



čebelarstva registrira dopolnilno dejavnost na kmetiji. Po Zakonu o kmetijstvu je dopolnilna dejavnost na kmetiji tista dejavnost, ki je povezana z osnovno kmetijsko dejavnostjo. Pogoji za opravljanje dejavnosti, povezanih s čebelarstvom, so opredeljeni v **Uredbi o dopolnilnih dejavnostih na kmetiji** (Ur. l. RS, št. 57/15 in 36/18). Registrira se na upravni enoti.

Dopolnilna dejavnost in plačilo prispevkov

Zavarovanec, ki sicer opravlja dopolnilno dejavnost in je vključen v obvezno zdravstveno zavarovanje kot kmet,

upokojenec, brezposelna oseba ali kako drugače, je vedno sam zavezanec za plačilo pavšalnega prispevka za poškodbo pri delu in poklicno bolezen, ki ga mora poravnati mesečno v višini 0,53 % od višine bruto povprečne plače RS za mesec oktober preteklega leta, in mesečni prispevek po 55.a členu v višini 6,36 % od 0,25 PP. Prispevek se plačuje v pavšalnem znesku, neodvisno od tega, ali se davčna osnova ugotavlja na podlagi normiranih odhodkov ali na podlagi vodenja knjig, razen kadar je oseba kmečko zavarovana.

Dodana vrednost za čebelarstvo dejavnost

Za čebelarstvo dejavnost čebelarstva pomeni veliko dodano vrednost, ki lahko bistveno pripomore k boljši ekonomičnosti čebelarstva. Čebelarstvo je odlična priložnost za ozaveščanje javnosti o pomenu čebel in čebeljih pridelkih in s tem odlična priložnost za grajenje naše prepoznavnosti in promocijo čebelarstva. Poleg tega imajo čebelarji, ki se ukvarjajo s čebelarstvom, bistveno boljše možnosti za prodajo tako čebeljih pridelkov kot tudi predelanih izdelkov. Z bogato ponudbo pa lažje pokrijejo visoke stroške dopolnilne dejavnosti in tako izboljšajo ekonomičnost svojega čebelarstva.

Slovenskim raziskovalcem uspelo sestaviti celotni genom kranjske čebele

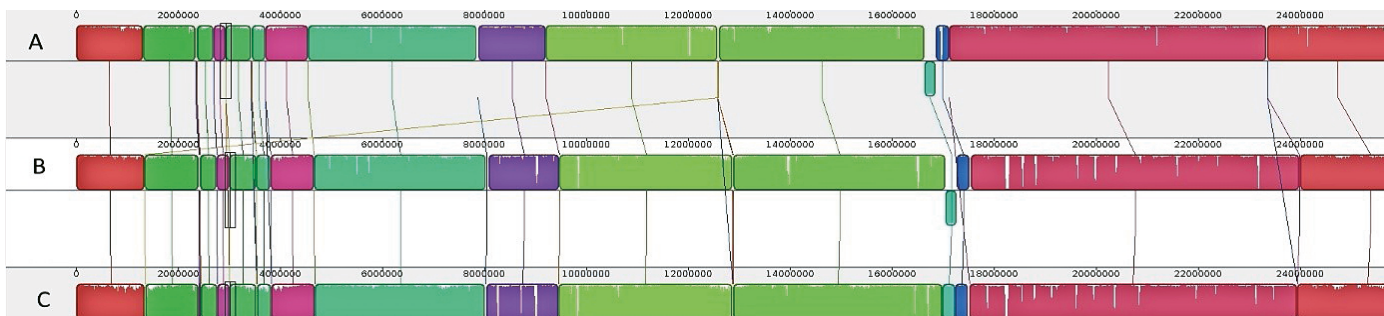
doc. dr. Minja Zorc,¹ dr. Tine Pokorn,¹
prof. dr. Janko Božič^{2,3} in prof. dr. Peter Dovc^{1,2}

¹ Biotehniška fakulteta, Oddelek za zootehniko, ² Biotehniška fakulteta, Center za čebelarstvo in ³ Biotehniška fakulteta, Oddelek za biologijo
Peter.Dovc@bf.uni-lj.si

Medonosna čebela, *Apis mellifera*, vključuje 27 geografsko opredeljenih ras/podvrst, ki predstavljajo pet filogenetskih linij (A, O, J, M in C), ki so se evlucijsko ločile pred več kot 150 tisoč leti. Te linije se med seboj ločijo po morfoloških, vedenjskih, fizioloških in adaptacijskih značilnostih, ki predstavljajo prilagoditev na pogoje lokalnega habitata. V Evropi prevladujeta liniji M (zahodna in severna Evropa) in C (vzhodna Evropa). V liniji C sodi skupaj z italijansko čebelo (*Apis mellifera ligustica*) tudi kranjska čebela (*Apis mellifera carnica*).

Zgodovinski dokumenti, kot na primer poslikava jamskih sten v španski Arañi, pričajo o zgodnji interakciji med človekom in čebelami, že pred več kot 7000 leti. Ta interakcija zaradi posebnosti biologije reprodukcije in genetskih mehanizmov, ki so značilni za čebele, ni imela tako globokih posledic kot pri nekaterih drugih živalskih vrstah, ki so bile podvržene procesu udomačitve.

Prva odbira čebel sega že v obdobje pred več kot 3000 leti, ko so poleg naravne oprašitve matic z več troti (tudi do 20) uporabljali predvsem zamenjavo matic vsako ali vsako drugo leto, da bi izboljšali reprodukcijske in proizvodne lastnosti čebeljih družin. Izmenjava matic in selitev družin v različna okolja, kjer so troti z različnimi genotipi, v populacijah povečuje genetsko pestrost in zmanjšuje možnost za parjenje v sorodstvu, zmanjšuje pa tudi učinkovitost odbire, ker za odbiro matic v različnih populacijah, ki živijo v različnih okoljih, lahko veljajo različna merila za odbiro. Ravno prilagoditev posameznih



Detajl kromosoma št. 1 treh genomov medonosne čebele: A: *Apis mellifera carnica* (Amel_CarUL), B: *Apis mellifera ligustica* (Amel_Hav3.1) in C: *Apis mellifera mellifera* (INRA_AMel_1.0)

populacij na specifične okoljske razmere je glavni razlog za dokaj razširjeno čebelarstvo usmeritev k ohranjanju lokalnih populacij čebel.

Za spremljanje trendov v populacijah in zaznavanje medsebojnih vplivov med populacijami v geografski bližini smo imeli do sedaj na voljo nekaj genetskih označevalcev, ki so nam dali vpogled v genetsko pestrost populacije in omogočili ocenjevanje genetskih distanc med populacijami. V ta namen smo najpogosteje uporabljali odseke mitohondrijske DNA in mikrosatelitne označevalce. Pomanjkljivost obeh sistemov je, da zajameta le zelo majhen del genetskega materiala osebka/populacije in ne omogočata povezave z zanimivimi fenotipskimi lastnostmi.

Razvoj novih metod, ki omogočajo pregled celotnega genoma (sekvenciranje celotnega genoma ali posameznih fragmentov genoma), je v zadnjih letih odprl nove možnosti za detajlno analizo genetskega ozadja pomembnih morfoloških, vedenjskih in proizvodnih lastnosti čebel. Za uporabo teh metod pri proučevanju fenotipskih lastnosti čebel je ključnega pomena, da je za posamezno raso/podvrsto na voljo informacija o celotnem genomu, na osnovi katere lahko identificiramo genetske različice v populaciji in njihov vpliv na fenotipske lastnosti čebel. Za najbližjo sorodnico kranjske čebele, *Apis mellifera ligustica*, je celoten genom na voljo od leta 2014, za kranjsko čebelo pa so bili do nedavnega na voljo le podatki o genomskih fragmentih, ne pa celoten genom.

Slovenski raziskovalci z Biotehniške fakultete Univerze v Ljubljani so na letošnji svetovni dan čebel objavili za ohranjanje genskega sklada kranjske čebele pomembno novico, da jim je uspelo sestaviti prvi celotni genom kranjske čebele, katere izvorna dežela je prav Slovenija.

Za sekvenciranje genoma kranjske čebele smo uporabili DNA osmih trotov, ki smo jih dobili od čebelarja iz Zgornjesavske doline (Gozd Martuljek), kjer v zadnjih desetletjih ni bilo vnosa tujerodnega genetskega materiala. Pri vsakem od vzorcev smo dosegli pokritost genoma vsaj 50-krat. Tako smo dobili skupno več kot 445 milijonov odčitkov, ki vsebujejo 134 Gbp genomskih zaporedij oziroma več kot 500-kratno pokritje genoma kranjske čebele. Ta količina genomskih podatkov nam je omogočila, da smo z algoritmi za zlaganje genoma sestavili genomsko zaporedje kranjske

čebele, dolgo 227 milijonov baznih parov, in tako prišli do prvega referenčnega genoma kranjske čebele, Amel_CarUL.

Celoten genom kranjske čebele bo tako pomembno orodje za proučevanje genetskega ozadja vedenjskih in proizvodnih lastnosti kranjske čebele. S svojo prilagoditvijo na lokalne razmere predstavlja kranjska čebela pomemben genetski vir, ki nam je zaupan v oskrbo, to nalogo pa bomo lažje uspešno opravili z uporabo orodij, ki nam omogočajo pregled nad njenim celotnim genskim zapisom. Poleg genskega zapisa v celičnem jedru smo v svoji raziskavi določili tudi celotno nukleotidno zaporedje mitohondrijske DNA kranjske čebele, kar omogoča dodatne filogenetske analize in proučevanje interakcij med jedrnim in mitohondrijskim genomom. Poznavanje celotnega genoma nam bo omogočilo bolj natančno genetsko opredelitev populacije kranjske čebele v različnih predelih Slovenije, tudi v kontekstu potencialnega obstoja različnih ekotipov. **Poznavanje nukleotidnega zaporedja celotnega genoma odpira možnosti za usmerjeno selekcijsko delo, načrtno izboljševanje proizvodnih lastnosti čebel in izboljševanje lastnosti, ki vplivajo na zdravje čebel in njihovo preživetje.** Hkrati je razpolaganje z genomskimi podatki tudi močno orodje za identifikacijo genetskih razlik med našo populacijo kranjske čebele in populacijami *Apis mellifera carnica* v sosednjih državah. Genetske razlike med kranjsko čebelo in drugimi podvrstami, predvsem *Apis mellifera ligustica*, bodo omogočile odkrivanje in spremljanje morebitne introgresije genetskega materiala iz drugih populacij v populacijo kranjske čebele. Dostopnost celotnega in urejenega genskega zapisa predstavlja pomemben dosežek, saj postavlja kranjsko čebelo ob bok drugim populacijam medonosne čebele, za katere so podatki o celotnem genomu že na voljo (*Apis mellifera mellifera*, *Apis mellifera ligustica*).



Foto: Peter Dovč