



UNIVERSITÄT
HOHENHEIM

Das EIP-Projekt „Selektion und Etablierung varroatoleranter Bienenvölker in Baden-Württemberg“, kurz: SETBie
Stand: 27. November 2020



BIRGIT GESSLER

SETBie: Innovative Kombination von klassischer Züchtung, genetischer Analyse und Evaluation in der Praxis

Die Varroamilbe *Varroa destructor* gehört zu der größten Belastung von Honigbienenvölkern der westlichen Honigbiene *Apis mellifera* weltweit. In Deutschland wurde das Vorkommen der Varroamilbe erstmalig in den 1970er Jahren beschrieben, ihr Ursprungswirt ist die östliche Honigbiene *Apis cerana* in Asien.

Die Varroamilbe wandert zur Reproduktion in eine zu verdeckelnde Brutzelle hinein und vermehrt sich während des Puppenstadiums der *Apis mellifera*. Dabei schwächt sie die Puppe und kann Bakterien und Viren übertragen. Ein hoher Varroabefall führt meist zu einem Zusammenbruch des Bienenvolks. Deswegen wurden seit dem Auftauchen der Varroamilbe in Deutschland viele unterschiedliche Verfahren entwickelt, um den Parasit in dem Bienenvolk unterhalb der Schadensschwelle zu halten.

In dem Projekt SETBie wird das Merkmal der Varroa-sensitiven-Hygiene (VSH) in Bienenvölkern analysiert und durch gezielte Züchtung verstärkt. Arbeiterinnen, die mit der Bruthygiene von sich entwickelnden Bienen beschäftigt sind, nehmen bei Vorhandensein des VSH Merkmals auch Milben in der geschlossenen Brutzelle wahr. Es werden mit der Varroamilbe infizierte Brutzellen geöffnet und die Bienenpuppen ausgeräumt. Als Folge werden auch geschwächte Bienenpuppen entfernt. Gleichzeitig wird der Reproduktionszyklus der Milbe unterbrochen. Eine Wiedereinwanderung der Milbe in eine andere, kurz vor der Verdeckelung stehende Zelle kann nicht ausgeschlossen werden, jedoch wird auch

dieser Reproduktionszyklus unter optimalen Umständen unterbrochen und somit die exponentielle Vermehrung der Milbe im Volk gebremst.

Allgemeine Projektziele

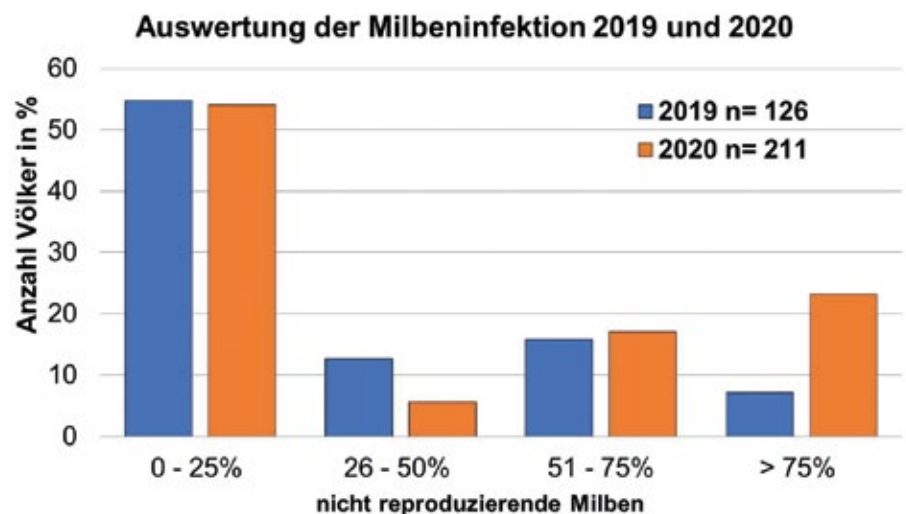
Ziel des Projekts SETBie ist es Völker, die das Merkmal für VSH zeigen, gezielt zu züchten und die Merkmalsausprägung zu verstärken. Als Folge würde die Anzahl an Varroamilben im Bienenvolk reduziert, die Bienengesundheit erhöht und es werden weniger Varroa-Behandlungen pro Jahr notwendig sein.

Zur Selektion geeigneter Bienenvölker werden verschiedenste Methoden angewendet wie klassische Standard- und Vitalität-

stests, aber auch Ein- und Mehrdrohn Besamungen. Nachfolgend werden mit Individuen aus diesen geprüften Völkern umfassende Genomanalysen durchgeführt. Dabei kommen im wesentlichen Hochdurchsatz-Sequenzierungen, und nachfolgend auch spezifischer Kandidatenmarker-Tests zum Einsatz.

Zahlreiche Imker aus Baden-Württemberg nehmen an dem Projekt teil, die mit verschiedenen Unterarten der *Apis mellifera* imkern. Es gibt in dem SETBie Projekt gezielte Züchtungen für *Apis mellifera mellifera*, *A. mellifera carnica* und Buckfast-Linie von *A. mellifera*.

Das Projekt der „Selektion und Etablierung varroatoleranter Bienenvölker in Baden-



Grafik 1: Auswertung aller geprüften SETBie Bienenvölker aus den Jahren 2019 (n= 126 Völker) und 2020 (n= 211 Völker). Der prozentuale Anteil an nicht reproduzierenden Milben ist in den Kategorien 0-25% VSH, 26-50% VSH, 51-75% VSH und >75% VSH angegeben.

Württemberg“ (SETBie) konnte ein vielversprechendes zweites Projektjahr in 2020 abschließen. SETBie wird mit Mitteln der Europäischen Innovations-Partnerschaft (EIP) über einen Projektzeitraum von 2019 bis 2022 gefördert. In diesem Förderprogramm werden Vorhaben unterstützt, die eine Innovation in die Praxis einführen und den Wissenstransfer von der Wissenschaft in die Praxis sowie Fragestellungen der Praxis für die Wissenschaft beinhalten.

Für dieses Projekt haben sich Imker aus Baden-Württemberg mit Imkerverbänden, der Arista-Stiftung und verschiedenen Forschungseinrichtungen wie der Universität Hohenheim mit dem Fachgebiet für Populationsgenomik bei Nutztieren, der Landesanstalt für Bienenkunde sowie der Universität Tübingen, mit dem Zentrum für Quantitative Biologie (QBiC) zusammenschlossen. Die Projektkoordination obliegt Gerhard Kottek von der Landsiedlung Baden-Württemberg GmbH.

Das 2. Projektjahr – Gezielte Nachzucht und künstliche Besamung

Im zweiten Jahr des laufenden Projekts SETBie konnte durch den engagierten Einsatz von allen Beteiligten viele Bienenvölker in das Zuchtprogramm integriert und untersucht werden. Um einen Zuchtfortschritt bei den Bienenvölkern zu generieren, wurden neue Königinnen von neuen Zuchtlinien sowie von Zuchtlinien, die bereits im vergangenen Jahr besamt und getestet wurden, nachgezogen. In diesem Jahr wurden Ende Mai 424 Bienenvölker von den Imkern im SETBie Projekt künstlich besamt (2019: 311 Bienenvölker).

Analyse der Reproduktion von Milben in den Bienenvölkern

Die Testung der Bienenvölker auf reproduzierende Milben wurde durch eine gezielte Milbeninfektion durchgeführt. Bei dieser zeitintensiven Arbeit werden die Bienenvölker gezielt vorbereitet und dabei mit 180 Milben je Volk infiziert. Die Milben haben hierbei die Möglichkeit in Zellen einzuwandern, die kurz vor der Verdeckung stehen. Nach 9 Tagen werden diese nun verdeckelten Brutzellen in kleinen Völkern auf das Vorhandensein von Varroamilben und ihre Reproduktion ausgewertet.

Die Auswertung für das Jahr 2020 konnte wieder auf dem Hofgut Tachenhausen bei Oberboihingen stattfinden. Unter Einhaltung des Corona Hygienekonzepts haben Imker über drei Tage, zusammen mit Mit-

arbeitern und Studenten des Fachgebiets für Populationsgenomik bei Nutztieren der Universität Hohenheim, der Landesanstalt für Bienenkunde sowie der Arista Stiftung, infizierte Zellen ausgezählt.

Im Jahr 2020 konnten 211 Bienenvölker ausgewertet werden. Damit wurde die Anzahl von 126 ausgewerteten Bienenvölkern aus dem Jahr 2019 übertroffen. Bei der Auswertung wurden verdeckelte Brutzellen im richtigen Puppenstadium geöffnet und auf das Vorhandensein von Varroamilben kontrolliert. Im Optimalfall konnten je Volk 30 infizierte Zellen ausgewertet werden. War dies nicht der Fall, so wurden mindestens 450 Zellen je Volk geöffnet. Dokumentiert wurden das Puppenstadium, das Vorhandensein einer oder mehrerer Muttermilben sowie die Stadien der Nachkommen.

Auch in diesem Jahr gab es für alle drei Subspezies (*Apis mellifera mellifera*, *Apis mellifera carnica* und Buckfast) Völker, die viele nicht reproduzierende Milben hatten.

In der Grafik 1 sind die Ergebnisse der Auswertung in Tachenhausen dargestellt.

In der Kategorie 0-25% sind Bienenvölker eingeordnet bei denen sowohl männliche als auch weibliche Nachkommen gefunden werden konnten. Hingegen sind in der Kategorie >75% Bienenvölkern gelistet, bei denen in den infizierten Brutzellen kaum Nachkommen der Varroamilbe dokumentiert werden konnten. Völker der letzten Kategorie sind potentielle Völker, bei denen das VSH Merkmal vorhanden ist. Im Vergleich der beiden Projektjahre konnte der prozentuale Anteil an Bienenvölkern



Abb. 01 - Imker des SETBie Projekts bei der Arbeit am Bienenvolk, Foto: Birgit Gessler, 2020

mit sehr vielen nicht reproduzierenden Milben deutlich gesteigert werden. Dieser Erfolg basiert auf der züchterischen, sehr guten Arbeit der Imker im SETBie Projekt. Vielversprechende Völker aus der ersten Auszählung, einem interessanten genetischen Hintergrund sowie Kontrollvölker wurden für weitere Nachuntersuchungen zur Universität Hohenheim gebracht. Alle anderen Völker wurden von den Imkern für die weitere Betreuung und Nachzuchten wieder abtransportiert.

An der Universität Hohenheim führte Lina Sprau 2020 an 37 Bienenvölkern Nachuntersuchungen durch Einzelzellinfektionen



Abb. 02 - Auswertung der ersten Milbeninfektion im Hofgut Tachenhausen. Foto: Birgit Gessler, 2020

durch. Bei der Einzelzellinfektion werden frisch verschlossene Brutzellen (<6 Stunden) geöffnet und mit einer Milbe direkt infiziert. Zusätzlich werden Kontrollzellen nur kurz geöffnet und wieder geschlossen. Nach 8 Tagen wurden die Zellen kontrolliert, ob die Puppe noch vorhanden war und die Milbe sich vermehrt hatte oder die Zelle ausgeräumt wurde. Von den Bienenvölkern aus der Nachuntersuchung hatten 18 von 37 Völkern eine hohe Ausräumrate von über 75%. Dies war eine wichtige Bestätigung, dass die o.a. guten Völker auch mit anderen Methoden ein spezifisches Hygieneverhalten gegenüber varroaparasitierter Brut zeigen.

Interessanterweise konnte bei einigen Völkern gleichzeitig eine hohe Ausräumrate in den infizierten Zellen sowie in den Kontrollzellen nachgewiesen werden. Für die Praxis ist hier wichtig, zwischen dem Verhalten von sehr sensitiven Bienenvölkern und Bienenvölkern mit einer spezifischen Ausprägung des VSH Merkmals zu unterscheiden. Dafür ist die aufwendige Direktinfektion mit Milben eine gute Methode, um diese Völker zu differenzieren. Völker, die eine hohe Ausräumrate auch gegenüber nicht mit Varroamilben infizierten Brutzellen zeigen, würden die Volksstärke dieses Bienenvolks reduzieren.

Genetische Analysen

Zusätzlich zu der Auswertung der Ausräumrate der Varroamilbe in den Bienenvölkern wurden in den zwei Projektjahren altersstandardisierte Arbeiterinnen als Proben für genetische Analysen genommen. Die komplementären Analysen und vergleichenden Auswertungen des gesamten Erbguts haben das Ziel, Muster von Kandidatenregionen für geeignete Marker für das selektierte Merkmal VSH in den verschiedenen Unterarten zu entdecken. Nach dieser ersten Analyse werden die Ergebnisse in den nächsten Generationen verifiziert.

Vitalitätstest

Von Völkern mit hoher Ausräumrate wurden Jungköniginnen nachgezogen und auf Belegstellen begattet. Diese wurden im Herbst in Prüfvölker eingeweiselt. Damit soll das Überleben ohne Varroabehandlung unter Praxisbedingungen geprüft werden. Die Prüfvölker werden hinsichtlich des Varroabefalls überwacht. Völker, die die Schadschwelle überschreiten, scheiden



Abb. 03 - Die Varroamilbe wird bei der Einzelzellinfektion gezielt in eine Brutzelle geführt, Foto: Lina Sprau, 2020



Abb. 04 - Markierung von alterstandardisierten Bienen für die genetische Probennahme, Foto: Melanie Liebsch, 2020

aus dem Versuch aus und werden behandelt. Damit wird gewährleistet, dass die unbehandelten Völker nicht aufgrund von Reinvasion der Milben aus zusammenbrechenden Völkern belastet werden.

Dieses Projekt lebt von den engagierten Arbeiten der vielen Imker aus Baden-Württemberg in Zusammenarbeit mit den Arbeiten der Universitäten. Durch diese Kombination kann der Grundgedanke des Projekts SETBie als eine innovative Kombination von klassischer Züchtung, genetischer Analyse und der Evaluation in der Praxis auch umgesetzt werden.

Kontakte

Birgit Gessler
[Birgit.Gessler@uni-hohenheim.de](mailto:birgit.gessler@uni-hohenheim.de)

Projektkoordination:
 Gerhard Kottek
gerhard.kottek@landsiedlung.de

Homepage mit Übersicht aller Akteure:
<https://setbie.uni-hohenheim.de/>

