

Erfolgreich gegen die Varroamilbe in der Honigbienezücht

Birgit Gessler¹ und Gerhard Kottek²

¹ Universität Hohenheim, Institut für Nutztierwissenschaften, Fg Populationsgenomik bei Nutztieren, Stuttgart
² Landsiedlung Baden-Württemberg GmbH, Ummendorf; Kontakt: Birgit.Gessler@uni-hohenheim.de

Einleitung

- Die Varroamilbe ist die Hauptursache für Überwinterungsverluste von Bienenvölkern der *Apis mellifera* (Abb. 1).
- In Bienenvölkern, die das Merkmal der **Varroa sensitiven Hygiene (VSH)** zeigen, räumen Arbeiterinnen mit Varroa infizierte Brutzellen aus.
- Durch die Unterbrechung des Vermehrungszyklus der Muttermilbe befinden sich weniger Milben im Bienenvolk.



Abbildung 1: Die Varroamilbe wandert zur Vermehrung in eine Brutzelle, die kurz vor der Verdeckelung ist (links). Eine Milbe sitzt auf einer Arbeiterin (rechts). Bilder: Dr. B. Ziegelmann.

Projektziele

- Zucht von geeigneten Bienenvölkern, die das Merkmal VSH zeigen
- Identifikation von VSH relevanten, stabil vererbaren molekularen Markern
- Wissenstransfer zwischen der Forschung und der Praxis

Angewandte Methoden

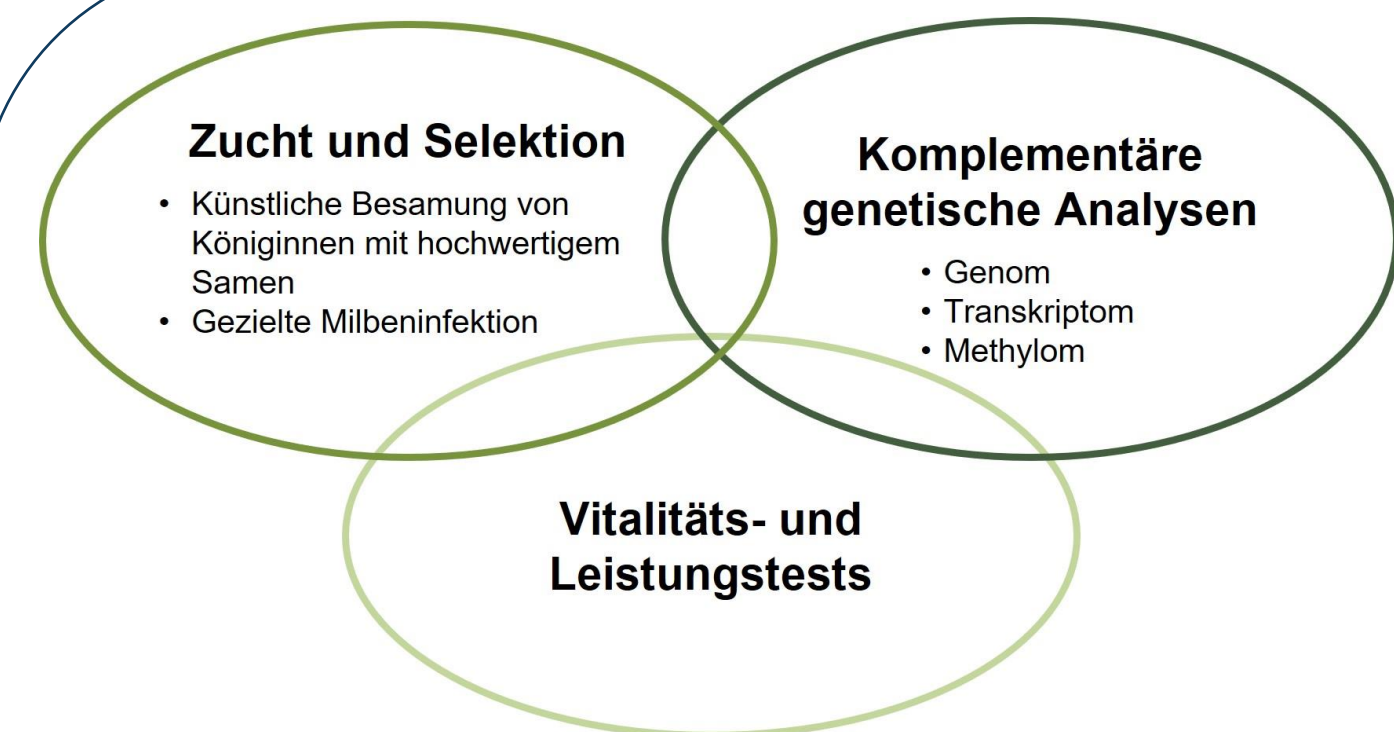


Abbildung 2: Methodenspektrum im SETBie Projekt

- Unterarten: *A.m. mellifera*, *A.m. carnica*, Buckfast sowie *A.m. ligustica* (letzte seit 2022)
- 1411 künstliche Besamungen von Königinnen wurden zwischen 2019 und 2022 durchgeführt (Abb. 2).

- 764 Völker wurden gezielt mit Milben infiziert und die Milbenvermehrung dokumentiert (2019-2022).
- 131 Bienenvölker wurden mittels Direktinfektion auf VSH überprüft (2019-2022; Abb. 3)

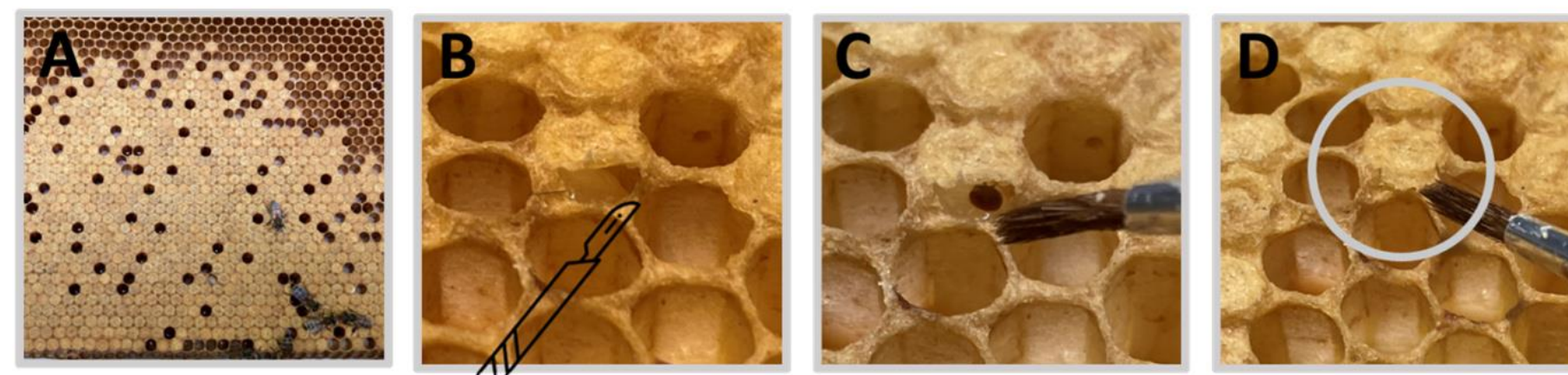


Abbildung 3: Mit der Methode der Direktinfektion einzelner Brutzellen mit einer Varroamilbe kann der VSH Wert bestimmt werden. A: Brutwabe mit frisch verdeckelten Zellen, B: Öffnen einer Brutzelle, C: Gezieltes Einsetzen einer Varroamilbe, D: Verschließen der Brutzellen. Bilder: L. Sprau

- 45 kategorisierte Bienenvölker mit stark (>65%) oder niedrig (<35%) ausgeprägtem VSH Merkmal wurden für die genetische Analyse verwendet.

- Genetisch analysierte Bienenvölker: Buckfast n= 27, *A.m. carnica* n= 10, *A.m. mellifera* n= 8

- Parallele Sequenzierung identischer Proben von altersstandartisierten Arbeiterinnen (Abb. 4)

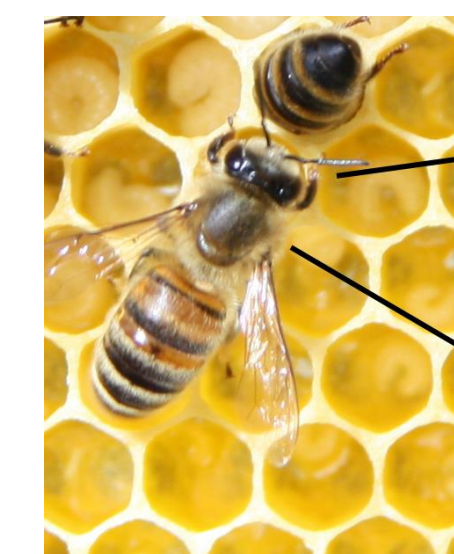


Abbildung 4: Komplementäre genetischer Analysen

- Kopf - RNA
 - Transkriptom Analyse
- Thorax - DNA
 - Genom Sequenzierung
 - Bisulfit Sequenzierung

Ergebnisse

Zucht und Selektion

- Erfolgreiche Identifikation von Bienenvölkern mit einer starken Ausprägung (>50%) des VSH Merkmals (Abb. 5).
- In den Nachzuchten variiert die Ausprägung von VSH, wodurch eine fortlaufende Selektion notwendig ist.

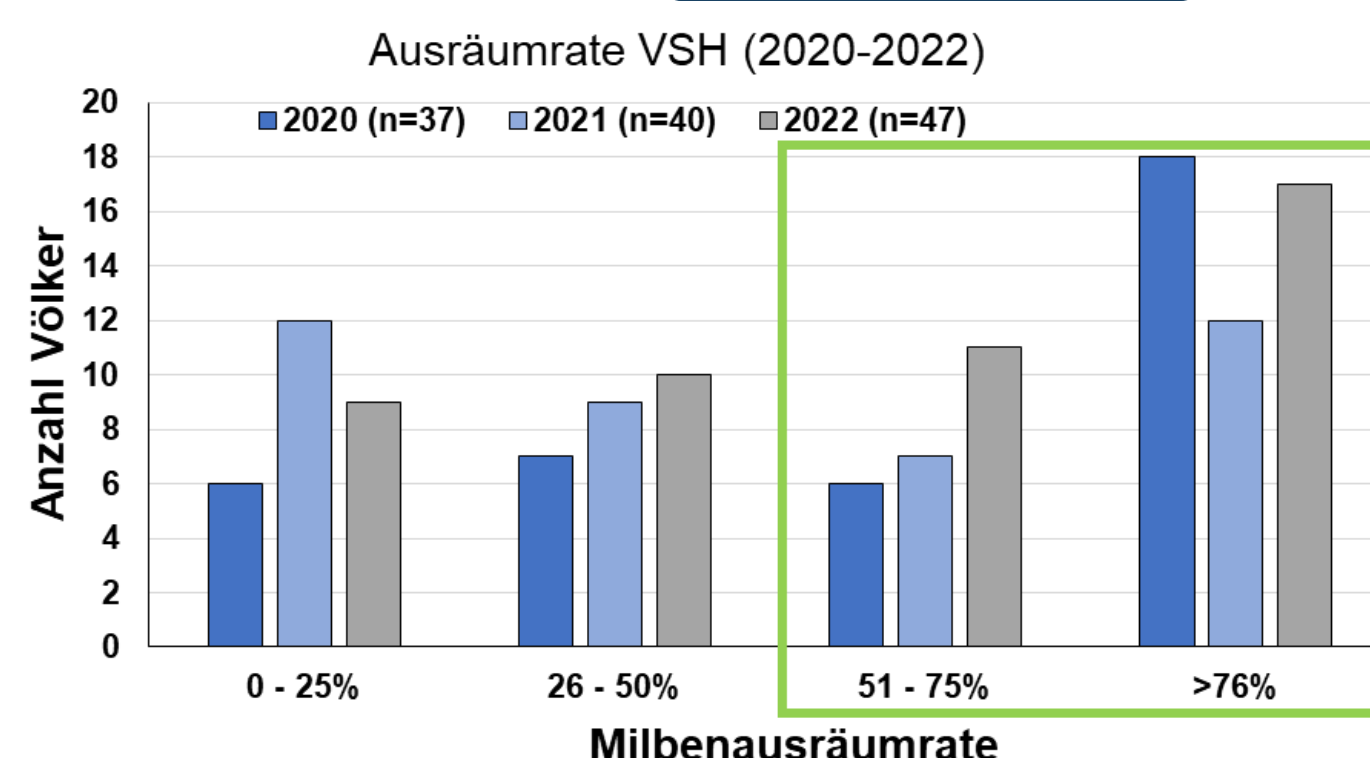


Abbildung 5: Auswertung der Bienenvölker auf VSH mittels Direktinfektion in den Jahren 2020 bis 2022.

Genomanalyse

- Die Analyse einzelner Nukleotidunterschiede (SNPs) an einflussreichen Stellen im Genom ergab eine unterschiedliche Anzahl an potentiellen SNPs beim Vergleich der Unterarten.
- Mehrere SNPs konnten in Genen gefunden werden, die mit der Regulation von olfaktorischem Lernen oder Prozessen im Nervensystem assoziiert sind.

Zusammenfassung und Ausblick

- Der komplementäre Ansatz in diesem Projekt führte zur Etablierung von Bienenkolonien, die eine starke Ausprägung des VSH Merkmals haben.
- Die genetische Analyse weiterer Proben und der Vergleich mit bisherigen Datensätzen wird zum Verständnis der zugrundeliegenden molekularen Zusammenhänge für VSH in *Apis mellifera* führen.
- Molekulare Marker für VSH werden ausgewertet und ihre Eignung soll für die Verwendung in Zuchtprogrammen überprüft werden.