X.18.) FVM rendelet szerint „A hazai ökológiai körülményekhez jól alkalmazkodó, e

tájon őshonos méhfajtával, a krajnai méhvel (*A. m. carnica*) rendelkezünk, ezért használjuk a dolgozat egészében a „fajta” kifejezést.



3. ábra: A méhfajták elterjedési területei és evolúciós származási vonalai (Forrás: De la Rúa és mtsai, 2009)

A mézelő méh taxondiverzitását először morfológiai bélyegek alapján mérték fel (Ruttner és mtsai, 1978). Fajon belül, morfológiájuk alapján 24 fajtát különböztetnek meg. Ezen belül három evolúciós származási vonal különíthető el az óvilágban (a mézelő méh eredeti demográfiai területe, mielőtt az ember elterjesztette volna az egész világon). E csoportokba sorolható az európai mézelő méh „M” származási vonala,

melyben megjelennek az *A. m. iberica* és az *A. m. mellifera* fajták. Az afrikai „A” származási vonalban többek között az *A. m. intermissa*, az *A. m. scutellata* és az *A. m. adansonii* fajták sorolhatóak. Az észak mediterrán „C” származási vonalba pedig az *A. m. ligustica*, az *A. m. carnica* és az *A. m. cecropia* fajták tartoznak (Ruttner, 1988). Az utóbbi molekuláris genetikai vizsgálatok bizonyították további két származási vonal meglétét, amelyek tartalmazzák a Közel-Kelet fajtáit, valamint Etiópiából az *A. m. yemenica* fajtát (Franck és mtsai, 2000a) (3. ábra). Az utóbbi időben az európai méhtenyésztésben a legkiválóbb fajták tartása jellemző, főként az *A. m. ligustica* fajta Olaszországból, valamint az *A. m. carnica* fajta a korábbi Jugoszláviából. Mindezek alapján direkt fajtakicserélődés és génáramlás figyelhető meg az őshonos és betelepített fajták között (Jensen és Pedersen, 2004). Európa egyes részein az őshonos méheket már kihaltnak tekintik. Németországban például erőteljes fajtaváltás kezdődött, mivel az *A. m. mellifera* fajtát *A. m. carnica* fajtára váltották (Maul és Hahnle, 1994). A Skandináv országokban és a Brit-szigeteken a legtöbb profi, illetve hobbi tevékenységet folytató méhészt ma már *A. m. ligustica*-t, *A. m. carnica*-t, vagy egy mesterségesen létrehozott vonalat, a Buckfast hibrid méhet tartja. Mindezek alapján az *A. m. mellifera* természetes elterjedési területe jelentősen lecsökkent (Jensen és mtsai, 2005).

2.3. Az egyes fajták bemutatása

2.3.1. A krajnai fajta (*Apis mellifera carnica*, Pollmann) származása, története, helyzete és jellemzői

A krajnai méh (*A. m. carnica*) megtalálható a Duna völgyben Bécestől a Kárpátokig, Ausztria déli részén, Szlovénián és Horvátországon át egészen a dalmát partokig. A név az azonos nevű Karnika Alpok területéről származik. A fajta jellegait mutatja még a szlovák, dél-lengyel és a Kárpátok hegyi méhe, illetve a Kárpát-medence méhe is. Elterjedési területeire a mediterrán jellegű, illetve a kontinentális klíma jellemző. Noha az eredeti krajnai fajta az 50° szélességnél nem terjedt északra, az itt kialakult tájfajta a legjobb áttelelő. Alkalmazkodott a hosszú és nagyon hideg telekhez az Alpokban, a Balkánon és a Kárpátokban, de túléli a Duna völgyben előforduló akár mínusz 30 °C fokot. Az említett tájfajta elterjedt még Norvégiában, Oroszországban és Kanadában is (Szalainé, 2009).



4. ábra: A krajnai fajta ökotípusainak elterjedési területei (Forrás: Internet 4)

Ruttner (1988) morfológiája alapján a krajnai fajtán belül három ökotípust határozott meg, melyek a pannon, a szubalpin és a dalmát. Néhány évvel később, 1992-ben viszont igazolta, hogy csak az alpin - melynek elterjedése Ausztria, Szlovénia és Szlovákia - illetve a pannon ökotípus létezik. A pannon méh a krajnai fajta hazai változata, mely megtalálható

Magyarországon, Horvátországban, Szerbiában és Ukrajna jelentős területén. Az ökotípusokon belül számos regionális változat jelenik meg, mint például a bulgáriai méh, mely lényegesen eltérő változat, így új csoportot alkot (Internet 4) (4. ábra).

A Magyar Méhtenyésztők Országos Egyesülete (MMOE) Tenyésztőszervezetként 1993 évi cégbejegyzése, és a 30/1994. (VI. 28) FM rendelet alapján kezdte működését, majd e rendelet alapján 2001-ben kapta meg a krajnai (*A. m. carnica* Pollmann, 1879) fajtával az elismerést. A Magyar Méhtenyésztők Országos Egyesülete a Földművelésügyi és Vidékfejlesztési Minisztérium (FVM), illetve a

NÉBIH (Nemzeti Élelmiszerlánc-biztonsági Hivatal) által felügyelt krajnai fajtajellegű méhet (*A. m. carnica*) tenyészteti és forgalmazhatja kizárólagos joggal. Hatósági jogkörrel a NÉBIH, illetve az általa megbízott Haszonállat-génmegőrzési Központ Méhészeti Intézete rendelkezik, amelynek joga és kötelessége a méhanya nevelő telepek ellenőrzése, irányítása. Az ellenőrzés alapja az Állattenyésztési Törvény (1993. CXIV. törvény az állattenyésztésről), valamint az először 1995-ben, majd 2003-ban megjelent Méh Teljesítményvizsgálati Kódexe. A kódex előírja a tenyésztés üzemi és központi sajátteljesítmény-vizsgálatokat.

A 152/2004. (X.18.) FVM rendelet szerint „A hazai ökológiai körülményekhez jól alkalmazkodó, e tájon őshonos méhfajtával, a krajnai méhvel (*A. m. carnica*) rendelkezünk. Tenyésztése évek óta állami felügyelet mellett, szabályozott és ellenőrzött körülmények között folyik”. Fontos, hogy a krajnai fajtát, és annak tájegységünkhöz alkalmazkodott pannon változatát a jó közvetlen és közvetett tulajdonságai, valamint kiemelkedő termelési eredményei, illetve jó ellenállóképessége miatt honosnak és védettnek tekintsük (Horváth és mtsai, 2013).

Számos további ok miatt kedvelik e fajtát, mint például az erőteljes tavaszi építés, ami lehetővé teszi a gyors populációnövekedést. Más fajtákkal összehasonlítva tavasszal korábban jelennek meg a virágokon. Kiválóan kezelhető kis füst és védőöltözék segítségével. Kevésbé hajlamos a rablásra, mint más fajták, ezért a betegségek átadása a családok között korlátozott. Végül nagyon jó viaszépítők, melyet felhasználnak gyertyák, szappanok és kozmetikumok előállításához. Azt is meg kell említeni, hogy a krajnai fajta hajlamos a rajzásra, ami fokozott felügyeletet igényel.

A megfigyelések szerint az ausztriai ökotípusú krajnai fajta 20 m magasságban, míg az olasz fajta 4 m magasságban párzik nagyobb gyakorisággal (Szalainé és Molnár, 2000).

2.3.2. Olasz fajta (*Apis mellifera ligustica*)

Az olasz fajta elsősorban Olaszországban és attól északra terjedt el. Fiasítás nevelése hosszan tartó, a család építése tavasszal kezdődik, illetve egész nyáron folyamatos. Jellemző a fajtára, hogy kevésbé hajlamos a betegségekre, mint a német fajta. Kiváló mézprodukcója szintén fontos ismertető jegye. A hozzáértők nagyon világos citromsárga színéről könnyen felismerik.

A fajta hátrányait is meg kell említeni. Ide tartozik az elnyúlt fiasítás nevelés, valamint a kaptárban lévő felesleges mézfogyasztás. A rablás és ezzel együtt a szomszéd család megölése nem ritka jelenség. E viselkedéssel kapcsolatba hozható a betegségek átadása a családok között (Internet 2).

2.3.3. Német fajta (*Apis mellifera mellifera*)

Német, vagy más néven „fekete méh”-ként ismerik. A fajta nagyon sötét színű és hajlamos az erőteljes védekezésre, így a kezelése nehezebb, továbbá a betegségre való fogékonysága kifejezett. Előnyeként említhető, hogy hideg telek esetén jobb a túlélése. Az említett betegségek miatt állományai napjainkra jelentősen megritkultak (Internet 2).

2.3.4. Kaukázusi fajta (*Apis mellifera caucasica*)

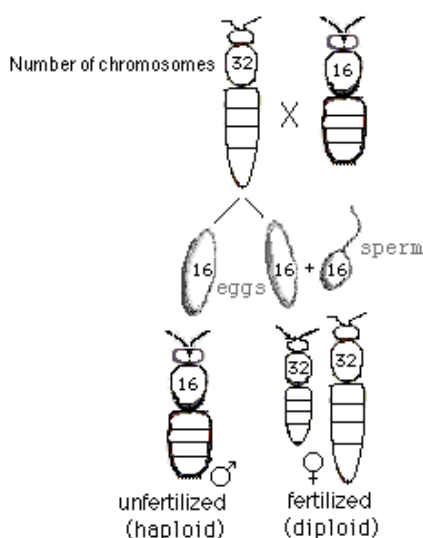
A kaukázusi méh Kelet-Európában honos a Kaukázus hegység előhegyeiben közel a Kaszpi-tengerhez. Az elmúlt néhány évtizedben népszerűsége csökkent. Jellegzetes tulajdonsága a nagyon hosszú szipóka, aminek segítségével olyan virágokból is képes a nektárt kinyerni, melyekből más méhek nem. Jellemzője, hogy mérsékelten színes, és a krajnai fajtához hasonlóan kiválóan kezelhető. Jellemzője továbbá a családok csekély mértékű tavaszi fejlődése, viszont a mézhozama és a propolisz termelése kiváló (Ashleigh, 2008).

2.3.5. Buckfast vonal

Angliában, az 1920-as években a méhcsaládokat a légsőatka (*Acarapis woodi*) kór néven ismeretessé vált betegség legyengítette. Adams testvér a devoni Buckfast kolostorban kitenyésztett egy méh vonalat, amely ellenáll a halálos kórnak. A hibrid jellemzője, hogy jól fejlődik a hűvös és csapadékos éghajlaton, jó méztermelő, higiénikus viselkedése fokozott, illetve könnyen kezelhető. Mérsékelt védekező viselkedés figyelhető meg a Buckfast méh esetében. A mérsékelt tavaszi populációnövekedés szintén a vonal sajátossága (Fries és Lindström, 2011).

2.4. A mézelő méh genetikai sajátosságai

A méhcsalád szociális élete oly mértékben fejlett, hogy az egyedek a családtól függetlenül nem képesek szaporodásra, sőt normális élettevékenységre sem. Ez az oka annak, hogy a természetes szelekció elsődleges egységévé a család vált. Egy természetes méhcsalád egy anyából, 7.000-70.000 dolgozó méhből és néhány ezer heréből áll. A család genetikai egységként értékelhető, de genetikai értelemben nem egyed és nem is populáció. Sokkal inkább szupercsaládként fogható fel, ami több alcsaládból áll (Rothenbuhler, 1960). A szupercsaládnak közös anyja van, valamint



5. ábra: A mézelő méhek kromoszóma száma (Forrás: Internet 9)

minden alcsaládnak egy apja. A családok nem feltétlenül azonos nagyságúak. Népeességük egymáshoz való viszonya folyamatosan változik, mivel az anya magtarisznájában a spermasejtek nem véletlenszerűen helyezkednek el. Ezért a méhcsalád, melynek anyja többször pározott, egy genetikailag állandóan változó szupercsalád (Cale és Rothenbuhler, 1979).

A mézelő méhekre általánosan az arrenotókiás szaporodás partenogenetikus fajtája (szűznemzés) jellemző (kivétel a fokföldi méh, az *A. m. capensis*, amelynél a teletókiás mód a jellemző). Az anya és a dolgozó méhek nőstények, megtermékenyített

petéből fejlődnek, illetve diploid kromoszómaszámmal rendelkeznek ($2n=32$). A herék hímek, megtermékenyítetlen petéből fejlődnek, kromoszóma számuk haploid ($n=16$) (5. ábra). Legnagyobb valószínűséggel a hibrid anyától származó herék hibridek. A mézelő méhek esetében az anyában a petefejlődés normál meiózissal történik (Ruttner és Mackensen, 1952). A testvér herék közötti genetikai diverzitás vizsgálatokkal bizonyították, hogy különösen nagymértékű rekombináció játszódik le a méhek meiózisa során. Ezek alapján az egy anyától származó herék a rekombináció miatt genetikailag nem azonos spermiumokat termelnek. Ellenben, mivel a here haploid, csak egyféle spermiumot termel, vagyis a saját spermiumai azonosak. Tehát egy herétől ugyanolyan génállományú sperma termelődik, de a testvér herék spermájának génállománya szinte biztosan különböző (Beye és mtsai, 2006). Rendkívül ritkán megtermékenyítetlen petéből is fejlődhet nőstény (Mackensen, 1943).

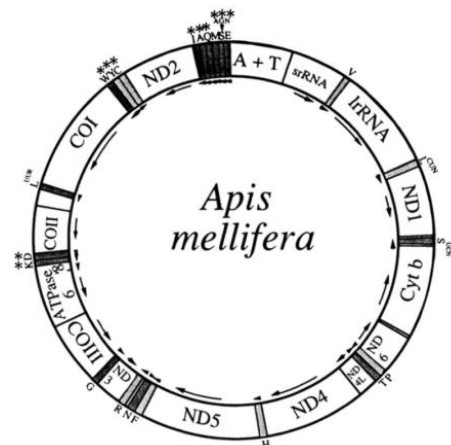
2.5.3. A mitokondriális DNS (mtDNS) mint molekuláris genetikai marker

A mitokondriumok központi szerepet játszanak a sejtek életében. A legtöbb eukarióta sejtben számos mitokondrium található, amelyek a mitokondriális DNS molekula számos példányát hordozzák. E sejtszervecskék képesek a sejten belül elmozdulni, osztódni és fuzionálni (Bereiter-Hann és Voth, 1994). Együttesen a citoplazma több mint 25%-át adhatják, továbbá számos anyagcsere útvonalban érdekelt eukarióta sejtszervecskék. Legfontosabb funkciójuk az oxidatív foszforilációs rendszeren keresztüli ATP termelés (Attardi és Schatz, 1998). Az oxidatív foszforiláció melléktermékeként keletkezett reaktív oxigénformák károsítják a DNS-molekulákat, lipideket illetve fehérjéket. A mitokondriumok jellegzetes módon, anyai úton öröklődnek. A megtermékenyítéskor a spermiummal a petesejtbe jutó mitokondriumok megsemmisülnek egy ubiquitin-függő mechanizmus révén (Sutovsky és mtsai, 2000). A mitokondrium önálló genommal rendelkezik, amely a rovarokban kettős szálú, kör alakú DNS molekula (10. ábra).

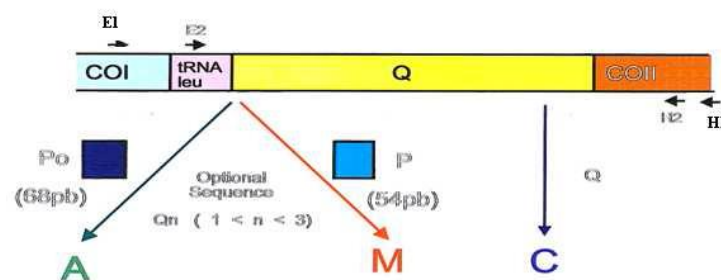
A mitokondriális, illetve a nukleáris genom számos tulajdonságban eltér egymástól, mint például az öröklődés módjában, az intronok méretében és számában, a rekombináció fokában, a mutációs rátában vagy a javító mechanizmusokban (Scheffler, 1999). Amíg a mitokondriális genomban minden századik, addig a nukleáris genomban csak minden ezredik bázis mutat eltérést. A mitokondriális DNS mutációs rátája jóval nagyobb a genomi DNS mutációs rátájánál, egymillió évenként megközelítőleg 2% (Brown és mtsai, 1979). A mitokondriális genom körülbelül 93%-a kódoló szekvencia, csupán nagyon rövid intronok találhatók benne. Nem kötődnek hozzá fehérjék, ezért kevésbé védett a mutagén hatásokkal szemben. A mitokondriumból hiányzik az excíziós javító rendszer is, amely a kialakult mutációkat javítaná (Li, 1997). A mitokondriális DNS az állatok evolúciós kutatásának népszerű molekuláris markere. Alkalmas törzsfejlődési vizsgálatok elvégzésére, továbbá a populáció szerkezetének, dinamikájának és molekuláris evolúciójának tanulmányozására is (Avice, 1994).

Az *A. mellifera* faj nukleáris genomja legalább 0,08%-ban tartalmaz mitokondriális eredetű szekvenciákat. A mitokondriális szekvencia e nukleáris másolatai szétszóródtak a mézelő méh kromoszómáin és a mtDNS többszörös független inzerciójából származnak, ami kétségtelenül a filogenetikai analízisek kiváló eszközévé teszi azokat (Behura, 2007).

A mézelő méh mitokondriális genomjának hossza 16,5 és 17 kb között van (6. ábra) (Smith és Brown, 1988). A mtDNS a variabilitása szempontjából két részre osztható. Az egyiket kódoló, a másikat pedig egy egyszerű nem kódoló, vagy kontroll régiónak nevezzük. Gerinceseknél a nem kódoló szakasz a D-loop, rovaroknál pedig az A+T-ben gazdag régió, mely például a citokróm-oxidáz I – citokróm-oxidáz II (COI-COII) gének összekapcsolódásánál található. Crozier és mtsai (1989) ezen a helyen találták meg a tRNS_{leu}UUR régiót, továbbá a mitokondriális genomban meghatározták a tRNS_{asp}, tRNS_{lys}, tRNS_{tip} régiókat (6. ábra), illetve elkészítették a mézelő méh mitokondriális DNS



6. ábra: A mézelő méh mitokondriális genomjának térképe (Forrás: Crozier és Crozier, 1993)



7. ábra: A COI-COII gének közötti régió struktúrája (Forrás: Cauia és mtsai, 2008)

restrikciós térképét.

Cornuet és mtsai (1991) meghatározták a COI-COII gének között található hosszú intergénikus szakasz bázisszekvenciáját a tRNS_{leu} régió mellett.

Megállapították, hogy e

szekvencia hossza változó a fajták között és a fajtákon belül is. Négy hosszúsági kategóriát (200, 250, 450 és 650 bp) különítettek el a 63 mintacsaldában. Emellett a megfelelő szakasz vizsgálatával három másik *Apis* fajnál és két rokon fajnál (*Bombus lucorum*, *Xylocopa violacea*) állapították meg a bázisszekvenciát. Az analízise rávilágított két egység meglétére, melyeket P-nek (54 bp, 100% A+T) és Q-nak neveztek el (196 bp, 93,4% A+T). A mintában található bázishosszok találkozása indokolta a következő kombinációkat: Q, PQ, PQQ, PQQQ. Az elsődleges és másodlagos struktúrában lévő hasonlóságok miatt a Q szekvencia három részre bontható: Q1 (hasonló a 3' vég a COI génhez), Q2 (hasonló a szomszédos tRNA_{leu} génhez), és Q3 (nagyon hasonló a P szekvenciához). A mitokondriális DNS vizsgálata kiváló eszköz a mézelő méh evolúciójának, valamint a fajok és fajták közötti különbségek feltérképezésének (Cornuet és Garnery, 1991). Az *A. m. ligustica* és *A.*

m. carnica, valamint a közel keleti fajták intergénikus régiójában nem található meg a P szakasz, és csak egy Q szakaszt sikerült kimutatni (Chahbar és mtsai, 2013) (7. ábra).

2.5.3.1. A citokróm-oxidáz I (COI) gén jellemzése

A rovarok citokróm-oxidáz I (COI) génjét modellként használják az evolúciós ráta génen belüli heterogenitásának vizsgálatához. A mezei szöcske (*Chorthippus parallelus*) COI génjének teljes szekvenciáját (1537 bp) meghatározták, illetve összehasonlították nyolc másik rovarfaj génjével. A vizsgálat kimutatta, hogy a különböző régiók különböző evolúciós rátákkal rendelkeznek és a szekvencia mintázata kapcsolatban van a fehérjék funkciójával. A COOH végen szignifikánsan több variabilitást találtak, mint a belső hurkokon, külső hurkokon, transzmembrán spirálon vagy az NH₂ végen. A COI gén központi régiójában (M5-M8) alacsonyabb szintű a szekvencia variabilitása, amely kapcsolatban van számos fontos funkcionális területtel. Számos konzervatív primerrel amplifikálták a különböző variabilitású régiókat annak érdekében, hogy meghatározhassák a rovarok teljes COI génjét. E primerekkel kimutatható a COI gén különbözősége, meghatározva ez által a fő rovar csoportokat (Lunt és mtsai, 1996). A mtDNS citokróm-oxidáz gén I. alegysége néhány különleges jellegzetességgel rendelkezik, melyek különösen alkalmassá teszik – mint molekuláris markert – az evolúciós kutatásokban. A mitokondriális légzési láncban, mint végső katalizátor jelenik meg, mely viszonylag jól kutatott, továbbá mérete és struktúrája konzerváltan jelenik meg (Saraste, 1990). A citokróm-oxidáz I. alegység részt vesz mindkét elektrontranszportban, valamint kapcsolódik a proton transzlokációhoz a membránon keresztül. Továbbá ismeretes, hogy számos különböző típusú funkcionális tartományt tartalmaz, ami magába foglalja a ligandum helyeket, a proton csatorna alkotó elemeit, strukturális α -helikázt hidrofil hurkokkal tarkítva (Saraste, 1990). A reakciós központ aminosav maradványai erősen konzerválódtak, és a COI molekula központjában nem dominálnak, lehetővé téve néhány régióban a nagymértékű variabilitást. Ennek következtében az erősen konzerválódott és variábilis régiók szorosan összekapcsolódnak, tehát a COI gén kiválóan alkalmas eszköze az evolúciós kutatásoknak (Gennis, 1992).

2.5.3.2. Az észak-mediterrán „C” származási vonal jellemzése

Ruttner (1988) morfológiai vizsgálatai alapján az *A. m. carnica* fajta a „C”, észak-mediterrán származási vonalhoz tartozik. A mtDNS eredmények szerint szintén a „C” vonal tagja. Az idegen anyák importja miatti hibridizáció megváltoztatta az mtDNS variációk megoszlását a helyi méhek genetikai összetételében (Bouga és mtsai, 2005). Öt haplotípust írtak le ebben a vonalban, melyek a C1 – *A. m. ligustica*, C2A – *A. m. carnica*, C2B – *A. m. caucasica* (Franck és mtsai, 2000b), később C2D – *A. m. macedonica* és C2C – *A. m. carnica* Szlovéniában és Horvátországban (Susnik és mtsai, 2004). E haplotípusok csak nyolc polimorf helyben különböznek (két inzericó/delécio és hat tranzíció) (Franck és mtsai, 2000b). Később felfedezték a C2E haplotípust, amely az *A. m. carnica* Szerbiában előforduló változata (Kozmus és mtsai, 2007). A C1 és C2 haplotípusok között csupán egy citozin bázis inzericó a különbség a 3428-as pozícióban (Franck és mtsai, 2000a). A C2F haplotípus leírása Kandemir és mtsai (2006) nevéhez fűződik. Solorzano és mtsai (2009) adatai alapján a törökországi mintákban összesen 11 új mitotípust (mitotípus = mtDNS haplotípust) különítettek el, melyek a C11, C12, C14, C15, C17, C18, C19, C20, C21, C22 és a C24. A C13 haplotípust Kandemir és mtsai 2006-ban, majd Solorzano és mtsai 2009-ben publikálták. Özdil és mtsai (2009) elkülönítették a C2G (*A. m. meda*) és a C2H (*A. m. caucasica*), valamint a C1A, C1B, C1C, C1D, C1E, C1F és C1G haplotípusokat. Még ebben az évben olvasható az *A. m. carnica* két újabb haplotípusának leírása, melyek a C2I és a C2J.

2.5.3.3. A mézelőméh-állományok genetikai diverzitásának meghatározására vonatkozó vizsgálatok mitokondriális DNS marker felhasználásával

Crozier és Crozier (1993) leírták a mézelő méh mitokondriális genetikai kódját, mivel korábban csak az ecetmuslica (*Drosophila yakuba*) mitokondriális genom térképét ismertük. Megállapították, hogy a mézelő méh genomja hasonlít a ecetmuslica (*Drosophila*) kódjához, de két tRNS antikodonja között különbség van. Az A+T-ben gazdag régió jelenléte 78,6% a muslicában, ami a mézelő méhben még nagyobb százalékban jelenik meg.

A mézelő méh diverzitásának meghatározását segítő mtDNS vizsgálatoknak változatos molekuláris módszerei léteznek. Ezek közé tartozik az RFLP (Restrikciós Fragment Hossz Polimorfizmus), a PCR-RFLP és a direkt szekvenálás.

Marghitas és mtsai (2009) vizsgálati eredményeik alapján azt állítják, hogy az olasz és krajnai mézelő méhek egyszerűen az amplifikált DNS szakaszok hossza alapján elkülöníthetők. Románia erdélyi területéről 11 méhészetből összesen 110 mintát vizsgáltak mtDNS alapján, hogy megállapítsák az állományok genetikai diverzitását. A gének közötti tRNS_{leu} régiót, illetve a citokróm-oxidáz gén második alegységét (COII) tanulmányozták, melyek gazdag polimorf régiókat tartalmaznak. Az E2/H2 primer párt alkalmazásával értékes információkat nyertek az amplifikált fragment hosszát illetően az *A. mellifera* populációiban. A publikáció alapján lehetőség nyílt az *A. m. ligustica* (240 bp) és az *A. m. carnica* elkülönítésére (590 bp). A tanulmányban olvasható, hogy az *A. m. carnica* fajta kárpátiai ökotípusa Romániában található. Az N1/N2 primer pár a COI-COII gének közötti régiót amplifikálja. A felsokszorozított fragmentek agaróz gélen történő analízisét követően elkészítették a mézelő méhek besorolását a fajtákhoz tartozó fragment hosszok alapján, de csupán az E2/H2 primer pár alkalmas erre a feladatra. Az N1/N2 primer pár nem nyújt lehetőséget ilyen jellegű klasszifikációra, így az amplifikált DNS szakaszok szekvenálása szükséges.

2.5.3.4. Restrikciós fragment hossz polimorfizmus (RFLP) a mézelő méh mtDNS vizsgálatokban

Az RFLP variációk a teljes mitokondriális genom restrikciós endonukleázokkal történő emésztését követően jelennek meg. Az enzimek izolálása baktériumokból történik. A DNS emésztése vagy darabolása egy specifikusan meghatározott pozícióban zajlik, mely általánosan 4 és 6 bp hosszú. Európában és Afrikában e restrikciós enzimeket alkalmazták a korábbi vizsgálatokhoz a honos mézelőméh-populációkban. Az első filogenetikai kutatásokhoz tehát a mitokondriális DNS-t hívták segítségül, hogy rekonstruálják a méhnevek közötti rokoni kapcsolatokat (Cameron, 1991; 1993).

Az Egyesült Államok délkeleti részén 22 méhészet 142 méhcsaládját vizsgálták az egyedek teljes mtDNS-e alapján. Az *EcoRI* enzimmel történő emésztés eredményeként a méhcsaládok 4%-a az *A. m. mellifera* fajta tartozik. A fennmaradó 96% *A. m. ligustica* vagy *A. m. carnica* fajta, melyeket a XIX. században importáltak a területre. Szignifikáns genetikai különbséget találtak a tenyésztett és a rajzás során elvadult populációk között. Mindezek alapján javaslatot tettek arra, hogy az elvadult populációban rejlő genetikai variabilitás lehetőséget nyújthat új tenyésztési programokra (Nathan és Sheppard, 1995).

A módszer fejlődésével az egyes fajták pontosabb elkülönítése vált lehetővé. Az RFLP módszert felváltotta a PCR-RFLP metodikája, mivel ebben az esetben nem a teljes genomot emésztették, hanem csak egy specifikus PCR-el amplifikált régiót. E módszerek kombinált alkalmazásával igazolták a mézelő méh három különböző morfológiai alapon meghatározott származási vonalát („M”, „A” és „C”), melyeket 1988-ban Ruttner írt le, és egy millió éve váltak el egymástól. Mindezek mellett felmerült a létezése néhány fajta specifikus haplotípusnak is (Smith és mtsai, 1991).

Az *A. m. carnica* és *A. m. ligustica* fajtákból gyűjtött 62 minta Olaszország északi területeiről származott, ahol jellemző az introgresszió jelensége (egy adott faj vagy fajta génkészletének egy része hibridizálás révén természetes körülmények között is átkerülhet egy másik fajba vagy fajtába). A minták mtDNS-ét különböző enzimekkel emésztették (*AccI*, *BcI*, *Bgl*, *EcoRI* és *XbaI*). Az *XbaI* enzimmel történő emésztés után kapott polimorfizmus aszimmetrikus megoszlást mutatott a fajták között. E polimorfizmus elsősorban ausztriai és szlovéniai *A. m. carnica* fajtában jelent meg, és hasznos lehet e területeken az *A. m. ligustica*-val történő introgresszió tanulmányozására (Meixner és mtsai, 1993).

Az arab világ mézelőméh-populációiban morfológiai sajátosságaik alapján hét fajtát sikerült elkülöníteni. A honos arab fajta védelmében fontosak a genetikai diverzitás vizsgálatok. Az RFLP analízis során *DraI* restrikciós enzimmel emésztették a tRNA_{Leu} régió egy szakaszát, majd eredményeik alapján három különböző mtDNS származási vonalat különítettek el, melyek az „A”, „O” és az „Y”. Megállapították, hogy az afrikai arab országokban magas genetikai diverzitás tapasztalható, míg az ázsiai arab országokról ez nem mondható el, továbbá csupán az „O” származási vonalat detektálták (Mogbel és mtsai, 2013).

Számos PCR-RFLP tanulmány született annak érdekében, hogy megvizsgálják az afrikanizáción keresztülment mézelőméh-populációkat. Franck és mtsai (1998) eredményeiket tizenegy populációból vett minták, illetve a COI-COII mtDNS marker alapján közlik, miszerint az Ibériai-félsziget mézelőméh-populációi nagyon hasonlítanak a francia populációkhoz. Megállapították, hogy az Ibériai-félszigeten jelenleg nyoma sincs „afrikanizálódásnak”.

Brazília és Uruguay mézelőméh-populációinak mtDNS haplotípusait és egy lehetséges átmeneti hibrid zónát detektáltak az afrikanizálódott, valamint az európai méhek között. Összesen 10 méhészet 194 méhcsaládjának vizsgálata során az amplifikált mtDNS szakaszokat (cytb, COI-COII gének közötti régió) *EcoRI*, *Bgl*-II és

Xba enzimekkel emésztették. Az allozim analízis által szolgáltatott adatok és az mtDNS adatok nem teljes egészében adtak azonos eredményt, viszont mtDNS alapján a hibrid zóna Uruguay délebbi részén található (Diniz és mtsai, 2003).

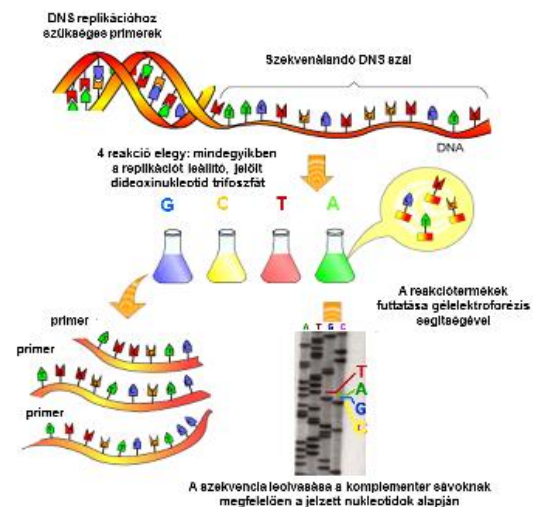
A tRNS_{leu} és COII gének között található nem-kódoló régió (eredeti neve COI-COII gének közötti régió) amplifikációját követő *Dra*I restrikciós enzimmel történő emésztés a legnépszerűbb PCR-RFLP vizsgálat (Garnery és mtsai, 1993). A *Dra*I tesztet széles körben alkalmazták például filogenetikai vizsgálatokhoz. E tekintetben az afrikai populációkról is készült egy átfogó tanulmány. A teljes 738 család 64 különböző helyről származott az afrikai kontinensen. Bizonyították, hogy ÉK-Afrikában három különböző mitokondriális származási vonal létezik, ezek az „A”, „O” és az „Y”. Az „A” származási csoporton belül három mitotípust különítettek el (AI, AII, AIII), majd a tanulmány végén kimutatták, hogy a mitokondriális adatok önmagukban nem elegendők a mézelőméh-populációk pontos taxonómiai és genetikai státuszának megállapításához (Franck és mtsai, 2001).

A *Dra*I teszt továbbá alkalmazható a természetes hibrid zónák komplexitásának megértéséhez is. Egy Szicíliában és Olaszországban végzett kutatásban tizenhét populációból gyűjtöttek mintákat és két mitokondriális régióra koncentráltak (ND2 és COI-COII). A *Dra*I teszt segítségével bizonyítást nyert, hogy a területen megtalálható fajták mindegyike „hibrid” származású. Azt találták, hogy a minták genetikai elemeket tartalmaznak a másik két evolúciós származási csoportból. Az eredmények új megközelítésben mutatják az európai mézelő méh evolúciós történetét (Franck és mtsai, 2000b).

A *Dra*I teszt szintén alkalmas az idegen méhanyák általi introgresszió kimutatására. A makarónéziai szigetvilág (Azori, Madeira és Kanári szigetek) mézelőméh-populációinak diverzitását hasonlították össze korábbi adataikkal, ami így egy 10 éves periódust ölelt fel. A populációk főként az afrikai haplotípushoz tartozást mutatták (AIII), de idegen haplotípusok jelenlétét is sikerült detektálni (M7, C1 és C2), ami arra enged következtetni, hogy méhanyák különböző származásúak. A mitokondriális diverzitás mintázatában, valamint az introgresszió mértékében különbségek mutatkoztak. Annak ellenére, hogy az AIII haplotípus gyakoriságának csökkenése mutatkozott a korábbi évek eredményeihez képest, az említett haplotípus gyakorisága és eloszlása elég nagymértékben jelent meg ahhoz, hogy a makarónéziai szigetvilágban honos ökotípus védelmének alapját képezze (Munoz és mtsai, 2013).

2.5.3.5. Szekvenálás a mézelő méh mtDNS vizsgálatokban

A szekvenálás során a DNS lánc bázissorrendjét határozzák meg mutációk detektálása céljából. A kettősszalú DNS esetén elvileg elegendő egyetlen szál szekvenciájának ismerete, mivel a komplementer szál szekvenciáját a bázis párosodás szabályai alapján meg lehet jósolni. Az elterjedtebb szekvenálási módok közé tartozik a Maxam Gilbert féle szekvenálás és a Sanger-féle szekvenálás (8.



8. ábra: Sanger-féle szekvenálás (Forrás: Internet 5)

pontosabb eredményt biztosító szekvenálással egészítették ki. A szekvenálás alapvető módszer a mtDNS variabilitásának megállapítására. A kapott szekvenciák filogenetikai elemzése által lehetőség nyílt a haplotípusok és a származás meghatározására. A szekvenciák többek között az új COI-COII/*Dra*I haplotípusok meghatározására is alkalmasak.

Az *A. m. iberica* fajta diverzitásának meghatározásához mitokondriális és nukleáris DNS markereket egyaránt alkalmaztak Nyugat-Andalúziában. Összesen 24 méhészetből gyűjtöttek mintákat Malaga, Seville, Cadiz és Huelva városokból. Hat különböző haplotípust detektáltak, melyek közül öt az afrikai, egy pedig a nyugat-európai származási vonalhoz tartozott. Eredményeik megerősítik az *A. m. iberica* hibrid voltát, illetve azt, hogy délen túlnyomó részt az afrikai származási vonalhoz tartozó haplotípusok éreztették hatásukat, továbbá déli irányban e haplotípusok fokozatosan kicserélődtek a keveredés által nyugat-európai haplotípusokkal, melybe az *A. m. iberica* fajta is tartozik (De la Rúa és mtsai, 2004).

Egy kutatócsoport szlovén mintákat vizsgálva arra a következtetésre jutott, hogy a megfigyelt méhcsaládokban a genetikai különbség a mtDNS COI-COII gének közötti régiójának analízise alapján igen alacsony szintű. Továbbá kimutattak egy új mitokondriális haplotípust, melyet C2C-ként jelölnek. E haplotípust detektálták horvát, egyes német és cseh méhmintákban is. Az *A. m. macedonica* populációiban nagy

genetikai változatosságot igazoltak, ami egy új haplotípus (C2D) elkülönítését tette szükségessé (Susnik és mtsai, 2004).

A Szerbiában honos mézelőméh-populációkat a korábbiakhoz hasonlóan analizálták. A vizsgálatban három ökotípust különítettek el, melyek a Banat (B), Syenichko-Peshterski (S), illetve Timok (T) nevet kapták. Az eredmények azt mutatták, hogy a vizsgálatba vont méhminták mindegyike a „C” mitokondriális származási vonalhoz tartozott, és a korábbi publikációkban, mint C2D haplotípus jelölték. Az új C2E haplotípus két A-T transzverzióban és egy inzercióban különbözik a C2D-től. Továbbá a „T” ökotípuson belül két további polimorf helyet azonosítottak, a T nukleotid delécióját és a T-C tranzíciót. Eredményeik alátámasztják, hogy a krajnai mézelőméh-populációk Szerbiában egyedi szekvenciákkal rendelkeznek, bár a C2D mtDNS haplotípust korábban megtalálták az *A. m. macedonica* fajtában és a szerbiai *A. m. carnica* fajta minden vizsgált egyedében is. Mindezek alapján megállapították, hogy a C2D haplotípus mindkét fajtán belül kimutatható (Kozmus és mtsai, 2007). A vizsgálat következő lépésében Szerbia geográfaiilag különböző régiókban (Vrsac, Knjazevac, Kraljevo és Vraje) folytatták a kutatást. Az eredmények megmutattak két új polimorf pozíciót (h2, l2) (egy T nukleotid deléció mindkét esetben) Vranje és Knjazevac régiókban. Mindezek alapján két új haplotípust írtak le a C2 filogenetikai csoportban. Az új haplotípusokat C2I-nek (az új polimorf pozíció h2 és egy G-A tranzíció) és C2J-nek nevezték el (az új polimorf pozíció h2). A Génbanki adatokkal történő összehasonlítás során nagymértékű hasonlóságot (hasonlósági index=99,4) találtak a Törökországban honos *A. m. cypria* haplotípusával (Nedic és mtsai, 2009).

A mtDNS már említett régióját vizsgálták helyi mézelőméh-populációkban (*A. m. mellifera*) az Ural hegység középső és déli részén. A méhcsaládok analízise során felmerült, hogy a családok nagy része az anyai leszármazás alapján az *A. m. mellifera* fajtahoz tartozik. Az eredmények megerősítették, hogy az *A. m. mellifera* fajta megőrzése az Ural vidék menedékében lehetséges és alapot adhat a további kutatásoknak, melyek eredménye elősegítheti a honos fekete méh védelmét Oroszországban (Il'Yasov és mtsai, 2007).

Bár a romániai mézelő méh (*A. m. carpathica*) jól adaptálódott a helyi viszonyokhoz és kifejezetten jó rezisztencia alakult ki a betegségekkel szemben, a különböző fajták genetikai szennyezése egyre inkább előtérbe került. Éppen ezért 2007-ben a Méhészeti Kutató Intézet és a Bukaresti Egyetem Genetikai Intézete közötti együttműködés eredményeként különböző kutatások kezdődtek a romániai méh

diverzitásának megállapítására. Ehhez Románia különböző területeiről 32 méhmintát gyűjtöttek és a mtDNS gyakran alkalmazott nagy diverzitást mutató, gének közötti régióját alkalmazták markerként. Eredményeik alapján a román populáció szinte teljes egészében homogénnek tekinthető (Cauia és mtsai, 2008).

Egy 2012-ben megjelent tanulmányban a mitokondriális DNS COI-es régiójának azon szakaszát vizsgálták, amelyre jelen dolgozat is fókuszál. Törökországból 15 különböző méhészetből összesen 112 méhegyedet gyűjtöttek a vizsgálathoz. Emellett az NCBI adatbázisban elérhető 45 szekvenciát vontak be a filogenetikai analízishez. A törökországi mintákban összesen hat új haplotípust detektáltak (ANATO1, ANATO2, ANATO3, CAUCA1, MEDA1, MEDA2) (Özdil és Ilhan, 2012). Törökország középső, Anatóliai régiójára irányuló kutatásban három különböző mtDNS régiót (16S rDNS, COI és ND5) alkalmaztak markerként. Összesen 10 különböző méhészetből 165 dolgozó egyedet vizsgáltak. Az RFLP mintázat 18 restriktív enzim megemésztett fragmentjeit mutatta. A kapott polimorfizmusokat direkt szekvenálással is megerősítették, miszerint hat új haplotípus található a török mézelőméh-populációkban. A genetikai távolság értékek meglehetősen alacsonynak bizonyultak (0,0-0,0112), az átlagos haplotípus diverzitás pedig 0,082 értéket mutatott a populációk között, ezért genetikai hasonlóságot állapítottak meg (Özdil és mtsai, 2012).

A horvát mézelő méh parti populációinak genetikai struktúráját és molekuláris diverzitását határozták meg szekvencia adatok alapján. Minden vizsgált minta a közép-mediterrán és a délkelet-európai „C” származási vonalhoz tartozott. Négy mitokondriális haplotípust sikerült elkülöníteni, melyek közül kettőt újként írtak le Horvátországban és Görögországban (Munoz és mtsai, 2009).

A fekete mézelő méhre (*A. m. mellifera*, M származási vonal) hatással volt a széleskörű kolónia elvesztés, az idegen genotípusok bekerülése, valamint a populációk megoszlásának változásai. Az „M” származási vonalon belül eddig összesen 91 haplotípust írtak le, mely tartalmazott 52 újat. Az M4 és az M4' haplotípus a leggyakoribb, melyeket az M17, M7, M6, M19, M8, M17' és néhány ritkább követett. Az eredmények hasznosnak bizonyultak a fekete méh védelmi területének megállapításához (Rortais és mtsai, 2011).

Pinto és mtsai (2012) teljes képet adnak az Ibériai-félsziget portugál mézelőméh-állományainak diverzitásáról. Az általánosan alkalmazott E2/H2 primerpár által meghatározott mtDNS szakasz *DraI* enzimmal történő emésztését, valamint a szekvenciák elemzését követően 16 új haplotípust detektáltak. Az új haplotípusok

mindegyike afrikai származást mutatott, 15 az Atlanti AIII alcsoportoz, egy pedig az AI alcsoportoz tartozott. Eredményeikkel rávilágítottak az ibériai mézelő méh diverzitás mintázatának komplexitására. A vizsgálat folytatásaként egy évvel később megállapították, hogy a portugál populációkban elenyésző mértékű az introgresszió a „C” származási vonal egyedeivel, továbbá bizonyították az atlanti és mediterrán populációk erősen eltérő diverzitás mintázatát. Eredményeik továbbá alátámasztották az ibériai-félszigetre irányuló természetes inváziót az *A. m. intermissa* és az *A. m. sahariensis* fajták által. Az afrikai hagyaték megőrzését kiemelten fontosnak tartják, mivel az Ibériai-félsziget egyre melegebbé és szárazabbá válik (Pinto és mtsai, 2013).

A *DraI* tesztet követő szekvencia adatok lehetőséget biztosítanak az „afrikanizáció” mértékének kimutatására is. Az afrikanizálódott mézelő méhek mitokondriális genotípusainak meghatározását Brazíliában és Uruguay-ban szintén a COI-COII gének közötti régió vizsgálatával határozták meg. Tizenegy mitotípust detektáltak, melyekből hármat korábban még nem írtak le (A28-A30). A 775 mintából (725 Brazíliából és 50 Uruguay-ból) 197 tartozott az A1 és 520 az A4 mitotípusba. Az A1 gyakorisága Brazília északi része felé növekedett, amíg A4 gyakorisága déli irányban nőtt. Az A4 és az A1 mitotípusba tartozó minták többsége származásilag afrikai mintázatot mutatott, mivel 1956-ban az *A. m. scutellata* fajta bekerült Brazíliába. Továbbá számos A29-es és A30-as mitotípushoz tartozó - az Ibériai-félszigetről származó - egyed gének közötti régiójában megjelent a P1 szekvencia, amely a brazíliai és uruguay-i betelepítés hatását bizonyította (Collet és mtsai, 2006).

Az Amerikai Egyesült Államokban az afrikanizálódott mézelő méh (AHB) vizsgálata során 12 mitotípust határoztak meg, amiből hetet már korábban publikáltak. A teljes (172) minta 77%-a az A1 és A1d mitotípusokba tartozott, viszont csak egyszer jelent meg az A1a, A26c, A26d, A29a és az A30-as mitotípusok. Az újonnan felfedezett mitotípusoknak az lehetett az oka, hogy korábban az afrikanizálódott mézelő méhekkel foglalkozó tanulmányokban PCR-RFLP módszert alkalmaztak, mely kevésbé érzékeny, mint a Szerzők által analizált szekvencia adatok (Szalanski és Magnus, 2010).

2.5.4. Nukleáris markerek

2.5.4.1. Mikroszatellitek

2.5.4.1.1. Mikroszatellit markerek felfedezése

A mikroszatellitek a genomban elszórtan elhelyezkedő néhány bázispár ismétlődéséből álló 50-300 bázispár hosszúságú szekvencia részletek. Ezen ismétlődések típusa más-más, azonosíthatóságukat az őket határoló, genomban csak egy-egy helyen előforduló határoló szekvenciák, primer kapcsolódási helyek teszik lehetővé (Fésüs és mtsai, 2000).

Kezdetben a legtöbb haszonállat faj esetében az izolált markerek száma meglehetősen kevés volt. Nagyszámú markert állapítottak meg viszont néhány gerinces fajban, úgymint az emberben, egerben és patkányban (Katti és mtsai, 2001).

Szociális rovarok populáció struktúrájának, illetve rokoni kapcsolatainak vizsgálatához elsőként Davis és mtsai (1990) alkalmaztak DNS markereket. Szintén restriktációs hely vizsgálatok kezdődtek a törpe méh (*Apis florea*) genetikai polietizmusának (egy fajban több genotípus is megtalálható) bizonyítására (Oldroyd és mtsai, 1994). Mézelő méhekben elsőként Estoup és mtsai (1993) mutattak ki számos mikroszatellit markert a faj tudományos és ökonómiai fontossága miatt. A mikroszatellitek kiváló eszközei a genetikai diverzitás megállapításának (Estoup és mtsai, 1994) és a géntérképezésnek. Hunt és Page (1995) RAPD módszer alkalmazásával feltérképezték a mézelő méh genomot. Mikroszatellitek használatával az egyedek könnyen és pontosan azonosíthatóak, emellett új lehetőségeket kínálnak a mézelő méhek kutatása területén (Estoup és mtsai, 1995a). A fent említett módszerekkel a méhcsaládok apasági analízise is elvégezhető (Fondrk és mtsai, 1993).

Kezdetben 52 (CT)_n és 23 (GT)_n mikroszatellitot izoláltak a mézelő méh genomban, valamint 24 (CT)_n és 2 (GT)_n mikroszatellitot a poszméh genomban. A CT és a GT kéttípusú dinukleotid, ahol a szekvencia ismétlődésének száma „n”. Átlagosan a (CT)_n és a (GT)_n mikroszatellitek 15 és 34 kilobázisonként jelennek meg a mézelő méhben, valamint 40 és 500 kilobázisonként a poszméhben (Estoup és mtsai, 1993). Weber (1990) szerint a (CT)_n és (GT)_n mikroszatellitek három csoportba sorolhatók. Előfordulnak teljes (a szekvenciában nincs szakadás), hiányos (egy vagy több szakadás van az ismétlődések lefutásában) és összetett mikroszatellitek. A poszméhben a (CT)_n

mikroszatellitek többsége hiányos, míg a mézelő méhben a (CT)_n és (GT)_n mikroszatellitek teljesek. Bizonyították, hogy nagyszámú intrapopulációs polimorfizmus fedezhető fel egyetlen mézelő méh mikroszatellit tesztelésével (Estoup és mtsai, 1993).

További kutatások során Ausztráliából gyűjtött méhek segítségével hét mikroszatellit markert sikerült kimutatni. Az azonosított mikroszatellitek közül öt GA bázisok ismétlődése (három teljes, kettő hiányos és egy összetett ismétlődés), a másik kettő pedig (GA)_n-t tartalmazó ismétlődés. A tanulmányban megadják e markerek szekvenciáit és a szükséges PCR kondíciókat (Rowe és mtsai, 1997). Solignac és mtsai (2003) 552 mikroszatellit szekvenciáját határozták meg a primerek szekvenciáival együtt a mézelő méh genomában. A további vizsgálatokra alkalmas mikroszatelliteket több könyvtárból válogatták ki. Egyrészt a teljes genomiális DNS frakcióiból, másrészt a mesterséges bakteriális kromoszóma klónok könyvtárából. A mézelő méhből izolált markerek mindegyike polimorfnak bizonyult. Közülük 153 marker sikeresen amplifikálódott három másik *Apis* fajban is (*A. cerana* – 58%, *A. dorsata* – 59%, *A. florea* – 38%). Solignac és mtsai (2004) elkészítették a mézelő méh mikroszatellit térképét. A vizsgálatban 556 markert mutattak ki, melyek kiválóan alkalmazhatóak az *Apis* genom vizsgálatánál. Három évvel később a már meglévő térképet tovább fejlesztették egy harmadik-generációs mikroszatellit térképpé, melyet összehasonlítottak a mézelő méh géntérképével (Solignac és mtsai, 2007).

A mézelő méh mikroszatellit markerekkel történő vizsgálatát nagyban elősegítette a teljes genom szekvenciát ismertető tanulmány, mely az *Apis* nem afrikai eredetére is rávilágított (The Honeybee Genome Sequencing Consortium, 2006).

Az európai mézelő méhek természetes eloszlására szignifikánsan hatott az emberi tevékenység az elmúlt században. A nem honos fajtákat szaporították, így a honos fekete méh (*A. m. mellifera*) populációi a génáramlás által elvesztették fajtaazonosságukat (Jensen és mtsai, 2005).

Estoup és mtsai (1995b) folytatták a mézelő méh mikroszatellit vizsgálatokat. A mintákat kilenc populációból gyűjtötték. Három populáció Afrikából (*A. mellifera intermissa*, *A. m. scutellata*, *A. m. capensis*), négy pedig Európából (*A. m. mellifera*, *A. m. ligustica*, *A. m. carnica* és *A. m. cecropia*) származott. A vizsgálat során hét mikroszatellit markert (A7, A28, A113, B124, A43, A24, A88) alkalmaztak, melyek segítségével jelentős genetikai varianciát mutattak ki. Az átlagos heterozigotizáció és az átlagos allélszám az afrikai populációk esetében szignifikánsan magasabb volt, mint az

európai fajtáknál. A mikroszatellit analízis megerősítette, hogy az *A. mellifera* fajon belül három különböző származási vonal alakult ki, melyeket a korábbi morfológiai és mtDNS vizsgálatok eredményeként már igazoltak.

A családok közötti rokoni kapcsolatok kutatására jó példa egy Németországban végzett tanulmány. Az anya nászrepülésekor 142 here minta került begyűjtésre és 20 mikroszatellit marker segítségével a herék közötti rokoni kapcsolatok vizsgálata történt meg. Az eredmények alapján egy esetben négy testvér rokonságát sikerült kimutatni, továbbá hat esetben három testvér rokonságát, húsz esetben pedig kettőt. Összességében megállapításra került, hogy a heregyülekező helyen megjelent egyedek 240 különböző családból származtak. Ebből a meglepően magas számból következik, hogy az anya és a vele pározó herék beltenyésztési koefficiense minimális. Az anya és herék közötti rokoni kapcsolat igen alacsony volta maximalizálja a genetikai diverzitást a különböző származású családok között (Baudry, 1998).

A nyugat-európai mézelő méh (*A. m. mellifera* és *A. m. iberica*) 15 populációjának genetikai variabilitását 11 mikroszatellit marker (A43, B124, A88, A113, A28, A24, A7, A8, Ap33, Ap36 és Ap43) segítségével határozták meg. E két fajta genetikai változatossága jellemzően alacsonyabb, mint a legtöbb tanulmányozott fajtának, valamint a tesztek túlnyomó többsége növekvő populációméretet jelzett. Emellett a genetikai profil inkább a dél-spanyolországi populációkkal homológ. A francia populációban az introgresszió jelensége figyelhető meg. A gének az Észak-mediterrán származási vonalból kerültek a populációba, mivel leginkább erről a területről importáltak méhanyákat (Garnery és mtsai, 1998).

Nyolc mikroszatellit marker segítségével megállapították, hogy Olaszországban az *A. m. ligustica* fajta, és Szicíliában az *A. m. sicula* fajta délkelet európai („C” vonal) származású. A mtDNS vizsgálatok eredményei alapján Olaszország mézelőméh-populációinak többsége az „M” és „C” származási vonalhoz egyaránt tartoztak. Továbbá az *A. m. sicula* fajta nukleáris markerrel történő vizsgálata során csupán afrikai származást detektáltak („A” vonal). A nukleáris és mitokondriális markerek különböző eloszlása feltehetően általános jellegzetessége a hibridizálódott mézelőméh-populációknak (Franck és mtsai, 2000b).

A Spanyol-szigetvilág 22 régiójából származó méhcsaládok genetikai struktúráját és varianciáját nyolc polimorf mikroszatellit markerrel állapították meg. A korábbi vizsgálatok eredményei alapján a családok az afrikai és a nyugat-európai származási vonalhoz tartoztak. A szigetek állományai között a genetikai variabilitás

alacsony, valamint a heterozigotizáció hiánya is kifejezett. A genetikai különbségeket megállapító teszt szerint a spanyol-szigetvilág populációi két csoportra oszthatók, melyek Majorka és Menorka, valamint Ibiza és Formentera. A filogenetikai analízis igazolta, hogy a szigetvilág méhe valóban a mediterrán régióból származnak. Emellett a Formenterából, Ibizából és Menorkából származó minták mikroszatellit (B124, A113, A7, A35, A24, A28, A88 és a8) adatai azt mutatták, hogy az ősi populációt az anyák importja fenyegeti és védelmük indokolt (De la Rúa és mtsai, 2003). Egy évvel később a nyugat-andalúziai tartományokban 24 méhészetből gyűjtött mézelő méh (*A. m. iberica*) minta genetikai diverzitását vizsgálták hat mikroszatellit marker (B124, A113, A7, A24, A28 és A8) felhasználásával. Eredményeik alapján hat különböző haplotípust mutattak ki, melyek közül öt az afrikai és egy a nyugat-európai evolúciós származási vonalhoz tartozik. Továbbá igazolták a természetes hibridizáció jelenségét az *A. m. iberica* fajta esetében. A markerek variabilitása pedig hasonlóságot mutatott az afrikai populációkban találtakhoz (De la Rúa és mtsai, 2004).

Északnyugat-európai populációkban szintén végeztek hasonló jellegű vizsgálatokat a helyi mézelő méh még fajtatisztának feltételezett populációiban. A 11 mikroszatellit marker ebben az esetben is kiváló eszköznek bizonyult. Az adatok bizonyossága szerint az *A. m. mellifera* fajta még jelen van Norvégiában, Svédországban, Hollandiában, Németországban, Angliában, Skóciában és Írországon, bár a génáramlás jelentősen fenyegeti a honos méhállományokat (Jensen és mtsai, 2005).

Soland-Reckeweg (2006) doktori disszertációjában a svájci mézelőméh-populációk hibridizációjával és genetikai differenciálódásával foglalkozott. Kilenc mikroszatellit marker segítségével megállapította, hogy bár eddig a honos *A. m. mellifera* populáció szignifikánsan elkülönül a kontroll csoportoktól, valószínűleg idegen fajták megjelenése veszélyezteti, mivel növekvő hibridizációs szintet állapított meg. Átlagosan csupán 6%-ban voltak jelen hibrid egyedek, a következtetések alapján a hibridizáció kiszűrésére alkalmazott szelekciós kritériumok nem megfelelőek.

Az *A. m. ligustica* fajta genetikai variabilitását nyolc polimorf mikroszatellit marker (A113, A28, A(B)24, A14, A107, A88, Ap43 és A7) segítségével vizsgálták Olaszországban. A tanulmányban *A. m. mellifera*, *A. m. carnica* és Buckfast mintákat hasonlítottak össze. Eredményeik alapján nagyszámú allélt és heterozigotizációt detektáltak. Bebizonyították, hogy az intenzív méhészeti gyakorlat – úgymint vándorlásos méhészkedés, illetve más fajtájú anyák behozatala – miatt az introgresszió intenzív és minden egyes honos *A. m. ligustica* populációban megtalálhatóak az idegen

allélok. Végül javaslatot tettek a helyi genetikai diverzitás védelmére, valamint a tenyésztési programok felülvizsgálatára a honos fajta védelme érdekében (Dall'Olio és mtsai, 2007). Észak és Közép-Olaszországban kétéves periódus alatt vizsgálták az *A. m. ligustica* fajta sperma felhasználását, természetesen pározott anyák esetében. Mikroszatellitek segítségével különítették el két, egymást követő peterakási időszak alatt hat anya utódait. Az A76 marker egyedülként bizonyult alkalmasnak, hogy az anyák utódainak genotípusát megkülönböztessék. Az allélgyakoriság hasonló megoszlása bizonyítja, hogy a családok genetikai struktúrájának időleges védelemre van szüksége (Previtali és mtsai, 2008).

Populációgenetikai vizsgálatok központjába az „M” evolúciós származási vonalból két fajtát választottak, melyek az *A. m. mellifera* és az *A. m. iberiensis*. Az Ibériai-félszigetről, Franciaországból és Belgiumból 27 méhpopulációból gyűjtöttek mintákat. A mikroszatellit adatok meggyőző bizonyítékot szolgáltatott arra vonatkozóan, hogy a Pireneusok természetes akadály korlátozza a génáramlást. Az „M” származási vonalon belül izolációs távolság kialakítását javasolják. Az Ibériai-félsziget glaciális refúgium területként szolgált a méhek számára Nyugat-Európában. Az interglaciális visszanépesedésre két lehetséges út állt rendelkezésre, viszont eredményeik alapján a nyugati út alkalmasabbnak bizonyult a visszanépesedési folyamat lezajlásához. Bemutattak három fő faktort, melyek a legnagyobb szerepet játszották a két fajta elkülönülésében. E hatások a Pireneusok természetes akadály, az izolációs távolság és az interglaciális visszanépesedési folyamatok voltak (Miguel és mtsai, 2007).

Munoz és mtsai (2009) öt mikroszatellit marker, illetve Bayesian analízis segítségével megállapították, hogy a horvát partokhoz közeli *A. m. carnica* fajtának két szubpopulációja különült el. Végül javaslatot tettek arra, hogy a fajta jelenlévő két szubpopulációját a későbbiekben tekintetbe kell venni a védelmi programok kialakításában.

Bulgáriában 1460 méh egyed bevonásával végeztek vizsgálatokat a genetikai variabilitás meghatározása céljából kilenc mikroszatellit marker felhasználásával. A populációk heterozigotitása relatív magas szintet mutatott, a lókuszonkénti allélszám pedig 10 és 38 között változott. A páronkénti F_{ST} értékek az eredmények alapján igen alacsony értéket mutattak (0,019-0,116) (Nikolova és Ivanova, 2011).

Cao és mtsai (2012) a kínai *Apis dorsata* 16 populációját vizsgálták öt mikroszatellit marker felhasználásával (A14, A88, A76, A24 és B124). Eredményeik

szerint a három különböző biogeográfiai régióban (Hainan sziget, Yunnan régió és Guangxi régió) a populációk szignifikánsan elkülönültek egymástól. Továbbá a Hainan sziget *A. dorsata* populációja valószínűleg eltér Kína egyéb vizsgált populációitól és alacsonyabb szintű genetikai diverzitást sikerült detektálni, ami valószínűleg genetikai sodródás következménye. Az eredmények hasznos információval szolgálhatnak a kínai *A. dorsata* populáció védelméhez.

Északkelet-Indiában nyolc mikroszatellit marker (A88, A14, A107, A76, Ad3, A24, Tc3-302, B124) felhasználásával vizsgálták az óriás mézelő méh (*A. dorsata*) genetikai struktúráját. A faj szezonálisan vándorol a téli és a nyári fészkelő helyek között. A családokra jellemző, hogy különböző fészkelési helyeken csoportosulnak, ahol közel egymáshoz több mint 150 család is megtalálható. E viselkedés miatt a kutatók arra következtettek, hogy a közel szomszédos családok között szorosabb rokoni kapcsolat alakult ki. Eredményeik alapján igazolták, hogy a szomszédos családok nem közeli rokonok, és szignifikáns genetikai különbséget találtak a csoportosulási helyek között (Raar és mtsai, 2004).

Az afrikanizálódott méh, vagy „gyilkos” méh kifejezés a köztudatban egyre inkább elterjedt. Az afrikanizálódott méh alapító populációja az *A. m. scutellata* afrikai fajtától származik, melyet Dél-Afrikából telepítettek Brazíliába 1956-ban. A már korábban betelepített európai fajtával való keresztezés célja az volt, hogy ellenőrzött körülmények között olyan hibridet hozzanak létre, mely jobban adaptálódott a trópusi körülményekhez és jobb méztermelést biztosít (Kerr, 1967). A kutató intézményben bekövetkezett baleset miatt azonban egy méhcsalád kiszabadult (Spivak és mtsai, 1991), és a természetben folyamatosan szaporodva terjeszkedett Dél és Közép-Amerikában, miközben hibridizálódott a honos méhfajtával. Tizenegy évig folyamatosan megfigyelték az Egyesült Államok déli részének vad méhpopulációit különös tekintettel az afrikanizálódásra. Az összesen 428 méhmintán elvégzett vizsgálatok mikroszatellit (A14, A7, A88, A107, A113, A35, A28, A79, A43, A8, IM, ED1) adatai kimutatták, hogy az afrikanizálódás folyamata maga után vonta az anyai és apai kétirányú génáramlást az európai és az afrikanizálódott méhpopulációk között. A pánmiktikus (a párosodások random módon következnek be) amerikai populáció kicserélődött hibrid *A. m. scutellata* populációvá. Az amerikai méhek génjei közel öt év alatt afrikanizálódtak, és a dél-texasi populációban találták meg a legtöbb hibrid rajt (Pinto és mtsai, 2005).

Az Egyesült Államok délkeleti és nyugati régióinak tenyésztett méhpopulációit hasonlították össze tíz polimorf mikroszatellit lókuszt segítségével. A vizsgálat fő célja a

populáción belüli és a populációk közötti genetikai diverzitás meghatározása volt. A mintavétel 1993-1994 valamint 2004-2005 közötti időszakra korlátozódott. A mikroszatellit vizsgálat alacsony allélszámot mutatott mindkét vizsgált populáción belül, viszont ez nem volt szignifikáns, mivel egyidejűleg új allélok jelenlétét is detektálták 1993 és 2005 között. Igazolták, hogy a populációk közötti genetikai differenciálódás kiváló forrását jelenti a genetikai diverzitás fenntartásának (Delaney és mtsai, 2009).

A biogeográfiaailag heterogén észak-afrikai régióban vizsgálták az *A. mellifera* populációk morfológiai és genetikai különbözőségeit. A jelenleg elfogadott „hegyi refúgium terület hipotézis” szerint a hegyi erdőkben élő méhpopulációk és az erdővel körülvett szavannai éghajlaton élő populációk más származási vonalhoz tartoznak. Kenyában három családból gyűjtöttek mintát a hegyi erdőből és a szomszédos szavanna régióból, majd mikroszatellit adatok, mitokondriális szekvenciák és morfológiai paraméterek alapján elemezték őket. A hegyi és a szavanna régióból származó dolgozó egyedek morfológiailag eltérést mutattak, viszont sem a mikroszatellit, sem a mtDNS analízis ezt nem támasztotta alá. Mindez azt jelentette, hogy jelentős génáramlás zajlott a két vizsgált terület populációi között, valamint a fenotípusos különbségeket valószínűleg nem a különböző őstől való származás, hanem a fajtán belüli fenotípusos változékonyság okozta (Gruber és mtsai, 2013).

A mitokondriális és nukleáris adatok tehát nagymértékben kiegészítik egymást, mivel míg a mtDNS anyai ágon, addig a nukleáris DNS mind anyai, mind apai ágon vizsgál. A mézelő méh genetikai diverzitás vizsgálatok többsége mind mitokondriális, mind nukleáris marker vizsgálatok kutatási eredményeiről együttesen tanuskodnak. A mitokondriális illetve nukleáris genom azonban számos tulajdonságban eltér egymástól.

Meixner és mtsai (2013) tanulmányában olvasható, hogy a mtDNS marker alkalmazása a mézelő méhek emberi hatás által befolyásolt történetében, illetve a fajták meghatározásában kérdéses. Elsőként azért, mert nincs egységes próba a fajták meghatározásához. Másodszor, mivel a mtDNS csupán a variációk anyai elemeit mutatja, illetve segítségével a hibridizáció és az introgresszió jelenségének kimutatása kérdéses.

Ellenben Franck és mtsai (2000b) tanulmányában Olaszországban mitokondriális DNS segítségével igazolták az olasz fajtában megjelenő hibridizációt. Az ország északi részén kialakult hibrid zóna kimutatása a következő módon vált lehetségessé. A mitokondriális származási vonalak és az azokon belül kimutatott

haplotípusok egyes fajták jelenlétére utalnak, ezért az említett tanulmányban az M4 haplotípus az *A. m. mellifera*, míg az M7 haplotípus az *A. m. iberica* illetve *A. m. mellifera* fajták megjelenésére utalt a honos állományban.

Pinto és mtsai (2012) mitokondriális és nukleáris markereket hasonlítottak össze az ibériai hibrid zóna komplexitásának tanulmányozásában. Eredményeik alapján arra a következtetésre jutottak, hogy mind a mtDNS, mind a mikroszatellit adatok azonos eredményt adtak, alátámasztották egymást.

A mtDNS kiváló eszköz a mézelő méh evolúciójának vizsgálatában, illetve a populációk szerkezetének és dinamikájának tanulmányozásában, ellenben a szakirodalom alapján a hibrid zónák feltárásában a nukleáris markereknek nagyobb szerepe lehet abban az esetben, ha a két ivar eltérő mobilitású.

2.5.4.2. DNS ujjlenyomat vizsgálat

A litván mézelőméh-populációkban bekövetkezett szelekciós és evolúciós változásokat elsőként Ceksterte és mtsai (2012) vizsgálták ISSR markerek segítségével (inter-simple sequence repeat) ((ATG)5GA, (TCC)5GT, (AGAC)4GC és (GACA)4GT)). Kettő, Litvániában tenyésztett *A. m. carnica* vonalat hasonlítottak össze Csehországból és Szlovéniából származó azonos fajtájú egyedekkel, valamint az *A. m. caucasica* fajtával és a helyi Buckfast hibrid egyedeivel. A (TCC)5GT primer segítségével sikerült elkülöníteni egy *A. m. caucasica*-ra specifikus 800 bázispáros fragmentet, melyet a Buckfast egyedek 40%-ában is kimutattak. Az UPGMS módszer segítségével négy *A. m. carnica* típust különítettek el, továbbá a Litvániában tenyésztett típusok különböztek a krajnai fajta más típusaitól. A filogenetikai fán jól kitűnt, hogy az *A. m. caucasica* fajta és a Buckfast hibrid egyedei jól elkülönülten jelentek meg az *A. m. carnica* típusoktól.

2.5.4.3. Véletlenszerűen Amplifikált Polimorf DNS (RAPD)

Magyarországon mézelő méh diverzitás vizsgálatot RAPD-PCR eljárással az ÁTK Baromfitenyésztési és Genetikai kutatócsoportjában végeztek. Hat különböző anyanevelő méhészet 19 méhcsaládjából vettek mintát. Megállapították, hogy a hazai anyanevelő telepek általuk vizsgált szegmense nagyfokú diverzitást mutatott (Révay és mtsai, 2009).

Kamrani és mtsai (2012) RAPD markerek alkalmazásával meghatározták az iráni mézelőméh-populációk genetikai variabilitását és öt mézelőméh-populáció közötti genetikai kapcsolatot. Az alkalmazott primerek alapján 50 polimorf sávot mutattak ki, melyek segítségével megállapították, hogy az iráni méhpopulációk genetikai diverzitása közepes szintet mutatott, és a kialakított csoportok megfelelnek a geográfiai eloszlásnak.

2.5.4.4. Enzim elektroforézis

A mézelő méhek enzim polimorfizmusát alaposan vizsgálták az elmúlt húsz évben. A kutatások eredményei hasznosak a populációk genetikai ismereteinek bővüléséhez és a mézelő méhek rokoni kapcsolatainak meghatározásához (Ivanova és Staykova, 2005).

Az allozim enzim számos különböző formája létezik, melyeket ugyanazon gén lókuszaiban levő különböző allélok kódolnak. Más rovarokkal összehasonlítva a mézelő méh esetében több változatos enzimet ismerünk. Egyes enzimek kiváló eszközei a mézelőméh-populációk tanulmányozásának (Hepburn és mtsai, 1999). Az allozim változatosságát a bulgáriai méh populációkban először Ivanova (1996) mérte fel. E tanulmányban információkat adott az MDH és az EST enzim változatosságáról, de 2004-ig nem jellemezte a PGM és a HK enzimek szerepét a bulgáriai méhek egyedeinél. Ekkor Ivanova és mtsai (2004) összehasonlították négy allozim rendszer változatosságát (MDH, EST, PGM és HK) két hegyi régióban található populációban.

A legszélesebb körben alkalmazott allozim enzimrendszer a malát dehidrogenáz (MDH1). Számos Szerző megállapította, hogy a malát dehidrogenáznak különböző formái léteznek, melyek részei az izmoknak és más szerveknek energiát nyújtó rendszernek. Néhány méhfaj ezért képes arra, hogy szervezete számára optimalizálja az élőhely hőmérsékletét (Hepburn és mtsai, 1999). A MDH1 enzim megmutatta a fontos allél gyakoriságokat a mézelő méh származási vonalai között (Sheppard és Berlocher, 1984).

2.6. Méhtenyésztés, nemesítés

Különbségek tapasztalhatóak a fajták tavaszi fejlődési tulajdonságai között. Az olasz méhfajta (*A. m. ligustica*) családjai az év elején lassabban fejlődnek, mint a hazánkban honos krajnai fajtaé (*A. m. carnica*). Éppen ezért a korai virágzású főhordást adó akácunkról krajnai családokkal érhető el nagyobb eredmény (Internet 1). A kutatási eredmények alapján a krajnai jellegű családok több mézet termelnek, mint az olasszal kereszteződtek (Akác, 1982a).

Az első lépés a 27/1975. XII. 28. számú MÉM rendelet volt, amely az anyanevelésre kijelölt törzscsaládok kötelező fajtaazonossági és egészségi vizsgálatát írja elő (Gubicza, 1981a).

Az 1993. évi állattenyésztési törvény a hazai méhtenyésztést is szabályozza. Magyarországon szervezett formában 1972 óta évente kb. 4000 méhcsalád vesz részt a tenyésztői program megvalósításában az elismert méhanya nevelők 45-50 telephelyén.

A Méhészet szaklap évente közzéteszi az engedéllyel rendelkező, és a Magyar Méhtenyésztők Országos Egyesületéhez (MMOE) tartozó anyanevelők listáját. Az évente legalább 40-50 ezer méhanyát nevelő méhészeteknek döntő szerepük van az ország méhállomány minőségének befolyásolásában. Tehát fontos, hogy az államilag engedélyezett méhanya nevelő telepeken gondosan szelektált tenyészanyag álljon rendelkezésre a továbbszaporításhoz (Internet 1).

Mivel a méhanyák a szabadban röpülve termékenyülnek, ezért a párzás irányítása nehezebb, mint más haszonállatoknál. Hazánkban a mézelő méh tenyésztése még kezdetleges, viszont az anyanevelés módszerei már jelentős fejlettséget értek el. A tenyésztésnek és az anyanevelésnek együtt kellene haladnia, azonban hazánkban e kettő nem fejlődött azonos ütemben és párhuzamosan. A mézelő méh tulajdonságainak öröklődése már egyre inkább ismert, így a tenyésztés irányvonala is biztosabban meghatározható. A méztermelés öröklődhetőségi értéke (h^2) például különösen alacsony (Boigenzahn és Willam, 1999).

A kutatások során Woyke (1962) megállapította, hogy a méhek érzékenyek a beltenyésztésre, ezért a méhcsalád több módon is védekezik ellene. Az anyák és herék gyakran távoli párzó helyeket keresnek fel, és az anyák több herével is párzanak, melyek nagy valószínűséggel eltérő származásúak, a rajok pedig egymástól távoli vidékeken telepednek meg. Ha a beltenyésztés miatt az anyák mégis rendellenes diploid here petéket raknak, az ebből kikelő álcákat a munkásméhek eltávolítják.

A magyarországi szelekció csupán lassú ütemben tudta követni a nyugat-európai országokban kialakított vonaltenyésztési programokat, mivel a tervezés időpontjában még nem állt rendelkezésre rendeleti előírás az ellenőrzött pároztató telepek létrehozására. A hazai kiválogatási szempontokon túl külföldön a tenyésztés során a virágportermelés és légcsőatka kór is a szelekciós szempontok között szerepel. A populációk mérete nagy, és más génkészlet csak indokolt esetben kerül a programba. A jó tulajdonságokat mutató méhcsaládok fajtajelleg-vizsgálati eredményei is szükségesek ahhoz, hogy egy méhanyát továbbtenyésztésre alkalmasnak minősítsenek a nyugat-európai országokban. Ezt követi egy fajtajellegen alapuló próbatenyésztés. Ha a fajtajellegre vizsgált méhcsalád az előírtaknak megfelel, akkor kerülhet sor a továbbtenyésztésre. Szlovéniában a honos *A. m. carnica* fajta tenyésztése során számos tulajdonság alapján végzik a méhcsaládok szelekcióját. Ezek közé tartozik a nyugodt viselkedés és a lépen maradás, az anya kiváló petézése, a magas mézhozam, a kiváló higiénias viselkedés, a fajtára jellemző kubitális index, az atkák eltávolításának képessége és a *Varroa* tolerancia, a *Nosema* spórák igen alacsony száma, valamint a fajtára jellemző szürke szín. Az igen erős szelekció eredményeként viszont kiváló minőségű krajnai méhanyák jelentik a honos állomány fejlődésének alapját (Internet 6).

2.6.1. Fajtajelleg vizsgálatok világszerte

A fajtabélyegek ismerete fontos feltétele a nemesítésnek. A mézelő méh fajtajelleg vizsgálatai már a múlt század utolsó éveiben elkezdődtek, melyek a későbbiekben több országban folytatódtak. A fajtabélyegek megkülönböztetését Kozsevnyikov orosz tudós kezdte el 1900-ban, majd a német Goetz és Ruttner munkássága kiemelkedő (Akác, 1980). Ahogy a továbbiakban láthatóvá válik, a vizsgálati módszerek és eszközök folyamatosan fejlődnek.

A különböző fajták izolált geográfiai régiókból származnak és adaptálódtak az ökológiai tényezőkhez. Már a XIX. század elején igyekeztek leírni a fajtákat, majd Buttler és Reepen (1906) egy pontosabb trinominális nomenklatúra kialakításával próbálták tisztázni a fajták taxonómiai helyzetét. Az első a nem, utána a faj – *Apis mellifica* (napjainkban *Apis mellifera* a zoológiai nomenklatúra szabályai alapján) - és végül a harmadik név a geográfiai fajta vagy változat. A geográfiai fajta leírása ily módon még pontatlan volt, mivel kizárólag két kritériumot vettek figyelembe, a színt és a méretet. Általánosan elfogadott nézet volt, hogy ha a kifejlett méh potroha sárga,

akkor „olasznak” hívták, amely előfordult Közép-Európában, Rodoszon és É-Afrikában is.

Aplatov és Goetz már pontos méréseket valamint új morfológiai karaktereket alkalmaztak a fajták elkülönítésére. Goetz munkája jó hatással volt az európai méhészetre, elősegítette a tenyésztési munkát és a szelekciót. Aplatov és Goetz az európai fajták elkülönítésére főként a szín, a kubitális index, a szőrzet és a fő méretek paramétereit alkalmazták. Vizsgálataik során az is világossá vált, hogy az európai *A. mellifera* populációk csak igen kis részét képezik a mézelő méh természetes elterjedési területének a Földön. A mérsékelt égövi területeket valószínűleg csak a posztglaciális periódusban foglalták el a méhek a meleg égövi területek felől, mely ez által géncentrumnak tekinthető (Goetz, 1940; Aplatov, 1948). Adam (1964) szerint a fajták származási helye szerint is nagy változékonyság figyelhető meg, valamint morfológiai és fiziológiai különbségek találhatók a fajtákon belüli vonalak és szubpopulációk között is.

A méhfajták alapvető biometriai módszerekkel történő tanulmányozása nagyon fontos, mert néhány régióban a honos méhek hibridizálódnak az importtal behozott méhekkel. Az Alpok északnyugati részén található krajnai fajta izoláltan élt az 1949-1951-es minták alapján (Ruttner, 1969), de napjainkban, ebben a régióban egyre inkább felfedezhető a hibridizáció.

Ruttner és mtsai (1978) a faj teljes morfológiai változatosságához szükséges módszereket mutatták be, melyhez 42 karaktert választottak ki. A vizsgálathoz kaptáronként 20 minta került begyűjtésre. A program a herék vizsgálatát is magában foglalta, de kevesebb tulajdonság felvételével. A faktoranalízis eredménye szerint a teljes variabilitás a következőképpen alakult: szipóka hossza 7,97 és 9,69 mm, a szőrzet hossza 0,158 és 0,477 között, a kubitális index pedig 1,58 és 3,62 között változott. Az *A. mellifera* és az *A. cerana* fajokat sikertelenül biometriai számításokkal teljes mértékben elkülöníteni. A vizsgálat célja a fajok struktúrájának általános felmérése volt, viszont nem terjedt ki a különböző fajták elkülönítésének speciális analízisére. Bizonyítást nyert, hogy taxonómiaiilag igen távol állnak egymástól a *carnica*, *ligustica* és a *mellifera* fajták.

Gromisz és Skowronek (1975) szerint a leggyakrabban alkalmazott morfológiai karakterek a szipóka hossza, a diszkodiális távolság (vagy eltolódás), a harmadik és negyedik potrohgyűrű szélessége és a kubitális index. A diszkodiális eltolódás kifejezi a diszkodiális sejt pozícióját az első szárnyon a radiális sejt és a kubitális sejt arányában.

Bornus és mtsai (1966) továbbá kimutatták, hogy fontos még az első szárny hossza, a szárnyon lévő kapcsolóhorgok száma, a színezet és a test szőrözöttsége. Goetz (1959) leírása alapján, ha a diszkodiális távolság 0,1, akkor azt 1 ponttal jelölték. Az érték lehet „0”, „+” vagy „-”, az eltolódás irányától függően (Gromisz és Skowronek, 1975). A kubitális index a közép-európai régió állományában 1,45 és 1,90 között változott (átlag érték: 1,68). Az *A. m. mellifera* fajtában ez az érték 2,0-ig lehetséges. A kubitális index értéke országoként is változik, Lengyelországban 1,65, Németországban 1,60, Franciaországban 1,78, Angliában pedig 1,80 (Ruttner, 1992).

Északkelet-Olaszországban a Friuli régióban a mézelőméh-populációk vizsgálata 15 szárnyon található karakter alapján történt meg. Az *A. m. ligustica* minták összehasonlításra kerültek a Jugoszláviából (Zágráb) és Ausztriából (Neumarkt) származó krajnai mintákkal. A diszkriminancia analízis és a Mahalanobis távolság klaszter analízise alapján Nazzi (1992) megerősítette, hogy a Friuli régió populációja hibridnek (*ligustica* x *carnica*) tekinthető. Jelen dolgozat szempontjából érdemes még megemlíteni, hogy a fajtatiszta olasz egyedek kubitális indexe átlagosan 2,59; 2,57, míg a fajtatiszta krajnai fajta esetében az értéke 2,8; 2,81 volt.

A kubitális index mérésére alkalmas három módszer összehasonlítása során - melyek a Mst 131 mikroszkóp, DL II Dokumator mikrofilm olvasó és a „Flugel index” program – a következő eredményeket kapták. Az analízishez 40 első pár szárnyat használtak fel és minden mérést háromszor ismételték. A mikroszkópos mérés során a kubitális index 2,62, a mikrofilm nézővel 2,42 míg a programmal 2,22. Az értékek közötti különbség elérte a 0,2-t, tehát az eredmények közötti eloszlás 0,05-től 0,06-ig terjed. Az ismétléseket követően azonos eredményeket kaptak. A mérések elvégzésére használt software 117%-al több időt takarított meg, mint a mikroszkóp használatával, és több mint 35%-al többet, mint a mikrofilm olvasó alkalmazásakor. Megállapították, hogy a „Flugel index” computer software a legalkalmasabb a méhek kubitális indexének mérésére (Jerzy és mtsai, 2002).

Statisztikai számításokkal igazolták az elegendő méhcsalád és egyedszámot hat geográfiailag távoli *A. mellifera* és *A. cerana* populáció bevonásával. Az összes lehetséges kombinációt megvizsgálták (minta családok száma k , összes családszám n) minden régióra vonatkozóan. Kilenc morfológiai karaktert vizsgáltak külön-külön, és együtt is. Megállapították, hogy a méret és a szárny szög paraméterek tekintetében 5-6 család mintázása megfelelő, és minden családból minimálisan 10 egyed adatainak

felvétele szükséges. A szín esetében több egyedre van szükség, ha az egyedek e paraméter alapján nem elég homogének (Radloff és mtsai, 2003).

Egy 2007-ben megjelent tanulmány céljaként azt határozták meg, hogy felmérjék, vajon a klasszikus morfológiában használatos módszer megfelelő eszköze-e a mézelő méh morfológiai variabilitás vizsgálatoknak. Törökország különböző területeiről 55 méhészetből gyűjtöttek dolgozó mintákat. Összesen két morfológiai karaktert vizsgáltak, ami az első szárny hossza és a kubitális index voltak, majd eredményeiket filogenetikai fán és grafikonokon szemléltették. Megállapították, hogy a klasszikus módszer kiváló eszköze a morfológiai variabilitás meghatározásának, és alapját képezheti egy modern UPGMA módszernek, mellyel az említett filogenetikai fa elkészíthető. A klasszikus és modern morfológiai módszerek együttes alkalmazása a legcélravezetőbb és legpontosabb eredményeket biztosítja (Kekecoglu és mtsai, 2007).

Tofilski (2008) a hagyományos morfológiai módszereket – mint a többtényezős analízis – hasonlította össze a napjainkban fejlődő morfológiai geometriával. Az új módszer alapja a karakterisztikus pontok felvétele Cartesian koordinátákkal. A két módszer segítségével három mézelő méh fajtát (*A. m. mellifera*, *A. m. carnica*, *A. m. caucasica*) különített el az első szárny erezte alapján. A vizsgálatban 30 család 300 dolgozó egyede szerepelt (10 egyed/család). A morfológiai geometria 84,9%-ban, míg a klasszikus morfológia 83,8%-ban volt sikeres. Az eredmények alapján megállapítható, hogy a morfológiai geometria hatékonyabb eszköze a fajták elkülönítésének.

A geometriai morfológia módszerének újraértékelésével négy mézelő méh származási vonalat különítettek el a Méh Morfológiai Adatbázisban (Morphometric Bee Data Bank in Oberursel, Germany) elérhető fajták egyedeinek szárny képei alapján. Emellett 40 Cartesian koordinátát sikerült meghatározni. A származási vonalak család szinten is szignifikánsan különböznek a fajták átlagos szárnyformája alapján. A diszkriminancia analízis kimutatta, hogy az „A” és az „M” származási vonal némileg átfedésben van egymással. A multivariancia analízis alapján az *A. m. intermissa* feltehetően az „A” vonalhoz tartozik. Továbbá az *A. m. sicula* a „C” vonal, az *A. m. sahariensis* az „M” vonal és az *A. m. syriaca* az „O” vonal tagja, bár ez utóbbi fajta közelebb helyezkedik el az „A” származási vonalhoz. A korábbi tanulmányok, mint a morfológiai adatok főkomponens analízise vagy a mtDNS vizsgálatok alátámasztották a kapott rokonságot a fajták között, tehát a szárnyforma morfológiai geometria analízise megbízható eszköz a fajták származási vonalainak elkülönítésében (Kandemir és mtsai, 2011).

Szerbiában az *A. m. carnica* fajta vizsgálata során 12 morfológiai karaktert mértek a dolgozó egyedeken, melyeket hét különböző méhészetből gyűjtöttek be. A szárnyon található 11 szöget és a kubitális indexet Leica XTL-3400D sztereo mikroszkóppal mérték és az IL 1009 szoftvert alkalmazták az adatok kiértékeléséhez. Az eredmények alapján hét morfológiai karakter esetében (Szögek: B4, D7, E9, J10, J16, N23 és K19) szignifikáns különbséget ($p < 0,01$) állapítottak meg a vizsgált hét méhészetben, ami valószínűleg emberi hatás következménye (Nedic és mtsai, 2011).

Abou-Shaara és Al-Ghamdi (2012) szerint nem volt elérhető irodalom, amely a mézelő méh szárny szimmetriáját közölné, ezért sztenderd módszerrel és a morfológiai geometria eszközével vizsgálták a szárny szimmetriáját a krajnai és a jemeni fajta elkülönítésére. Továbbá a hátsó szárnyon három szög került lemérésre (H1, H2, H3). Az eredmények megerősítették, hogy a sztenderd módszer és a morfológiai geometriai analízis segítségével a két fajta megkülönböztethető.

A szárnyon található szögek mérésére alkalmas lehet egy mikroszkóppal összekötött számítógép és az ahhoz kapcsolódó fajtajelleg vizsgálati program. Ennek segítségével a monitoron láthatóvá válik a mikroszkópban látott kép. A program alkalmazásával mérhető a méhek egyes testrészeinek szélessége, hosszúsága vagy a szárnyon lévő szögek, melyek a fajtajelleg vizsgálatokban fontos szerepet játszhatnak.

Egy 2013-ban megjelent tanulmányban (Kamel és mtsai, 2013) e módszernek egy tovább fejlesztett változatáról olvashatunk. A módszer ötvözte a szkennert és a digitális képek feldolgozásában alkalmazott Photoshop szoftvert. Első lépésben a preparátumok bekerülnek a gép szkennert részébe, majd a szkennelt kép számítógépre menthető. Ezt követően a Photoshop program egy alkalmazásával a méhek különböző paraméterei könnyen és egyszerűen mérhetővé válnak. A módszer a legtöbb fajtajelleg vizsgálati paraméter mérésére alkalmas, többek között a szárny szögeinek valamint a fej méreteinek felvételére is.

2013-ban bemutatásra került az ArcGIS program, mely alkalmas a meglévő morfológiai adatok elemzésére és ezáltal a fajták meghatározására és elkülönítésére. Első lépésben a program a meglévő adathalmazt kategóriákba sorolja, majd egy paraméter, vagy a felvett paraméterek mindegyikének felhasználásával morfometriai térképet készít. A morfológiai és biogeográfiai adatok kombinációja által a fajták közötti elkülönülés láthatóvá válik. Az eredmények alapján a program sikeresen meghatározta a krajnai és yemeni méhfajtákhoz tartozó biogeográfiai régiókat (Abou-Shaara, 2013).

A kutatók újabb vizsgálati módszereket fejlesztettek ki a fajták elkülönítésére. Kauhausen és Keller (1991) szerint a krajnai és olasz fajta 3. és 4. tergitének színe, valamint a szárnyon mérhető K19-es szög alapján diszkriminancia analízis segítségével 94,6%-os pontossággal elkülöníthető. Eszerint a krajnai fajta esetében a K19-es szög középértéke 78,98, a mért minimum érték 75,2, a maximum pedig 83,7. Olaszország északi hibrid zónájában végzett fajtajelleg vizsgálatban ettől némileg eltérő eredmények jelentek meg. A tanulmány alapján a fajtatiszta *ligustica* egyedeknél a K19-es szög értéke 80,37 valamint 79,27, a fajtatiszta krajnai egyedeké pedig 78,98 és 79,93 voltak (Nazzi, 1992).

Nedic és mtsai (2011) szerbiai *A. m. carnica* méhészetek között szignifikáns ($p < 0,01$) különbséget mutattak ki a K19-es szög értékei között ($77,01 \pm 1,44$; $78,18 \pm 2,18$; $79,61 \pm 2,61$; $76,69 \pm 3,47$; $79,40 \pm 1,94$; $78,44 \pm 1,83$; $79,19 \pm 2,07$). Referenciának Maul és Hahnle (1994) eredményeit alkalmazták, mely a K19-es szög tekintetében 79,40 volt.

Abou-Shaara és Al-Ghamdi (2012) szintén igazolták, hogy a krajnai fajta szárnyon található K19-es szögének átlag értékei 79,99 és 80,59, viszont ebben a tanulmányban a yemeni mézelő méhhez hasonlították. Természetesen az olasz fajtával közeli értékek nem zárják ki, hogy a színnel kombinálva a két fajta elkülönítésének hatékony eszköze legyen. A K19-es szög felvételezése a szakirodalom alapján tehát nem számít újnak, viszont hazánkban jelenleg csupán a hátlemez színét, a szipóka hosszát, illetve a kubitális index felvételezését alkalmazzák a tenyésztők ellenőrzésében.

2.6.2. Fajtajelleg vizsgálat Magyarországon

Bár a morfológia fogalma (az élőlények külső alakjának, kinézetének, tagolódásának vizsgálata és leírása) jobban lefedi az általunk végzett vizsgálatokat, a szakemberek egy része hazánkban mégis fajtajelleg vizsgálatoknak nevezi a hasonló jellegű kutatásokat. Fajtajellegen az egy-egy fajtára jellemző tulajdonságok összességét értjük, melyek alapján az más fajtáktól megkülönböztethető, elkülöníthető. A két fogalom hasonlósága miatt ezért jelen dolgozatban mindkettő előfordul.

Kiemelten kell kezelni a fajtajelleg vizsgálatokat, mivel ezek egyrészt összefüggést mutatnak a hozammal, másrészt a megfelelő fajtabélyegek, a tiszta fajtajelleg alapfeltétele a méhexportnak. A Magyarországon is honos fajtatiszta pannon méh iránt egyre nő a kereslet a méhet importáló országok részéről. A lehetőség azonban

csak akkor válhat a méhészet hasznos hozó további forrásává, ha méhanyagunk megfelel a vevők igényének, s a minőséget tartósan garantálni tudjuk. A méhészek szabad szemmel is meg tudják állapítani, hogy családjaik mutatják-e az olasz (*A. m. ligustica*) fajtaival való kereszteződés jeleit. Az ilyen munkásméhek háti potrohgűrűi nem sötétek, hanem a tortól hátrafelé haladva 1-3 gyűrű (tergit) sárgacsíkos. Ezeket a családokat az anyák azonnali lecserélésével ki kell zárni a tenyésztésből még akkor is, ha azok egyébként más téren jó tulajdonságokat mutattak (Internet 1).

Magyarországon a mézelő méh morfológiai bélyegeinek tudományos vizsgálatát elsőként Örösi (1934) végezte Debrecenben. Az ország 30 helységére kiterjedő fajtabélyeg vizsgálat elvégzése Bakk (1955) nevéhez fűződött. Kimutatta, hogy a hazai dolgozó méh átlagos szipóka hossza 6,5 mm, a szárnyjelzője (kubitális indexe) 1,6-2 a méhek 8%-án és 2-nél nagyobb a 92%-án, továbbá a potroh színeződése 81%-ban szürke. Az 1973-ban kezdődött mézelő méh küllemteni és alaktani vizsgálatok alapján a hosszú szipókát igen kedvező tulajdonságként tartották számon a nektárgyűjtés szempontjából. A méhek potrohgűrűjének szélessége Magyarországon 2,27 mm. A potrohgűrűk színe és csíkozottsága vidékenként nagy eltérést mutatott. Az adatok alapján az ország méhállományának 40-45%-ában a potrohgűrűn eltérő szélességű sárga csík húzódik (Gubicza, 1981a; 1981b). A munka 1976-tól folytatódott a potrohgűrűk színére, a kubitális indexre és a szipóka hosszúságra vonatkozóan. E bélyegek segítségével tiszta krajnai fajtajellegű és kedvező tulajdonságú méhcsaládok kiválogatása volt a cél (Akác, 1981; 1982a; 1982b). 1979-ben a következő értékeket detektálták a Gödöllői Méhtenyésztési Osztály munkatársai. A szipóka hosszúsága 6,56 mm, szárnyjelző 2,49 és a potroh színe 86%-ban szürke. A két legjobb család szipóka hossza 6,65 mm, szárnyjelzője 2,5, a potrohgűrűk színe pedig 100%-ban szürke. A nemesítő munka során arra törekedtek, hogy a szipóka hosszúsága átlagosan 6,7 mm, a szárnyjelző 2,8-3 legyen, míg a potrohgűrűkön a sárga folt és csík hiányozzon. Már ebben az évben is 259 ezer fajtabélyeg adat állt rendelkezésre, melyekből arra a következtetésre jutottak, hogy honos méhünk szipókája hosszabb, mint az olasz fajtájú egyedeké. Az olasz méhet elsőként Sággy Mihály hozta be az országba 1853-ban (Akác, 1980). Akác (1980) azt is megállapította, hogy az ország akkori méhállománya kevert fajtájú, viszont a vizsgált méhészetekben csupán kismértékben található meg az olasz fajtajelleg.

Akác (1982a) arra a következtetésre jutott, hogy a szipóka hossza és a kubitális index növekedésével arányosan nagyobb lett a mézhozam. Közleménye alapján nem

talált korrelációt a munkásméhek potrohszíne és a méztermelés között (Akác, 1982c). A nagy és kis kubitális indexel rendelkező méhek keverten fordultak elő az ország egész területén. A hátsó szárnyon átlagosan 21-22 horgocskát számszerűsített Gubicza (1982a). Ebben az évben szintén megállapításra került, hogy a jobb és balszárnny kubitális indexe között 200 méhcsalád átlaga alapján jelentős különbséget nem sikerült kimutatni. A kubitális index mérete a szárny méretével, a szipóka hosszával, a hátsó szárny tüske számmal és a viasztükör felszínnel nem hozható összefüggésbe. A kubitális index átlaga a mérések alapján 45,1, a hereméheknél 57,8 volt és országon belül, az átlagtól való eltérés nagynak mondható. Továbbá a nagy és kis kubitális indexel rendelkező méhek az ország egész területén keverten fordultak elő (Gubicza, 1982b). A jelenleg elfogadott számítás alapján a harmadik könyöksejt hosszabbik oldalát vesszük „a”-nak, a rövidebb oldalt pedig „b”-nek. Ezzel szemben Gubicza professzor Úr fordítva alkalmazta, illetve a kapott eredményt megszorozta 100-al.

Molnár és Farkas (1983) tanulmányában a szipóka hossz és a szín között, a szín és a CI között valamint a szipóka hosszúsága és a CI között sem találtak összefüggést. Ennek ellenére javasolták, hogy az anyanevelők méhcsaládjainak fajtabélyegeit évente meg kell vizsgálni, és ennek alapján kell kijelölni a következő évi tenyész családokat (Akác, 1982b).

Németországban az *A. m. carnica* és az *A. m. mellifera* fajták elkülönítésére a kubitális indexet használják. Az *A. m. mellifera* az *A. m. ligustica*-tól szín alapján is jól elkülöníthető. E paraméterek vizsgálata automatikusan bekerült a magyar fajtajelleg vizsgálati rendszerbe az *A. m. carnica* és az *A. m. ligustica* megkülönböztetésére. Nemzetközi szakirodalom alapján a krajnai méheknél természetesen is előfordul a sárga potrohszínezet, ami így nem egyértelműen az olasz méhekkal való kereszteződésre utal. A sárga színeződés ebben az esetben sötétebb és fakóbb, mint az olasz méheké, és a heréknél nem jelenik meg (Ruttner, 1992). Mivel a két méhfajta igen hasonló a morfológiai bélyegekkel rendelkezik, ezért az amerikaiak azt vallják, hogy az igazi olasz méh sárga másolata a krajnainak (Dietz, 1993). A két méhfajta kubitális indexe ugyanabba a tartományba esik, a krajnai méhcsaládok CI átlagai 2,35-2,79, az olasszal keresztezetté pedig 2,28-2,63 (Khanbash, 1988).

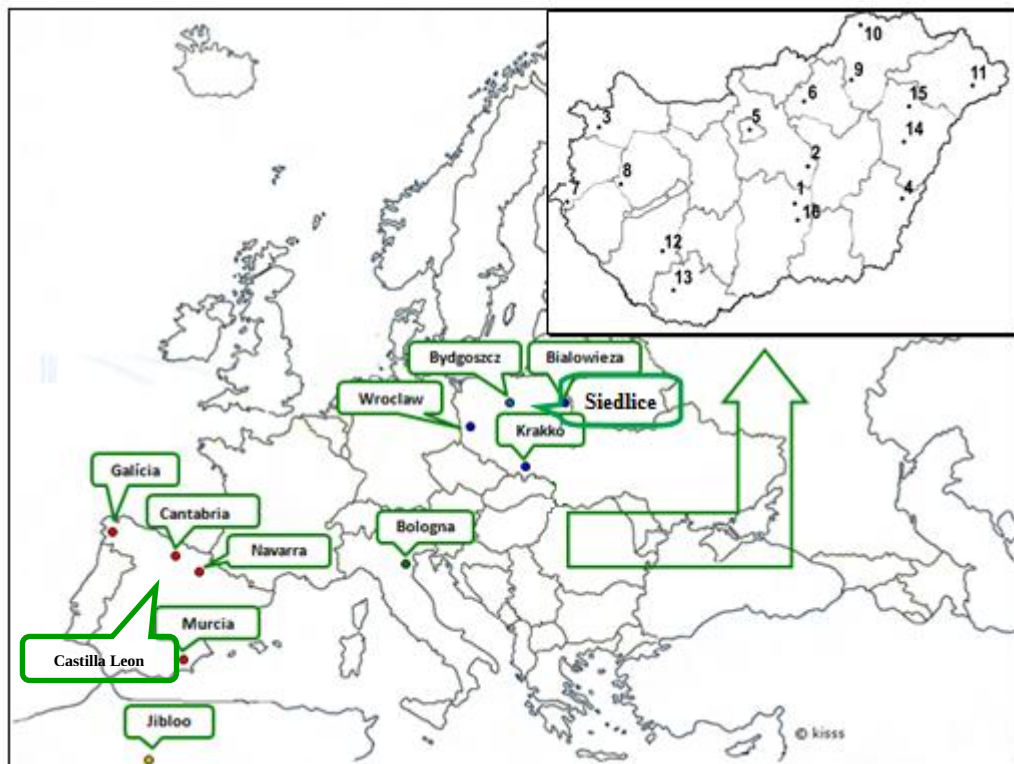
Ludányi (1998) írásában olvasható, hogy Magyarországon a továbbszaporítás céljára felhasznált családok kiválasztásához, valamint az honos *A. m. carnica* és *A. m. ligustica* esetleges kereszteződésének kiszűrésére használják fel a morfológiai bélyegeket. A Szerző a kubitális index (CI) és a színvizsgálat együttes

felhasználhatóságának lehetőségét vizsgálta a méztermelés prognosztizálásában. A vizsgálat további céljai között szerepelt annak megállapítása, hogy a fenti morfológiai bélyegek alkalmasak-e az *A. m. ligustica*-val való kereszteződés kimutatására és összefüggésben állnak-e az akácméztermeléssel. A vizsgálatok során hét különböző genetikai háttérű fajta, hibrid és a magyar ökotípus került összehasonlításra. A csoportok a következők voltak: *A. m. carnica*, a kanadai eredetű *A. m. ligustica* és az *A. m. carnica* R3-as hibridjei. A csoportok CI értékei hasonlóknak bizonyultak, ezért e paraméter alapján nem lehet a két fajtát és hibridjüket biztonsággal elkülöníteni. A mézhozam, és a dolgozók szintípusai közötti kapcsolat, valamint a mézhozam és a CI közötti kapcsolat sem volt jelentős. Továbbá nem lehetett szignifikáns összefüggést kimutatni a dolgozók színe és a CI között sem.

3. ANYAG ÉS MÓDSZER

3.1. Mintagyűjtés

Magyarországon 16 álló méhészetből gyűjtöttünk mintát 2010 nyarán. Minden méhészetből öt családot mintáztunk meg, minden családból tíz darab, öt-hét napos, lefedés előtti dolgozó álca került begyűjtésre. Vizsgálatunkba vontuk még Olaszországból (Bologna) *A. m. ligustica* fajta (n=15), Libériából (Jibloo) *A. m. adansonii* fajta (n=15), Spanyolországból (Gallícia, Cantabria, Navarra, Murcia, Castilla Leon) *A. m. iberica* fajta (n=10), Lengyelországból (Krakkow, Bialowieza, Siedlice, Bydgoszcz, Wroclaw) pedig *A. m. mellifera/carnica* fajták (n=50) kifejlett egyedeit, továbbá hazánkból rendelkezésre álltak a Buckfast hibrid egyedei (n=20) is (9. ábra).



9. ábra: A vizsgálatba vont hazai illetve kontroll méhészetek

A dolgozó álcákat egyedenként 1,5 µl-es eppendorf csövekbe helyeztük a laboratóriumba szállításig, majd -20 °C-on tároltuk a genomiális DNS izolálásáig.

A mitokondriális DNS vizsgálathoz kettő mézelő méh dolgozó álcát használtunk fel családonként, minden méhészetből három családot mintáztunk meg (n=96). A

külföldi populációkból átlagosan tíz egyedet (n=84) vizsgáltunk. Ezen kívül az NCBI adatbankból 53 referencia szekvencia állt rendelkezésünkre.

A mikroszatellit analízishez három méh álcát dolgoztunk fel családonként a magyar méhészetekből, minden populációból öt családot mintáztunk meg (n=236) (Buckfast vonal n=10), valamint 106 külföldi mintát vizsgáltunk.

3.2. A genomiális DNS izolálása

A genomiális DNS izolálása öt-hét napos dolgozó álcából történt Latorre és mtsai (1986) módszere alapján. Az első lépésben kettő Méh puffer előállítására volt szükség. A Méh puffer 1. (100 ml) összetevői 0,12 g Tris HCl, 2 ml EDTA oldat (pH 8), 0,35 g NaCl és 5 g szaharóz. Az elkészült oldat pH-ját 7,8-ra állítottuk be. A Méh puffer 2. (100 ml) összetevői pedig 3,63 g Tris HCl, 2 ml EDTA oldat (pH 8), 1,25 g SDS (Nátrium lauril szulfát) és 5 g szaharóz. Végül az oldat pH-ját 9,0-re állítottuk be. A kálium-acetát oldat (10 ml) elkészítéséhez pedig 4,9 g K-acetátra volt szükség.

1. A korábban begyűjtött 5-7 napos dolgozó álcák homogenizálása pipetta hegygel történt, ebből 15 µl-t használtunk a DNS izoláláshoz.
2. A mintákhoz 160 µl Méh puffer 1-et, majd 100 µl Méh puffer 2-t adtunk egy-egy perces rázatás közbeiktatásával, majd 30 perces inkubáció következett 65 °C-os vízfürdőben.
3. A 60 µl kálium-acetát oldat hozzáadását követően egy perces rázatás, majd 20 perces hűtés következett -20 °C-on.
4. A mintákat öt percig 13.000 rpm-en centrifugáltuk szobahőmérsékleten, és a következő lépésben 300 µl izopropanolra 300 µl-t pipettáztunk a felülúszóból.
5. Öt percig szobahőmérsékleten hagytuk, majd 10 percig -20 °C-on hűtöttük, és 10 percig azonos fordulaton centrifugáltuk.
6. A felülúszót leszívtuk, majd 500 µl 70%-os alkohollal öntöttük fel, és azonos fordulatszámra 1,5 percig centrifugáltuk. Az alkoholos mosást még kétszer megismételtük.
7. Végül 50 µl desztillált vizet mértünk a mintákra és egy éjszakára 37 °C-os vízfürdőbe helyeztük azokat.

A külföldről kapott kifejlett egyedekből E.Z.N.A. DNA Tissue Kit (Omega Bio-Tek, USA) segítségével izoláltunk DNS-t.

1. A folyamat első lépéseként a kifejlett dolgozó méhegyedeket dörzsmozsárban összetörtük, majd 20-30 mg szövetet eppendorf csövekbe helyeztünk.
2. A következőkben 200 µl TL puffert, majd 25 µl OB proteázt adtunk hozzá és alaposan össze vortexeltük. A vortexelést három órán keresztül 20-30 percenként ismételt elvégeztük.
3. Majd öt percig 13.000 x g-n centrifugáltuk a mintákat. A felülúszót leszívtuk, majd 220 µl BL puffert adtunk hozzá és alaposan össze vortexeltük.
4. Ezt követően 10 percig 70 °C-on inkubáltuk a mintákat.
5. A következő lépésben 220 µl szobahőmérsékletű 96-100%-os alkoholt adtunk hozzá. Az így kapott elegyet pedig a Kit-hez tartozó membránnal ellátott csövekbe pipettáztuk, majd egy percig 10.000 g-n centrifugáltuk.
6. A felülúszót leöntöttük, és új, 2 ml-es csőbe helyeztük a membránnal ellátott mini csöveket, majd 700 µl DNS mosó puffert adtunk hozzá és 30 másodpercig azonos fordulaton centrifugáltuk.
7. A felülúszó leöntését követően az előző lépésben használt 2 ml-es csőbe helyeztük a mini csöveket és a DNS mosását ismételt elvégeztük, majd ismételt két perces centrifugálás következett az alkohol teljes eltávolítása céljából.
8. Végül a mini csöveket eppendorf csövekbe helyeztük és 100-200 µl 70 °C-ra előmelegített abszorbensről leoldó puffert adtunk hozzá, majd a mintákat két percig szobahőmérsékleten tartottuk.

Mindkét eljárás esetében az izolált gDNS-t -20 °C-on tároltuk a további felhasználásig.

A fajtajelleg vizsgálathoz Magyarországon szintén ugyanazon 16 álló méhészetből gyűjtöttünk mintákat. Minden méhészetből öt családot mintáztunk meg, minden családból 50-50 darab kifejlett dolgozó egyedet vizsgáltunk.

3.2. Mitokondriális DNS vizsgálat

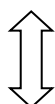
A teljes mitokondriális genomból régiókat jelöltünk ki variabilitásuk szerint. A kiválasztott régiók az E2/H2 primer által közrefogott Citokróm-oxidáz I-II. (COI-COII) gének közötti régió (zöld primerek), a Citokróm-oxidáz I. gén (piros primerek) és a 16s

rRNS gének (kék primerek) voltak. Az utóbbi két gén egyes szakaszaira egy-egy primer párt terveztünk a Primer 3 tervező program segítségével. Az E2/H2 primer pár által amplifikált termék hossza 811 bp, a COI gén szegmens esetében 421 bp, a 16s rRNS gén szegmens esetében pedig 425 bp. Végül a legjobban működő COI gén egy meghatározott szakaszát választottuk.

Apis mellifera ligustica (Acc. no.: L06178.1) genom részlet:

AAAGAAATATTTTGATAAAATATTAATGTATAATTTTATATATACTATTACTTATCTTCTTCAT
 AAATTTTAAATACCACTGATTTATTTATTTTAAATTACTATTTTGTATTAATAATAAATTC
 AATAATATTTTATTTCAATGAATATTAATAGAATTTGGTACAATCATTAGAAATTAGATTAATTA
 ATATTTAAATCCACAAATAAAACCCCAAGATTAAATTTATTATTTCAGTATCAGTAATTTCAAGAAAT
 TTTTATTCTTTTATAATTATTGTATACTTATCATCCATTAGATTTACTAAAACAGATACTTTT
 AATTTTATAGTTCAAATAATATTTTAAAAAATTGGAACCTTCCCCTTTCATTTTGAATAA
 TTTATTCTTATGAAATAATAAATTGAAAGCAAATTTTAAATATCAACATTAATTAATTTAT
 TCCAATTTATATAATAGTTTCAATAACTAAAATTAATTCATGAACATTATATTTTAAATTACA
 AATAGATTATATATTTTCATTTTATGCTAATAAATTTTACACTCTAAAAAATTACTAGCATGTT
 CAACAATTTTAAATTCATTCTATTTTATTTTATTTTAGAATTAATAAAAAATATATTTATTGC
 TATAATTATTTTATATTCATTTAATTATTTTATTAATTAGATTCTTAAATAAATTTAATATT
 CAAAATTTTAAATTTTATATTTTACAATAAATATCAAATATATACATTCTTAACATTAATATTTA
 ATTATTCAATATATCCAATTTTCTTTCATTTGTAATTAAATGAAATCTAATTTTATAATAGT
 AAGAGTTAAAGCTTATAATTGAATTTTATTTCTTTAATAATTTCTAGAATATTAATAATTTGA
 AATTATATTATTATTTTAAACGTGTATTTTAAAAATAAATTTTATAAAAAATAATTTTCATTG
 ATGATAAAGATAATAAATATATATATCATAGATATTTTGCACCTTACACTTCTTTCATTTAATAT
 TTCATTTTATTATTACATTAAATTTTATAAATTATTATAATTATGAAATTAATCTTCAAATTT
 GCAATCTGATGTTTTATAATTTAACTATAATAATTTATTTAACATGATATAATATAGTATTAG
 AAAAATTTTAAATTTTCAATTTTAAATTTACAATTTAACTCTTATTTAGATTTAATACTAAATA
 AGATTTAAAAAACCTTTTATTTTATTTTATTTTAAATTTTAAATATATACAAAGATTT
 TAAGTTAAATTTTAAAACTATTAATCTTCAAATTTAAATAAATAAATTTAATTTTAAATCTT
 AATAATAAAGTGATTCATATCAACCAATCATAAAAATATTGGGATCTTGTATATTATTCTAGCT
 TTATGATCTGGAATACTAGGATCATCAATGAGACTTATTATTGGAATAGAATTAAGATCCCCAG
 GATCATGAATTAGCAATGATCAAATTTATAATACAATTGTTACTAGTCATGCATTCCTAATAAT
 TTTTATATAGTTATACCATTTTAAATTTGGAGGATTGGAAATTGGCTTATTCCTTTAATACTA
 GGATCACCTGATATAGCATTTCCCCGAATAAATAATATTAGATTTTGATTACTTCCTCCCTCAT
TATTTATACTTTTATTAAGAAATTTATTTTATCCAAGACCAGGAACCTGGATGAACAGTATATCC
ACCATTATCAGCATATTTATATCATTTTCACCTTCAGTAGATTTTGCAATTTTCTCTTCAT
ATATCAGGAATTTCTCAATTATAGGATCATTAACTTAATAGTTACAATTATAATAATAAAAA
ATTTTCTATAAATTATGACCAAATTCATTATTTCCATGATCAGTTTTATTACAGCAATTTT
ATTAATTATATCATTAACCTGTATTAGCTGGAGCAATTACTATACTATTATTTGATCGAAATTT
AATACATCATTTTTCGATCCTATAGGAGGTGGAGATCCAATTCT

11004 bp



ACATCGAGGTGCGAAACATCTTTATCTATATGATCTATCAAAAGATATTACGCTGTTATCCCTA
 AGGTAATTTATTCTTTTAAATTACAATTTATAATTCAAAAAATTATCTTTATATCAAAATTTAAAT
 CTTAAATAAAGTTTATTAAATTTACCAATCCTCCCAATCAAATTTAATCTTAAATATATTTATT
 AAAATTATAAATAAATTTAAAAATTAAATTAATTTCTATAGGGTCTTATCGTCCCATAAATTA
 TTTTAGAATTTTAACTAAAAATTTAAATTCATTTAATAATTTAGAGACAGTTATTATTTTCATTA
 ATTCTTTCATACAATTTCTCAATTTAAAGACAATTTATTATGCTACCTTTGTACAGTCAACATA
 CTGCAGCTATTTAAATAATTCATTGAGCAGATCGACCTAAATTTATAATCAACAGGACATGTT
 TTTGATAAACAGGTGAATAATATATTTGCCGAATTCCTTTAAATTATATAATAAATAATATCAT

TATAAAATATAACTTTATTACTAATCTAATCACTATTTCTATATTTTATTAATTAAAATATAAA
TTTTTATAGAAAAATAAAATATAAAATTTAAATCATTATTAATTTATAAATATTAATTTATTTAA
TTATTTAAAATTAAAGAAAAATATTATCTCTATAACATTAAAAATTAATAAATTAATAATTTTATCTT
AAATTTATAGATTATCCCATAAATTTTAAATATAAAAAATTAATAAATTAATAATTTTAAATTTAATT
TACTAAAATAATTATATCTAAATTAATTTATTTCTAAAAAACTAGATATTAATAAGTTCGTT
TAACATTTAATTTCTAAATCTATATTTATAATTTTATTGCTACAAAAAAATAATATAAATTTA
GCTCCCTTATTTTCGAGATATTTAAATCATTAAATAAATTTTAATCAACCCTGATACAAAAGG
TACAAAAAATTATTCTACTTTTTTCACATTTAAATTTTCATTTACATTACTTTAACTATAAAAAAT
TTTAAATTATTTCAAAAATAATTAATTTAACCTAAATAAAATCTTTATAAACTTTTAAAAAATAA
AATAAATTATTATTATTAATATATATATATATATATATATATATATATATATATAAATATAA
CCAAATAATTTTATTAATAATTTTAAATTATAAAATTTTAAAAACTAATTTTTTAAATCTTTTCAC
TGTAAGAAATATTTTACTTTTAACTAAAATTTTAAATCTAAAAACACCTTCCGGTACTCTTAC
TATGTTACGACTTATTCCAATTTTAAATGAAATTGACGGGCGATTTGTACACTTTTAAATACTAT
CTTCAATTAAAGAAATTACTTTAATTTACTTTTAAATTTCTCTTTCATATTTATATTAATAAATAA
TAATTTCTAAAATTAAATTTATTGATATTCATCTTATATCTTAAATATACTACATTTTGATTTGA
ATTATTATTATATAAAATTTCTCTAACCCTAAATAAATTTCAAGCTAATTTAAACAACAATACATA
AATTTAACTTAAGTAGATCTTATCGTGGACTATCAAATTAATCGACAAACATCTCTAACTAGA
TATAAAAAGCCGCCATATCGTTTAAATTTTAAATGATTCAACATTTACTACCTTAATATATTTATT
TACTATTTTATAGTAGGGTATCTAATCCTAGTTTTTTTATTAATTTTAAATGACAAAAAATAA
TTATTTATAATTATTATTATTAATTTCAAAATTTTACCTAAAATCAATAAATTTAATTATAATTT
TTATTACAATTTAAATTAATATTAGAAAAAATTAATTTATAAGTCAAGTTTAAACCGCTATTGCT
GGCGACTCATATTTATCCTTACTAGAATTAATTTCCGAATAAACTTTTCATTCATTGTTTCAGA
ATTCTCTATTAATCTATAATTTA

A mitokondriális DNS COI génjének egy meghatározott szegmensét PCR (Polimerase Chain Reaction) segítségével amplifikáltuk az általunk tervezett következő primerek alkalmazásával: forward (5'-CTGATATAGCATTCCCCCGAATA-3') és reverse (5'-AGAATTGGATCTCCACGTCCTA-3').

A 10 µL reakció mix 1 µM primert, 0,2 mM dNTP-t (Fermentas, Litvánia), 3 mM MgCl₂-ot (Applied Biosystem, USA), 10 X puffert (Applied Biosystem, USA), 0,75 U Taq polimerázt (Applied Biosystem, USA) és 2 µL DNS templátot tartalmazott.

A PCR reakciókörülmények a következők voltak:

95 °C	10:00 perc	} 35 x
95°C	0:15 másodperc	
63°C	0:30 másodperc	
73 °C	0:30 másodperc	
73 °C	25:00 perc	
10 °C	∞	

Három µL PCR terméket 2%-os agaróz gélen megfuttattunk (1 X TAE puffer (Thermo Scientific, USA), 0,5 mg/ml Gelred (Biotium, USA), 2%-os SeaKem agaróz

(Lonza, USA), majd UV fény alatt ellenőriztük az eredményt. A PCR termékek tisztítása szekvenálathoz Clean-Up DNS fragment tisztító kit (A&A Biotechnology, Lengyelország) segítségével történt.

1. A protokoll alapján öt egység G oldatot adtunk az amplifikált DNS-hez, majd össze vortexeltük az elegyet, és a membránnal ellátott csövekbe pipettáztuk.
2. Ezt követően 30 mp-ig 10.000-15.000 rpm-en centrifugáltuk a mintákat.
3. A felülúszót leöntöttük, majd először 600 µl, a következő lépésben 300 µl A1 DNS mosó oldatot adtunk hozzá. Minden mosás után centrifugálás következett.
4. Végül a membránnal ellátott csöveket eppendorf csövekbe helyeztük és 30 µl vizet adtunk hozzá, majd három percig szobahőmérsékleten inkubáltuk, és egy percig centrifugáltuk.

A tisztított PCR terméket minden esetben postázásig -20 °C-on tároltuk. A szekvenálást a Eurofins MWG Operon (Németország) cég végezte.

A leolvasott nukleotidok helyességét a BioEdit (Hall, 1999) programmal ellenőriztük. A kapott szekvenciákat valamint az NCBI adatbázisban elérhető 53 referencia szekvenciát a ClustalX (Thompson és mtsai, 1997) programmal hasonlítottuk össze. Ezt követően a haplotípusok és diverzitásmutatók meghatározásához a DnaSP v. 5.10 program (Librando és Rozas, 2009), a filogenetikai analízishez pedig a MEGA v. 5. program volt segítségünkre (Tamura és mtsai, 2011). A variábilis pozíciók meghatározása során az NCBI adatbankban található teljes *A. m. ligustica* (Acc. no.: L06178.1) mitokondriális genomot alkalmaztuk. Az interneten elérhető FindModel program segítségével megállapítottuk a kapott szekvenciákhoz leginkább megfelelő Hasegawa-Kishino-Yano (HKY) plus Gamma modellt. A modell előnye, hogy míg a Jukes-Cantor és Kimura modellek mind a négy bázis gyakoriságát azonosnak veszik, addig a HKY modell a bázis szekvenciák különböző gyakoriságával számol. A modell alapján a bázisok lehetséges megoszlása $\pi=(\pi A, \pi C, \pi G, \pi T)$ (Hasegawa és mtsai, 1985). A megfelelő algoritmus ismeretében Maximum-Likelihood („legnagyobb valószínűség”) filogenetikai fát szerkesztettünk. Azért esett a választás erre a módszerre, mert azokat a törzsfákat keresi, amelyek a leginkább megfelelnek a választott evolúciós modellnek, illetve a kiindulási adathalmaznak. A módszer maximalizálja a megfigyelt adatok valószínűségét, tehát a legvalószínűbbet kapjuk meg az analízis végén. A módszer hátránya, hogy rendkívül számításgényes. A filogenetikai

fa szerkesztésekor külső referenciaként egy, a domesztikált méhfajtától genetikailag távol lévő vadméh fajt (*Trigona amalthea*, Acc. no.: AF214669) választottunk.

A haplotípusok közötti kapcsolatot Median-Joining Network analízissel is szemléltettük a Network v. 4.6.1.1 (Bandelt és mtsai, 1999) program alkalmazásával. A populációk közötti páronkénti F_{ST} értékeket a GenAlex v. 6.4 program (Peakall és Smouse, 2006) segítségével határoztuk meg.

3.3. Mikroszatellit analízis

A PCR reakcióhoz kilenc – irodalmi adatok alapján – leggyakrabban alkalmazott mikroszatellit markert használtunk fel (A7, A113, A107, A28, A88, A14, A35, A(B)24) (Estoup és mtsai, 1995a), A43 (Garnery és mtsai, 1998) (2. táblázat). A 25 μ L reakció közeg 1 μ M primert, 0,2 mM dNTP-t (Fermentas, Litvánia), 4,3 mM $MgCl_2$ -ot (Promega, USA), 5 X puffert (Promega, USA), 0,8 U Taq polimerázt (Promega, USA) és 50-150 ng/ μ l izolált DNS-t tartalmazott.

A PCR reakció körülmények a következők voltak:

94 °C	2:00 perc	}	35 x
94 °C	0:30 másodperc		
x °C	0:30 másodperc		
72 °C	0:30 másodperc		
72 °C	10:00 perc		
10 °C	∞		

A fragment analízist a Biomi Kft. (Gödöllő) laboratóriuma végezte el. A kilenc mikroszatellit markert három multiplexben került futtatásra (2. táblázat). A kapott alléleket a PeakScanner v. 1.0 program (Applied Biosystem, USA) segítségével olvastuk le.

A populáció genetikai paramétereit valamint a páronkénti F_{ST} értékeket (Wright, 1965) Arlequin v. 3.1 (Excoffier és mtsai, 2005) szoftverrel határoztuk meg. Az állományok különbözőségének mértékét szemléltető AMOVA teszthez a GenAlex v. 6.4 (Peakall és Smouse, 2006) programot, míg a Fixációs index (F_{IT} , F_{ST} , F_{IS}) értékek számításához az Fstat v. 2.9.3. (Goudet, 2001) programot használtuk. A főkomponens

analízissel szemléltettük a populációk elkülönülését (PCA) melyre a GenAlex v. 6.4 (Peakall és Smouse, 2006) program szintén alkalmas. A Nei-féle korrigált sztenderd genetikai távolság (D_s) (Nei, 1978) értékeinek meghatározásában a PopGene v. 1.32 (Yeh és mtsai, 1999) program volt segítségünkre. A program által generált output file-ból a Phylip programcsomag (Neighbour program) (Felsenstein, 1993) felhasználásával output file-t generáltunk. A kapott UPGMA filogenetikai fát a TreeView program (Page, 1996) felhasználásával vizualizáltuk. A Barrier (Manni és mtsai, 2004) program alkalmazásával lehetőségünk nyílt a vizsgált populációkat alkotó fajták közötti elkülönülés szemléltetésére Delaunay háromszög módszer és Monmonier algoritmus alkalmazásával páronkénti F_{ST} értékek alapján. Az „Assignment” teszt (Paetkau és mtsai, 1995) azt mutatja meg, hogy ténylegesen mely egyedek tartoznak bele az általunk feltételezett populációba.

A vizsgált mézelőméh-populációk klaszteranalízisét Structure szoftverrel (Pritchard és mtsai, 2000) végeztük el. Az osztályozás során az egyedek allél mintázatait hasonlítja össze több egymást követő iterációban. A program az egyes genotípusokat azonos illetve különböző csoportokba sorolja előfeltételezés nélkül. Jelen vizsgálatban 80.000 burn-in fázist, valamint 1.000.000 MCMC (Markov Chain Monte Carlo) lépést állítottunk be az Admixture modell alkalmazásával. A K -értékek az általunk meghatározott csoportok számát jelölik, esetünkben $2 \leq K \leq 10$. Minden K -értéknél 100 futást (iteráció) indítottunk. A kapott eredményeket a Distruct program (Rosenberg, 2004) segítségével vizualizáltuk.

2. táblázat: A PCR analízis során alkalmazott mikroszatellit primerek jellemzői

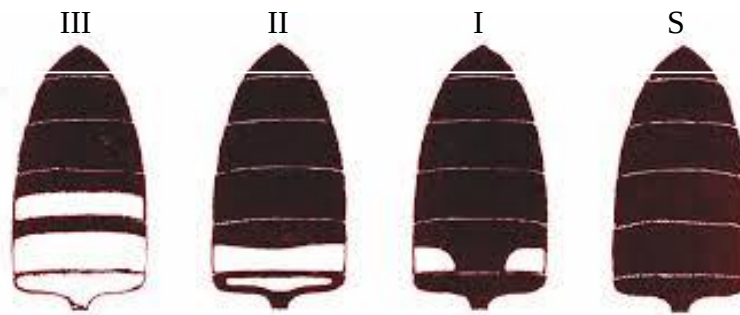
Primer	Forward primer szekvencia (5'-3')	Reverse primer szekvencia (5'-3')	Amplifikált termék hossza (bp)	Feltapadási hőmérséklet (°C)	Multiplex
A113	CTCGAATCGTGGCGTCC	CCTGTATTTTGCAACCTCGC	200-240	60	1
A107	CCGTGGGAGGTTTATTGTCG	CCTTCGTAACGGATGACACC	160-186	58	1
A28	GAAGAGCGTTGGTTGCAGG	GCCGTTTCATGGTTACCACG	126-144	56	1
A88	CGAATTAACCGATTTGTCG	GATCGCAATTATTGAAGGAG	138-156	56	2
A14	GTGTCGCAATCGACGTAACC	GTCGATTACCGATCGTGACG	216-256	58	2
A(B)24	CACAAGTTCCAACAATGC	CACATTGAGGATGAGCG	98-110	55	2
A43	CACCGAAACAAGATGCAAG	CCGCTCATTAAGATATCCG	127-140	55	3
A7	GTTAGTGCCCTCCTCTTGC	CCCTTCCTCTTTCATCTTCC	105-126	58	3
A35	GTACACGGTTGCACGGTTG	CTTCGATGGTCGTTGTACCC	105-115	57	3

3.4. Fajtajelleg vizsgálat

A Magyarországon általánosan alkalmazott fajtajelleg vizsgálati paraméterek a következők: hátlemez színe, szájszerv hossza és a kubitális index. Vizsgálatainkban ezeket a paramétereket vételeztük fel.

A színvizsgálathoz minden családból 50 egyedet vontunk vizsgálatba. A krajnai pannon méhre jellemző a szürke illetve sötét színű potroh. E vizsgálat során az esetleges más színű (sárga) potrohgyűrűk jelenlétét vagy hiányát mértük fel. A Méh Teljesítményvizsgálati Kódex (2003) előírásai alapján a következő kategóriákat különböztettük meg:

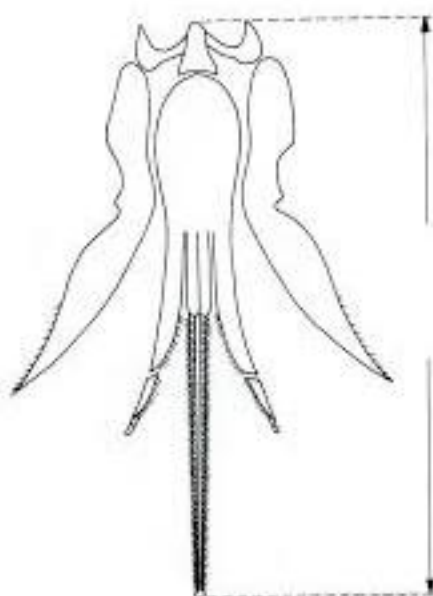
- S - a potrohgyűrűk kitinpáncéljának színe sötét
- I - az első tergiten két oldalt sárga folt található
- II - az első tergiten sárga sáv (maximum 4%) található
- III - a második tergiten is jelen van a sárga sáv (kizáró ok) (10. ábra)
- IV - a harmadik tergiten is sárga sáv található (kizáró ok)



10. ábra: A pannon méh megengedett potroh színeződése (S, I) és nem kívánatos színeződése (II, III) a fajtasztenderd alapján (Forrás: Gregorc és Locar, 2010)

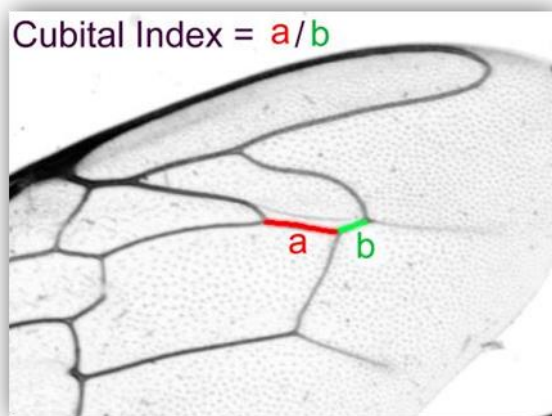
A krajnai pannon méh esetében elfogadott az „S” illetve az I-es kategóriák. Az 50 méhegyedből legfeljebb kettő lehet egy sávós, és a fajtasztenderd alapján nem megengedettek a kettő vagy három sávós egyedek. Ha több mint kettő egy sávós, vagy kettő és három sávós egyedek fordulnak elő, abban az esetben az anyanevelő abból a családból nem tenyészthet méhanyát. A méhtenyésztő abban az esetben folytathatja a tenyésztői munkát az adott vizsgálati évben, ha az öt beküldött méhcsalád mintájából legalább három megfelel a fajtajelleg minősítésnek.

A szipóka kiboncolása a fej eltávolításával kezdődik. Összesen 20 méhegyed fejét vágtuk le egy családból, majd törekedtünk arra, hogy a boncolás során a szipóka ne szakadjon, vagy a vége ne szakadjon. A kiboncolt szipókákat a mérés pillanatáig alkoholban (70%) tároltuk, hogy a kiszáradást elkerüljük. A szipókák, amint a tárgylemezre kerülnek, fokozatosan veszítik el nedvességtartalmukat, száradnak, összezsugorodnak. Tehát a ragasztás és mérés között ügyelni kellett arra, hogy minél kevesebb idő teljen el. A szipókákat a tárgylemezen cellux segítségével rögzítettük. Mikrofilm olvasóval, és a hozzá tartozó vonalzó segítségével mértük a hosszukat. A szipóka mérete (submentum+mentum+glossa) 6,50-6,80 mm közötti érték lehet az elfogadott fajtasztenderd alapján, de minimum 6,50 mm (11. ábra).



11. ábra: A mézelő méh szipókájának hossza (Forrás: Ruttner, 1988)

Az első szárnyon található kubitális index (CI) (12. ábra) – mely a harmadik könyöksejt két érének („a” és „b”) arányát jelenti - vizsgálatához szintén minden családból 20 egyed első szárnyát preparáltuk, majd alkoholban tároltuk (70%) az adatok felvételéig. A kubitális index értéke a fajtasztenderd alapján 2,30-3,00 közötti számított értéket



12. ábra: A mézelő méh kubitális indexe (Forrás: Internet 7)

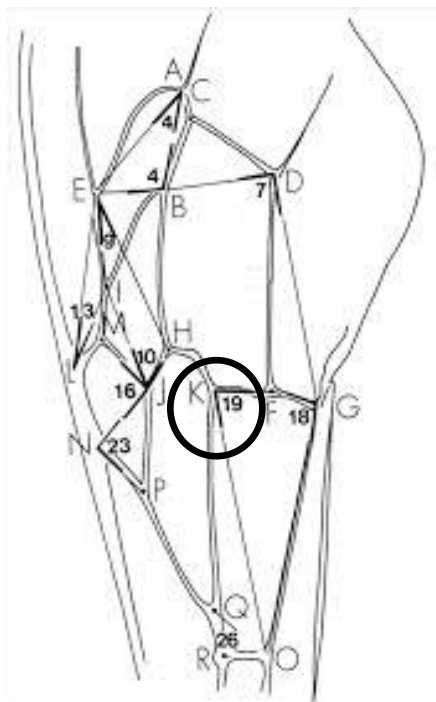
mutat. A szárnyak felragasztása 12,2 x 3,9 cm-es, fehér címkével ellátott üveglapokra történt, szűrőn átpasszírozott, és 3-4 vízcseppel felhígított tojásfehérje felhasználásával. A fehér címkén a család számát illetve a tenyésztő kódszámát rögzítettük. A ragasztás során a tárgylemez egy kis részét bekentük tojásfehérjével, majd a szárnyakat egymás után felhelyeztük.

A folyamat megközelítőleg 10-15 percet vett igénybe. Egy sorban nyolc egyed szárnyát, egy oszlopban pedig hat egyed első szárnyát ragasztottuk, így összesen egy tárgylemezen 48 egyed szárnypreparátuma

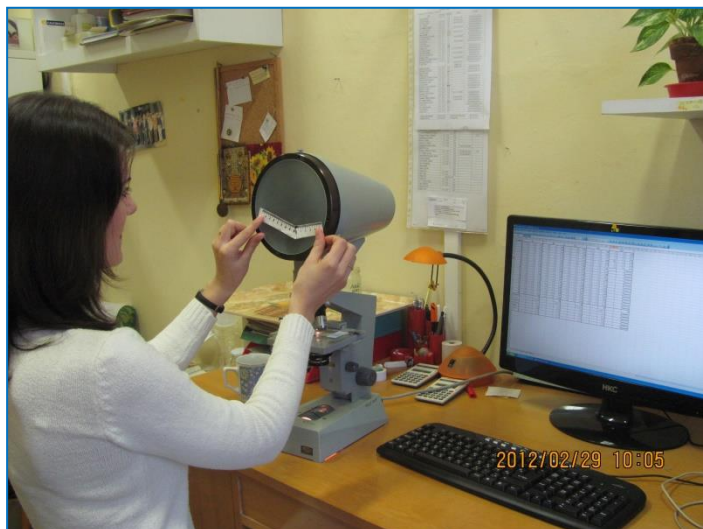
állt rendelkezésünkre. A ragasztás és száradás után a mérésekhez Carl Zeiss mikroszkóp volt segítségünkre. A mérésekhez szükséges műszereket a Haszonállat-génmegőrzési Központ Méhtenyésztési és Génmegőrzési Csoport bocsátotta rendelkezésünkre (14. ábra).

Irodalmi adatok alapján, az első szárnyon mérhető K19-es szög (13. ábra) a fajták elkülönítésének hatékony eszköze lehet. A méréseket Optika mikroszkóp, és a hozzá kapcsolódó Optika Micro Image Analysis Software segítségével végeztük el, melyet a Debreceni Egyetem Természetvédelmi Állattani és Vadgazdálkodási Tanszéke bocsátott rendelkezésünkre.

Az egyes paraméterek értékeit Excel táblázatban rögzítettük és értékeltük.



13. ábra: A mézelő méh első szárnyán mérhető K19-es szög (Forrás: Ruttner, 1988)



14. ábra: A kubitális index mérésének folyamata a Méhtenyésztési és Génmegőrzési Csoport Intézetében (Gödöllő)

4. EREDMÉNYEK

4. 1. A mitokondriális DNS vizsgálat eredményei

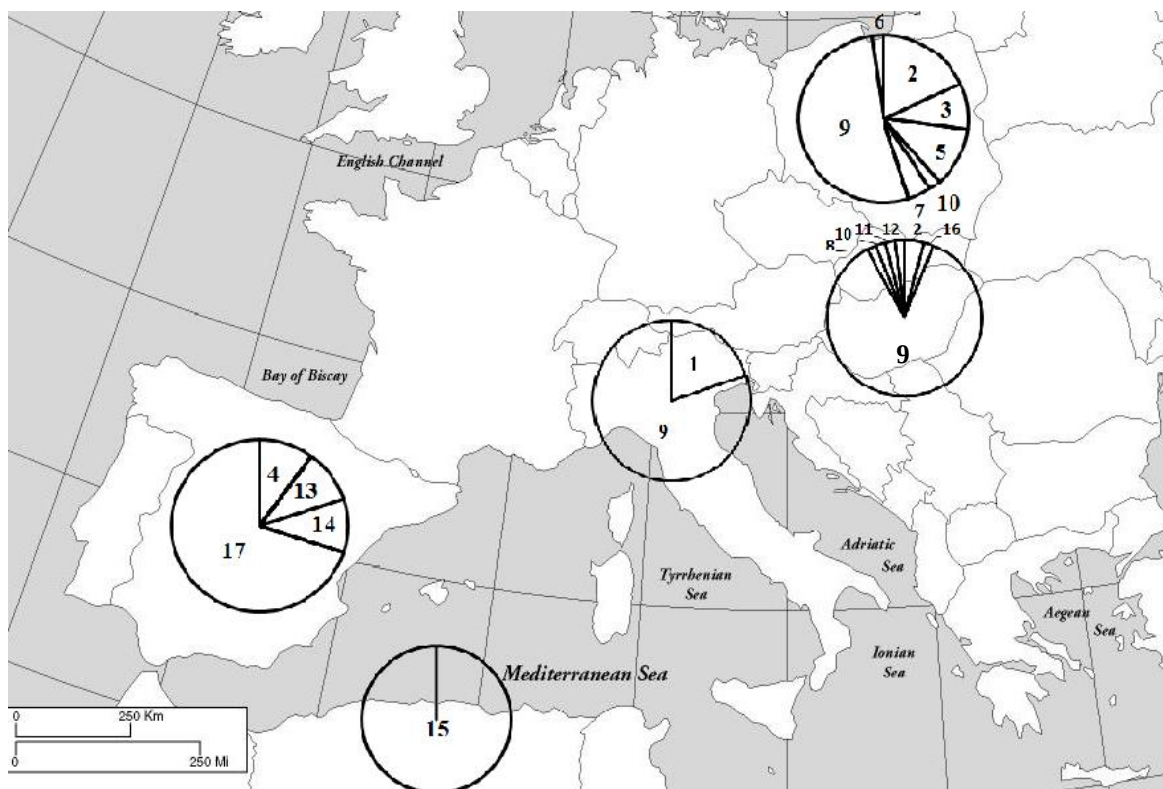
A citokróm-oxidáz I (COI) mitokondriális régió egy adott szakaszának szekvenciái által meghatározott 17 haplotípus megoszlását mutatja a 15. ábra. Az ábrán a magyarországi és külföldi kontroll egyedek által alkotott haplotípusok figyelhetők meg. Megállapítható, hogy a Ht 9 domináns Közép-Európában, és gyakorisága déli irányban egyre nő. A Magyarországon megjelenő ritka haplotípusok közé tartozik a Ht 8 (11-es méhészet), Ht 10 (14-es méhészet), Ht 11 (6-os méhészet), Ht 12 (8-as méhészet), Ht 2 (15-ös méhészet) és Ht 16 (6-os méhészet). E haplotípusok közül a Ht 8-as, Ht 11-es, Ht 12-es és Ht 16-os csak Magyarországról került kimutatásra. Csupán a lengyel bydgoszczi populációban jelent meg a Ht 5, Ht 6 és Ht 7, valamint egyedülként a wroclawi populációban mutattuk ki a Ht 4-et. A Ht 1-et kizárólag az olasz populációban detektáltuk. A spanyol állományból kimutatott Ht 4, Ht 13, Ht 14 és Ht 17 más általunk vizsgált populációban nem jelent meg. A libériai populációban megjelenő Ht 15 szintén egyedinek bizonyult.

A Ht 8, Ht 11 és Ht 12 új haplotípusként jelent meg Magyarországon, az NCBI adatbázisban nem szerepelt. Ezen kívül Spanyolországból a Ht 4, Ht 13 és Ht 14, valamint Lengyelországból a Ht 5, Ht 6 és Ht 7 jelent meg újként. Miguel és mtsai (2007) vizsgálatában a Pireneusoktól délre és az Ibériai hegyektől északra az „M” származási vonal haplotípusain kívül kis mértékben ugyan, de a „C” származási vonalhoz tartozó haplotípust is kimutattak a citokróm-oxidáz I és II (COI-COII) intergénikus szakasz vizsgálata alapján. Jelen dolgozatban Spanyolország hasonlóan északi területén csupán erre a régióra specifikus haplotípusokat (Ht 4, Ht 13, Ht 14, Ht 17) határoztunk meg.

Olaszország egészére kiterjedő tanulmányban a COI-COII gének közötti régió vizsgálata során megállapították, hogy a „C” származási vonalon kívül az ország teljes területén előfordulnak az „M” származási vonal egyedei is. Ez azt jelenti, hogy elsősorban *A. m. iberica* és *A. m. mellifera* fajták keverednek a honos *A. m. ligustica* méhállományban (Franck és mtsai, 2000b). Vizsgálati eredményeink alapján az Olaszországból származó méhmintákban a Ht 9-et és a Ht 1-et azonosítottuk. A Ht 9 Közép-Európában a leggyakoribbnak bizonyult, a Ht 1-et viszont kizárólag

Olaszországban találtuk, ennek következtében a „C” származási vonalhoz tartozó haplotípusokat mutattunk ki, mely feltehetően az alacsony elemszámmal magyarázható.

A bydgoszczi (Ht 5, Ht 6, Ht 7) és wroclawi (Ht 3) méhészetekben elsősorban a magyarországi méhpopulációban kimutatott haplotípusoktól eltérő haplotípusok jelentek meg, míg Krakow (Ht 2, Ht 9, Ht 10), Bialowieza (Ht 2, Ht 9) és Siedlice (Ht 2, Ht9) méhészeteiben kizárólag azokat a haplotípusokat detektáltuk, melyek a magyar populációkban is megjelentek (3. táblázat).



15. ábra: COI régióban azonosított 17 mézelő méh haplotípus

A vizsgált populációk alapvető diverzitás indexeit, valamint a haplotípusok számát a 4. táblázat tartalmazza. A mintaszámmal arányosan a legtöbb haplotípust a magyar populációkban detektáltuk ($N_{hap}=7$), a legnagyobb diverzitást pedig a Lengyelországból származó bydgoszczi populációban állapítottuk meg.

Mivel Lengyelország feltételezhetően az *A. m. mellifera* és az *A. m. carnica* fajták határán fekszik, ezért a kapott minták származási helyeit külön populációként jelöltük. Az adott állományban dominánsnak bizonyult fajtát szintén feltüntettük az eredményül kapott távolságértékek alapján.

A haplotípus diverzitás közepes vagy közepes feletti értékeket mutatott, amely a nukleotid diverzitásról szintén elmondható. Kivételt képezett a Libériából származó populáció, valamint a Buckfast vonal általunk vizsgált egyedei. Míg a libériai populáció esetében (n=10) minden minta azonos, a Ht 15 tagja, addig a Buckfast vonal minden egyede (n=10) beolvadt a Közép-Európában leggyakoribb haplotípusba, mely a Ht 9. Spanyolország egészére kiterjedő vizsgálatban a haplotípus diverzitás átlagos értéke 0,666 (Miguel és mtsai, 2007). Jelen vizsgálati eredményeink ezt alátámasztják, mivel Spanyolország általunk vizsgált méhészeiben hasonló értéket állapítottunk meg. Hazánkra a közepes, vagy afeletti haplotípus diverzitási érték jellemző, míg Spanyolország egészére nézve magasabb értéket határoztak meg. A különbséget a spanyol kutatás magasabb elemszáma, és a két populáció eltérő struktúrája indokolhatja.

3. táblázat: A magyar és lengyel mézelőméh-populációk haplotípus megoszlása

Populáció	Fajta	Ht 1	Ht 2	Ht 3	Ht 4	Ht 5	Ht 6	Ht 7	Ht 8	Ht 9	Ht 10	Ht 11	Ht 12	Ht 13	Ht 14	Ht 15	Ht 16	Ht 17
Magyarország	<i>Apis mellifera carnica</i>	4							2	82	2	2	2				2	
Lengyelország - Bydgoszcz	<i>Apis mellifera mellifera</i>	1				5	1	2		1								
Lengyelország - Krakow	<i>Apis mellifera carnica</i>	3								6	1							
Lengyelország - Bialowieza	<i>Apis mellifera carnica</i>	2								7								
Lengyelország - Wroclaw	<i>Apis mellifera mellifera</i>			4						1								
Lengyelország - Siedlice	<i>Apis mellifera carnica</i>	2								8								

4. táblázat: A vizsgált populációk mtDNS diverzitás indexei
n- elemszám, *N hap*- haplotípusok száma, *Hd*- haplotípus diverzitás, *Pi*- nukleotid diverzitás

Populációk	Fajták	n	<i>N hap</i>	<i>Hd</i>	<i>Pi</i>
Magyarország	<i>A. m. carnica</i>	96	7	0,296±0,060	0,0009±0,001
Libéria	<i>A. m. adansonii</i>	10	1	0,000±0,000	0,000±0,000
Spanyolország	<i>A. m. iberica</i>	10	4	0,533±0,180	0,007±0,004
Bydgoszcz	<i>A. m. mellifera</i>	10	5	0,756±0,130	0,007±0,004
Krakkow	<i>A. m. carnica</i>	10	3	0,600±0,131	0,001±0,001
Bialowieza	<i>A. m. carnica</i>	9	2	0,389±0,164	0,001±0,001
Wroclaw	<i>A. m. mellifera</i>	5	2	0,356±0,159	0,004±0,003
Siedlice	<i>A. m. carnica</i>	10	2	0,400±0,237	0,001±0,001
Magyarország	Buckfast vonal	10	1	0,000±0,000	0,000±0,000
Olaszország	<i>A. m. ligustica</i>	10	2	0,356±0,159	0,004±0,003

A 5. táblázatban a referencia szekvenciához (Accession number: L06178.1 *Apis mellifera ligustica* teljes mitokondriális genom) viszonyított 15 variábilis pozíciót mutatjuk be az általunk meghatározott 17 haplotípusban. A nukleotid csere 11 esetben tranzíció volt, három esetben transzverzió (C/A, T/A, A/T), és egy esetben, a 2169-es pozícióban mind tranzíció (G/A) mind transzverzió (G/C) lezajlott.

A vastagon szedett haplotípusok újként jelentek meg. A Ht 1 megfelel a korábban publikált Ligus8 (Acc. no.: AY114460), a Ht 10 a Carni3 (Acc. no.: AY114461) és Ligus2 (Acc no.: AY114458), a Ht 17 pedig a Sicul2 (Acc. no.: AY114481) szekvenciáknak (Özdil és Ilhan, 2012). A magyar populációkban megjelenő leggyakoribb 9-es haplotípus megegyezik a referencia szekvenciával a vizsgált régióra vonatkozóan.

5. táblázat: A referencia szekvencia alapján meghatározott variábilis pozíciók

	2084	2085	2108	2117	2144	2151	2169	2201	2204	2276	2282	2333	2324	2370	2382
L06178.1	T	A	C	T	T	C	G	T	T	C	A	A	C	T	T
Ht 1	.	.	.	A	C	.	.	.	.	T	.	.	T	.	.
Ht 2	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	G	.	.	.	.
Ht 3	.	G	.	A	C	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.
Ht 4	C	G	.	A	C	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.
Ht 5	.	G	.	A	C	.	.	C	.	T	.	.	.	.	.
Ht 6	.	.	.	A	C	.	.	C	.	T	.	.	.	.	.
Ht 7	.	G	.	A	C	.	.	C	C	T	.	.	.	.	.
Ht 8	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.
Ht 9	T	A	C	T	T	C	G	T	T	C	A	A	C	T	T
Ht 10	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
Ht 11	.	.	.	.	.	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.
Ht 12	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.
Ht 13	.	G	.	A	C	.	.	.	.	T	.	T	.	C	.
Ht 14	.	.	.	A	C	.	.	.	.	T	.	.	.	C	.
Ht 15	.	.	.	.	C	.	.	.	.	.	.	.	T	.	C
Ht 16	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C
Ht 17	.	.	.	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C

A populációk közötti páronkénti F_{ST} értékeket a 6. táblázatban foglaltuk össze. A magyar, és minden általunk vizsgált európai populációtól mitokondriális DNS alapján legtávolabb a libériai populáció található. A magyar populációktól Bydgoszcz (0,870) és Wrocław (0,883) méhpopulációi is igen jelentős genetikai távolságot mutattak. Ez feltételezhetően azért következett be, mert Lengyelország az *A. m. mellifera* és *A. m. carnica* fajták határán fekszik. Az említett két lengyel populációt feltehetően túlnyomó többségben *A. m. mellifera* egyedek alkotják, melyek az „M” származási vonalhoz tartoznak. Mivel az *A. m. carnica* fajta a „C” származási vonal tagja, így jelentős származásbeli különbség van a két fajta között, mely a távolságértékekben is megmutatkozik még akkor is, ha biogeográfiailag nem olyan jelentős a távolság Magyarország és Lengyelország között.

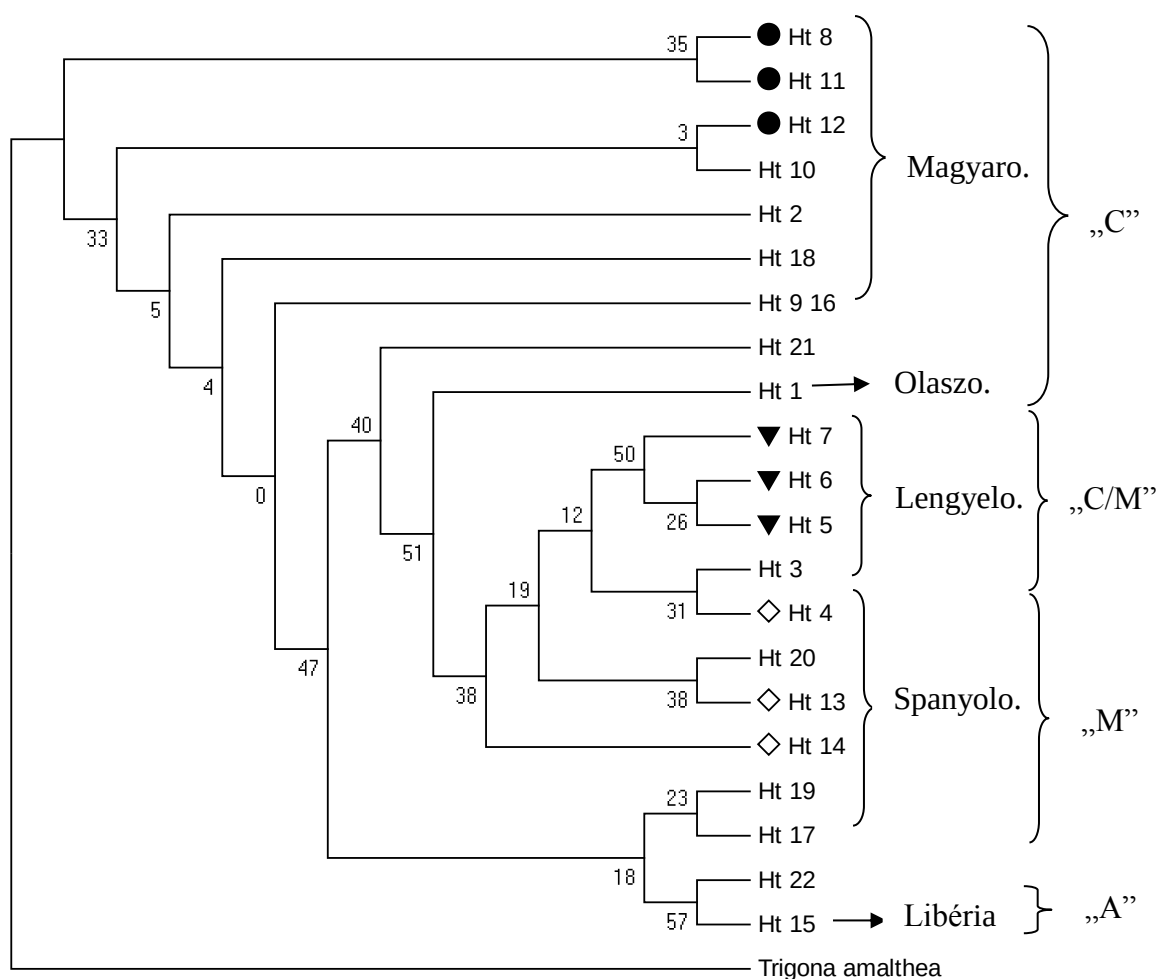
Az *A. m. iberica* fajta Spanyolországból szintén az „M” származási vonal tagja. A két fajta közelebbi rokonságát jól illusztrálják a távolságértékek is.

A legkisebb távolságértékek a magyar populációk, valamint a lengyel bialowiezai (0,061), siedlicei (0,042) és krakkowi (0,160) populációk között jelentek meg. Az alacsony távolságértékek arra utalnak, hogy az említett három lengyel populáció a magyarokhoz hasonlóan krajnai jellegű, és egyedeinek jelentős része a „C” származási vonalhoz tartozik. Oleksa és mtsai (2011) vizsgálati eredményeik alapján Lengyelország északkeleti részén található Augustów erdő területe egy speciálisan izolált tenyésztési körzet, melyet 76,5%-ban az „M” vonalhoz tartozó haplotípusok alkotnak, amíg északon Polnocna területén a honos és idegen, „C” vonalhoz tartozó haplotípusok azonos gyakorisággal fordulnak elő. Eredményeinkkel igazoltuk Oleksa és mtsai (2011) mitokondriális DNS vizsgálati eredményeiket, miszerint a túlnyomó többségben fajtatiszta *A. m. mellifera* fajtájúnak tartott lengyelországi méhpopulációkban a hibridizáció jelen van. Továbbá kijelenthető, hogy a genetikai elkülönülés nem csupán Lengyelország északkeleti területére, hanem Lengyelország keleti és nyugati részének egészére jellemző.

Az Olaszországban honos *A. m. ligustica* fajta szintén a „C” származási vonal tagja, melyre a lengyel populációk krajnai jellegű állományai (Bialowieza, Siedlice, Krakow) közötti alacsony távolságértékek jól rávilágítanak. Az olasz és magyar populációk közötti alacsony távolságértékek (0,277) szintén a közös származást bizonyítják. Ezzel megerősítettük Kozmus és mtsai (2007) valamint Nedlic és mtsai (2009) citokróm-oxidáz I és II mitokondriális alegységek közötti tRNS_{leu} régió vizsgálata során kapott eredményeiket.

6. táblázat: A populációk közötti páronkénti F_{ST} értékek
ns- nem szignifikáns * $p < 0,05$, ** $p < 0,01$, *** $p < 0,001$

	Magyarország	Olaszország	Bialowieza	Siedlice	Krakkow	Bydgoszcz	Wroclaw	Spanyolország	Libéria
Magyarország	-	***	ns	***	ns	**	***	***	***
Olaszország	0,277	-	***	***	***	**	ns	**	ns
Bialowieza	0,061	0,105	-	***	***	***	***	***	***
Siedlice	0,042	0,111	-0,116	-	***	***	***	***	***
Krakkow	0,160	0,129	-0,081	-0,064	-	***	**	***	***
Bydgoszcz	0,870	0,521	0,666	0,678	0,657	-	ns	ns	ns
Wroclaw	0,883	0,510	0,758	0,771	0,725	0,145	-	ns	ns
Spanyolország	0,788	0,357	0,523	0,537	0,518	0,418	0,333	-	ns
Libéria	0,938	0,822	0,956	0,957	0,924	0,814	0,908	0,641	-



16. ábra: Maximum Likelihood filogenetika fa, Hasegawa Kishino Yano plusz Gamma modell, Bootstrap futtatások száma: 10.000 (●- új haplotípus Magyarországon, ▼- új haplotípus Lengyelországban, ◇- új haplotípus Spanyolországban)

A 16. ábra az általunk kimutatott 17 haplotípust, valamint az NCBI adatbázisban elérhető 53 referencia szekvencia bevonásával kimutatott további öt haplotípust mutatja. A felhasznált szekvenciák alapján kilenc új haplotípust detektáltunk, melyek az NCBI adatbankban eddig nem szerepeltek. A fekete körrel jelölt három haplotípust újként határoztuk meg Magyarországról (Ht 8, Ht 11 és Ht 12). Fekete háromszöggel az újként kimutatott három lengyel haplotípust (Ht 5, Ht 6 és Ht 7) jelöltük. A Spanyolországban (Ht 4, Ht 13 és Ht 14) detektált három haplotípust üres rombuszsal jelöltük. A szekvenciák összehasonlíthatósága érdekében minden szekvencia egyöntetűvé tétele, lerövidítése szükséges. A korrekciót követően 307 bp hosszúságú szekvencia állt rendelkezésünkre. Emiatt a filogenetikai fán a Ht 16 nem jelenik meg külön, hanem beolvad a Ht 9-be. A 16. ábra továbbá azt mutatja, hogy a vártakkal összhangban a

A Median-Joining Network analízissel készített 17. ábra a vizsgált egyedek haplotípusainak kapcsolatát mutatja. A körök mérete arányos a haplotípust alkotó egyedek számával, a különböző színek az egyes fajtákat jelölik. A haplotípusok mellett a haplotípus számát tüntettük fel. A Ht 9, 16 valamint a Ht 18 között két mutációt határoztunk meg. A magyar méhmintákban előforduló haplotípusok kapcsolatának vizsgálata során megállapítható, hogy a magyar krajnai pannon méh egy haplocsoportba tartozik. A haplocsoporton belül hat jól elkülönült haplotípus látható, mivel a Ht 16 beolvadt a Ht 9-be. A leggyakoribb Ht 9-en belül 1,3%-ban az *A. m. mellifera* fajta, 8,3%-ban az *A. m. ligustica* fajta és 7,05%-ban pedig a Buckfast vonal egyedei jelentek meg. Emellett a Ht 2-ben is kimutatható a fekete méh jelenléte. Továbbá a magyar populációktól jól elkülönülnek a spanyol és libériai haplotípusok. Az F_{ST} távolságértékekkel összhangban a Median Joining Network analízissel szintén szemléltettük a Spanyolországból származó *A. m. iberica* és *A. m. sicula*, valamint a Lengyelországból származó *A. m. mellifera* fajták közeli rokonsága és „M” származási vonalhoz tartozását.

4. 2. A mikroszatellit vizsgálat eredményei

Az idegen fajták kimutatását a magyar mézelőméh-populációkban, továbbá a genetikai diverzitás és távolság vizsgálatokat öt ország méhpopulációinak bevonásával mikroszatellit markerek segítségével végeztük el.

Az allélok méretét, az allélok számát, a várt és valós heterozigotizációt, a polimorfizmus index (PIC) értékét, valamint beltenyésztési együtthatót (F_{IS}) eredményeit az 7. táblázat szemlélteti. Összesen 172 allélt detektáltunk a 10 vizsgált populációban 9 mikroszatellit marker felhasználásával. Az allélok száma 10 és 31 között alakult, ezzel egyenesen arányosan változtak a várt és a valós heterozigotizáció, valamint a polimorfizmus index értékei. A legkevesebb allélt az A28 és A(B)24 lókuszon, míg a legtöbbet az A107 lókuszon azonosítottuk. Ebből következően az átlagos allélszám 10,6 (A107), és 3,3 (A28) között változott.

Az F-statisztika eredményei alapján megállapítható, hogy a vizsgált összes lókuszra nézve jelentős számban fordulnak elő heterozigóta egyedek, ebből következően a beltenyésztettségi együttható értékei igen alacsonyak, tehát a vizsgált populációkban a beltenyésztettség nem jellemző.

A heterozigotizáció értékek megmutatják, hogy az allélgyakoriságból számolva mennyi a heterozigóták aránya a Hardy-Weinberg szabály figyelembevételével. Az átlagos várt heterozigotizációs érték a kilenc lókusz vizsgálata alapján 0,709. A legmagasabb értéket (0,842) az A107, míg a legalacsonyabbat (0,443) az A28 marker esetén kaptuk. Az átlagos valós heterozigotizációs érték minden vizsgált lókuszra 0,877. Ebben az esetben a legmagasabb értéket az A7 (0,999), míg a legalacsonyabb értéket az A28 (0,407) lókusz esetében detektáltuk.

Az általunk használt markerek az A28 marker kivételével magas polimorfizmus értékkel (PIC átlag=0,635) jellemezhetőek. A legkisebb várt heterozigotizációs értéket ($H_e=0,407$) és a legalacsonyabb PIC értéket (PIC=0,36) az A28 marker eredményei mutatták. Ellenben az A107 marker esetében a legmagasabb polimorfizmus index értéket (PIC=0,78) állapítottuk meg.

7. táblázat: Az egyes lókuszok heterozigotizására és információ tartalmára vonatkozó eredmények
He és *Ho* - lókuszok heterogenitásának foka, *F_{IS}* - beltenyésztési koefficiens, PIC - polimorfizmus index

Lókusz	Allél méret (bp)	Allélok száma	Átlagos allélszám	<i>He</i>	<i>Ho</i>	<i>F_{IS}</i>	PIC
A113	164-242	28	8,7	0,768	0,998	-0,401	0,70
A107	96-290	31	10,6	0,842	0,982	-0,153	0,78
A28	122-154	10	3,3	0,443	0,407	0,017	0,36
A88	132-216	14	5,5	0,655	0,829	-0,304	0,58
A14	126-244	22	9,0	0,790	0,962	-0,327	0,72
A(B)24	96-118	10	4,6	0,656	0,754	-0,374	0,57
A43	96-144	19	6,9	0,777	0,982	-0,360	0,70
A35	92-140	18	5,9	0,719	0,983	-0,551	0,63
A7	54-130	20	6,4	0,729	0,999	-0,328	0,64
Átlag (szórás)		19 (7,270)	6,7 (2,308)	0,709 (0,116)	0,877 (0,205)	-0,309	0,635 (0,122)

8. táblázat: A vizsgált mézelőméh-populációk heterozigotizása
n - vizsgált egyedszám, *Ap* – populációra vonatkozó átlagos allélszám, *Np* - privát allélok gyakorisága, *Ho* - valós heterozigotizás, *He* - vélt heterozigotizás

Populáció	Fajta	n	<i>Ap</i>	<i>Np</i> (%)	<i>He</i>	<i>Ho</i>
Magyarország	<i>A. m. carnica</i>	236	14,3±6,2	3,667±0,764	0,657±0,150	0,896±0,224
Libéria	<i>A. m. adansonii</i>	15	8,1±3,0	2,111±0,588	0,846±0,048	0,985±0,029
Spanyolország	<i>A. m. iberica</i>	10	5,2±2,7	0,444±0,242	0,644±0,291	0,816±0,307
Bydgoszcz	<i>A. m. mellifera</i>	15	6,4±3,8	0,000±0,000	0,712±0,151	0,881±0,237
Krakow	<i>A. m. carnica</i>	15	6,8±3,2	0,111±0,111	0,734±0,143	0,903±0,200
Bialowieza	<i>A. m. carnica</i>	15	7,4±2,6	0,222±0,147	0,747±0,129	0,822±0,270
Wroclaw	<i>A. m. mellifera</i>	6	3,7±1,2	0,000±0,000	0,709±0,103	0,907±0,188
Siedlice	<i>A. m. carnica</i>	15	6,1±2,2	0,111±0,111	0,756±0,098	0,888±0,309
Magyarország	Buckfast line	10	4,3±1,2	0,222±0,222	0,644±0,217	0,843±0,296
Olaszország	<i>A. m. ligustica</i>	15	5,3±2,7	0,222±0,222	0,634±0,190	0,911±0,266
Átlag (szórás)			6,7±2,8	0,711±0,241	0,708±0,152	0,885±0,232

A 8. táblázatban a vizsgált populációkra vonatkozó leíró diverzitásmutatókat foglaltuk össze. A kiszámított heterozigóta arányt (H_o és H_e) a genetikai diverzitás mértékének is nevezik. A várt heterozigotázis érték (H_e) arra utal, hogy az allélgyakoriság alapján számított érték nem szükségszerűen azonos a populációban ténylegesen megállapított (H_o) heterozigotázis értékkel. Az átlagos populációnkénti tényleges heterozigotázis érték 0,816-0,985 között, míg a várt heterozigotázis érték 0,846-0,634 között változott. Minden populációban magas heterozigotázis értékeket kaptunk, ahol kiemelkedik a libériai állomány ($H_o=0,985\pm0,029$). A magyar méhészetekben kapott magas heterozigotázis értékek arra utalnak, hogy a beltenyésztéses leromlástól jelenleg nem kell tartani. Magyarországról csupán egyetlen vizsgálattal történhet összehasonlítás. Megerősítettük Révay és mtsai (2009) eredményeit, miszerint a hazai anyanevelő telepek általuk vizsgált szegmense nagyfokú fajtán belüli diverzitást mutat RAPD-PCR módszer alkalmazásával.

Az allélszámok átlaga $14,3\pm6,2$ (Magyarország) és $3,7\pm1,2$ (Lengyelország – Wrocław) között változott. A magyar méhállományban az unikális allélok aránya 3,6%. Az átlagos allélszám és az unikális allélok aránya a magyar populációkban feltehetően azért a legmagasabb, mivel ebben az esetben rendelkezünk a legnagyobb elemszámmal.

A mintaszámmal arányosan a libériai populációban detektáltuk a legnagyobb átlagos allélszámot ($8,1\pm3,0$), továbbá a kimutatott allélok 2,1%-a csupán a libériai állományban jelent meg.

Abban az esetben, amikor Lengyelország egészét vizsgáltuk, a várt heterozigotázis érték 0,709 és 0,756 között, míg a valós érték 0,822 és 0,907 között alakult. Ha összehasonlítjuk Oleksa és mtsai (2011) tanulmányával, akkor az ország egészére vonatkozó várt heterozigotázis értékek 0,409 és 0,551 között, továbbá a valós értékek 0,573 és 0,631 között változtak. Az alkalmazott kilenc marker közül öt megegyezett az általunk felhasznált mikroszatellitokkal. A jelen vizsgálatban kapott magasabb heterozigotázis értéket feltehetően az alkalmazott markerek információtartalmának különbözősége, valamint az eltérő mintavételi területek okozták.

Miguel és mtsai (2007) hét mikroszatellit marker bevonásával Spanyolország egészére vonatkozóan megállapították, hogy az átlagos valós heterozigotázis érték 0,473. Spanyolország nyugati részének vizsgálata során De la Rúa és mtsai (2004) 4,66 átlagos allélszámot, 0,59 várt és 0,45 valós heterozigotázist állapítottak meg. A kontrollként rendelkezésünkre bocsátott öt méhészetből származó spanyol méhmintákban átlagosan 5,2 allélt, 0,644 várt és 0,816 valós heterozigotázist mutattunk

ki. Mindezek alapján a spanyol méhállományok általunk vizsgált szegmense magasabb heterozigotizást mutat, mint az egyéb spanyol vizsgálatokban közölt értékek. A magyar populációkban 0,896 valós heterozigotizációs értéket kaptunk, így a spanyol méhpopulációk változékonysága irodalmi adatok alapján alacsonyabb.

Jensen és mtsai (2005) vizsgálatában az *A. m. ligustica* populációban tizenegy mikroszatellit marker alkalmazásával az átlagos allélszám 6,9, míg a heterozigotizás várt értéke 0,693, a valós érték pedig 0,663. Jelen vizsgálati eredmények alapján a Bologna-ból származó minták esetében 5,3 átlagos allélszámot valamint 0,634 várt heterozigotizás és 0,911 valós értéket határoztunk meg. A két vizsgálat összehasonlításakor megállapítható, hogy közel azonos várt heterozigotizációs értékek mellett eredményeink magasabb valós heterozigotizást mutattak.

A Szlovákiában honos krajnai fajta struktúrájának és genetikai diverzitásának vizsgálata során az átlagos várt heterozigotizás minden vizsgált lokuszra nézve 0,705, míg a valós heterozigotizációs érték 0,704 volt. A magyar állományokkal való összehasonlításakor a két krajnai populáció közel azonos, közepes vagy közepes feletti heterozigotizációs értéket mutatott. Míg az általunk vizsgált kilenc mikroszatellit marker felhasználásával a magyar populációkban az átlagos allélszám 14,3, a szlovákiai mézelőméh-populációkban 15 mikroszatellit marker alkalmazásával az átlagos allélszám 8,78 (Dusan és mtsai, 2013).

Ha a bulgáriai mézelőméh-populációk mikroszatellit vizsgálati eredményeit összehasonlítjuk jelen dolgozat eredményeivel, akkor azonos markerszám és közel azonos elemszám mellett a magyar populációk várt (0,657) és valós (0,896) heterozigotizációs értékei, valamint a markerenkénti heterozigotizációs értékek is magasabbnak bizonyultak. Ebből következően a honos méhállomány diverzebbnek bizonyult a bulgáriai *A. m. rodopica* populációnál (Nikolova és Ivanova, 2012).

A heterozigotizációs értékek felhasználásával kiszámítható az F hányados, vagy fixációs index. A fajon belül megnyilvánuló genetikai változatosság szintjeinek számszerű kifejezésére három F hányadost alkalmaznak. A faj szintjén kimutatható teljes változatosság (F_{IT}) felosztható a populációk (állományok) közötti (F_{ST}), valamint a populáción belüli (egyedek közötti) (F_{IS}) változatosságra. A F_{IS} érték beltenyésztettség együtthatóként is felfogható.

Az általunk vizsgált mézelőméh-populációk genetikai differenciáltságának összehasonlítását a 10. táblázat mutatja. A Wright féle fixációs index F_{ST} értékei a populáción belüli heterozigoták eloszlását jelölik. Az általunk vizsgált populációkban az

F_{ST} érték átlaga 0,701 volt. A 0,25 feletti F_{ST} érték nagy genetikai differenciálódást mutat, ezért megállapítható, hogy a populációk között nagy a genetikai különbség. A beltenyésztettség együttható igen alacsony értékei is a heterozigóta többletet támasztják alá. Megállapítható, hogy a vizsgált magyar populációkban a beltenyésztettség nem jellemző.

Egy populáció Hardy-Weinberg egyensúlyban van, ha a genotípusok aránya nemzedékről nemzedékre állandó. A vizsgált populációk Hardy-Weinberg egyensúlytól való eltérését szemlélteti a 9. táblázat. Az eltéréseket három szignifikancia szinten határoztuk meg ($p < 0,05$, $p < 0,01$, $p < 0,001$). Egyedül a magyar populációk tértek el minden lókuszra nézve a Hardy-Weinberg egyensúlytól $p < 0,001$ szignifikancia szinten.

9. táblázat: A vizsgált populációk Hardy-Weinberg egyensúlytól való eltérése
ns – nem szignifikáns, * $p < 0,05$, ** $p < 0,01$, *** $p < 0,001$

	A113	A107	A28	A88	A14	A(B)24	A43	A35	A7
Magyarország	***	***	***	***	***	***	***	***	***
Libéria		***						*	***
Spanyolország		*			*	***			
Bydgoszcz		***		*			***	*	**
Krakkow		**		*			***	***	***
Bialowieza		***		*	***		**	***	**
Wroclaw								**	
Siedlice		**	**	*			***	***	***
Buckfast		**					**	**	***
Olaszország	*	*		*			***	***	***

10. táblázat: Fixációs indexek (F_{IT} , F_{ST} , F_{IS}) a vizsgált mézelőméh-populációkban
ns – nem szignifikáns, * $p < 0,05$, ** $p < 0,01$, *** $p < 0,001$

Populáció	Fajta	F_{IT}	F_{ST}	F_{IS}
Magyarország	<i>Apis mellifera carnica</i>	0,895***	0,655***	-0,366***
Libéria	<i>Apis mellifera adansonii</i>	0,992***	0,841***	-0,179***
Spanyolország	<i>Apis mellifera iberica</i>	0,738***	0,639***	-0,154***
Lengyelország-Bydgoszcz	<i>Apis mellifera mellifera</i>	0,881***	0,706***	-0,247***
Lengyelország-Krakkow	<i>Apis mellifera carnica</i>	0,903***	0,729***	-0,238***
Lengyelország-Bialowieza	<i>Apis mellifera carnica</i>	0,822***	0,744***	-0,104***
Lengyelország-Wroclaw	<i>Apis mellifera mellifera</i>	0,905***	0,687***	-0,316***
Lengyelország-Siedlice	<i>Apis mellifera carnica</i>	0,887ns	0,751ns	-0,180ns
Magyarország	Buckfast vonal	0,842***	0,631***	-0,333***
Olaszország	<i>Apis mellifera ligustica</i>	0,910***	0,623***	-0,460***
Átlag (szórás)		0,878 (0,066)	0,701(0,068)	-0,258(0,109)

A vizsgált kilenc lókuszon 29 populációban 53 unikális allélt, emellett a magyar populációkban 7 lókuszon 23 állomány specifikus allélt határoztunk meg. A ritka, vagy csupán egy populációban megjelenő allélok kimutatása és megóvása különösen fontos a génmegőrzés szempontjából. A magyar méhészetekben csupán az A28 és A35 lókuszon nem azonosítottuk specifikus allélokat. A legtöbb egyedi allélt az A107, A113 és A14 lókuszon detektáltuk, ezért e markerek tekinthetők a leginformatívabbaknak. A Magyarországon vizsgált 16 méhészet (valamint a külön értékelt Buckfast populáció) kilenc unikális alléllal jellemezhető. A 13-as (7) és 10-es (6) méhészetekben mutattuk ki a legtöbb, más állományokban nem megjelenő allélt. Emellett a 9-es, 2-es és 14-es méhészetekből, valamint a Buckfast populációiból kettő, továbbá a 4-es, 5-ös és 7-es méhészetekből pedig egy unikális allélt írtunk le (11a, b. táblázat).

11a. táblázat: A vizsgált populációk génkészletében azonosított specifikus allélok

Lókuszt	Allél méret (bp)	Populáció	Privát allélok gyakorisága
A88	132	4.	0,100
	176	10.	0,033
A107	96	13.	0,033
	100	10.	0,067
	102	13.	0,033
	104	13.	0,067
	140	Bologna	0,036
	142	Bologna	0,036
	182	Bialowieza	0,067
	184	Libéria	0,038
	212	9.	0,033
	216	Libéria	0,038
	282	Libéria	0,038
	290	Libéria	0,038
A43	108	10.	0,036
	110	9.	0,179
	120	Murcia	0,125
	130	Libéria	0,133
	132	Libéria	0,200
	142	Libéria	0,067

11b. táblázat: A vizsgált populációk génkészletében azonosított specifikus allélok

Lókuszt	Allél méret (bp)	Populáció	Privát allélok gyakorisága
A113	164	10.	0,042
	166	10.	0,042
	178	13.	0,036
	204	Libéria	0,033
	213	2.	0,033
	232	Siedlice	0,033
	242	13.	0,036
A7	90	13.	0,036
	94	Libéria	0,233
	96	Libéria	0,167
	98	Libéria	0,200
	120	5.	0,100
	128	Buckfast	0,050
	130	Buckfast	0,050
A14	126	10.	0,036
	176	10.	0,071
	178	13.	0,067
	206	7.	0,033
	208	Libéria	0,133
	210	Libéria	0,267
	242	14.	0,042
AB24	110	14.	0,042
	118	Galícia	0,500
A28	132	Libéria	0,200
	154	Bialowieza	0,033
A35	94	Libéria	0,133
	96	Libéria	0,133
	102	Libéria	0,133
	104	Libéria	0,067
	106	Libéria	0,033
	124	Murcia	0,083
	140	Galícia	0,500
	144	Krakkow	0,036

A vizsgálati eredmények alapján a hazánkban kimutatott idegen fajtájú egyedek a fajtára jellemző alléleket hordozták, és ez alapján vontuk le következtetéseinket. Eredményeinket Dall 'Olio és mtsai (2007) vizsgálati eredményeivel hasonlítottuk össze, mely tanulmányban közel azonos mikroszatellit markereket alkalmaztak, mint amelyek jelen dolgozatban is felhasználásra kerültek. Az említett tanulmányt referenciaként alkalmazva megállapítható, hogy a következő, kizárólag olasz fajtára jellemző allélok jelentek meg a honos mézelőméh-állományokban. Az A113 marker

esetében a 216, 218, 222, az A28 marker esetében a 138, illetve az A14 marker esetében a 216, 238 allélok. A kizárólag *A. m. mellifera* fajtára jellemző 242-es allélt pedig az A4 marker esetében jelent meg. A Buckfast vonal esetében specifikus allélt sem jelen vizsgálatban, sem a korábban említett referenciaként alkalmazott tanulmányban nem sikerült kimutatni, aminek oka, hogy nem fajtáról, hanem egy hibridről van szó, melynek kialakításában több fajta vett részt.

11. táblázat: A vizsgált egyedek génkészletében azonosított fajtaspecifikus allélok

Fajta	Marker	Dall 'Olio és mtsai (2007)	Péntek-Zakar és mtsai (2013)
<i>A. m. ligustica</i>	A113	216, 218, 222	-
	A28	138	138
	A14	216, 238	-
	A107		154, 156
<i>A. m. mellifera</i>	A7		118
	A14	242	?
Buckfast hibrid	-	-	-

Ha a jelen dolgozatban alkalmazott kontroll olasz populációhoz hasonlítjuk a hazai mézelőméh-populációkat, akkor a következő, kizárólag az olasz fajtára jellemző allélok jelentek meg, melyek: az A107 marker esetében a 154, 156-os allél, az A28 marker esetében a 138, az A7 marker esetében a 118-as allél. Ha a két vizsgálat eredményeit összehasonlítjuk, akkor az A28 marker 138-as allélja esetében tapasztalunk átfedést, tehát a 138-as allél nagy valószínűséggel csupán az olasz fajtára jellemző, ezáltal a fajták elkülönítésében jelentős szerepet játszhat.

Abban az esetben, ha a jelen vizsgálatban kontrollként alkalmazott Bydgoszcz-ból és Wrocław-ból származó feketeméh-populációkhoz hasonlítjuk a hazai mézelőméh-populációkat, akkor a következő, kizárólag a fekete méhre jellemző allélok jelentek meg. Az A113 marker esetében a 234, az A14 marker esetében a 238-as allél. A két vizsgálat összehasonlításakor átfedést nem tapasztaltunk. Az A14-es marker 242-es allélját csupán a magyar méhpopulációkban állapítottuk meg, viszont nagyobb elemszám esetén ezen allél megjelenésére a kontroll populációkban is számítani lehet.

Ebből következően a fekete méh fajtaspecifikus allélokkal történő kimutatására további vizsgálatok szükségesek (12. táblázat).

Mind a páronkénti F_{ST} értékek, mind a Nei-féle korrigált sztenderd genetikai távolságértékek (D_s) alapján hasonló eredményeket kaptunk (13. táblázat). A táblázatban szürkével jelöltük a nem szignifikáns adatokat. A bydgoszczi és wroclawi populációk kivételével ($p < 0,01$) minden más esetben szignifikáns eredményt állapítottunk meg $p < 0,001$ szinten. A vizsgált tíz mézelőméh-populációban a páronkénti F_{ST} értékek a vártakkal összhangban alakultak. A magyar populációktól legtávolabb a libériai (0,216) és a spanyol (0,291) populációk álltak.

A magyar populációktól a Lengyelországban található bydgoszczi (0,167) és wroclawi (0,136) populációk genetikailag nagyobb távolságértéket mutattak a vizsgált mikroszatellit markerek alapján, mint a bialowiezai (0,084), krakkowi (0,029) és siedlicei (0,045) populációk. Az egyes lengyel méhészetek közötti távolságértékek különbözősége nem jelentős, ezért feltehetően Lengyelország méhállományai igen heterogének. Ennek ellenére mégis fajták közötti elkülönülést állapíthatunk meg az említett populációk között, melyet a Barrier programmal készített ábra, a populáció szintű főkomponens analízis eredményei, és a mitokondriális DNS vizsgálatok során kapott eredmények is megerősítenek. Feltételezhetően az *A. m. mellifera* fajta Lengyelország nyugati területei felé, addig az *A. m. carnica* fajta keleti irányban terjedt el.

13. táblázat: Páronként F_{ST} értékek (átló alatt) és Nei-féle korrigált sztenderd genetikai távolság (D_s) (átló felett)

	Magyarország	Libéria	Spanyolország	Bydgoszcz	Krakkow	Bialowieza	Wroclaw	Siedlice	Buckfast	Olaszország
Magyarország	-	1,263	1,809	0,550	0,082	0,236	0,441	0,130	0,257	0,144
Libéria	0,216	-	0,958	1,021	1,095	0,941	1,039	1,030	1,455	1,384
Spanyolország	0,291	0,157	-	0,341	0,886	0,632	0,412	0,797	1,249	1,558
Bydgoszcz	0,167	0,154	0,092	-	0,235	0,186	0,174	0,242	0,539	0,651
Krakkow	0,029	0,148	0,189	0,063	-	0,130	0,243	0,072	0,197	0,161
Bialowieza	0,084	0,132	0,146	0,047	0,025	-	0,082	0,062	0,173	0,196
Wroclaw	0,136	0,146	0,110	0,032	0,049	0,001	-	0,050	0,296	0,385
Siedlice	0,045	0,135	0,167	0,058	0,003	0,001	-0,007	-	0,176	0,151
Buckfast	0,097	0,205	0,273	0,153	0,057	0,051	0,095	0,054	-	0,164
Olaszország	0,060	0,212	0,298	0,183	0,053	0,066	0,126	0,051	0,064	-

14. táblázat: A vizsgált populációk közötti AMOVA teszt eredményei (1000 futtatás)

ns - nem szignifikáns, * $p < 0,05$, ** $p < 0,01$, *** $p < 0,001$

(%)	Magyarország	Libéria	Spanyolország	Bydgoszcz	Krakkow	Bialowieza	Wroclaw	Siedlice	Buckfast	Olaszország
Magyarország	-	***	***	***	***	***	***	***	***	***
Libéria	34%	-	***	***	***	***	***	***	***	***
Spanyolország	46%	27%	-	***	***	***	***	***	***	***
Bydgoszcz	27%	22%	27%	-	***	**	*	**	***	***
Krakkow	12%	21%	34%	12%	-	ns	**	ns	***	***
Bialowieza	16%	22%	30%	10%	2%	-	ns	ns	*	***
Wroclaw	30%	25%	36%	8%	10%	4%	-	ns	*	***
Siedlice	14%	21%	31%	9%	3%	2%	3%	-	*	**
Buckfast	22%	31%	49%	19%	10%	6%	13%	7%	-	***
Olaszország	18%	35%	49%	29%	12%	9%	30%	15%	18%	-

A fekete méh (Bydgoszcz, Wrocław) hazai krajnai pannon méhünktől való nagyobb távolságértéke megerősíti számunkra, hogy Lengyelország nyugati területeinek méhészeiben valóban az *A. m. mellifera* fajta uralkodó, így kontrollként való alkalmazása indokolt.

A szlovén méhpopulációkban hat mikroszatellit marker felhasználásával alacsony szintű genetikai diverzitást mutattak ki. A magyar méhállományokkal ellentétben a szlovén méhpopulációk genetikai struktúrája homogénnek tekinthető. Amíg a Buckfast vonal egyedei a páronkénti F_{ST} értékek alapján a szlovén krajnai fajtától 0,124, a horvát krajnai fajtától 0,096 és a Csehországból származó krajnai fajtától 0,102 genetikai távolságértéket mutatott (Susnik és mtsai, 2004), addig a magyar pannon méh esetében ez az érték 0,097. Ebből arra következtethetünk, hogy a magyar és horvát krajnai fajta egyaránt a pannon ökotípushoz tartozik. Továbbá megerősítettük Ruttner (1988) állítását e fajta ökotípusokba sorolását illetően.

Az általunk meghatározott fajták közötti genetikai távolságértékek túlnyomó többségben megerősítették Dall 'Olio és mtsai (2007) eredményeit. Jelentős különbséget csupán a krajnai és fekete méh összehasonlításakor tapasztaltunk, miszerint jelen tanulmányban 0,126, míg a korábbi vizsgálatban 0,322 értéket detektáltak (12. táblázat).

Az AMOVA statisztikai módszer az állományok különbözőségének vizsgálata során a génygyakoriságok összehasonlítása mellett a mutációs különbözőségeket is figyelembe veszi. Az AMOVA teszt és a páronkénti F_{ST} értékek összehasonlításakor nagyon hasonló eredményeket kaptunk. A magyar populációk, valamint a spanyol és libériai populációk különbözősége ebben az esetben is szembetűnő. A korábban kapott eredményeket megerősíti, hogy Krakow (12%), Siedlice (14%) és Bialowieza (16%) méhészei genetikailag közelebb állnak a magyar populációkhoz, mint Bydgoszcz (27%) és Wrocław (30%) méhészei. Oleksa és mtsai (2011) tanulmányában szintén e módszer által a krajnai fajta és a fekete méh között 24%-os különbözőséget mutattak ki. Az általunk kapott magasabb értékek tükrében a bydgoszczi és wroclawi populációk valóban az *A. m. mellifera* fajta jelenlétét mutatják. Krakow, Bialowieza és Siedlice állományai között csupán 2-3% különbséget állapítottunk meg, míg Bydgoszcz és Wrocław között ez az érték 8%. Az olasz *A. m. ligustica* populációkhoz az AMOVA teszt alapján a bialowiezai (9%), a krakkowi (12%) és a siedlicei (15%) krajnai jellegűnek tartott állományok álltak legközelebb, míg a magyar krajnai pannon méh és a Buckfast vonal egyedei 18%-os különbözőséget mutattak. Eredményeink megerősítik

Soland-Reckeweg (2006) AMOVA vizsgálati eredményeit, miszerint a krajnai fajta és a fekete méh elkülönülésének mértéke 29,55%. A krajnai és olasz fajta elkülönülését viszont 2,92%-ban állapították meg, mely eredmény jelentősen eltér jelen kutatási eredményeinktől. A krajnai fajta egyedei Szlovéniából, Ausztriából és Svájcban származtak, ezért az eltérést feltételezhetően a fajta ökotípusainak különbözősége okozhatta (14. táblázat).

15. táblázat: Páronkénti F_{ST} értékek fajtánként

		<i>carnica</i>	<i>ligustica</i>	<i>Buckfast</i>	<i>mellifera</i>	<i>iberica</i>	<i>adansonii</i>
„C”	<i>carnica</i>	-					
	<i>ligustica</i>	0,051	-				
	<i>Buckfast</i>	0,081	0,064	-			
„M”	<i>mellifera</i>	0,126	0,159	0,128	-		
	<i>iberica</i>	0,263	0,298	0,273	0,085	-	
„A”	<i>adansonii</i>	0,198	0,212	0,205	0,150	0,157	-

Ha a távolságértékeket a fajták szintjén vizsgáljuk, akkor jól látható, hogy a honos krajnai pannon méhhez legközelebb az olasz fajta (0,051) áll, melyet közös származási vonalhoz tartozásuk is jól bizonyít. A vizsgált markerek alapján a fekete méh szorosabb rokonságot mutat az *A. m. iberica* fajtával (0,085), mint a krajnai fajtával (0,268), melyet közös „M” származási vonalhoz tartozásuk indokol.

A Buckfast vonal egyedei, valamint a krajnai fajta közötti genetikai távolság (0,019) azzal magyarázható, hogy a hibrid kialakításában több fajta vett részt. A táblázatból kitűnik, hogy a Buckfast vonal kialakításában sem az Ibériai-félszigetről (0,273), sem Afrikából (0,205) származó fajta nem játszott szerepet a vizsgálatba vont populációk alapján. Továbbá az *A. m. adansonii* fajta jól elkülönül az európai fajtáktól (15. táblázat).

16. táblázat: „Assignment teszt”, illeszkedés vizsgálat eredményei

(%)	Magyaro.	Libéria	Spanyolo.	Lengyelo.	Buckfast	Olaszo.
Magyaro.	93,6	0	0	2,1	1,7	2,5
Libéria	0	100	0	0	0	0
Spanyolo.	0	0	100	0	0	0
Lengyelo.	12,1	0	0	80,3	4,5	3
Buckfast	0	0	0	10	90	0
Olaszo.	20	0	0	0	0	80

A 16. táblázatban bemutatott illeszkedés vizsgálat megmutatja, hogy a feltételezett populációkba az egyedek hány százaléka tartozik bele ténylegesen. Az eredmények alapján megállapítható, hogy a magyar populációk alapvetően homogének (93,6%), viszont kismértékben megfigyelhető idegen fajtákra jellemző gének megjelenése. Hazánkban kimutathatóak a Buckfast vonal egyedei (1,7%), az olasz méh (*A. m. ligustica*) (2,5%) és a fekete méh Lengyelországból (*A. m. mellifera*) (2,1%). Oleksa és mtsai (2011) Lengyelország északi területeinek (Pólnocna) vizsgálata során 32%-os genetikai egyezést találtak az idegen krajnai méhfajtaival. Emellett az észak-keleti régióban ez az érték 8% és 11% között alakult. Ha összehasonlítjuk eredményeinkkel, akkor hasonló értéket kaptunk, hiszen az általunk vizsgált lengyel méhészetekben megjelenő magyar krajnai pannon méh 12,1%-ban van jelen.

Megállapítható, hogy a Libériából származó egyedek valóban az *A. m. adansonii* fajtaához tartoznak, emiatt kiváló kontrollnak bizonyultak. Mindez a Spanyolországból érkező *A. m. iberica* fajtáról is elmondható.

Ha a lengyel populációkat egyként értékeljük, akkor a homogenitás mértéke 80,3%, tehát az *A. m. mellifera* fajta mellett 12,1%-ban kimutatható a krajnai fajta jelenléte és a Buckfast vonal egyedei is. Az eredmények alapján a Buckfast vonal egyedei jól elkülönülten jelennek meg (90%), a vonal csupán 10%-ban mutatja a fekete méh jegyeit.

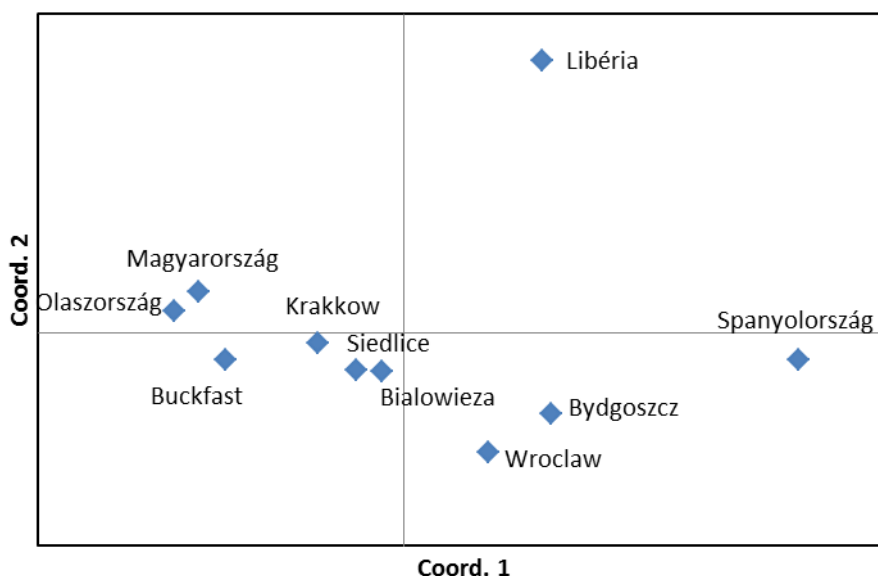
Dall 'Olio és mtsai (2007) igazolták, hogy Olaszország északi része a krajnai és az olasz fajta határán fekszik. Feltehetően ezért fordulhatott elő, hogy a Bologna-ból származó kontroll minták a főkomponens analízis eredményeként 20%-ban a magyar krajnai pannon méhhez tartoztak. A méhek szabadban történő párzása következtében a

fajtatizta állományok fenntartása még a szigorú ellenőrzés alatt álló méhészetek esetében sem könnyű feladat.

A 17. táblázat azt mutatja meg, hogy hány egyed tarozik bele ténylegesen az általunk feltételezett populációkba. A Magyarország méhállományairól alkotott képet tovább árnyalja, ha a Lengyelországból kapott minták származási helyeit külön populációként tüntetjük fel. A távolságértékek eredményeit jól alátámasztja, hogy a magyar populációkban a krajnai jellegűnek tartott siedlicei, krakkowi és bialowiezai egyedek génkészlete jelenik meg, míg Wroclawból csupán egy egyed, mely az *A. m. mellifera* fajtához tartozik. Megállapítható tehát, hogy a fekete méh jelenléte hazánkban elhanyagolhatónak tekinthető. Emellett öt olasz méhegyed és három buckfast vonalhoz tartozó egyed szintén kimutatható a magyar állományokban. A táblázatban piros színnel emeltük ki a krajnai jelleget mutató egyedeket és kékkel a fekete méh jelleget mutató egyedeket. A táblázatból kitűnik a lengyel populációk nagyfokú heterogenitása, melyre jellemző, hogy az ország nyugati területének méhpopulációi *A. m. mellifera*, míg keleti részének méhészetek feltehetően *A. m. carnica* jelleget mutatnak. Lengyelország keleti területein található méhészeteket alkotó méhegyedek túlnyomó többsége nem olvadt bele a magyar populációkba, ami feltehetően fajtán belüli különbözősége utal.

17. táblázat: „Assignment test”, illeszkedés vizsgálat eredményei egyedi szinten
 (Jelmagyarázat: IT-Olaszország, BU-Buckfast vonal, SI-Lengyelország/Siedlice, WR-Lengyelország/Wroclaw, BW-Lengyelország/Bialowieza, KR-Lengyelország/Krakkow, BY-Lengyelország/Bydgoszcz, SP-Spanyolország, AF-Libéria, HU-Magyarország)

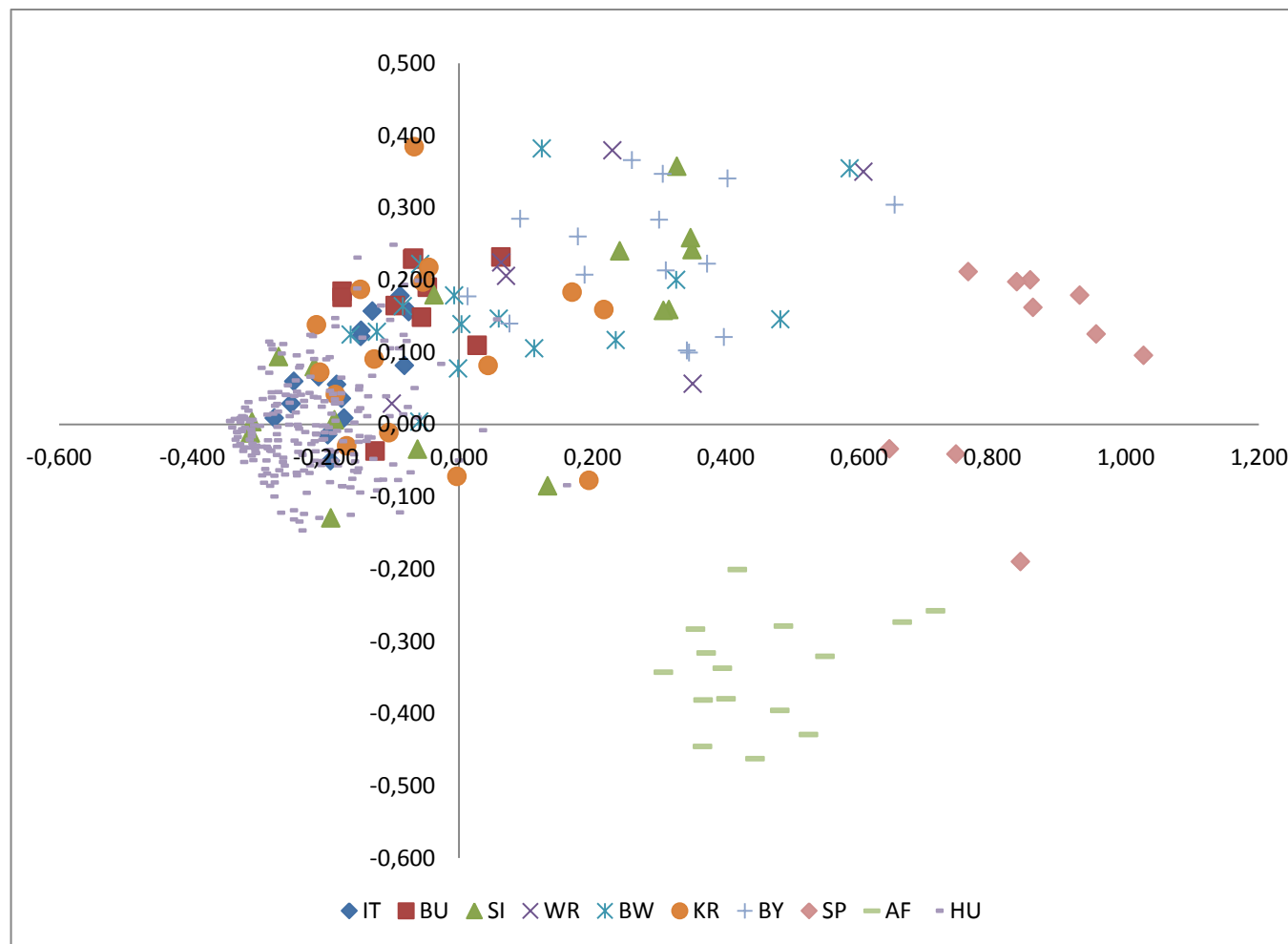
(egyed)	HU	AF	SP	BY	KR	BW	SI	WR	BU	IT	Egyedszám (n)	Nem populációba illő egyedek	Nem populációba illő egyedek (%)
Magyarország	201	0	0	0	8	4	14	1	3	5	236	35	14,8
Libéria	0	15	0	0	0	0	0	0	0	0	15	0	0
Spanyolország	0	0	10	0	0	0	0	0	0	0	10	0	0
Bydgoszcz	0	0	1	11	2	0	1	0	0	0	15	4	26,6
Krakkow	3	0	0	1	5	2	4	0	0	0	15	10	66,6
Bialowieza	0	0	0	2	2	3	5	1	1	1	15	12	80
Siedlice	4	0	0	1	1	2	2	2	2	1	15	13	86,6
Wroclaw	0	0	0	0	0	0	1	5	0	0	6	1	16,6
Buckfast	0	0	0	0	0	0	2	0	8	0	10	2	20
Olaszország	3	0	0	0	0	0	1	0	0	11	15	4	26,6



18. ábra: Főkomponens analízis a vizsgált tíz mézelőméh-populációra vonatkozóan

A korábban ismertetett eredményeinket főkomponens analízissel is szemléltettük, mely a vizsgált állományok elkülönülésének mértékét mutatja (18. ábra). Az afrikai és a spanyol populációk jelentős távolsága figyelhető meg a magyar méhészetektől. A magyar populációkhoz legközelebb az olasz és a buckfast populációk álltak. A korábbi eredményekkel összhangban genetikailag a magyar méhészetekhez viszonylag közel helyezkedik el Krakkow, Siedlice és Bialowieza méhészetei, így ismét igazoltuk, hogy az említett populációk jelentős mértékben hordozhatják a krajnai fajtára jellemző géneket. A bydgoszczi és wroclawi populációk elkülönülésének mértéke kifejezett az említett három lengyel méhészettől, ami azt mutatja, hogy valószínűleg túlnyomó többségben *A. m. mellifera* fajtára jellemző géneket hordoznak.

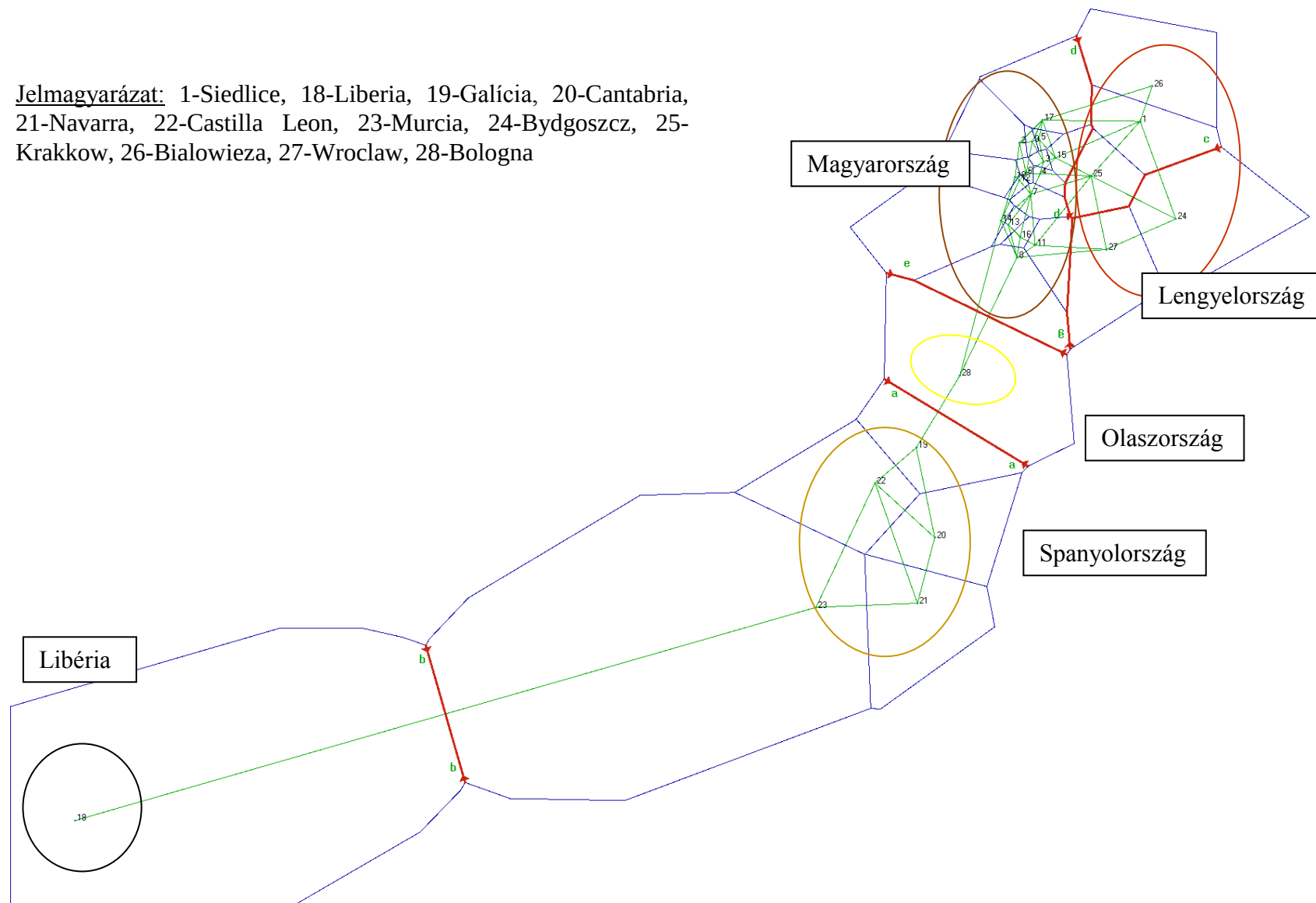
Az egyedi szinten készített főkomponens analízis eredményeit a 19. ábra szemlélteti. Az afrikai és spanyol populációk elkülönülése egyedi szinten is megnyilvánul. A magyar populációk elkülönülése az olasz, lengyel és buckfast populációktól viszont már nem egyértelmű, mivel az olasz és buckfast egyedek beolvadnak a magyar állományokba. A bydgoszczi fekete méh jellegű populáció elkülönülése viszonylag jól kimutatható. Krakkow és Siedlice méhállományai a korábbi eredményekkel összhangban közelebbi rokonságot mutatnak a magyar populációkkal.



19. ábra: Főkomponens analízis

Jelmagyarázat: IT-Olaszország, BU-Buckfast vonal, SI-Lengyelország/Siedlice, WR-Lengyelország/Wroclaw, BW-Lengyelország/Bialowieza, KR-Lengyelország/Krakkow, BY-Lengyelország/Bydgoszcz, SP-Spanyolország, AF-Libéria, HU-Magyarország

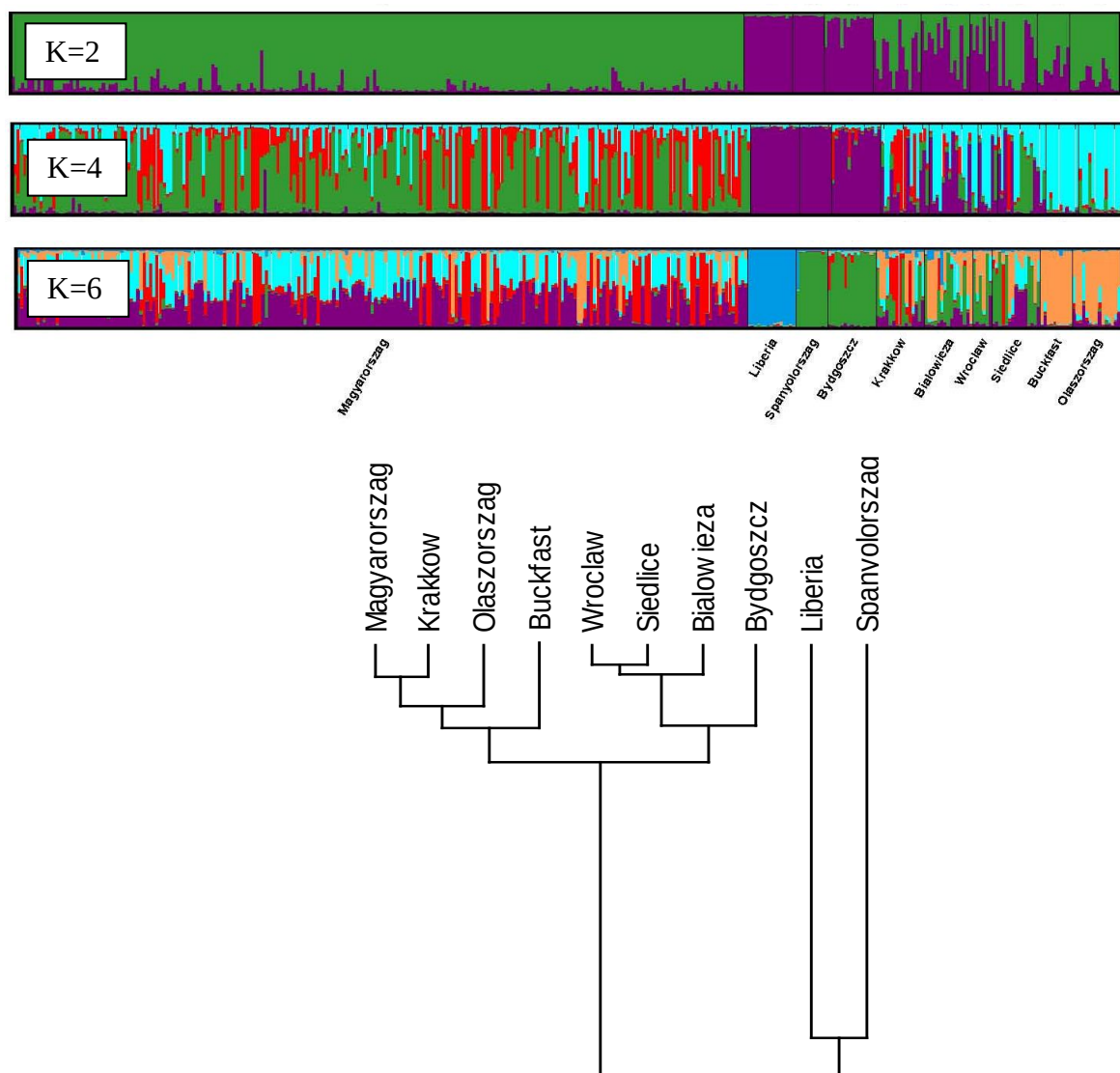
Jelmagyarázat: 1-Siedlice, 18-Liberia, 19-Galícia, 20-Cantabria, 21-Navarra, 22-Castilla Leon, 23-Murcia, 24-Bydgoszcz, 25-Krakkow, 26-Bialowieza, 27-Wroclaw, 28-Bologna



20. ábra: Delaunay háromszög módszer és F_{ST} távolságértékek alapján Monmonier algoritmussal szerkesztett fajták közötti elkülönülés a vizsgált mézelő méhpopulációk között

A 20. ábrán a vizsgált populációk elkülönülését szemléltettük, ahol külön jelöltük a magyar mintavételi helyeket (2-17). Első lépésben az afrikai (18) és spanyol (19-23) populációk váltak el az olasz (28), magyar (2-17) és lengyel (1, 24-27) méhészetektől („a vonal”). Ezt követően a spanyol (19-23) és afrikai (18) méhészetek szétválása figyelhető meg („b vonal”). A „c vonal” elkülöníti a lengyel bydgoszczi (24) és wroclawi (27) méhészeteket más lengyel (1, 25, 26), és az összes magyar (2-17) méhészettől. Ha az elkülönítést tovább folytatjuk, a „d vonal” különbséget mutat a krakkowi (25), bialowiezai (26), siedlicei (1) krajnai jellegűnek tartott méhállományok és a magyar állományok (2-17) között. Ez feltehetően fajtán belüli különbözőségekre utal. Végül az „e vonal” elkülönülést mutatott ki az olasz fajta (28) és a magyar valamint lengyel fajták között. A magyar populációk egységesen jelennek meg az F_{ST} távolságértékek alapján. Eredményeink alapján feltételezzük, hogy a krajnai fajta határa északabbra húzódik, mint azt korábban gondolták, viszont ennek pontos bizonyítása több méhészet és nagyobb elemszám bevonásával lehetséges.

A mézelőméh-populációk klaszteranalízise során (21. ábra) azt tapasztaltuk, hogy a magyar krajnai pannon méh már a $K=2$ csoportosításnál elvált a Libériából, Spanyolországból és a lengyel Bydgoszcz településről származó fajtáktól. A spanyol *A. m. iberica* fajta, valamint a bydgoszczi *A. m. mellifera* fajta az UPGMA filogenetikai fán is közel helyezkedik el egymáshoz, melyet a két fajta közös, „M” származási vonalhoz tartozása indokol. A $K=3$ csoportosítást követően a Buckfast és Olasz populáció vált el a többi állománytól. Az említett két populáció közelsége a filogenetikai fán szintén megfigyelhető. A következőkben ($K=6$) a libériai *A. m. adansonii* fajta elkülönülése figyelhető meg a spanyol *A. m. iberica* valamint a Bydgoszczból származó *A. m. mellifera* fajtáktól. A további futtatások során a program nem tudott különbséget tenni az egyes populációkat alkotó fajták között. A spanyol *A. m. iberica* és a bydgoszczi *A. m. mellifera* fajták mindvégig együtt maradtak, melyet közös származási vonalhoz tartozásuk („M”) indokol.



21. ábra: A vizsgált mézelőméh-populációk klaszteranalízise (K - csoportok száma), Nei-féle korrigált sztenderd genetikai távolság (D_s) alapján szerkesztett UPGMA filogenetikai fa

4.3. A fajtajelleg vizsgálat eredményei

A magyar méhészetek fajtajelleg vizsgálata során három - a méhtenyésztők ellenőrzésében alkalmazott – paraméter értékeit, valamint az irodalom alapján alkalmasnak vélt K19-es szög értékét vételeztük fel.

Az 18. táblázatban a négy mért paraméter méhészetenkénti átlagát, valamint minimum és maximum értékeit foglaltuk össze. Félkövéren emeltük ki a minimum és maximum értékeket a méhcsaládok átlagában, valamint egyedi szinten.

A kubitális index az egyes méhészetek méhcsaládjainak átlaga szerint 3,06, valamint 2,51 érték között alakult. Egyedi szinten a magyar méhpopuláció egészére vonatkozóan a legkisebb kubitális index 1,53, míg a legnagyobb 4,50 értéket mutatott. Az összes méhészet átlaga alapján a kubitális index tekintetében a vizsgálatba vont hazai méhminták krajnai pannon jellegűek, mivel a kapott átlagos eredmény 2,73, mely az előírt 2,3-3,0 intervallumon belül van. Fontos azonban, hogy egyedül e paraméter alapján nem lehet egyértelműen kizárni más fajta jelenlétét (Ruttner, 1988; Sheppard és Meixner, 2003). A jelenleg Magyarországon alkalmazott fajtasztenderd tág határok között szabja meg a kubitális index értékét a honos méhfajta esetében. Több mint 30 év távlatában megállapítható, hogy a kubitális index értéke kismértékű növekedést mutatott (3. táblázat). Ludányi (1998) szerint az olasz valamint krajnai méhek keresztezésével létrejött hibridek esetében a két fajta kubitális index értékei azonos tartományba esnek, tehát e paraméter alapján nem célszerű a két fajtát elkülöníteni. Eltérő eredmény olvasható Nazzi (1992) közleményében, mely szerint a fajtatiszta olasz méhek kubitális index értékei 2,57, 2,59; míg a fajtatiszta krajnai méheké 2,8; 2,81 (származás Jugoszlávia és Ausztria), mely adatok között helyezkedtek el a hibrid zónából származó méhegyedek átlagai. Nazzi (1992) ebben a publikációjában is több (15) karakter alapján vonta le következtetéseit.

A szipóka hossza országos átlagban 6,6 mm, mely érték a méhcsaládok átlagai alapján 6,490 mm és 6,705 mm között alakult. Egyedi szinten a szipóka hossz értékeiben 4,48 mm és 7,00 mm közötti értékeket detektáltunk. A Magyarországon alkalmazott fajtasztenderd 6,5 mm és 6,8 mm között határozza meg a krajnai pannon méh szipókahosszát. Bizonyítottuk, hogy e paraméter vonatkozásában a magyar méhcsaládok országos átlagban, valamint a méhcsaládok átlaga alapján egyaránt a krajnai pannon méh jegyeit hordozzák. Mind a kubitális index, mind a szipóka hosszának értékei alapján alacsony szórást mutattunk ki (18. táblázat).

18. táblázat: A vizsgált négy fajtajelleg vizsgálati paraméter átlag valamint minimum és maximum értékei a megfigyelt 16 magyar méhészetben

Méhészet	Kubitális index	Min./Max.	Szipóka hossza (mm)	Min./Max.	Szín megfelelő (%)	K19	Min./Max.
1.	2,51±0,43	1,53/4,13	6,628± 0,117	6,30/6,90	100	78,37±2,82	70,49/84,70
2.	2,80±0,39	1,93/ 4,50	6,600± 0,110	6,30/6,80	40	77,61±2,44	71,81/82,57
3.	2,78±0,33	2,00/3,58	6,705± 0,111	6,50/ 7,00	100	79,40±2,51	72,72/89,68
4.	2,74±0,43	1,81/3,81	6,538± 0,127	6,10/6,80	20	78,24±2,85	71,16/ 89,90
5.	2,57±0,34	1,93/3,65	6,490± 0,182	4,48/6,82	60	78,18±2,34	71,14/83,73
6.	2,61±0,31	1,96/3,59	6,640± 0,118	6,30/ 7,00	60	77,61±2,55	71,28/83,30
7.	2,74±0,35	1,88/3,82	6,629± 0,090	6,40/6,90	100	78,55±2,28	72,87/83,96
8.	2,63±0,34	1,82/3,53	6,587± 0,119	6,30/6,88	100	79,10±2,61	73,91/84,70
9.	2,72±0,36	1,86/3,94	6,580± 0,128	6,38/6,98	60	78,32±2,80	73,09/84,47
10.	2,72±0,33	1,71/3,47	6,604± 0,120	6,28/6,90	80	78,32±2,80	73,09/84,47
11.	2,77±0,39	1,96/3,88	6,600± 0,122	6,30/6,90	60	80,07±2,98	70,06/86,56
12.	2,84±0,49	2,00/4,40	6,596±0,110	6,30/6,80	80	77,91±2,30	71,78/82,85
13.	2,73±0,36	1,93/3,81	6,620±0,113	6,20/6,80	80	78,35±2,40	71,70/83,60
14.	2,76±0,36	1,93/4,19	6,576±0,096	6,30/6,90	0	78,95±2,42	71,89/85,10
15.	3,06±0,37	2,08/4,24	6,589±0,111	6,20/6,90	80	79,43±2,32	73,99/85,01
16.	2,72±0,36	1,94/3,80	6,625±0,099	6,40/6,90	80	78,59±2,28	72,79/83,40
Átlag (szórás)	2,73±0,37	1,89/3,89	6,600±0,117	6,19/6,88	68,75	78,56±2,54	72,11/84,87

Ha a 19. táblázat értékeivel hasonlítjuk össze adatainkat, és az ott bemutatott csoportokat vesszük alapul, a következőket állapíthatjuk meg. A szipóka hosszát tekintve Magyarországon a méhcsaládok egyedeinek 68,7%-a a hosszú szipókájú csoportba tartozik, ami tizenegy méhészet esetében mondható el. Három méhészet (18,7%) esetében közepes szipókahosszt sikerült megállapítani. Egy esetben rövid (6,25%), végül egy esetben nagyon hosszú (6,25%) szipókahosszt detektáltunk a méhészetek átlagértékei alapján.

19. táblázat: A szipóka hosszának osztályozása (Gubicza, 1982c)

Csoport	Osztályzat	Szipóka hossza
I.	Kicsi	6,51
II.	Közepes	6,53
III.	Hosszú	6,59
IV.	Nagyon hosszú	6,70

Az átlagos szipókahosszúság alig nőtt az elmúlt 30 év során (20. táblázat). Ennek következtében indokolt lenne a jelenleg használatos szipóka hosszúság paraméterének felülvizsgálata a fajták pontosabb elkülönítése céljából. Vizsgálatainkban kizárólag álló méhészetekből gyűjtöttünk mintát, ily módon próbáltuk kiküszöbölni a vándoroltatás hatását. A méhek szabadban történő párzása viszont egyelőre nem tartozik az elhárítható tényezők közé, ezáltal a keveredés jelentős, melyet a szipóka állandóság egyik fő okaként tartunk számon.

A színvizsgálat alapján országos átlagban a magyar méhészetek 68,75%-ban mutatják a honos fajta jegyeit. Megállapítottuk, hogy a vizsgált 16 méhészet közül egy méhészet nem, egy méhészet 20%-ban, egy méhészet 40%-ban, négy méhészet 60%-ban, öt méhészet 80%-ban valamint 4 méhészet 100%-ban felelt meg a krajnai pannon méh előírásainak. Továbbá a méhészetek általunk vizsgált szegmense döntő többségében (13 méhészet) 60% vagy magasabb színmegfelelést mutatott. Összességében 3 méhészetben tapasztaltunk 40%, vagy alacsonyabb értékeket. A színvizsgálat eredményei 30 évet meghaladó távlatban némi eltérést mutatnak, melyet a vizsgált családszámok eltérései is indokolhatnak (20. táblázat).

20. táblázat: Vizsgált morfológiai paraméterek, eredményeink összehasonlítása irodalmi adatokkal

	Szipóka (mm)	Kubitális index (CI)	Potroh színe szürke (%)	Vizsgált családszám (db)
Méhtenyésztési Osztály, 1979.	6,56	2,49	86	33
Gubicza, 1981a.	6,54		55-60	1831
Akác, 1983a;b.	6,53 (1,65%)	2,6 (14,3%)		290
Ludányi, 1998.		2,72	80,46	61
Péntek-Zakar és mtsai, 2013.	6,6 (4,65%)	2,73 (12%)	68,75	80

A leíró statisztika eredményei alapján az egyedek átlagosan az egyes, vagyis sötét potrohú kategóriába tartoztak, mely a krajnai pannon méh esetében kívánatos. A magyar méhállományokban az ötös kategória, mint egyértelmű kizáró ok, nem jelent meg.

A K19-es szög mérési eredménye országos átlagban 78,56 értéket mutatott. Abban az esetben, ha az eredményeket családszinten vizsgáljuk, a kapott minimum és maximum érték 77,61 valamint 80,07 között alakultak. Az egyedszintű minimum és maximum értékek tágabb intervallumon belül, 70,06 valamint 89,90 érték között detektáltuk. Méréseink alapján a K19-es szög értékelésekor sokkal magasabb szórást tapasztaltunk, mint a kubitális index valamint a szipóka hosszúsága alapján (18. táblázat). A 21. táblázat a krajnai fajta első szárnyon található K19-es szögének értékeit mutatja irodalmi adatok alapján. A szakirodalomban jelenleg nincs a K19-es szög esetében általánosan elfogadott, a krajnai fajtára vonatkozó sztenderd. Vizsgálati eredményeink azonban egybeesnek az elérhető szakirodalmi adatokkal (Kauhaus és Keller, 1991; Nazzi, 1992; Maul és Hahnle, 1994; Nedic és mtsai, 2011; Abou-Shaara és Al-Ghamdi, 2012) (21. táblázat). Mindezek alapján a hazai méhpopuláció a K19-es szög tekintetében egyaránt a krajnai pannon méh jegyeit mutatja. A jelentős szórás értékek arra utalnak, hogy más paraméterrel kiegészítve a fajták közötti elkülönítés kiváló eszközévé válhat.

21. táblázat: A krajnai fajta első szárnyon található K19-es szögének értékei irodalmi adatok alapján (Forrás: a táblázatban)

K19-es szög értékei	<i>A. m. carnica</i>
Kauhaus és Keller, 1991.	78,98 (75,2-83,7)
Nazzi, 1992.	78,98; 79,93
Maul és Hahnle, 1994.	79,40±2,80
Nedic és mtsai, 2011.	78,36±2,45
Abou-Shaara és Al-Ghamdi, 2012.	79,99±0,96; 80,59±0,88
Péntek-Zakar és mtsai, 2013.	78,56±2,54 (70,06-89,90)

A magyar méhtenyésztők vizsgálata során általánosan alkalmazott fajtajelleg vizsgálati paraméterek eredményeit a 22. táblázatban foglaltuk össze családszinten. A nem fajtatizsra krajnai pannon jegyeket mutató méhészetek családszámait félkövérrel emeltük ki. Az 1., 5., és 15. méhészet tenyésztő, míg a fennmaradó 13 méhészet termelő tevékenységet folytatott. Az anyanevelők méhállományát minden évben az általunk bemutatott módszerek alapján ellenőrzik a Méhtenyésztési és Génmegőrzési Csoport munkatársai Gödöllőn.

A 67/2010. (V.12.) számú FVM rendelet, 5 §-sa szerint a tenyésztő csak akkor tenyészthet az állományából, ha a fajtavizsgálatok alapján a tenyésztésre kiválasztott, legalább öt méhcsaládból a fajta határértékeinek legalább három méhcsalád megfelel. A jelenleg hatályos előírás alapján vizsgáltuk a kiválasztott méhészeteket.

A morfológiai kutatások során a sárga potrohszín az olasz fajta (*A. m. ligustica*) megjelenésére utalhat. A színvizsgálat alapján megállapítható, hogy az általunk vizsgálatba vont 80 méhcsaládból 25 méhcsalád nem felelt meg a krajnai pannon méhre vonatkozó fajtasztendernek. A kapott eredmény 3 méhészet (2., 4. és 14. méhészet) tenyésztésből való kizárását jelentené abban az esetben, ha nem termelő méhészekként kerültek volna bejegyzésre.

A kubitális index esetében országos szinten kilenc méhcsalád a fajtasztenderen kívüli értéket mutatott. Mindössze hét méhcsalád szipóka mérési adatai mutattak hasonló eredményt, amely arra utal, hogy a magyar méhpopuláció szipóka hosszúság tekintetében közel egységes. Ennek tényét évekre visszamenőleg a Méhtenyésztési és Génmegőrzési Csoport munkatársai is megerősítették.

Szín esetében három méhészet, kubitális index alapján egy anyanevelő méhészet (15. méhészet) nem felelt meg a fajtasztenderdnek. Összességében a 16 méhészetből 4 méhészet tenyésztésből való kizárása indokolt lenne. Emellett eredményeink alapján bizonyítottuk, hogy a magyar mézelőméh-populációkban kis mértékben jelen van az olasz fajta.

A táblázat utolsó oszlopa a méhészetek által elért „pontszámokat” mutatja. A pontszám az egyes tulajdonságok alapján „megfelelt” kategóriába sorolt méhcsaládok számának összeadásából keletkezett, amely maximálisan 15 pont lehet. Az értékekből kapott átlag alapján a vizsgált méhészetek közül hét méhészet átlag alatt teljesített. Az értékek alapján mindössze három méhészet kapott maximális pontszámot melyek közül csupán egy méhészet tenyésztő. A másik két anyanevelő méhészet átlag alatt teljesített, ami jelzésértékű. Mivel az egyes paraméterek nem azonos súllyal vesznek részt a fajtajelleg vizsgálatok során, ezért a megfelelő súlyozás kialakítása a jövőben indokolt lehet.

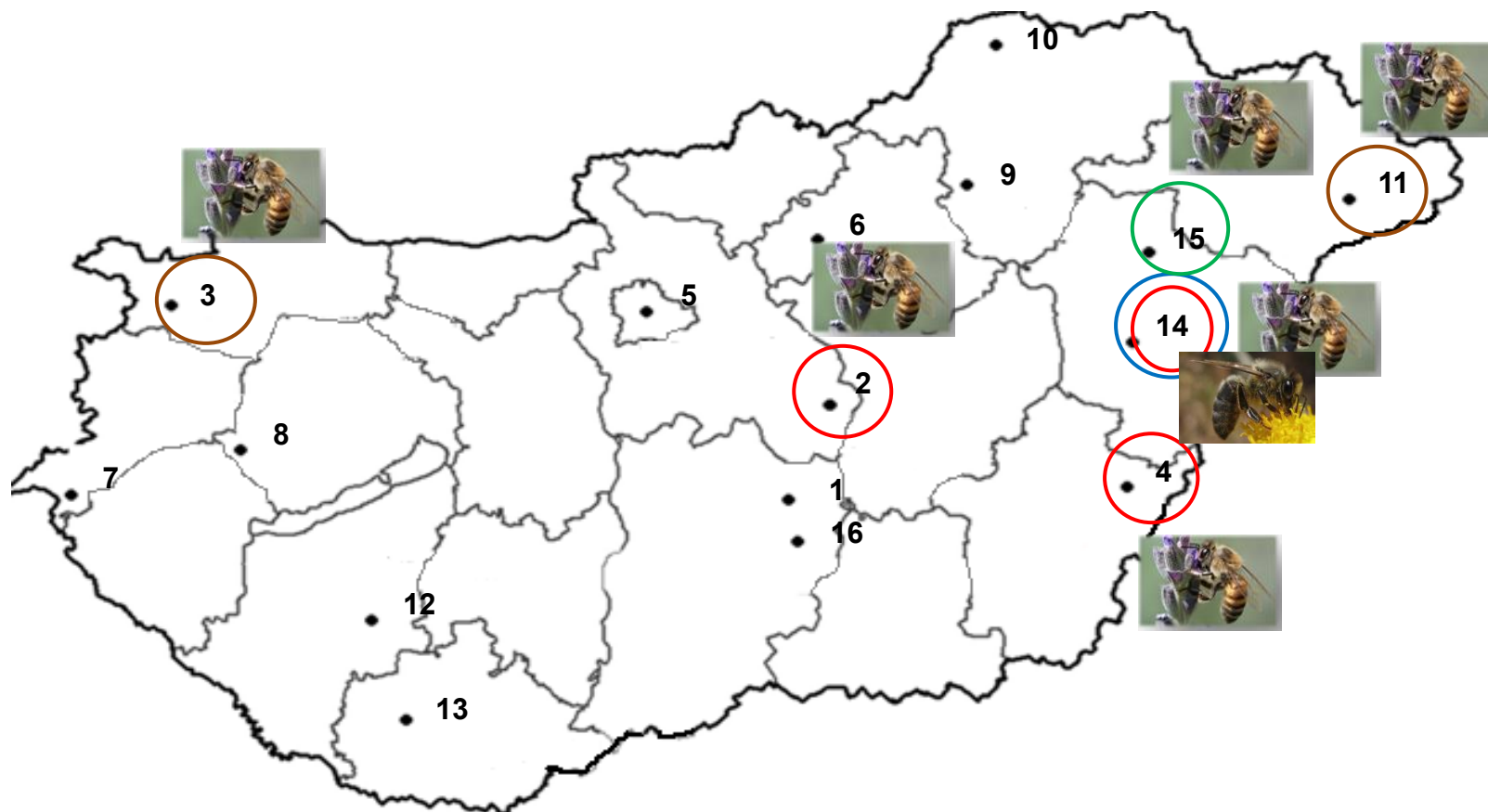
22. táblázat: Morfológiai vizsgálat eredményei családszinten, a három Magyarországon alkalmazott fajtajelleg vizsgálati paraméter bevonásával

Méhészet	Szín		Kubitális index (CI)		Szípóka		Elért pontszám
	Megfelelt	Nem felelt meg	Megfelelt	Nem felelt meg	Megfelelt	Nem felelt meg	
1.	5	0	5	0	5	0	15
2.	2	3	4	1	5	0	11
3.	5	0	4	1	5	0	14
4.	1	4	5	0	3	2	9
5.	3	2	5	0	3	2	11
6.	3	2	5	0	5	0	13
7.	5	0	5	0	5	0	15
8.	5	0	5	0	5	0	15
9.	3	2	5	0	5	0	13
10.	4	1	4	1	4	1	12
11.	3	2	5	0	5	0	13
12.	4	1	3	2	5	0	12
13.	4	1	5	0	5	0	14
14.	0	5	5	0	4	1	9
15.	4	1	1	4	4	1	9
16.	4	1	5	0	5	0	14
Összesen:	55	25	71	9	73	7	Átlag: 12,43

4.4. A genetikai és fajtajelleg vizsgálatok összehasonlítása

A 22. ábra a hazánkban vizsgált méhészetek értékelését mutatja a genetikai és a fajtajelleg vizsgálati paraméterek összehasonlítása által. Piros kör jelöli a fajtajelleg alapján nem megfelelt, illetve azon méhészeteket, melyek egyedei az olasz fajtára jellemző alléleket hordozták (2., 4. és 14. méhészet). A kék körrel jelölt 14-es méhészetben mikroszatellitek alkalmazásával igazolást nyert a fekete méhre jellemző allélek megjelenése is. A zöld körrel jelölt 15-ös méhészet kubitális index alapján nem felelt meg az előírásoknak, azonban genetikai alapon ezt nem tudtuk bizonyítani. A 3-as és 11-es barna körrel jelölt méhészetekben genetikai markerek segítségével kimutattuk az olasz fajtára jellemző alléleket, azonban fajtajelleg vizsgálatokkal ezt nem tudtuk alátámasztani.

Az eredmények tükrében a vártakkal ellentétben nem az Olaszországhoz közelebb eső nyugati területekre, hanem az ország középső, keleti és délkeleti részére jellemző az olasz *A. m. ligustica* fajta megjelenése. Ahogyan Ukrajna jelentős területén, úgy Románia hazánkhoz közelebb eső területein is a krajnai fajta található meg. Éppen ezért a hazánk területén kimutatott olasz fajta jelenléte esetében nem természetes hibridizálódásról, hanem elsősorban az *A. m. ligustica* fajtájú méhanyák behozataláról lehet szó.



22. ábra: A molekuláris genetikai és a fajtajelleg vizsgálati eredmények összehasonlítása

Jelmagyarázat: piros - fajtajelleg vizsgálatokkal és mikroszatellitiek alkalmazásával kimutatásra került az olasz fajta, kék - mikroszatellitiekkel igazolást nyert a fekete méh jelenléte, zöld - fajtajelleg vizsgálatokkal kimutatásra került az olasz fajta, barna - mikroszatellitiek alkalmazásával igazolást nyert az olasz fajta jelenléte

5. KÖVETKEZTETÉSEK, JAVASLATOK

A magyar mézelőméh-populációk diverzitását, genetikai struktúráját valamint az idegen méhfajták megjelenését genetikai markerek (mitokondriális DNS és mikroszatellit markerek) valamint morfológiai bélyegek segítségével analizáltuk, továbbá kontrollként külföldről származó állományokkal hasonlítottuk össze.

A mitokondriális DNS vizsgálat során 17 haplotípust mutattunk ki a citokróm-oxidáz I régió egy meghatározott szakasza által. Magyarországról a Ht 8-at, Ht 11-et valamint Ht 12-t, Spanyolországból a Ht 4-et, Ht 13-at, Ht 14-et, továbbá Lengyelországból a Ht 5-öt, Ht 6-ot valamint Ht 7-et írtunk le újként. A magyar populációkban hét haplotípust határoztunk meg, továbbá a haplotípus diverzitás 0,296 értéket mutatott. A közép-európai régióban a Ht 9 dominált, melynek gyakorisága észak felé egyre nőtt. Megállapítottuk, hogy a magyar mézelőméh-populációk közel egységesek, de a haplotípusokban kismértékben megjelentek az olasz fajta (*A. m. ligustica*), a fekete méh (*A. m. mellifera*) és a Buckfast vonal egyedei is. Az általunk vizsgált állományok haplotípus és nukleotid diverzitása közepes vagy közepes feletti értéket mutatott a libériai és Buckfast állományok kivételével. A populációk közötti páronkénti F_{ST} értékek alapján a magyar, valamint minden általunk vizsgált európai populációtól legtávolabb a libériai állomány található. Eredményeink alapján kimutattuk, hogy Lengyelország feltételezhetően az *A. m. mellifera* és *A. m. carnica* fajták határán fekszik.

A Median-Joining Network analízis felhasználásával igazoltuk a magyar krajnai pannon méh egy haplocsoportba tartozását. A haplocsoporton belül hat elkülönült haplotípus állapítottunk meg, ahol a Ht 16 beolvadt a Ht 9-be. A Network analízis eredményei összhangban voltak a korábban kapott eredményekkel.

A mikroszatellit vizsgálatok során kilenc polimorf marker felhasználásával megállapítottuk, hogy a magyar populációk közel egységesek (93,6%) és a krajnai pannon méh alkotja, viszont kismértékben kimutattunk idegen fajtákra jellemző géneket hordozó egyedeket is. A Buckfast vonal egyedei 1,7%-ban, az Olaszországból származó *A. m. ligustica* fajta 2,5%-ban valamint a Lengyelországból származó *A. m. mellifera* fajta 2,1%-ban jelent meg a magyar populációkban. A kimutatott fajtaspecifikus allélok szakirodalommal történő összehasonlítását követően megállapítottuk, hogy az A28-as mikroszatellit marker 138-as allélja feltehetően az olasz fajtára jellemző.

Igazolást nyert, hogy az átlagos populációnkénti tényleges heterozigotizációs érték 0,816-0,985 között, míg a várt heterozigotizációs érték 0,634-0,846 között változott. Minden vizsgált populációban magas heterozigotizációs értékeket detektáltunk. A magyar állományokban kapott magas értékek arra utalnak, hogy a beltenyésztéses leromlástól jelenleg nem kell tartani.

Kimutattuk, hogy Lengyelország méhállományai az általunk vizsgált méhészetek alapján nem egységesek, amit a főkomponens analízis eredményei is alátámasztottak. Az adatok további elemzése által az illeszkedés vizsgálat, a Barrier programmal készített ábra, valamint a páronkénti F_{ST} értékek és a Nei-féle korrigált sztenderd genetikai távolság értékek is elkülönülést mutattak Lengyelország nyugati (Bydgoszcz és Wrocław) és keleti (Białowieża, Siedlice, Kraków) területeinek méhészetei között, melyet emberi tevékenység vagy földrajzi határ okozhatott. Az *A. m. mellifera* jellegűnek tartott bydgoszczi és wrocławai populációk vizsgálata során megállapítottuk, hogy ezekben a méhészetekben nem jelentek meg Magyarországról származó egyedek. Ezzel szemben Lengyelország keleti területein a krajnai jellegűnek tartott populációiban a magyar méhészetekből származó krajnai pannon méhre jellemző gének megjelenése 16%-ra tehető.

A páronkénti F_{ST} értékek alapján igazoltuk, hogy a libériai és a spanyol populációk álltak a legtávolabb a magyar állományoktól. Ezzel szemben kis távolságértékeket mutattunk ki a magyar, valamint Kraków, Białowieża és Siedlice méhészeteitől, mely arra enged következtetni, hogy az említett lengyel méhészetekben a krajnai fajta dominál. Továbbá alacsony távolságértékeket detektáltunk az olasz *A. m. ligustica* és a magyar krajnai pannon állományok között.

Kutatási eredményeink igazolták, hogy Magyarország méhállományait túlnyomó többségben a krajnai pannon méh alkotja, a mikroszatellit vizsgálatok során viszont fajtán belüli nagyfokú heterogenitást mutattunk ki. Ennek következtében a genetikai variancia beszűkülésétől a magyar mézelőméh-állományokban jelenleg nem kell tartani, viszont a természetes hibridizáció és az idegen méhanyák importja következtében az idegen fajták megjelenésétől igen.

A mitokondriális DNS és mikroszatellit vizsgálatok eredményei nagymértékű egyezést mutatnak, viszont egyes esetekben mégis eltérés tapasztalható (Munoz és De la Rúa, 2012). Míg a mitokondriális DNS vizsgálat eredményei alapján a magyar méhpopulációktól legtávolabb a libériai populáció állt, addig mikroszatellit markerek által a spanyol populációkat mutattuk ki. Emellett anyai ágon a Buckfast vonal minden

egyede beolvad a Ht 9-be, addig mikroszatellitek felhasználásával a vonal egyedei elkülöníthetők.

Molekuláris genetikai vizsgálatainkat fajtajelleg vizsgálatokkal egészítettük ki. A bemutatott eredmények tükrében, az általunk vizsgált 16 méhészet alapján a magyar mézelőméh-állományokban több mint 30 év távlatában nincs számottevő változás. Kimutattuk, hogy kis mértékben ugyan, de előfordul az olasz fajta (*A. m. ligustica*) hazánkban, mely eredmény véleményünk szerint az országban folyó kiváló tenyésztői munkát igazolja. A fajtajelleg vizsgálat során kapott eredmények részben összhangban voltak a genetikai vizsgálatok eredményeivel. A molekuláris genetikai vizsgálatok érzékenysége miatt az olasz fajta mellett a fekete méh (*A. m. mellifera*) jelenlétét is igazoltuk. Az illeszkedés vizsgálat alapján a Buckfast hibrid kimutatása is megtörtént hazánkban.

Mind molekuláris genetikai, mind fajtajelleg vizsgálatokkal megállapítottuk, hogy a magyar méhpopulációk jelentős részét a honos krajnai pannon méh alkotja. A munkánk során kimutatott ritka allélok, a hazai populációkban megjelenő kismértékű idegen génhatás, valamint a beltenyésztettség utaló jelek hiányának ismerete hozzájárul a klasszikus tenyésztési eljárások kialakításához, így eredményeink átültethetőek lesznek a gyakorlat számára is.

Az általunk alkalmazott markerekkel az idegen fajták felderítése érdekében a magyar mézelőméh-állományok egészére kiterjedően elsőként végeztünk vizsgálatokat.

Honos méhfajtánk fajtatisztaságának megőrzése, és esetleges javítása érdekében, a természetvédelmi célokkal összhangban javasoljuk a mesterséges termékenyítés országos szintű alkalmazását. Továbbá szorgalmazzuk a méhészeknek a hivatalos tenyésztőktől történő tenyészanyag beszerzését. Vizsgálati eredményeink megerősítése céljából szükségesnek tartjuk az elemszám növelését, valamint több méhészet bevonását, illetve egyéb markerek alkalmazását. Mindezek mellett munkánk során felmerült javaslataink a következők:

Genetikai vizsgálat folytatásának lehetősége:

- A Közép-Európára jellemző, és leginkább elterjedt Ht 9 további vizsgálata a szomszédos földrajzi régiókban, illetve az esetleges szubpopulációk meghatározása.

- Az *A. m. carnica* fajta ökotípusainak pontos elkülönítése és az egyes ökotípusok elterjedésének felülvizsgálata.
- Lengyelország mézelőméh-állományainak kutatása különös tekintettel az *A. m. mellifera* és az *A. m. carnica* fajták elkülönülés mértékének és hibridizálódásának kimutatására, magasabb elemszám és több méhészet bevonásával.

Fajtajelleg vizsgálat folytatásának lehetőségei:

- A jelenleg alkalmazott fajtajelleg vizsgálati paraméterek felülvizsgálata, valamint a K19-es szög alkalmasságának felderítése, különös tekintettel a krajnai pannon méh, az olasz fajta, illetve a fekete méh megkülönböztetésére.
- A K19-es szög fajtasztenderdben alkalmazható intervallumának meghatározása a krajnai pannon méhre, az olasz fajtára, valamint a fekete méhre vonatkozóan.

6. ÚJ ÉS ÚJSZERŰ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK

1. A citokróm-oxidáz I mitokondriális régió egy meghatározott szakaszának szekvenciái által a magyar mézelőméh-populációkban hét haplotípust (Ht 2, Ht 8, Ht 9, Ht 10, Ht 11, Ht 12 és Ht 16) mutattunk ki, melyek közül a Ht 8, a Ht 11 valamint a Ht 12 újként jelent meg. Ezen kívül Spanyolországból a Ht 4, Ht 13 továbbá Ht 14, Lengyelországból pedig a Ht 5-öt, Ht 6-ot és Ht 7-et írtuk le újként. Bizonyítottuk, hogy a Magyarországon domináns Ht 9-et alkotó egyedek 8,3%-ban az *A. m. ligustica* fajtához, 7,05%-ban a Buckfast vonalhoz, valamint 1,3%-ban az *A. m. mellifera* fajtához tartoznak. Kimutattuk a Ht 9 dominanciáját Közép-Európában, melynek gyakorisága déli irányban növekszik.
2. Kilenc polimorf mikroszatellit marker alkalmazásával bizonyítottuk, hogy a magyar mézelőméh-populációk közel egységesek (93,6%), melyben 2,5%-ban az *A. m. ligustica*, 2,1%-ban az *A. m. mellifera* és 1,7%-ban a Buckfast vonal egyedei jelennek meg. A honos krajnai pannon méhen belül nagyfokú heterozigotizást állapítottunk meg, ezért hazánkban a beltenyésztettség nem jellemző. A magyar méhpopulációkban hét lókuszon 23 állomány specifikus allélt mutattunk ki. Fajták közötti elkülönülést igazoltunk Lengyelország keleti és nyugati területeinek méhészeit között. Továbbá, a krajnai fajtán belüli elkülönülést állapítottunk meg a magyar populációk, illetve a lengyel krajnai jellegűnek tartott populációk között.
3. A krajnai pannon méh Magyarországon alkalmazott fajtajelleg vizsgálati paramétereinek (szín, szipóka hossza, kubitális index) értékei több mint 30 év távlatában nem változtak meg lényegesen. A kutatott méhészetek közül négy nem felelt meg a fajtasztenderdnek, ezáltal igazoltuk az *A. m. ligustica* fajta jelenlétét hazánkban. Országunk keleti, középső és délkeleti részére jellemző az olasz fajta megjelenése.
4. A molekuláris genetikai és fajtajelleg vizsgálatok eredményeinek összehasonlítását követően megállapítottuk, hogy a kapott eredmények nem minden esetben erősítették meg egymást, viszont három vizsgált méhészetben (2, 4 és 14) mindkét módszer alkalmazásával kimutatható az olasz fajta jelenléte.

7. AZ EREDMÉNYEK GYAKORLATI HASZNOSÍTHATÓSÁGA

1. A hazai méhállományok megőrzése érdekében elengedhetetlen a populációk genetikai szerkezetének ismerete. Mind molekuláris genetikai, mind fajtajelleg vizsgálatokkal megállapítottuk, hogy a magyar méhpopulációk jelentős részét a honos krajnai pannon méh alkotja, viszont kismértékű idegen génhatás kimutatható.
2. Számos állomány specifikus allélt mutattunk ki, melyek feltétlenül érdemesek a védelemre.
3. A méhészek számára a klasszikus tenyésztési eljárások kialakításában fontos azon eredményünk ismerete, hogy a beltenyésztéses leromlástól a hazai mézelőméhpopulációkban jelenleg nem kell tartani.
4. A honos méhünk védelme és fenntartása érdekében fontosnak tartjuk a tenyészanyag hivatalos tenyésztőktől történő beszerzését.
5. A mesterséges termékenyítés országos szintű alkalmazása szintén kiemelt fontosságú a hazai állomány fajtatisztségének megőrzésében.

8. ÖSSZEFOGLALÁS

A Magyarországon honos krajnai pannon méh (*Apis mellifera carnica pannonica*) kiválóan alkalmazkodott az ökológiai feltételeinkhez. Az intenzív tenyésztés, a természetes hibridizáció, valamint az idegen méhanyák importja változást okozhat a fajta genetikai állományában. A magyar mézelőméh-populációk diverzitásának, és az esetlegesen megjelenő idegen fajták jelenlétének kimutatása érdekében mitokondriális DNS, mikroszatellit, valamint fajtajelleg vizsgálatokat végeztünk külföldről származó populációk bevonásával.

Magyarország egészére kiterjedő kutatásunkhoz 2010 nyarán 16 álló méhészetből gyűjtöttünk lefedés előtti öt-hét napos dolgozó álca mintákat, minden méhészetből öt random módon kiválasztott méhcsaládból.

Mitokondriális DNS vizsgálattal elemeztük a hazai (n=96) és külföldi (n=84) mézelőméh-állományok genetikai struktúráját 53, az NCBI génbankban elérhető referencia szekvencia bevonásával. A mitokondriális DNS citokróm-oxidáz I génjének egy 421 bp hosszúságú szegmensét PCR segítségével amplifikáltuk.

A magyar és külföldi minták feldolgozását követően 17 haplotípust határoztunk meg. Az NCBI adatbankban elérhető referencia szekvenciák segítségével további öt haplotípus kimutatása vált lehetségessé. Egyedi haplotípusként jelent meg a magyar populációkban a Ht 8, Ht 11, Ht 12, Ht 16, az olasz populációkban a Ht 1, a wroclawi populációban a Ht 3, a bydgoszczi állományban a Ht 5, Ht 6, Ht 7, valamint a spanyol populációkban a Ht 4, Ht 13, Ht 14 és a Ht 17, Libériára pedig a Ht 15 jellemző. Magyarország méhészeiben kimutatott hat haplotípus egy haplocsoportot alkot, ahol a Ht 16 beolvadt a Ht 9-be. Megállapítottuk, hogy hazánkban a Ht 9 dominanciája jellemző, melyet 1,3%-ban az *A. m. mellifera* fajta, 8,3%-ban az *A. m. ligustica* fajta és 7,05%-ban pedig a Buckfast vonal egyedei alkotnak. Emellett a Ht 2-ben is igazoltuk a fekete méh jelenlétét. A vizsgált populációk haplotípus és nukleotid diverzitása közepes vagy közepes feletti értéket mutatott. Magyarországra az általunk leírt haplotípusok közepes diverzitása jellemző. A legkisebb távolságértékek a magyar populációk, valamint a lengyel bialowiezai (0,06113), siedlicei (0,04294) és krakkowi (0,16065) populációk között jelentek meg. Az alacsony távolságértékek arra utalnak, hogy az említett három lengyel populáció a magyarokhoz hasonlóan krajnai jellegű, és egyedeinek jelentős része a „C” származási vonalhoz tartozik. Az olasz és magyar populációk közötti alacsony távolságértékek (0,277) szintén a közös származást

bizonyítják. Mind a filogenetikai fán, mind az F_{ST} távolságértékek alapján a spanyol és libériai állományok jól elkülönülnek a magyar méhészetektől.

A mikroszatellit vizsgálatok során 236 (10 Buckfast vonalhoz tartozó egyed) hazai és 106 külföldről származó méh egyedet dolgoztunk fel. A vizsgált populációk genetikai sokféleségének elemzéséhez 9 polimorf mikroszatellit markert alkalmaztunk, melyek három multiplexben kerültek futtatásra.

Az F -statisztika eredményei alapján megállapítottuk, hogy a vizsgált összes lókuszra nézve jelentős számban fordulnak elő heterozigóta egyedek. A magyar méhállományokra nagymértékű heterozigotizás jellemző, következésképpen a beltenyésztettségi együttható értékei igen alacsonyak, tehát a beltenyésztéses leromlás jelenleg nem okoz problémát hazánkban. A vizsgált kilenc lókuszon 29 populációban 53 unikális allélt, továbbá a magyar populációkban 7 lókuszon 23 állomány specifikus allélt mutattunk ki. A legtöbb egyedi allélt az A107, A113 és A14 lókuszokon detektáltuk, ezért e markerek tekinthetők a leginformatívabbnak. A Magyarországon vizsgált méhészetek közül kilencre jellemző egyedi allélok jelenléte, melyek megóvása kiemelt fontosságú. A vizsgált tíz mézelőméh-populációban a páronkénti F_{ST} értékek és a Nei-féle korrigált sztenderd genetikai távolság (D_s) értékek a vártakkal összhangban alakultak. A magyar populációktól legtávolabban a libériai (0,216) és spanyol (0,291) populációk álltak. A genetikai távolságértékek alapján kimutattuk, hogy bár a különbség nem jelentős, Lengyelország nyugati (Bydgoszcz és Wrocław) és keleti részének (Krakow, Bialowieza, Siedlice) méhállományaiban fajták közötti elkülönülés tapasztalható. A genetikai távolságértékek (F_{ST} , D_s) eredményeit az illeszkedés vizsgálat, a populáció szintű főkomponens analízis, valamint a Barrier programmal kapott állományok közötti határok egyaránt megerősítik. Ezzel ellentétben, a Structure programmal csupán a bydgoszczi populáció elkülönülése vált lehetségessé a magyar és más lengyel méhészetektől. Az illeszkedés vizsgálat eredményei alapján megállapítottuk, hogy a magyar populációk alapvetően homogének (93,6%) és a krajnai pannon méh alkotja, viszont kismértékben kimutattuk idegen fajták jelenlétét is. Hazánkban megjelennek a Buckfast vonal egyedei (1,7%), az olasz méh (*A. m. ligustica*) (2,5%) valamint a fekete méh Lengyelországból (*A. m. mellifera*) (2,1%).

Molekuláris genetikai kutatásaink mellett fajtajelleg vizsgálatokat is végeztünk, melyek segítségével a hazánkban esetlegesen előforduló *A. m. ligustica* fajta mutatható ki. A morfológiai vizsgálatokhoz ugyanazon 16 méhészetből gyűjtöttünk mintákat,

minden méhészetből, öt családot mintáztunk meg, minden családból 50-50 darab kifejlett dolgozó egyedet vizsgáltunk.

A Magyarországon alkalmazott három fő fajtajelleg vizsgálati paramétert (szín, szipóka hossza, kubitális index) az irodalom alapján alkalmasnak vélt K19-es szög felvételezésével egészítettük ki. A kubitális index az egyes méhészetek méhcsaládjainak átlaga alapján 3,06, valamint 2,51 érték között alakult, ahol a kapott átlagos eredmény 2,73. Megállapítottuk, hogy a vizsgálatba vont méhészetek alapján a kubitális index tekintetében a magyar méhállomány krajnai pannon jellegű. A szipóka hossza országos átlagban 6,6 mm, mely érték a méhcsaládok átlagai alapján 6,490 mm és 6,705 mm között alakult. A színvizsgálat alapján országos átlagban a magyar méhészetek 68,75%-ban mutatják a honos fajta jegyeit. A magyar méhállományban az ötös színkategória nem jelent meg, mely a továbbtenyésztés egyértelmű kizáró oka. Igazoltuk, hogy méhállományaink szipóka hossz és szín értékek alapján túlnyomó többségben a krajnai pannon méh jegyeit hordozzák. A K19-es szög mérési eredménye országos átlagban 78,56 értéket mutatott. Méréseink alapján a K19-es szög értékelésekor sokkal magasabb szórást tapasztaltunk, mint a kubitális index valamint a szipóka hosszúsága alapján. Az eredmények tükrében a vártakkal ellentétben nem az Olaszországhoz közelebb eső nyugati területekre, hanem az ország középső, keleti és délkeleti részére jellemző az olasz *A. m. ligustica* fajta megjelenése, melyet idegen fajtájú méhanyák behozatala okozhatott. A vizsgált 16 méhészetből 4 méhészet nem felelt meg a fajta sztenderdnek, ezért tenyésztésből való kizárásuk indokolt lenne. Tehát eredményeink alapján bizonyítottuk, hogy a magyar mézelőméh-populációkban jelen van az olasz fajta.

A molekuláris genetikai és fajtajelleg vizsgálatok eredményeinek összehasonlítását követően megállapítottuk, hogy a kapott eredmények részben összhangban voltak, viszont három vizsgált méhészetben (2, 4 és 14) mindkét módszer alkalmazásával kimutatható az olasz fajta.

Összességében megállapítottuk, hogy Magyarország mézelőméh-állományai közel egységesek, és krajnai pannon jellegűek. Jelenleg beltenyésztettség nem mutatható ki, valamint idegen fajták hatása csak csekély mértékben jellemző. Honos méhfajtánk védelme érdekében javaslatot tettünk a mesterséges termékenyítés országos szintű alkalmazására, továbbá a méhészek tenyész anyagának hivatalos méhanya nevelőktől történő beszerzésére.

9. SUMMARY

The endemic honeybee subspecies in Hungary, the so called Carniolan Pannonian bee (*Apis mellifera carnica pannonica*) has exceedingly adapted to our ecological conditions. Intensive breeding, natural hybridization as well as the importation of foreign queens can cause changes in the genetic stock of the subspecies. In order to detect the diversity of Hungarian honeybee populations and the presence of possible appearing foreign native subspecies various researches in the fields of mitochondrial DNA, microsatellite and morphological studies have been carried out.

For our study, which covered the whole of Hungary in the summer of 2010, 5-7 days old worker larvae samples in pre-covering stage from 16 apiaries were collected, and from each apiary 5 bee families were randomly chosen.

By using mitochondrial DNA analysis, the genetic structure of our domestic (n=96) and the foreign (n=84) honeybee populations were studied involving 53 reference sequences available in NCBI Genbank. A 421 bp long segment of mitochondrial DNA cytochrome-oxidase I gene was amplified using PCR.

After performing the Hungarian and the foreign samples 17 haplotypes were defined. Using the available reference sequences in NCBI database 5 further haplotypes were detected. The following unique haplotypes were detected - in the Hungarian population: Ht 8, Ht 11, Ht 12, Ht 16; in the Italian population: Ht 1, in the Wroclaw population: Ht 3; in the Bysgoszcz population: Ht 5, Ht 6, Ht 7; in the Spanish population: Ht 4, Ht 13, Ht 14, Ht 17 and in Liberia: Ht 15. The six haplotypes detected in Hungarian apiculture make up one haplogroup where Ht 16 is integrated into Ht 9. It was concluded that our country is characterised by the dominance of Ht 9, which consists of the following proportions of individuals: 1,3% of *A. m. mellifera* subspecies, 8,3% of *A. m. ligustica* subspecies and 7,05% of Buckfast line. Besides, the presence of the black bee in Ht 2 was also justified. The haplotype and nucleotide diversity of the examined populations showed either average or above average rates. Hungary is characterized by the average diversity of the detected haplotypes. The smallest distance rates appeared in the Hungarian population, along with the Polish Bialowieza population (0,06113), Siedlice population (0,04294) and Krakow population (0,16065). The low distance rates imply that the above mentioned three Polish populations - similarly to the Hungarian population - are Carniolan and the majority of the individuals belong to the C evolutionary lineage. The low distance rates between the Italian and the

Hungarian populations (0.27727) also prove the mutual origins. Both on the phylogenetic tree and according to the distance rates of F_{ST} , the Spanish and Liberian stocks considerably separate from Hungarian apicultures.

During the microsatellite analysis 236 (10 individuals belonging to Buckfast line) domestic and 106 foreign bee individuals were processed. To analyse the genetic diversity of the examined populations 9 polymorphic microsatellite markers were applied, which were run in three multiplexes.

Based on the results of the F-statistics it was concluded that considering all the examined loci a remarkable number of heterozygote individuals appeared. Hungarian apiculture is characterised by excessive heterozygosity; consequently, the rates of inbreeding factors are rather low so currently, inbreeding failure does not cause any problems in our country. On the 9 loci examined, 53 unique alleles in 29 populations were defined, furthermore, in the Hungarian populations 23 stock specific allele on 7 loci were detected. Most unique allele were detected on A107, A113 and A14 loci that is why these markers can be considered as most informative. Nine among the examined apiaries are characterised by the presence of individual alleles, with a particular emphasis on their protection. The pairwise F_{ST} values and Nei's corrected standard genetic divergence values (D_s) in the ten examined honey bee populations were in accordance with the expectations. The Liberian (0,216) and the Spanish (0,291) populations are situated the furthest from the Hungarian population. Based on the genetic divergence values it is shown that although the difference is not significant, a genetic barrier can be detected between the apiaries of the western (Bydgoszcz and Wrocław) and eastern (Kraków, Białowieża, Siedlce) part of Poland. The results from the genetic divergence values (F_{ST} , D_s) are equally confirmed by the goodness of fit test, the population-level Principal component analysis and the genetic barriers calculated by the Barrier software. However, the calculations of Structure software concluded that merely the population from Bydgoszcz is differentiated from the remaining Polish and the Hungarian populations. According to the results of the goodness of fit test, it can be declared that the Hungarian population is basically homogeneous (93,6%), made up of the Carniolan Pannonian form, nevertheless, to a lesser extent, the presence of exterior indigenous subspecies has also been detected. Individuals of the Buckfast lineage (1,7%), Italian bees (*A. m. ligustica*) (2,5%) and European dark bees from Poland (*A. m. mellifera*) (2,1%) can also be found in Hungary.

Along with the molecular genetic researches, morphological studies were also carried out, which showed the appearance of the *A. m. ligustica* subspecies. The same 16 apiaries were sampled for the morphological analysis, collecting from five colonies each apiary 50-50 mature individuals per colony.

To the three main parameters of morphological study applied in Hungary (pigmentation, proboscis length, cubital index) the variability of K19 angle was added, the latter considered adequate by scientific research. Cubital index ranged from 3.06 to 2.51, with an average of 2.73, according to the average values pertaining to the particular colonies of each apiaries. On the basis of the cubital indices of the examined apiaries, it can be concluded that the Hungarian honey bee population presents Carniolan Pannonian morphological traits. The national average of proboscis length is of 6.6 mm, derived from the average values of the colonies ranging from 6.490 to 6.705. Pigmentation analysis shows that on a national average Hungarian apiaries dispose of indigenous traits in 68.75%. Pigmentation category 5, a definite disqualificative factor in breeding, is not present in the Hungarian honey bee population. The study confirms that according to the proboscis length and pigmentation values, the national honey bee population predominantly bears the characteristic traits of the Carniolan Pannonian form. The results of K19 angle measurement reveals a national average of 78.56. With regards to the values of K19 angle a higher dispersion appears, compared to that of the cubital index or the proboscis length. In contrast with the expectations, it is not the western part of the country, nearer to Italy, but the central, eastern and south-eastern parts which are characterised by the presence of the Italian, *A. m. ligustica* subspecies, presumably because of the introduction of queens of exterior subspecies. From the 16 apiaries, 4 do not meet the requirements of subspecies standards, thus, the disqualification from breeding would be justifiable. Besides, the presence of the Italian subspecies has also been proved.

After the comparison of the results of genetic and morphological studies, we concluded that the given results partly confirmed each other, however in all three apiaries both methods can be used to demonstrate the presence of the Italian subspecies.

In conclusion, it can be determined that the honey bee population of Hungary is nearly homogeneous, bearing Carniolan Pannonian morphological traits, is not characterised by inbreeding, and the influence of exterior subspecies can only be detected to a lesser extent. In favour of the protection of the indigenous subspecies a recommendation for the application of a nation-level insemination program has been

made, as well as the promotion of official queen breeders as the only sources of breeding material for the apiaries.

10. PUBLIKÁCIÓS JEGYZÉK

1. *Abou-Shaara, H. F.*: 2013. A morphometry map and a new method for honey bee morphometric analysis by using the ArcGIS. *Arthropods*. 2. 4: 189-199.
2. *Abou-Shaara, H. F. - Al-Ghamdi, A. A.*: 2012. Studies on wings symmetry and honey bee races discrimination by using standard and geometric morphometrics. *Biotechnology in Animal Husbandry*. 28. 3: 575-584.
3. *Adam, B.*: 1964. In search of the best strains of bee. *Bee World*. 35. 12: 233-245.
4. *Aizen, M. A. – Harder, L. D.*: 2009. The global stock of domesticated honey bees is growing slower than agricultural demand for pollination. *Current Biology*. 19. 11: 915-918.
5. *Akác J.*: 1980. Méhünk fajtavizsgálata. *Méhészet*. 18. 7: 123.
6. *Akác J.*: 1981. Méhek fajtabélyeg vizsgálata, mesterséges termékenyítése. ÁTK IX. Vándorgyűlés, Gödöllő. 231-233.
7. *Akác J.*: 1982. The morphological characters and the honey-flow from the sunflower. *Méhészet*. 30. 3: 45.
8. *Akác J.*: 1982a. Méhcsaládok fajtabélyegei és a napraforgó mézhozamuk összefüggései. *Az ATK Közleményei*. Gödöllő. 193-195.
9. *Akác J.*: 1982b. Az *Apis mellifera* magyarországi változatainak értékelése a fontosabb fajtabélyegek alapján. Doktori értekezés. Debrecen. 37-68.
10. *Akác J.*: 1982c. Méhcsaládok fajtabélyegei és a napraforgó-mézhozam. *Méhészet*. 30. 3: 45.
11. *Akác J.*: 1983a. A magyarországi méhek szipókájának hosszúsága az 1982. évi vizsgálatok alapján. *Méhészet*. 31. 6: 2.
12. *Akác J.*: 1983b. A magyarországi mézelő méh szárnyjelzője. *Méhészet*. 31. 7: 2.
13. *Aplatov, V. V.*: 1948. The races of honeybees and their use in agriculture. Sredipriody, Moscow.
14. *Ashleigh, M.*: 2008. An introduction to understanding honeybees, their origins, evolution and diversity. http://www.bibba.com/origins_milner.html Utolsó hozzáférés: 2010. 11. 02.
15. *Attardi, G. – Schatz, G.*: 1998. Biogenesis of mitochondria. *Annual Review of Cell and Developmental Biology*. 14. 4: 289-333.
16. *Avise, J. C.*: 1994. Molecular Markers, Natural History, and Evolution. USA, New York.

17. Bakk F.: 1955. A magyarországi mézelőméh fajtavizsgálata. *Méhészet*. 12. 3: 223-227.
18. Bandelt, H. J. – Forster, P. – Röhl, A.: 1999. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*. 16. 1: 37-48.
19. Baurdy, E. – Solignac, M. – Garnery, L. – Gries, M. – Cornuet, J.-M. – Koeniger, N.: 1998. Relatedness among honeybees (*Apis mellifera*) of a drone congregation. *Proceedings of the Royal Society of London*. 265. 1409: 2009-2014.
20. Behura, S. K.: 2007. Analysis of nuclear copies of mitochondrial sequences in honeybee (*Apis mellifera*) genome. *Molecular Biology and Evolution*. 24. 7: 1492-1505.
21. Bereiter-Hann, J. – Voth, M.: 1994. Dynamics of mitochondria in living cells: shape changes, dislocations, fusion, and fission of mitochondria. *Microscopy Research Techniques*. 27. 3: 198-219.
22. Beye, M. – Gattermeier, I. – Hasselmann, M. – Gempe, T. – Schioett, M. – Baines, J. F. – Schlipalius, D. – Mougél, F. – Emore, C. – Rueppell, O. – Sirviö, A. – Guzmán-Novoa, E. – Hunt, G. – Solignac, M. – Page, R. E.: 2006. Exceptionally high levels of recombination across the honey bee genome. *Genome Research*. 16. 11: 1339-1344.
23. Bornus, L. – Demianowicz, A. – Gromisz, M.: 1966. Morfometryczne badania krajowej pszczoły miodnej. *Pszczelnicze Zeszytach Naukowych*. 10. 1-46.
24. Boigenzahn, C. – Willam, A.: 1999. Schätzung von Populationsparametern für die Toleranz der Honigbiene (*Apis mellifera carnica*) gegenüber *Varroa jacobsoni* Oudemans. *Apidologie*. 30. 6: 485-490.
25. Bouga, M. – Harizanis, P. C. – Kiliass, G. – Alahiotis, S.: 2005. Genetic divergence and phylogenetic relationships of honey bee *Apis mellifera* (Hymenoptera: Apidae) populations from Greece and Cyprus using PCR-RFLP analysis of three mtDNA segments. *Apidologie*. 36. 3: 335-344.
26. Brown, W. M. – George, M. J. – Wilson, A. C.: 1979. Rapid evolution of animal mitochondrial DNA. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 76. 4: 1967-1971.
27. Buttler-Reepen, H. V.: 1906. Beiträge zur Systematic, Biologie sowie zur geschichtlichen und geographischen Verbreitung der Honigbiene (*Apis mellifica* L.), ihrer Varietäten und der übrigen Apis-Arten. Apistica, Berlin.

28. *Cale, G. – Rothenbuhler, W.: 1979. Genetics and breeding of the honey bee. The hive and the honey bee. Illinois, USA.*
29. *Cameron, S. A.: 1991. A new tribal phylogeny of the Apidae inferred from mitochondrial DNA sequences. Diversity in the genus, Apis. Westview Press, Oxford.*
30. *Cameron, S. A.: 1993. Multiple origins of advanced eusociality in bees inferred from mitochondrial DNA sequences. Proceedings of the National Academy of Sciences. 90. 18: 8687-8691.*
31. *Cao, L. F. – Zheng, H. Q. – Hu, F. L. – Hepburn, H. R.: 2012. Genetic structure of Chinese Apis dorsata population based on microsatellites. Apidologie. 43. 6: 643-651.*
32. *Cauia, E. – Usurelu, D. – Magdalena, L. M. – Cimponeriu, D. – Apostol, P. – Siceanu, A. – Holban, A. – Gavrilă, L.: 2008. Preliminary researches regarding the genetic and morphometric characterization of honeybees (A. mellifera L.) from Romania. Zootehnie Biotehnologii. 41. 2: 278-286.*
33. *Ceksteryte, V. – Papluskienė, V. – Tamasauskienė, D. – Pasakinskiene, I. – Mazeikiene, I.: 2012. Genetic characterization of Lithuanian honeybee lines based on ISSR polymorphism. Apidologie. 43. 6: 652–662.*
34. *Chahbar, N. – Munoz, I. – Dall'Olio, R. – De la Rúa, P. – Serrano, J. – Doumandji, S.: 2013. Population structure of North African honey bees is influenced by both biological and anthropogenic factors. Journal of Insect Conservation. 17. 2: 385-392.*
35. *Collet, T. – Ferreira, K. M. – Arias, M. C. – Soares, A. E. E. – Del Lama, M. A.: 2006. Genetic structure of Africanized honeybee populations (Apis mellifera L.) from Brazil and Uruguay viewed through mitochondrial DNA COI-COII patterns. Heredity. 97. 5: 329-335.*
36. *Cornuet, J. M. – Garnery, L.: 1991. Mitochondrial DNA variability in honeybees and its phylogeographic implications. Apidologie. 22. 6: 627.*
37. *Cornuet, J. M. – Garnery, L. – Solignac, M.: 1991. Putative origin and function of the intergenetic region between COI and COII of Apis mellifera L. mitochondrial DNA. Genetics. 128. 2: 393-403.*
38. *Crozier, R. H. – Crozier, Y. C.: 1993. The mitochondrial genome of the honeybee Apis mellifera: complete sequence and genome organization. Genetics. 133. 1: 97-117.*

39. Crozier, R. H. – Crozier, Y. C. – Mackinlay, A. G.: 1989. The CO-I and CO-II region of honeybee mitochondrial DNA: Evidence for variation in insect mitochondrial evolutionary rates. *Molecular Biology and Evolution*. 6. 4: 399-411.
40. Dall'Olio, R. – Marino, A. – Lodesani, M. – Moritz, R. F. A.: 2007. Genetic characterization of Italian honeybees, *Apis mellifera ligustica*, based on microsatellite DNA polymorphisms. *Apidologie*. 38. 2: 207-217.
41. Davis, S. K. – Strassmann, J. E. – Huges, C. – Pletscher, L. S. – Templeton, A. R.: 1990. Population structure and kinship in *Polistes* (Hymenoptera: Vespidae): An analysis using ribosomal DNA and protein electrophoresis. *Evolution*. 44. 5: 1242-1253.
42. De la Rúa, P. – Gallián, J. – Serrano, J. – Moritz, R. F. A.: 2003. Genetic structure of Balearic honeybee populations based on microsatellite polymorphism. *Genetics Selection Evolution*. 35. 3: 339-350.
43. De la Rúa, P. - Hernández-García, R. – Pedersen, B. V. – Gallián, J. – Serrano, J.: 2004. Molecular diversity of honeybee *Apis mellifera iberica* L. (Hymenoptera: Apidae) from Western Andalusia. *Archivos de Zootecnia*. 202. 53: 195-203.
44. De la Rúa, P. – Jaffé, R. - Dall'Olio, R. – Munoz, I. – Serrano, J.: 2009. Biodiversity, conservation and current threats to European honeybees. *Apidologie*. 40. 3: 263-284.
45. Delaney, D. A. – Meixner, M. D. – Schiff, N. M. – Sheppard, W. S.: 2009. Genetic characterization of commercial honey bee (Hymenoptera: Apidae) Populations in the United States by using mitochondrial and microsatellite markers. *Annals of the Entomological Society of America*. 102. 4: 666-673.
46. Delaplane, K. S. – Mayer, D. F.: 2000. Crop pollination by bees. CAB, New York.
47. Dietz, A.: 1993. Honey bee of the World. The hive and honey bee. Graham, USA.
48. Diniz, N. M. – Soares, A. E. E. – Sheppard, W. S. - Del Lama, M. A.: 2003. Genetic structure of honeybee populations from southern Brazil and Uruguay. *Genetics and Molecular Biology*. 26. 1: 47-52.
49. Dömösök B.: 2008. A Varroa atka gyérítés és a jövedelmezőség összefüggései. *Méhészet*. 56. 4: 20-21.
50. Dudich E. – Loksa I. 1978. Állatrendszertan. Tankönyvkiadó, Budapest.

51. Dusan, P. – Ján, K. – Jaroslav, G. – Dusan, V. – Katarína, V. – Mária, B. – Miroslav, B.: 2013. Microsatellite analysis of the Slovak carniolan honey bee (*Apis mellifera carnica*). *Journal of Microbiology, Biotechnology and Food Sciences*. 2. 1: 1517-152.
52. Estoup, A. – Garnery, L. – Solignac, M. – Cornuet, J. M.: 1995a. Microsatellite variation in honey bee (*Apis mellifera* L.) populations: Hierarchical genetic structure and test of the infinite allele and stepwise mutation models. *Genetics*. 140. 2: 679-695.
53. Estoup, A. – Solignac, M. – Cornuet, J. M.: 1994. Precise assessment of the number of matings and of relatedness in honey bee colonies. *Proceedings of the Royal Society of London Biological Sciences*. 258. 1351: 1-7.
54. Estoup, A. – Solignac, M. – Harry, M. – Cornuet, J. M.: 1993. Characterization of (GT)_n and (CT)_n microsatellites in two-insect species: *Apis mellifera* and *Bombus terrestris*. *Nucleic Acids Research*. 21. 6: 1427-1431.
55. Estoup, A. – Tailliez, C. – Cornuet, J. M. – Solignac, M.: 1995b. Size homoplasy and mutational processes of interrupted microsatellites in two bee species, *Apis mellifera* and *Bombus terrestris* (Apidae). *Molecular Biology and Evolution*. 12. 6: 1074-1084.
56. Excoffier, L. – Laval, G. – Schneider, S.: 2005. Arlequin ver. 3.0: an integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics Online*. 2005. 1: 47-50.
57. Felsenstein, J.: 1993. Phylip, Phylogeny Inference Package, Version 3.6. Distributed by the Author. Department of Genetics. University of Washington, Seattle.
58. Fésüs L. - Komlósi I. - Varga, L. - Zsolnai A.: 2000. Molekuláris genetikai módszerek alkalmazása az állattenyésztésben. Agroiinform Kiadó és Nyomda Kft., Budapest.
59. Fondrk, M. K. – Page, R. E. – Hunt, G. J.: 1993. Paternity analysis of worker honeybees using randomly amplified polyorphic DNA. *Naturwissenschaften*. 80. 5: 226-231.
60. Franck, P. – Garnery, L. – Celebrano, M. – Solignac, M. – Cornuet, J. M.: 2000b. Hybrid origins of honeybee from Italy (*Apis mellifera ligustica*) and Sicily (*Apis mellifera sicula*). *Molecular Ecology*. 9. 7: 907-921.

61. Franck, P. – Garnery, L. – Loiseau, A. – Oldroyd, B. P. – Hepburn, H. R. – Celebrano, M. – Solignac, M. – Cornuet, J. M.: 2001. Genetic diversity of the honeybee in Africa: microsatellite and mitochondrial data. *Heredity*. 86. 4: 420-430.
62. Franck, P. – Garnery, L. – Solignac, M. – Cornuet, J. M.: 1998. The origin of the west European subspecies of honeybees (*Apis mellifera*): new insights from microsatellite and mitochondrial data. *Evolution*. 52. 4: 1119-1134.
63. Franck, P. – Garnery, L. – Solignac, M. – Cornuet, J. M.: 2000a. Molecular confirmation of a fourth lineage in honeybees from the Near East. *Apidologie*. 31. 2: 167-180.
64. Fries, I. – Lindström, A.: 2011. Betegségekkel szemben ellenálló méhek tenyésztése. Swedish Journal of Agricultural Research. Fordította: Dr. Békési László és Nagy Judit. <http://www.mehtenyesztok.hu/download/BetegseggelSzembenalloMehTeny.pdf> Utolsó hozzáférés: 2014. 04. 02.
65. Gallai, N. – Salles, J. – Settele, J. – Vaissiere, B.: 2009. Economic valuation of the vulnerability of world agriculture confronted with pollinator decline. *Ecological Economics*. 68. 3: 810-821.
66. Garnery, L. – Franck, P. – Baudry, E. – Vautrin, D. – Cornuet, J. M. – Solignac, M.: 1998. Genetic biodiversity of the west European honeybee (*Apis mellifera mellifera* and *Apis mellifera iberica*) II. Microsatellite DNA. *Genetics Selection Evolution*. 30. 1: 49-74.
67. Garnery, L. – Solignac, M. – Celebrano, G. – Cornuet, J. M.: 1993. A simple test using restricted PCR-amplified mitochondrial DNA to study the genetic structure of *Apis mellifera* L. *Experientia*. 49. 11: 1016-1021.
68. Gennis, R. B.: 1992. Site-directed mutagenesis studies on subunit I of the aa3-type cytochrome c oxidase of *Rhodobacter sphaeroides*: a brief review of progress to date. *Biochimica et Biophysica Acta*. 1101. 2: 184-187.
69. Goetz, G.: 1940. Die beste Biene. Liedloff. Loth und Michaelis, Leipzig.
70. Goetz, G.: 1959. Die Bedeutung des Flügelgeaders für züchterische Beurteilung der Honigbiene. *Zeitschrift Bieneforsch.* 4. 141-148.
71. Goudet, J.: 2001. FSTAT, a program to estimate and test gene diversity and fixation indices (version 2.9.3). <http://www.unil.ch/izea/software/fstat.html> Utolsó hozzáférés: 2014. 01. 26.

72. Gregorc, A. – Lokar, V.: 2010. Selection criteria in an apiary of carniolan honey bee (*Apis mellifera carnica*) colonies for queen rearing. *Journal Central European Agriculture*. 11. 4: 401-408.
73. Grimaldi, D. – Engel, M. S.: 2005. Evolution of the Insects. Cambridge University Press.
74. Gromisz, M. – Skowronek, W.: 1975. Ocena przesunięcia dyskoidalnego w systematyce pszczoły miodnej. *Pszczelnicze Zeszytych Naukowych*. 19. 93-107.
75. Gruber, K. – Schöning, C. – Otte, M. – Kinuthia, W. – Hasselmann, M.: 2013. Distinct subspecies or phenotypic plasticity? Genetic and morphological differentiation of mountain honey bees in East Africa. *Ecology and Evolution*. 3. 10: 3204-3218.
76. Gubicza A.: 1981a. Dolgozó méhek küllemi tulajdonságainak vizsgálata a tenyésztanyag kiválasztása céljából. *Méhészet*. 29. 4: 64.
77. Gubicza A.: 1981b. A méhek biológiája. Magyarországon elterjedt házi méhek (*Apis mellifica* L.) szipókahossza. *Méhészet*. 29. 6: 105.
78. Gubicza A.: 1982a. A Magyarországon elterjedt háziméhek szárnyainak vizsgálata. *Méhészet*. 30. 9: 184.
79. Gubicza A.: 1982b. A Magyarországon elterjedt házi méhek szárnyainak vizsgálata. *Méhészet*. 30. 8: 16.
80. Gubicza A.: 1982c. A szipóka hosszúsága, a viasztükör mérete és a potrohgyűrűk szélessége. *Méhészet*. 30. 1: 6.
81. Hall, T. A.: 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. Oxford University Press. *Nucleic Acid Symposium Series*. 41. 1: 95-98.
82. Hasegawa, M. – Kishino, H. – Yano, T.: 1985. Dating of the human-ape splitting by a molecular clock of mitochondrial DNA. *Journal of Molecular Evolution*. 22. 2: 160-174.
83. Hepburn, H. R. – Radloff, S. E. – Fuchs, S.: 1999. Flight machinery dimensions of honeybees, *Apis mellifera*. *Journal of Comparative Physiology*. 169. 2: 107-112.
84. Horn A.: 1976. Állattenyésztés 1. Mezőgazdasági Kiadó, Budapest.
85. Horváth J. – Szalai T. – Szalainé M. E.: 2013. Hazai Pannon méhünk 1. *Méhészet*. 61. 4: 10-11.
86. Hunt, G. J. – Page, R. E.: 1995. Linkage map of the honey bee, *Apis mellifera*, based on RAPD markers. *Genetics*. 193. 3: 1371-1382.

87. Il'yasov, R. A. – Petukhov, A. V. – Poskryakov, A. V. – Nikolenko, A. G.: 2007. Local honeybee (*Apis mellifera mellifera* L.) populations in the Urals. *Russian Journal of Genetics*. 43. 6: 709-711.
88. Ivanova, E. – Ivgin, R. – Kece, M. – Kence, A.: 2004. Genetic variability in honey bee populations from Bulgaria and Turkey. First European Conference of Apidology Udine. Italy. Abstract. 45.
89. Ivanova, E. – Staykova, T.: 2005. Genetic variability in different colonies from *Apis mellifera* L. populations. Proceedings of the Balkan Scientific Conference of Biology in Plovdiv. Bulgaria. 584-593.
90. Jensen, A. B. – Palmer, K. A. – Boomsma, J. J. – Pedersen, B. V.: 2005. Varying degrees of *Apis mellifera ligustica* introgression in protected populations of the black honeybee, *Apis mellifera mellifera*, in northwest Europe. *Molecular Ecology*. 14. 1: 93-106.
91. Jensen, A. B. – Pedersen, B. V.: 2004. Honeybee conservation: a case story from Laeso Island, Denmark. Sustainable bee breeding. Northern Bee Books. Mytholmroyd, Hebden Bridge.
92. Jerzy, S. – Jaroslaw, P. – Bozena, C. M. – Grzegorz, P.: 2002. Operation rate and sensitivity of devices used for determining cubital index value. *Journal of Apicultural Science*. 46. 2: 35-39.
93. Jin, B. R. – Lee, M. L. – Choi, Y. S. – Kim, H. K. – Lee, K. G. – Kim, N. S. – Hong, I. P. – Lee, M. Y.: 2011. Genetic diversity of *Apis mellifera* and *Apis cerana* in Korea by Mitochondrial DNA and ITS ribosomal sequence. Food and Agriculture Organization of the United Nations. <http://www.agris.fao.org/records/KR2011001504> Utolsó hozzáférés: 2014. 02. 19.
94. Kamel, S. M. – Osman, M. A. M. – Mahmoud, M. F. – Mohamed, K. M. – Abd Allah, S. M.: 2013. Morphometric study of newly emerged unmated queens of honey bee *Apis mellifera* L. in Ismailia Governorate, Egypt. *Arthropods*. 2. 2: 80-88.
95. Kamrani, B. – Pirany, N. – Hashemi, A. – Kamrani, M.: 2012. Genetic characterization of honey bees (Hymenoptera: *Apidae*) populations from north west of Iran using RAPD markers. *Technical Journal of Engineering and Applied Sciences*. 2. 12: 430-435.

96. Kandemir, I. – Kence, M. – Sheppard, W. S. – Kence, A.: 2006. Mitochondrial DNA variation in honeybee (*Apis mellifera* L.) populations from Turkey. *Journal of Apicultural Research*. 45. 1: 33-38.
97. Kandemir, I. – Özkan, A. – Fuchs, S.: 2011. Reevaluation of honeybee (*Apis mellifera*) microtaxonomy: a geometric morphometric approach. *Apidologie*. 42. 5: 618–627.
98. Katti, M. V. – Ranjekar, P. K. – Gupta, V. S.: 2001. Differential distribution of simple sequence repeats in eucaryotic genomes. *Molecular Biology and Evolution*. 18. 7: 1161-1167.
99. Kauhausen, D. – Keller, A.: 1991. Biometrische Unterscheidung zwischen *Apis mellifera carnica* Poll. und allen anderen Rassen von *Apis mellifera* L. *Apidologie*. 22. 2: 97-103.
100. Kekecoglu, M. – Bouga, M. – Soysal, M. I. – Harizanis, P.: 2007. Morphometrics as a tool for the study of genetic variability of honey bee. *Journal of Tekirdag Agricultural Faculty*. 4. 1: 7-15.
101. Kerr, W. E.: 1967. The history of the introduction of African bees to Brasil. *South African Bee Journal*. 39. 2: 3-5.
102. Khanbash, M. S.: 1988. Eltérő ökotípusú méhcsaládok értékelése termelési és etológiai paraméterek alapján. Kandidátusi értekezés. Debrecen.
103. Kozmus, S. – Stevanovic, J. – Stanimirovic, Z. – Stojic, V. – Kulisic, Z. – Meglic, V.: 2007. Analysis of mitochondrial DNA in honey bee (*Apis mellifera*) from Serbia. *Acta Veterinaria Serbica*. 57. 5-6: 465-476.
104. Latorre, A. – Moya, A. – Ayala, F. J.: 1986. Evolution of mitochondrial DNA in *Drosophila subobscura*. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 83. 22: 8649-8653.
105. Li, W. H.: 1997. Molecular Evolution. Sinauer, Sunderland.
106. Librando, P. – Rozas, J.: 2009. DnaSPv5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*. 25. 11: 1451-1452.
107. Ludányi I.: 1998. A mézelő méh (*Apis mellifera* L.) Magyarországon használatos morfológiai bélyegei és a mézhozam közötti kapcsolat. *Állattenyésztés és Takarmányozás*. 47. 1: 39-47.
108. Lunt, D. H. – Zhang, D. X. – Szimura, J. M. – Hewitt, G. M.: 1996. The insect cytochrom oxidase I gene: evolutionary pattern and conserved primers for phyogenetic studies. *Insect Molecular Biology*. 5. 3: 153-165.

109. Mackensen, O.: 1943. The occurrence of parthenogenetic females in some strains of honey bees. *Journal of Economic Entomology*. 36. 465-467.
110. Manni, E. – Guérard, E. – Heyer, E.: 2004. Geographic patterns of (genetic, morphologic, linguistic) variation: how barriers can be detected by “Monmonier’s algorithm”. *Human Biology*. 76. 2: 173-190.
111. Marghitas, L. A. – Dezmirean, D. – Teleki, O. – Furdui, E. – Moise, A. – Stan, L. – Mihai, C. – Pece, A. – Coroian, C.: 2009. Biodiversity testing of Transilvanian honeybee populations using mtDNA markers. *Bulletin UASVM Animal Science and Biotechnologies*. 66. 1-2: 402-406.
112. Maul, V. – Hahnle, A.: 1994. Morphometric studies with pure bred stock of *Apis mellifera carnica* Pollmann from Hessen. *Apidologie*. 25. 2: 119-132.
113. Méh Teljesítményvizsgálati Kódex.: 1995. Országos Mezőgazdasági Minősítő Intézet. Budapest.
114. Méh Teljesítményvizsgálati Kódex.: 2003. Országos Mezőgazdasági Minősítő Intézet. Budapest.
115. Meixner, M. D. – Sheppard, W. S. – Poklukar, J.: 1993. Asymmetrical distribution of a mitochondrial DNA polymorphism between two introgressing honey bee subspecies. *Apidologie*. 24. 2: 147-153.
116. Meixner, M. D. – Pinto, M. A. – Bouga, M. – Kryger, P. – Ivanova, E. – Fuchs, S.: 2013. Standard methods for characterising subspecies and ecotypes of *Apis mellifera*. *Journal of Apicultural Research*. 52. 4: 1-24.
117. Melo, G. A. R. – Goncalves, R. B.: 2005. Higher-level bee classifications (Hymenoptera, Apoidea, Apidae sensu lato). *Revista Brasileira de Zoologia*. 22. 1: 153-159.
118. Miguel, I. – Iriondo, M. – Garnery, L. – Sheppard, W. S. – Estonba, A.: 2007. Gene flow within the M evolutionary lineage of *Apis mellifera*: role of the Pyrenees, isolation by distance and post-glacial re-colonization routes in the western Europe. *Apidologie*. 38. 2: 141-155.
119. Mogbel, A. - El-Niweiri, A. – Shaibi, T. – Adam, E. A. O.: 2013. Mitochondrial genetic analysis of the honeybee *Apis mellifera* L. (Hymenoptera: Apidae) in the Arab Land. *Persian Gulf Crop Protection*. 2. 1: 25-34.
120. Molnár J. - Farkas I.: 1983. Vizsgálatok egyes méh populációkban a szipókahossz valamint a szárnyindex és az akácmézhozam összefüggéseiről. *Az ÁTK Közleményei*. Gödöllő. 337-340.

121. Munoz, I. - Dall'Olio, R. – Lodesani, M. - De la Rúa, P.: 2009. Population genetics structure of coastal Croatian honeybees (*Apis mellifera carnica*). *Apidologie*. 40. 6: 617-626.
122. Munoz, I. - De la Rúa, P.: 2012. Temporal analysis of the genetic diversity in a honey bee mating area of an island population (La Palma, Canary Islands, Spain). *Journal of Apicultural Science*. 56. 1: 41-48.
123. Munoz, I. – Pinto, M. A. - De la Rúa, P.: 2013. Temporal changes in mitochondrial diversity highlights contrasting population events in Macaronesian honey bees. *Apidologie*. 44. 3: 295–305.
124. Nathan, M. S. – Sheppard, W. S.: 1995. Southeastern United States honey bee. *Journal of Economic Entomology*. 88. 5: 1216-1220.
125. Nazzi, F.: 1992. Morphometric analysis of honey bees from an area of racial hybridization in northeastern Italy. *Apidologie*. 23. 2: 89-96.
126. Nedic, N. – Jevtic, G. – Jez, G. – Anelkovic, B. – Milosavljevic, S. – Kostic, M.: 2011. Forewing differentiation of the honey bees from Serbia. *Biotechnology in Animal Husbandry*. 27. 3: 1387-1394.
127. Nedic, N. – Stanisavljevic, L. – Mladenovic, M. – Sganisavljevic, J.: 2009. Molecular characterization of the honeybee *Apis mellifera carnica* in Serbia. *Archives of Biological Science Belgrade*. 61. 4: 587-598.
128. Nei, M.: 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*. 89. 3: 583-590.
129. Nikolova, S. R. – Ivanova, E. N.: 2011. Investigation on genetic variability in honey bee population from Bulgaria based on microsatellite analysis. Coloss Workshop. Plovdiv. Bulgaria.
130. Nikolova, S. R. – Ivanova, E. N.: 2012. Genetic variability in a local Bulgarian honey bee population. *Acta Zoologica Bulgarica*. 64. 1: 199-204.
131. Nzeduru, C. V. – Ranca, S. – Wilkinson, M. J.: 2012. DNA barcoding simplifies environmental risk assessment of genetically modified crops in biodiverse regions. *PLoS One*. 7. 5: e35929.
132. Oldroyd, B. P. – Sylvester, H. A. – Wongsiri, S. – Rinderer, T. E.: 1994. Task specialization in a wild bee, *Apis florea* (Hymenoptera: Apidae), revealed by RFLP banding. *Behavioral Ecology and Sociobiology*. 34. 1: 25-30.

133. Oleksa, A. – Chybicki, I. – Tofilski, A. – Burczyk, J.: 2011. Nuclear and mitochondrial patterns of introgression into native dark bees (*Apis mellifera mellifera*) in Poland. *Journal of Apicultural Research*. 50. 2: 116-129.
134. Örsösi P. Z.: 1934. A magyarországi méhek ormányának hosszúsága. Debreceni szemle.
135. Örsösi P. Z.: 1957. Méhek között. Mezőgazdasági Kiadó, Budapest.
136. Özdil, F. – Aytekin, I. – Ilhan, F. – Boztepe, S.: 2012. Genetic variation in Turkish honeybees *Apis mellifera anatoliaca*, *A. m. caucasica*, *A. m. meda* (Hymenoptera: Apidae) inferred from RFLP analysis of three mtDNA regions (16S rDNA-COI-ND5). *European Journal of Entomology*. 109. 161-167.
137. Özdil, F. – Ilhan, F.: 2012. Phylogenetic relationship of Turkish *Apis mellifera* subspecies based on sequencing of mitochondrial cytochrome C oxidase I region. *Genetics and Molecular Research*. 11. 2: 1130-1141.
138. Özdil, F. – Yildiz, M. A. – Hall, H. G.: 2009. Molecular characterization of Turkish honey bee populations (*Apis mellifera*) inferred from mitochondrial DNA RFLP and sequence results. *Apidologie*. 40. 5: 570-576.
139. Paetkau, D. – Calvert, W. – Sterling, I. – Strobeck, C.: 1995. Microsatellite analysis of population structure in Canadian polar bears. *Molecular Ecology*. 4. 3: 347-354.
140. Page, R. D. M.: 1996. TREEVIEW: an application to display phylogenetic trees on personal computers. *Computer Applications in the Biosciences*. 12. 4: 357-358.
141. Papp L.: 1997. Zootaxonómia. A Magyar Természettudományi Múzeum és a Dabas-Jegyzet Kft. közös kiadása, Dabas.
142. Peakall, R. – Smouse, P. E.: 2006. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes*. 6. 1: 288-295.
143. Peer, D. F.: 1957. Further studies on the mating range of the honey bee. *Canadian Entomologist*. 89. 3: 108-110.
144. Pinto, A. M. – Rubic, W. L. – Patton, J. C. – Coulson, R. N. – Johnston, J. S.: 2005. Africanization in the United States. *Genetics*. 170. 4: 1653-1665.
145. Pinto, M. A. – Henriques, D. – Neto, M. – Guedes, H. – Munoz, I. – Azevedo, J. C. - De la Rúa, P.: 2013. Maternal diversity patterns of Ibero-Atlantic populations reveal further complexity of Iberian honeybees. *Apidologie*. 44. 4: 430-439.

146. Pinto, M. A. – Munoz, I. - Chávez-Galarza, J. - De la Rúa, P.: 2012. The Atlantic side of the Iberian Peninsula: a hot-spot of novel African honey bee maternal diversity. *Apidologie*. 43. 6: 663–673.
147. Poinar, G. O. – Danforth, B. N.: 2006. A fossil bee from early Cretaceous Burmese amber. *Science*. 314. 5799: 614.
148. Previtali, C. – Bongioni, G. – Costa, C. – Lodesani, M. – Galli, A.: 2008. Observation by microsatellite DNA analysis of sperm usage in naturally mated honeybee queens (*Apis mellifera ligustica*) over a period of two years. *Italian Journal of Animal Science*. 7. 4: 465-478.
149. Pritchard, J. K. – Stephens, M. – Donnelly, P.: 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*. 155. 2: 945-959.
150. Raar, J. – Oldroyd, B. P. – Huettinger, E. – Kastberger, G.: 2004. Genetic structure of an *Apis dorsata* population: The significance of migration and colony aggregation. *Journal of Heredity*. 95. 2: 119-126.
151. Radloff, S. E. – Hepburn, R. – Bangay, L. J.: 2003. Quantitative analysis of intracolony and intercolony morphometric variance in honeybees, *Apis mellifera* and *Apis cerana*. *Apidologie*. 34. 4: 339-351.
152. Révay T. – Török É. – Bodzsár N. – Zajác E. – Békési L. – Szalainé M. E. – Hidas A.: 2009. Genetic diversity of Hungarian honeybee colonies based on morphological and RAPD markers. COLOSS Work shop new molecular tools. Bern. Switzerland.
153. Rortais, A. – Arnold, G. – Alburaki, M. – Legout, H. – Garnery, L.: 2011. Review of the DraI COI-COII test for the conservation of the black honeybee (*Apis mellifera mellifera*). *Conservation Genetics Resources*. 3. 2: 383-391.
154. Rosenberg, N. A.: 2004. Distruct: a program for the graphical display of population structure. *Molecular Ecology Notes*. 4. 1: 137-138.
155. Rothenbuhler, W. C. – Kullenevic, J. – Kerr, E.: 1968. Bee genetics. *Annual Review of Genetics*. 2. 1: 413-438.
156. Rothenbuhler, W. C.: 1960. A technique for studying genetics of colony behavior in honey bees. *American Bee Journal*. 100. 176-191.
157. Rowe, D. J. – Rinderer, T. E. – Stelzer, J. A. – Oldroyd, B. P. – Crozier, R. H.: 1997. Seven polymorphic microsatellite loci in honeybees (*Apis mellifera*). *Insectes Sociaux*. 44. 2: 85-93.

158. Ruttner, F.: 1969. Biometrische Charakterisierung der österreichischen *Carnica*-Biene. *Zeitschrift Bienenforsch.* 9. 469-503.
159. Ruttner, F. – Mackensen, O.: 1952. The genetics of the honey bee. *Bee World.* 33. 71-79.
160. Ruttner, F.: 1988. Biogeography and Taxonomy of Honeybees. Springer-Verlag, Berlin. Heidelberg.
161. Ruttner, F.: 1992. Naturgeschichte der Honigbienen. München.
162. Ruttner, F. – Tassencourt, L. – Louveaux, J.: 1978. Biometrical-statistical analysis of the geographic variability of *Apis mellifera* L. *Apidologie.* 9. 4: 363-381.
163. Saraste, M.: 1990. Structural features of cytochrome oxidase. *Quarterly Reviews of Biophysics.* 23. 4: 331-366.
164. Schaefer, H. – Renner, S. S.: 2008. A phylogeny of the oil bee tribe Ctenoplectrini (Hymenoptera: Anthophila) based on mitochondrial and nuclear data: evidence for early Eocene divergence and repeated out-of-Afrika dispersal. *Molecular Phylogenetics and Evolution.* 47. 2: 799-811.
165. Scheffler, I. E.: 1999. Mitochondria. John Wiley and Sons Inc., New York.
166. Schnell, I. B. – Fraser, M. – Willerslev, E. – Thomas, M. – Gilbert, P.: 2010. Characterisation of insect and plant origins using DNA extracted from small volumes of bee honey. *Arthropod-Plant Interactions.* 4. 2: 107-116.
167. Sheffield, C. S. – Hebert, P. D. – Kevan, P. G. – Packer, L.: 2009. DNA barcoding a regional bee (Hymenoptera: Apoidea) fauna and its potential for ecological studies. *Molecular Ecology Resources.* 9. 1: 196-207.
168. Sheppard, W. S. – Berlocher, S. H.: 1984. Enzyme polymorphisms in *Apis mellifera mellifera* from Norway. *Journal of Apicultural Research.* 23. 2: 64-69.
169. Sheppard, W. S. – Meixner, M. D.: 2003. *Apis mellifera pomonella*, a new honey bee subspecies from Central Asia. *Apidologie.* 34. 4: 367-375.
170. Smith, D. R. – Brown, M.: 1988. Polymorphisms in mitochondrial DNA of European and Africanized honeybees (*Apis mellifera*). *Experientia.* 44. 3: 257-260.
171. Smith, D. R. – Palopoli, M. F. – Taylor, B. R. – Garnery, L. – Cornuet, J. M. – Solignac, M. – Brown, M.: 1991. Geographical overlap of two mitochondrial genomes in Spanish honeybees (*Apis mellifera iberica*). *Journal of Heredity.* 82. 2: 96-100.

172. Soland-Reckeweg, G.: 2006. Genetic differentiation and hybridization in the honeybee (*Apis mellifera* L.) in Switzerland. Doktori disszertáció. Universitat Bern. Switzerland.
173. Solignac, M. – Moguel, F. – Vautrin, D. – Monnerot, M. – Cornuet, J. M.: 2007. A third-generation microsatellite-based linkage map of the honey bee, *Apis mellifera*, and its comparison with the sequence-based physical map. *Genome Biology*. 8. 4: R66.
174. Solignac, M. – Vautrin, D. – Baudry, E. – Mougél, F. – Loiseau, A. – Cornuet, J. M.: 2004. A microsatellite-based linkage map of the honeybee, *Apis mellifera* L. *Genetics*. 167. 1: 253-262.
175. Solignac, M. – Vautrin, D. – Loiseau, A. – Mougél, F. – Baudry, E. – Estoup, A. – Garnery, L. – Haberl, M. – Cornuet, J. M.: 2003. Five hundred and fifty microsatellite markers for the study of the honeybee (*Apis mellifera* L.) genome. *Molecular Ecology Notes*. 3. 2: 307-311.
176. Solorzano, C. D. – Szalanski, A. L. – Kence, M. – McKern, J. A. – Austin, J. V. – Kence, A.: 2009. Phylogeography and population genetics of honeybees (*Apis mellifera*) from Turkey based on COI-COII sequence data. *Sociobiology*. 53. 1: 237-246.
177. Spivak, M. D. – Fletcher, J. C. – Breed, M. D.: 1991. Introduction the „African” honey bee. Westview Press, Boulder.
178. Susnik, S. – Kozmus, P. – Poklukar, J. – Meglic, V.: 2004. Molecular characterization of indigenous *Apis mellifera carnica* in Slovenia. *Apidologie*. 35. 6: 623-636.
179. Sutovsky, P. – Moreno, R. D. - Ramalho-Santos, J. – Dominko, T. – Simerly, C. – Schatten, G.: 2000. Ubiquitinated sperm mitochondria, selective proteolysis, and the regulation of mitochondrial inheritance in mammalian embryos. *Biology of Reproduction*. 63. 2: 582-590.
180. Szalainé M. E.: 2002. Gazdasági állataink – Fajtatan: Méh. Mezőgazda Kiadó, Budapest.
181. Szalainé M. E.: 2008. Méheink közös afrikai őstől származnak. http://www.biokontroll.hu/cms/index.php?option=com_content&view=article&catid=10%3AAbioallatoktartasa&id=296%3Ameheink-koezoes-afrikai-stl-szarmaznak&Itemid=43 Utolsó hozzáférés: 2014. 02. 18.

182. Szalainé M. E.: 2009. Fajok, fajta, krajnai fajta. www.mehtenyestok.hu/htm
Utolsó hozzáférés: 2014. 02. 18.
183. Szalainé M. E. - Molnár J.: 2000. A mézelő méh tenyésztése, a méhanya nevelése. KÁTKI Méhtenyésztési és Méhbiológiai Osztály. Gödöllő. Tisza Nyomda Kft., Szolnok.
184. Szalanski, A. L. – Magnus, R. M.: 2010. Mitochondrial DNA characterization of africanized honey bee (*Apis mellifera* L.) populations from the USA. *Journal of Apicultural Research and Bee World*. 49. 2: 177-185.
185. Tamura, K. – Peterson, D. – Peterson, N. – Stecher, G.: 2011. MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. *Molecular Biology and Evolution*. 28. 10: 2731-2739.
186. Tanaka, H. – Roubik, D. W. – Kato, M. – Liew, F. – Gunsalam, M.: 2001. Phylogenetic position of *Apis nuluensis* of northern Borneo and phylogeography of *A. cerana* as inferred from mitochondrial DNA sequences. *Insectes Sociaux*. 48. 1: 44-51.
187. The Honeybee Genome Sequencing Consortium: 2006. Insights into social insects from the genome of the honeybee *Apis mellifera*. *Nature*. 443. 7114: 931-949.
188. Thompson, J. D. – Toby, J. G. – Frédéric, P. – Francois, J. – Desmond, G. H.: 1997. The CLUSTAL_X windows interface: flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools. *Nucleic Acids Research*. 25. 24: 4876-4882.
189. Tofilski, A.: 2008. Using geometric morphometrics and standard morphometry to discriminate three honeybee subspecies. *Apidologie*. 39. 5: 558-563.
190. Weber, J. L.: 1990. Informativeness of human (dC-dA) (dG-dT) polymorphisms. *Genomics*. 7. 4: 524-530.
191. Woyke, J.: 1962. Natural and artificial insemination of queen honeybees. *Pszczelnicze Zeszytach Naukowych*. 6. 183-275.
192. Wright, S.: 1965. The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. *Evolution*. 19. 3: 395-420.
193. Yeh, F. C. – Yang, R. – Boyle, T.: 1999. Popgene version 1.32: Microsoft Windows-based freeware for population genetic analysis. University of Alberta. Edmonton. <http://www.ualberta.ca/~fyeh/download.htm>. Utolsó hozzáférés: 2014. 02. 18.

194. Internet1. <http://genmegorzes.hu/hu/m%C3%A9hteny%C3%A9szt%C3%A9si%C3%A9s-g%C3%A9nmeg%C5%91rz%C3%A9si-csoport.html>
 195. Internet2. <http://barnsleybeekeepers.org.uk/species.html>
 196. Internet3. <http://napidoktor.hu/cikk/169.20268/Meztermeles-hazankban>
 197. Internet4. <http://mt.mehtenyestok.hu/index.php/pannon-meh>
 198. Internet5. http://www.tankonyvtar.hu/en/tartalom/tamop425/0019_1A_Nepegeszssegugyi_genomika/ch02.html
 199. Internet6. <http://apismelliferacarnica.eu/Authentic%20Apis%20mellifera%20carnica%20Our%20Breeding%20program.html>
 200. Internet7. <http://www.apispro.de/forschung/morphometrie/cubindex.htm>
 201. Internet8. <http://www.lepesmez.com/mezfajta.htm>
 202. Internet9. <http://www.glenn-apiaries.com/genetics.html>
 203. Internet10. <http://www.faostat3.fao.org/faostat-gateway/go/to/download/Q/QL/E>
-
- 67/2010. (V. 12.) FVM rendelet a méhanya nevelő telep üzemeltetéséről, valamint a méhanya és szaporítóanyag előállításáról, felhasználásáról.
 1993. CXIV. törvény az állattenyésztésről.
 - 152/2004. (X.18.) FVM. A Magyar Méhészeti Nemzeti Program alapján a központi költségvetés, valamint az Európai Mezőgazdasági Orientációs és Garancia Alap társfinanszírozásában megvalósuló támogatások igénybevételének általános szabályairól.
 - 27/1975. (XII. 28.) MÉM rendelet a méhészettről szóló 15/1969. (XI. 6.) MÉM rendelet kiegészítéséről.
 - 47/2010. (XII. 31.) VM rendelet melléklete: A Magyar Méhészeti Nemzeti Program 2010-2013.
 - 30/1994. (VI. 28) FM rendelet a tenyésztő szervezetkénti elismerés, továbbá egyes tenyészállatokra vonatkozó törzskönyv, valamint tenyésztési főkönyv vezetésének és a származási igazolás kiállításának szabályairól.

11. PUBLIKÁCIÓK AZ ÉRTEKEZÉS TÉMAKÖRÉBEN

Tudományos közlemény idegen nyelvű, lektorált folyóiratban:

1. Zakar E.-Jávor A.-Kusza Sz.: 2014. Genetic bases of tolerance to *Varroa destructor* in honey bees. *Insectes Sociaux*. ISSN 0020-1812. (2012. IF: 1,331) (in press)

Tudományos közlemények magyar nyelvű, lektorált folyóiratban:

1. Péntek-Zakar E.-Jávor A.-Kusza Sz.: 2014. A mézhozam és a mézelő méh (*Apis mellifera* L.) morfológiai bélyegei közötti összefüggések vizsgálata. Irodalmi áttekintés. *Agrártudományi Közlemények*. ISSN 1587-1282. (in press)
2. Zakar E.-Zajác E.-Rácz T.-Oláh J.-Jávor A.-Kusza Sz.: 2013. A hazai mézelő méh (*Apis mellifera* L.) populációk fajtajelleg vizsgálata. *Agrártudományi Közlemények*. 2013. 51: 59-63. ISSN 1587-1282.
3. Zakar E.-Oláh J.-Jávor A.-Kusza Sz.: 2012. Mikroszatellit markerek felhasználása a házi méhek (*Apis mellifera* L.) kutatásában. Irodalmi összefoglaló. *Állattenyésztés és Takarmányozás*. 61. 1: 37-46. ISSN 0230-1814.
4. Zakar E.-Oláh J.-Jávor A.-Kusza Sz.: 2012. A hazai mézelő méh (*Apis mellifera* L.) populációk genetikai távolságbecslésének vizsgálata. Előzetes közlemény. *Agrártudományi Közlemények*. 2012. 48: 61-64. ISSN 1587-1282.
5. Zakar E.-Oláh J.-Jávor A.-Kusza Sz.: 2011. Az ALH, HR78 és ND gének expressziójának változása atkafertőzöttség (*Varroa destructor* Oud.) hatására mézelő méhben (*Apis mellifera* L.). *Állattenyésztés és Takarmányozás*. 60. 1: 55-63. ISSN 0230-1814.

Ismeretterjesztő publikációk:

1. Zakar E.-Oláh J.-Kusza Sz.: 2013. A fajtajelleg vizsgálat története Világviszonylatban I. *Méhészet*. 61. 9: 10-11. ISSN 0465-6016.
2. Zakar E.-Oláh J.-Kusza Sz.: 2013. A fajtajelleg vizsgálat története Világviszonylatban II. *Méhészet*. 61. 10: 10-11. ISSN 0465-6016.
3. Péntek-Zakar E.-Zajác E.-Rácz T.-Oláh J.-Kusza Sz.: 2013. Fajtajelleg vizsgálat eredményei Magyarországon. *Méhészet*. 62. 1: 6-7. ISSN 0465-6016.

4. Zakar E.-Oláh J.-Kusza Sz.: 2010. Az ázsiai nagy méhatka. *Méhészet*. 58. 10: 3. ISSN 0465-6016.

Konferenciák:

Idegen nyelvű absztrakt:

1. Zakar E.-Zajác E.-Rác T.-Oláh J.-Jávor A.-Kusza Sz.: 2013. Morphometric study of Hungarian honey bee (*Apis mellifera* L.) colonies. The 3rd Central European Section Meeting of the International Union for the Study of Social Insects. 2013. szeptember 14-18. Kolozsvár. Románia. 51.

Magyar nyelvű nem lektorált konferencia kiadvány:

1. Zakar E.-Oláh J.-Jávor A.-Kusza Sz.: 2011. Magyarországi házi méh populációk (*Apis mellifera* L.) genetikai távolságbecslése morfológiai adatok és mikroszatellit markerek alapján. I. AG-Biotech Debrecen Konferencia. Debrecen. 9.

A kutatási témához közvetlenül nem kapcsolódó publikációk:

1. Tanács L.-Körmöczy L.-Zakar E.: 2011. A Duna-Tisza közti homoki sztyepprétek vadméh-közösségének hosszú távú változásai. *Natura Somogyiensis*. 2011. 19: 201-222. ISSN 1587-1908.
2. Tanács L.-Bereczkiné K. E.-Mészáros A.-Zakar E.: 2011. Viráglátogató vadméh (*Hymenoptera*, *Apoidea*) közösség értékelése faunisztikai és szinbiológiai szempontok szerint Kisbugac-pusztán 2006-2008 között. *Agrár- és Vidékfejlesztési Szemle*. 6. 2: 222-233. ISSN 1788-5345.

Idegen nyelvű poszter:

1. Szabó Gy.-Horváth R.-Zakar E.-Kozák L.-Lengyel Sz.: 2010. The effect of grassland restoration on bee communities – a preliminary study in Hortobágy National Park, Hungary. Seventh International Congress of Hymenopterists in Kőszeg, Hungary.

12. MELLÉKLET

Egyed	Fajta	Város	Ország	Ht	Származási vonal	Forrás
2A	<i>Apis mellifera carnica</i>	2.	Magyarország	9	C	saját minta
2B	<i>Apis mellifera carnica</i>	2.	Magyarország	9	C	saját minta
2C	<i>Apis mellifera carnica</i>	2.	Magyarország	12	C	saját minta
9A	<i>Apis mellifera carnica</i>	2.	Magyarország	9	C	saját minta
9B	<i>Apis mellifera carnica</i>	2.	Magyarország	9	C	saját minta
9C	<i>Apis mellifera carnica</i>	2.	Magyarország	12	C	saját minta
10B	<i>Apis mellifera carnica</i>	8.	Magyarország	9	C	saját minta
2A	<i>Apis mellifera carnica</i>	8.	Magyarország	9	C	saját minta
2B	<i>Apis mellifera carnica</i>	8.	Magyarország	9	C	saját minta
2C	<i>Apis mellifera carnica</i>	8.	Magyarország	9	C	saját minta
9A	<i>Apis mellifera carnica</i>	8.	Magyarország	9	C	saját minta
9C	<i>Apis mellifera carnica</i>	8.	Magyarország	9	C	saját minta
2	Buckfast vonal	15.	Magyarország	9	C	saját minta
2.1	Buckfast vonal	15.	Magyarország	9	C	saját minta
2.10	Buckfast vonal	15.	Magyarország	9	C	saját minta
2.3	Buckfast vonal	15.	Magyarország	9	C	saját minta
2.5	Buckfast vonal	15.	Magyarország	9	C	saját minta

2.7	Buckfast vonal	15.	Magyarország	9	C	saját minta
4	Buckfast vonal	15.	Magyarország	9	C	saját minta
6	Buckfast vonal	15.	Magyarország	9	C	saját minta
8	Buckfast vonal	15.	Magyarország	9	C	saját minta
9	Buckfast vonal	15.	Magyarország	9	C	saját minta
2A	<i>Apis mellifera carnica</i>	5.	Magyarország	9	C	saját minta
2B	<i>Apis mellifera carnica</i>	5.	Magyarország	9	C	saját minta
2C	<i>Apis mellifera carnica</i>	5.	Magyarország	9	C	saját minta
9A	<i>Apis mellifera carnica</i>	5.	Magyarország	9	C	saját minta
9B	<i>Apis mellifera carnica</i>	5.	Magyarország	9	C	saját minta
9C	<i>Apis mellifera carnica</i>	5.	Magyarország	9	C	saját minta
2B	<i>Apis mellifera carnica</i>	9.	Magyarország	9	C	saját minta
2C	<i>Apis mellifera carnica</i>	9.	Magyarország	9	C	saját minta
4A	<i>Apis mellifera carnica</i>	9.	Magyarország	9	C	saját minta
5A	<i>Apis mellifera carnica</i>	9.	Magyarország	9	C	saját minta
8B	<i>Apis mellifera carnica</i>	9.	Magyarország	9	C	saját minta
8C	<i>Apis mellifera carnica</i>	9.	Magyarország	9	C	saját minta
1C	<i>Apis mellifera carnica</i>	13.	Magyarország	9	C	saját minta
2A	<i>Apis mellifera carnica</i>	13.	Magyarország	9	C	saját minta
3B	<i>Apis mellifera carnica</i>	13.	Magyarország	9	C	saját minta

9A	<i>Apis mellifera carnica</i>	13.	Magyarország	9	C	saját minta
9B	<i>Apis mellifera carnica</i>	13.	Magyarország	9	C	saját minta
9C	<i>Apis mellifera carnica</i>	13.	Magyarország	9	C	saját minta
2B	<i>Apis mellifera carnica</i>	3.	Magyarország	9	C	saját minta
2C	<i>Apis mellifera carnica</i>	3.	Magyarország	9	C	saját minta
3A	<i>Apis mellifera carnica</i>	3.	Magyarország	9	C	saját minta
8C	<i>Apis mellifera carnica</i>	3.	Magyarország	9	C	saját minta
9B	<i>Apis mellifera carnica</i>	3.	Magyarország	9	C	saját minta
10A	<i>Apis mellifera carnica</i>	3.	Magyarország	9	C	saját minta
2A	<i>Apis mellifera carnica</i>	6.	Magyarország	9	C	saját minta
2B	<i>Apis mellifera carnica</i>	6.	Magyarország	16	C	saját minta
2C	<i>Apis mellifera carnica</i>	6.	Magyarország	11	C	saját minta
9A	<i>Apis mellifera carnica</i>	6.	Magyarország	11	C	saját minta
9B	<i>Apis mellifera carnica</i>	6.	Magyarország	16	C	saját minta
9C	<i>Apis mellifera carnica</i>	6.	Magyarország	9	C	saját minta
2A	<i>Apis mellifera carnica</i>	14.	Magyarország	9	C	saját minta
2B	<i>Apis mellifera carnica</i>	14.	Magyarország	9	C	saját minta
2C	<i>Apis mellifera carnica</i>	14.	Magyarország	9	C	saját minta
7C	<i>Apis mellifera carnica</i>	14.	Magyarország	9	C	saját minta
9A	<i>Apis mellifera carnica</i>	14.	Magyarország	9	C	saját minta

9B	<i>Apis mellifera carnica</i>	14.	Magyarország	9	C	saját minta
2A	<i>Apis mellifera carnica</i>	15.	Magyarország	9	C	saját minta
2B	<i>Apis mellifera carnica</i>	15.	Magyarország	2	C	saját minta
2C	<i>Apis mellifera carnica</i>	15.	Magyarország	2	C	saját minta
9A	<i>Apis mellifera carnica</i>	15.	Magyarország	9	C	saját minta
9B	<i>Apis mellifera carnica</i>	15.	Magyarország	2	C	saját minta
9C	<i>Apis mellifera carnica</i>	15.	Magyarország	2	C	saját minta
2C	<i>Apis mellifera carnica</i>	14.	Magyarország	10	C	saját minta
7C	<i>Apis mellifera carnica</i>	14.	Magyarország	10	C	saját minta
9A	<i>Apis mellifera carnica</i>	14.	Magyarország	9	C	saját minta
9B	<i>Apis mellifera carnica</i>	14.	Magyarország	9	C	saját minta
2A	<i>Apis mellifera carnica</i>	15.	Magyarország	9	C	saját minta
2B	<i>Apis mellifera carnica</i>	15.	Magyarország	9	C	saját minta
2C	<i>Apis mellifera carnica</i>	15.	Magyarország	9	C	saját minta
9A	<i>Apis mellifera carnica</i>	15.	Magyarország	9	C	saját minta
9B	<i>Apis mellifera carnica</i>	15.	Magyarország	9	C	saját minta
9C	<i>Apis mellifera carnica</i>	15.	Magyarország	9	C	saját minta
1A	<i>Apis mellifera carnica</i>	12.	Magyarország	9	C	saját minta
2B	<i>Apis mellifera carnica</i>	12.	Magyarország	9	C	saját minta
2C	<i>Apis mellifera carnica</i>	12.	Magyarország	9	C	saját minta

9A	<i>Apis mellifera carnica</i>	12.	Magyarország	9	C	saját minta
9B	<i>Apis mellifera carnica</i>	12.	Magyarország	9	C	saját minta
9C	<i>Apis mellifera carnica</i>	12.	Magyarország	9	C	saját minta
10B	<i>Apis mellifera carnica</i>	1.	Magyarország	9	C	saját minta
1C	<i>Apis mellifera carnica</i>	1.	Magyarország	9	C	saját minta
2A	<i>Apis mellifera carnica</i>	1.	Magyarország	9	C	saját minta
2B	<i>Apis mellifera carnica</i>	1.	Magyarország	9	C	saját minta
9A	<i>Apis mellifera carnica</i>	1.	Magyarország	9	C	saját minta
9C	<i>Apis mellifera carnica</i>	1.	Magyarország	9	C	saját minta
10C	<i>Apis mellifera carnica</i>	7.	Magyarország	9	C	saját minta
1A	<i>Apis mellifera carnica</i>	7.	Magyarország	9	C	saját minta
1B	<i>Apis mellifera carnica</i>	7.	Magyarország	9	C	saját minta
2C	<i>Apis mellifera carnica</i>	7.	Magyarország	9	C	saját minta
8A	<i>Apis mellifera carnica</i>	7.	Magyarország	9	C	saját minta
9B	<i>Apis mellifera carnica</i>	7.	Magyarország	9	C	saját minta
5C	<i>Apis mellifera carnica</i>	16.	Magyarország	9	C	saját minta
4B	<i>Apis mellifera carnica</i>	16.	Magyarország	9	C	saját minta
3A	<i>Apis mellifera carnica</i>	16.	Magyarország	9	C	saját minta
4C	<i>Apis mellifera carnica</i>	16.	Magyarország	9	C	saját minta
5A	<i>Apis mellifera carnica</i>	16.	Magyarország	9	C	saját minta

5B	<i>Apis mellifera carnica</i>	16.	Magyarország	9	C	saját minta
1B	<i>Apis mellifera carnica</i>	7.	Magyarország	9	C	saját minta
2C	<i>Apis mellifera carnica</i>	7.	Magyarország	9	C	saját minta
8A	<i>Apis mellifera carnica</i>	7.	Magyarország	9	C	saját minta
9B	<i>Apis mellifera carnica</i>	7.	Magyarország	9	C	saját minta
5C	<i>Apis mellifera carnica</i>	16.	Magyarország	9	C	saját minta
4B	<i>Apis mellifera carnica</i>	16.	Magyarország	9	C	saját minta
3A	<i>Apis mellifera carnica</i>	16.	Magyarország	9	C	saját minta
4C	<i>Apis mellifera carnica</i>	16.	Magyarország	9	C	saját minta
5A	<i>Apis mellifera carnica</i>	16.	Magyarország	9	C	saját minta
5B	<i>Apis mellifera carnica</i>	16.	Magyarország	9	C	saját minta
2B	<i>Apis mellifera carnica</i>	11.	Magyarország	8	C	saját minta
2C	<i>Apis mellifera carnica</i>	11.	Magyarország	9	C	saját minta
9A	<i>Apis mellifera carnica</i>	11.	Magyarország	9	C	saját minta
9B	<i>Apis mellifera carnica</i>	11.	Magyarország	8	C	saját minta
9C	<i>Apis mellifera carnica</i>	11.	Magyarország	9	C	saját minta
2A	<i>Apis mellifera carnica</i>	11.	Magyarország	9	C	saját minta
2A	<i>Apis mellifera carnica</i>	4.	Magyarország	9	C	saját minta
2B	<i>Apis mellifera carnica</i>	4.	Magyarország	9	C	saját minta
2C	<i>Apis mellifera carnica</i>	4.	Magyarország	9	C	saját minta

9A	<i>Apis mellifera carnica</i>	4.	Magyarország	9	C	saját minta
9B	<i>Apis mellifera carnica</i>	4.	Magyarország	9	C	saját minta
9C	<i>Apis mellifera carnica</i>	4.	Magyarország	9	C	saját minta
2A	<i>Apis mellifera carnica</i>	10.	Magyarország	9	C	saját minta
2B	<i>Apis mellifera carnica</i>	10.	Magyarország	9	C	saját minta
2C	<i>Apis mellifera carnica</i>	10.	Magyarország	9	C	saját minta
6B	<i>Apis mellifera carnica</i>	10.	Magyarország	9	C	saját minta
8C	<i>Apis mellifera carnica</i>	10.	Magyarország	9	C	saját minta
9A	<i>Apis mellifera carnica</i>	10.	Magyarország	9	C	saját minta
PolandA10	<i>Apis mellifera mellifera</i>	Bydgoszcz	Lengyelország	5	M	kontroll minta
PolandA11	<i>Apis mellifera mellifera</i>	Bydgoszcz	Lengyelország	9	M	kontroll minta
PolandA14	<i>Apis mellifera mellifera</i>	Bydgoszcz	Lengyelország	5	M	kontroll minta
PolandA18	<i>Apis mellifera mellifera</i>	Bydgoszcz	Lengyelország	7	M	kontroll minta
PolandA4	<i>Apis mellifera mellifera</i>	Bydgoszcz	Lengyelország	7	M	kontroll minta
PolandA6	<i>Apis mellifera mellifera</i>	Bydgoszcz	Lengyelország	5	M	kontroll minta
PolandA7	<i>Apis mellifera mellifera</i>	Bydgoszcz	Lengyelország	5	M	kontroll minta
PolandA7(2)	<i>Apis mellifera mellifera</i>	Bydgoszcz	Lengyelország	2	M	kontroll minta
PolandA9	<i>Apis mellifera mellifera</i>	Bydgoszcz	Lengyelország	5	M	kontroll minta
Poland1	<i>Apis mellifera carnica</i>	Bialowieza	Lengyelország	9	C	kontroll minta
Poland10	<i>Apis mellifera carnica</i>	Bialowieza	Lengyelország	9	C	kontroll minta

Poland2	<i>Apis mellifera carnica</i>	Bialowieza	Lengyelország	9	C	kontroll minta
Poland3	<i>Apis mellifera carnica</i>	Bialowieza	Lengyelország	9	C	kontroll minta
Poland4	<i>Apis mellifera carnica</i>	Bialowieza	Lengyelország	9	C	kontroll minta
Poland5	<i>Apis mellifera carnica</i>	Bialowieza	Lengyelország	9	C	kontroll minta
Poland6	<i>Apis mellifera carnica</i>	Bialowieza	Lengyelország	9	C	kontroll minta
Poland7	<i>Apis mellifera carnica</i>	Bialowieza	Lengyelország	2	C	kontroll minta
Poland9	<i>Apis mellifera carnica</i>	Bialowieza	Lengyelország	2	C	kontroll minta
PolandK1	<i>Apis mellifera carnica</i>	Krakkow	Lengyelország	10	C	kontroll minta
PolandK10	<i>Apis mellifera carnica</i>	Krakkow	Lengyelország	9	C	kontroll minta
PolandK2	<i>Apis mellifera carnica</i>	Krakkow	Lengyelország	9	C	kontroll minta
PolandK3	<i>Apis mellifera carnica</i>	Krakkow	Lengyelország	9	C	kontroll minta
PolandK4	<i>Apis mellifera carnica</i>	Krakkow	Lengyelország	9	C	kontroll minta
PolandK5	<i>Apis mellifera carnica</i>	Krakkow	Lengyelország	2	C	kontroll minta
PolandK6	<i>Apis mellifera carnica</i>	Krakkow	Lengyelország	9	C	kontroll minta
PolandK7	<i>Apis mellifera carnica</i>	Krakkow	Lengyelország	9	C	kontroll minta
PolandK8	<i>Apis mellifera carnica</i>	Krakkow	Lengyelország	2	C	kontroll minta
PolandK9	<i>Apis mellifera carnica</i>	Krakkow	Lengyelország	2	C	kontroll minta
PolandS1	<i>Apis mellifera carnica</i>	Siedlice	Lengyelország	9	C	kontroll minta
PolandS10	<i>Apis mellifera carnica</i>	Siedlice	Lengyelország	9	C	kontroll minta
PolandS11	<i>Apis mellifera carnica</i>	Siedlice	Lengyelország	9	C	kontroll minta

PolandS14	<i>Apis mellifera carnica</i>	Siedlice	Lengyelország	9	C	kontroll minta
PolandS2	<i>Apis mellifera carnica</i>	Siedlice	Lengyelország	9	C	kontroll minta
PolandS3	<i>Apis mellifera carnica</i>	Siedlice	Lengyelország	9	C	kontroll minta
PolandS6	<i>Apis mellifera carnica</i>	Siedlice	Lengyelország	2	C	kontroll minta
PolandS7	<i>Apis mellifera carnica</i>	Siedlice	Lengyelország	9	C	kontroll minta
PolandS9	<i>Apis mellifera carnica</i>	Siedlice	Lengyelország	2	C	kontroll minta
PolandS13	<i>Apis mellifera carnica</i>	Siedlice	Lengyelország	9	C	kontroll minta
PolandW1	<i>Apis mellifera mellifera</i>	Wroclaw	Lengyelország	3	M	kontroll minta
PolandW2	<i>Apis mellifera mellifera</i>	Wroclaw	Lengyelország	3	M	kontroll minta
PolandW4	<i>Apis mellifera mellifera</i>	Wroclaw	Lengyelország	3	M	kontroll minta
PolandW5	<i>Apis mellifera mellifera</i>	Wroclaw	Lengyelország	3	M	kontroll minta
PolandW6	<i>Apis mellifera mellifera</i>	Wroclaw	Lengyelország	9	M	kontroll minta
PolandA2	<i>Apis mellifera carnica</i>	Bydgoszcz	Lengyelország	6	C	kontroll minta
SpainGalicia	<i>Apis mellifera iberica</i>	Galicia	Spanyolország	13	M	kontroll minta
SpainCantabria	<i>Apis mellifera iberica</i>	Cantabria	Spanyolország	17	M	kontroll minta
SpainCastillaLeon	<i>Apis mellifera iberica</i>	Castilla Leon	Spanyolország	17	M	kontroll minta
Murcia5	<i>Apis mellifera iberica</i>	Murcia	Spanyolország	17	M	kontroll minta
SpainMurcia1	<i>Apis mellifera iberica</i>	Murcia	Spanyolország	17	M	kontroll minta
SpainMurcia2	<i>Apis mellifera iberica</i>	Murcia	Spanyolország	17	M	kontroll minta
SpainMurcia3	<i>Apis mellifera iberica</i>	Murcia	Spanyolország	17	M	kontroll minta

SpainMurcia4	<i>Apis mellifera iberica</i>	Murcia	Spanyolország	17	M	kontroll minta
SpainNavarra	<i>Apis mellifera iberica</i>	Navarra	Spanyolország	4	M	kontroll minta
SpainPaisVasco	<i>Apis mellifera iberica</i>	Pais Vasco	Spanyolország	14	M	kontroll minta
Afrika1	<i>Apis mellifera adansonii</i>	Jibloo	Libéria	15	A	kontroll minta
Afrika10	<i>Apis mellifera adansonii</i>	Jibloo	Libéria	15	A	kontroll minta
Afrika11	<i>Apis mellifera adansonii</i>	Jibloo	Libéria	15	A	kontroll minta
Afrika12	<i>Apis mellifera adansonii</i>	Jibloo	Libéria	15	A	kontroll minta
Afrika13	<i>Apis mellifera adansonii</i>	Jibloo	Libéria	15	A	kontroll minta
Afrika4	<i>Apis mellifera adansonii</i>	Jibloo	Libéria	15	A	kontroll minta
Afrika5	<i>Apis mellifera adansonii</i>	Jibloo	Libéria	15	A	kontroll minta
Afrika7	<i>Apis mellifera adansonii</i>	Jibloo	Libéria	15	A	kontroll minta
Afrika8	<i>Apis mellifera adansonii</i>	Jibloo	Libéria	15	A	kontroll minta
Afrika9	<i>Apis mellifera adansonii</i>	Jibloo	Libéria	15	A	kontroll minta
Italy1	<i>Apis mellifera ligustica</i>	Bologna	Olaszország	9	C	kontroll minta
Italy10	<i>Apis mellifera ligustica</i>	Bologna	Olaszország	9	C	kontroll minta
Italy11	<i>Apis mellifera ligustica</i>	Bologna	Olaszország	9	C	kontroll minta
Italy13	<i>Apis mellifera ligustica</i>	Bologna	Olaszország	1	C	kontroll minta
Italy14	<i>Apis mellifera ligustica</i>	Bologna	Olaszország	1	C	kontroll minta
Italy2	<i>Apis mellifera ligustica</i>	Bologna	Olaszország	9	C	kontroll minta
Italy4	<i>Apis mellifera ligustica</i>	Bologna	Olaszország	9	C	kontroll minta

Italy5	<i>Apis mellifera ligustica</i>	Bologna	Olaszország	9	C	kontroll minta
Italy7	<i>Apis mellifera ligustica</i>	Bologna	Olaszország	9	C	kontroll minta
Italy8	<i>Apis mellifera ligustica</i>	Bologna	Olaszország	9	C	kontroll minta
AF214668.1	<i>Apis mellifera</i>	nem ismert	nem ismert	9		Tanaka és mtsai (2001)
AF250946.1	<i>Apis mellifera</i>	nem ismert	nem ismert	9		nem publikált
AY114452.1	<i>Apis mellifera ligustica</i>	nem ismert	nem ismert	9	C	
AY114453.1	<i>Apis mellifera ligustica</i>	nem ismert	nem ismert	9	C	
AY114454.1	<i>Apis mellifera ligustica</i>	nem ismert	nem ismert	9	C	
AY114455.1	<i>Apis mellifera ligustica</i>	nem ismert	nem ismert	9	C	
AY114458.1	<i>Apis mellifera ligustica</i>	nem ismert	nem ismert	10	C	
AY114459.1	<i>Apis mellifera mellifera</i>	nem ismert	nem ismert	20	M	
AY114460.1	<i>Apis mellifera ligustica</i>	nem ismert	nem ismert	1	C	
AY114461.1	<i>Apis mellifera carnica</i>	nem ismert	nem ismert	10	C	
AY114462.1	<i>Apis mellifera carnica</i>	nem ismert	nem ismert	9	C	
AY114463.1	<i>Apis mellifera carnica</i>	nem ismert	nem ismert	9	C	
AY114464.1	<i>Apis mellifera carnica</i>	nem ismert	nem ismert	9	C	
AY114465.1	Buckfast vonal	nem ismert	nem ismert	9		
AY114467.1	<i>Apis mellifera caucasica</i>	nem ismert	nem ismert	9	O	nem publikált
AY114470.1	<i>Apis mellifera anatolica</i>	nem ismert	nem ismert	18	O	
AY114471.1	<i>Apis mellifera anatolica</i>	nem ismert	nem ismert	9	O	

AY114473.1	<i>Apis mellifera macedonica</i>	nem ismert	nem ismert	9	C	
AY114474.1	<i>Apis mellifera macedonica</i>	nem ismert	nem ismert	9	C	
AY114475.1	<i>Apis mellifera adami</i>	nem ismert	nem ismert	9	O	
AY114476.1	<i>Apis mellifera adami</i>	nem ismert	nem ismert	9	O	
AY114478.1	<i>Apis mellifera iberica</i>	nem ismert	nem ismert	19	M	
AY114479.1	<i>Apis mellifera iberica</i>	nem ismert	nem ismert	17	M	
AY114480.1	<i>Apis mellifera sicula</i>	nem ismert	nem ismert	1	M	
AY114481.1	<i>Apis mellifera sicula</i>	nem ismert	nem ismert	17	M	
AY114482.1	<i>Apis mellifera sicula</i>	nem ismert	nem ismert	9	M	
AY114483.1	<i>Apis mellifera sicula</i>	nem ismert	nem ismert	17	M	
EU122081.1	<i>Bombus pascorum</i>	nem ismert	nem ismert	9		Schaefer és Renner (2008)
FJ582088.1	<i>Apis mellifera</i>	nem ismert	nem ismert	10		
FJ582089.1	<i>Apis mellifera</i>	nem ismert	nem ismert	9		
FJ582090.1	<i>Apis mellifera</i>	nem ismert	nem ismert	10		Sheffield és mtsai (2009)
FJ582091.1	<i>Apis mellifera</i>	nem ismert	nem ismert	9		
FJ582092.1	<i>Apis mellifera</i>	nem ismert	nem ismert	9		
GU979496.1	<i>Apis mellifera carnica</i>	nem ismert	nem ismert	9	C	
GU979497.1	<i>Apis mellifera caucasica</i>	nem ismert	nem ismert	9	O	Jin és mtsai (2011)
GU979498.1	<i>Apis mellifera ligustica</i>	nem ismert	nem ismert	9	C	

HM017968.1	<i>Apis mellifera carnica</i>	nem ismert	nem ismert	9	C	Schnell és mtsai (2010)
HM017969.1	<i>Apis mellifera</i>	nem ismert	nem ismert	9		
HQ978594.1	<i>Apis mellifera</i>	nem ismert	nem ismert	9		nem publikált
HQ978595.1	<i>Apis mellifera</i>	nem ismert	nem ismert	9		
JF700128.1	<i>Apis mellifera</i>	nem ismert	nem ismert	9		nem publikált
JQ350734.1	<i>Apis mellifera</i>	nem ismert	nem ismert	9		nem publikált
JQ733229.1	<i>Apis mellifera</i>	nem ismert	nem ismert	22		
JQ733242.1	<i>Apis mellifera</i>	nem ismert	nem ismert	22		
JQ733243.1	<i>Apis mellifera</i>	nem ismert	nem ismert	17		
JQ733244.1	<i>Apis mellifera</i>	nem ismert	nem ismert	15		
JQ733245.1	<i>Apis mellifera</i>	nem ismert	nem ismert	15		Nzeduru és mtsai (2012)
JQ733246.1	<i>Apis mellifera</i>	nem ismert	nem ismert	17		
JQ733288.1	<i>Apis mellifera mellifera</i>	nem ismert	nem ismert	3	M	
JQ733289.1	<i>Apis mellifera</i>	nem ismert	nem ismert	21		
KC135895.1	<i>Apis mellifera</i>	nem ismert	nem ismert	2		nem publikált
L26580.1	<i>Apis mellifera mellifera</i>	nem ismert	nem ismert	3	M	nem publikált
M23409.1	<i>Apis mellifera</i>	nem ismert	nem ismert	9		Crozier és mtsai (1989)

RÖVIDÍTÉSEK JEGYZÉKE

A – adenin	<i>N hap</i> – haplotípusok száma
<i>Ap</i> – átlagos allélszám	ND2 – NADH-ubiquinon oxidoreduktáz
ATP – adenzin-trifoszfát	2
C – citozin	<i>Np</i> – privát allélok gyakorisága
CI – kubitális index	p - szignifikancia
COI – citokróom-oxidáz I. alegység	PCR – polimeráz láncreakció
COII – citokróom-oxidáz II. alegység	PGM – foszfo-glükomutáz
cytb – citokróom b	<i>Pi</i> – nukleotid diverzitás
DNS – dezoxi-ribonukleinsav	PIC – polimorfizmus index
dNTP – dezoxiribonukleozid trifoszfátok	RAPD – véletlenszerűen amplifikált polimorf DNS
<i>Ds</i> – sztenderd genetikai távolság	RFLP – restrikciós fragment hossz polimorfizmus
EST - észterzár	RNS – ribonukleinsav
<i>F_{IS}</i> – beltenyésztettség együttható	SPM – Szkenner és Photoshop program
<i>F_{IT}</i> – a faj szintjén kimutatható teljes változatosság	T – timin
<i>F_{ST}</i> – populációk közötti változatosság	tRNS – transzfer RNS
G – guanin	π – bázisok megoszlása
<i>Hd</i> – haplotípus diverzitás	
<i>He</i> – várt heterozigotizás	
HK - hexokináz	
HKY – Hasegawa Kishino Yano	
<i>Ho</i> – valós heterozigotizás	
Ht – haplotípus	
K – csoportok száma	
MCMC – Markov Chain Monte Carlo	
MDH – malát dehidrogenáz	
MMOE – Magyar Méhtenyésztők Országos Egyesülete	
mtDNS – mitokondriális DNS	
n – elemszám	

ÁBRÁK JEGYZÉKE

1. **ábra:** Magyarország méztermelése 2000 és 2011 között
2. **ábra:** Az *Apis* nemben a fajok közötti rokoni kapcsolat
3. **ábra:** A méhfajták elterjedési területei és evolúciós származási vonalai
4. **ábra:** A krajnai fajta ökotípusainak elterjedési területei
5. **ábra:** A mézelő méhek kromoszóma száma
6. **ábra:** A mézelő méh mitokondriális genomjának térképe
7. **ábra:** A COI-COII gének közötti régió struktúrája
8. **ábra:** Sanger-féle szekvenálás
9. **ábra:** A vizsgálatba vont hazai illetve kontroll méhészetek
10. **ábra:** A pannon méh megengedett potroh színeződése (S, I) és nem kívánatos színeződése (II, III) a fajtasztenderd alapján
11. **ábra:** A mézelő méh szipókájának hossza
12. **ábra:** A mézelő méh kubitális indexe
13. **ábra:** A mézelő méh első szárnyán mérhető K19-es szög
14. **ábra:** A kubitális index mérésének folyamata a Méhtenyésztési és Génmegőrzési Csoport Intézetében (Gödöllő)
15. **ábra:** COI régióban azonosított 17 mézelő méh haplotípus
16. **ábra:** Maximum Likelihood filogenetika fa, Hasegawa Kishino Yano plusz Gamma modell
17. **ábra:** A magyar, külföldi kontroll valamint 53 referencia szekvencia által meghatározott haplotípusok egymáshoz való viszonya Median-Joining Network analízissel
18. **ábra:** Főkomponens analízis a vizsgált tíz mézelőméh-populációra vonatkozóan
19. **ábra:** Főkomponens analízis
20. **ábra:** Delaunay háromszög módszer és F_{ST} távolságértékek alapján Monmonier algoritmussal szerkesztett fajták közötti elkülönülés a vizsgált mézelőméh-populációk között
21. **ábra:** A vizsgált mézelőméh-populációk klaszteranalízise (K- csoportok száma), Nei-féle korrigált sztenderd genetikai távolság (D_s) alapján szerkesztett UPGMA filogenetikai fa
22. **ábra:** A molekuláris genetikai és a fajtajelleg vizsgálati eredmények összehasonlítása

TÁBLÁZATOK JEGYZÉKE

1. **táblázat:** A világ első öt méz előállító országa, az értékek ezer tonnában értendők
2. **táblázat:** A PCR analízis során alkalmazott mikroszatellit primerek jellemzői
3. **táblázat:** A magyar és lengyel mézelőméh-populációk haplotípus megoszlása
4. **táblázat:** A vizsgált populációk mtDNS diverzitás indexei
5. **táblázat:** A referencia szekvencia alapján meghatározott variábilis pozíciók
6. **táblázat:** A populációk közötti páronkénti F_{ST} értékek
7. **táblázat:** Az egyes lókuszok heterozigotizására és információ tartalmára vonatkozó eredmények
8. **táblázat:** A vizsgált mézelőméh-populációk heterozigotizása
9. **táblázat:** A vizsgált populációk Hardy-Weinberg egyensúlytól való eltérése
10. **táblázat:** Fixációs indexek (F_{IT} , F_{ST} , F_{IS}) a vizsgált mézelőméh-populációkban
11. **a, b táblázat:** A vizsgált populációk génkészletében azonosított specifikus allélok
12. **táblázat:** A vizsgált egyedek génkészletében azonosított fajtaspecifikus allélok
13. **táblázat:** Páronként F_{ST} értékek (átló alatt) és Nei-féle korrigált sztenderd genetikai távolság (D_s) (átló felett)
14. **táblázat:** A vizsgált populációk közötti AMOVA teszt eredményei
15. **táblázat:** Páronkénti F_{ST} értékek fajtánként
16. **táblázat:** „Assignment teszt”, illeszkedés vizsgálat eredményei
17. **táblázat:** „Assignment test”, illeszkedés vizsgálat eredményei egyedi szinten
18. **táblázat:** A vizsgált négy fajtajelleg vizsgálati paraméter átlaga valamint minimum és maximum értékei a megfigyelt 16 magyar méhészetben
19. **táblázat:** A szipóka hosszának osztályozása
20. **táblázat** Vizsgált morfológiai paraméterek, eredményeink összehasonlítása irodalmi adatokkal
21. **táblázat:** A krajnai fajta első szárnyon található K19-es szögének értékei irodalmi adatok alapján
22. **táblázat:** Morfológiai vizsgálat eredményei családszinten, a három Magyarországon alkalmazott fajtajelleg vizsgálati paraméter bevonásával

KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

Köszönettel tartozom témavezetőmnek, **Dr. Kusza Szilviának** szakmai támogatásáért, türelméért valamint a vizsgálatomhoz szükséges feltételek biztosításáért. Szakmai előmeneteletem nagymértékben segítette **Dr. Jávor András, Dr. Kovács András és Dr. Komlósi István** támogatása. Köszönet illeti továbbá a Molekuláris Genetikai Laboratórium minden volt és jelenlegi munkatársát, akik hasznos tanácsaikkal segítségemre voltak: **Nagy Krisztina, Nyisalovits Andrea, Gulyás Gabriella, Dr. Czeglédi Levente.**

Köszönöm **Dr. Oláh János** és **Dr. Posta János** szakmai tanácsait, segítő szándékát és a fajtajelleg vizsgálatokban nyújtott segítségét. Hálával tartozom továbbá **minden méhésznek**, akik a méhmintákat rendelkezésemre bocsátották. Köszönöm **Dr. Juhász Lajosnak** és kollégáinak, hogy a fajtajelleg vizsgálatokhoz szükséges infrastrukturális háttérrel rendelkezésemre bocsátották. Köszönöm a **Debreceni Egyetem Állattudományi, Biotechnológiai és Természetvédelmi Intézet** valamennyi dolgozójának a munkámhoz nyújtott segítségét.

Köszönet illeti a Kisállattenyésztési Kutatóintézet Méhtenyésztési és Génmegőrzési Csoport minden volt és jelenlegi munkatársát a hasznos tanácsokért, illetve a fajtajelleg vizsgálatok technikai háttérének biztosításáért, kiemelten **Dr. Zajác Editnek, Szalainé Mátray Enikőnek és Rácz Tímeának.**

Végül, de nem utolsósorban hálás vagyok férjemnek, **Péntek Ferencnek**, Szüleimnek és Családomnak, Barátaimnak, **Kövér Lászlónak**, akik az évek során lelki támogatással és végtelen türelemmel mindvégig mellettem álltak. Biztatásuk nélkül jelen dolgozat nem készülhetett volna el.

A kutatás a TÁMOP 4.2.4.A/2-11-1-2012-0001 azonosító számú Nemzeti Kiválóság Program – Hazai hallgatói, illetve kutatói személyi támogatást biztosító rendszer kidolgozása és működtetése országos program című kiemelt projekt keretében zajlott. A projekt az Európai Unió támogatásával, az Európai Szociális Alap társfinanszírozásával valósult meg.

A támogatott fajtajelleg vizsgálatokra vonatkozó kutatás szakmailag kapcsolódik a Doktori disszertációhoz, és részét képezi.

NYILATKOZAT

Ezen értekezés a Debreceni Egyetem Mezőgazdaság-, Élelmiszertudományi és Környezetgazdálkodási Karán, az Állattenyésztési Tudományok Doktori Iskola keretében készítettem, a Debreceni Egyetem doktori (Ph.D.) fokozatának elnyerése céljából.

Debrecen, 2014.

.....
a jelölt aláírása

NYILATKOZAT

Tanúsítom, hogy Péntek-Zakar Erika doktorjelölt 2010-2014. között a fent megnevezett Doktori Iskola keretében irányításommal végezte munkáját. Az értekezésben foglalt eredményekhez a jelölt önálló alkotó tevékenységével meghatározóan hozzájárult, az értekezés a jelölt önálló munkája. Az értekezés elfogadását javasolom.

Debrecen, 2014.

.....
a témavezető aláírása