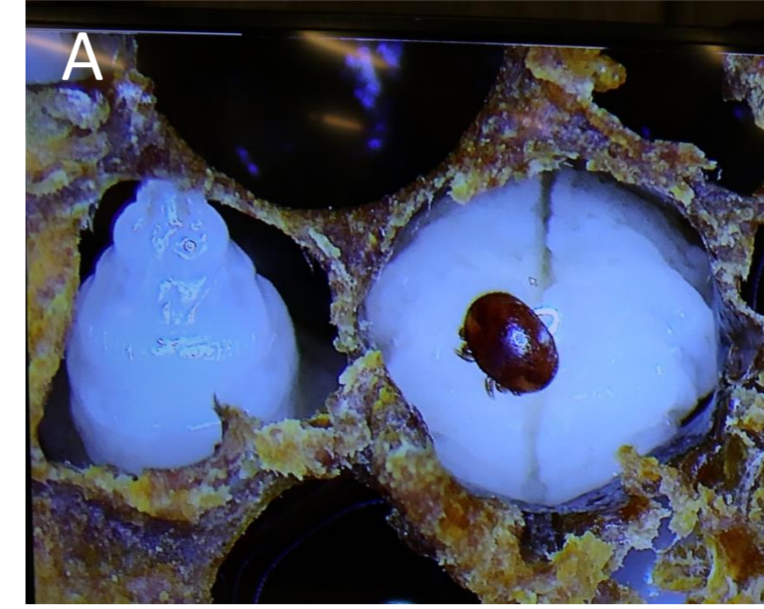


Selektion und Etablierung Varroa toleranter Bienenvölker in Baden-Württemberg



Ausgangslage

- Die **Varroamilbe** ist eine Hauptursache für Überwinterungsverluste von Bienenvölkern.
- Die Varroa vermehrt sich in den Brutzellen der Bienen und kann Viren und Bakterien übertragen. (Bild A: Varroamilbe wandert vor der Verdeckelung in eine Brutzelle ein)
- Ohne Kontrolle des Varroabefalls bricht ein Bienenvolk innerhalb von ein bis zwei Jahren zusammen.
- Chemische und biotechnische Bekämpfungsverfahren wurden entwickelt, um die Varroamilbe unterhalb der Schadensschwelle zu halten, doch ist dies keine langfristige Lösung des Varroaproblems.
- Bienenvölker mit dem Merkmal der **Varroa sensitiven Hygiene (VSH)** räumen mit der Varroamilbe infizierte Brutzellen aus und unterbrechen dadurch die Vermehrung der Varroamilbe im Bienenvolk.



Geplante Innovation und Zielsetzung

1. **Selektion und Züchtung** von Bienenvölkern mit hoher VSH Ausprägung
2. **Reduktion des Varroabefalls** im Bienenvolk -> Reduktion der Viruserkrankungen -> allgemeine Erhöhung der Bienengesundheit -> Reduzierung der Varroabehandlungen -> Minimierung der Winterverluste
3. **Detektion von VSH relevanten, stabil vererbaren molekularen Markern** für die gezielte Selektion von Zuchtvölkern
4. **Vitalitäts- und Leistungstests** der gezüchteten Bienenvölker unter praktischen/imkerlichen Bedingungen
5. **Wissenstransfer** zwischen der Forschung und der Praxis

Durchführung

- Jährliche Insemination von Königinnen aus verschiedenen Zuchtlinien von **Apis mellifera mellifera**, **A.m. carnica** und **Buckfast** mit vorselektierten Drohnen und Aufbau von Kleinvölkern.
- Nach zwei Monaten: **gezielte Infektion** dieser SETBie-Bienenvölker mit 180 Varroamilben zur Überprüfung des Hygieneverhaltens (VSH) gegenüber diesen Varroamilben.
- Bei ausgesuchten Völkern **Direktinfektion einzelner Brutzellen** zur Überprüfung der Ergebnisse aus dem o.a. Versuchsdurchgang. (Bild B: Untersuchte Bienenpuppe mit Muttermilbe sowie weiteren Nachkommen.)
- **Hochdurchsatzsequenzierung mit komplementären genomischen Analysen** vom Genom¹, Transkriptom² und Methylom³ von Versuchsvölkern mit starker und niedriger VSH Ausprägung
- Überprüfung der Bienenvölker an sogenannten **Vitalitätsstandorten** auf ihre Praxistauglichkeit.
- Weitergabe von gutem Zuchtmaterial im Anschluss an die Projektlaufzeit an interessierte Imker, Beschickung von Belegstellen mit VSH-Drohnenvölkern.
- **Wissenstransfer für die Imker:** Schulungen zur praktischen Überprüfung von VSH Eigenschaften und der Vermehrung von gutem Zuchtmaterial. Bereitstellung von Arbeitsanleitungen zu den Themen Königinnenzucht, Aufbau von Drohnen- und Varroaspendervölkern. Entsprechende Vorträge bei Verbandstagungen und Imkervereinen.



Projektpartner

Leadpartner und Koordination

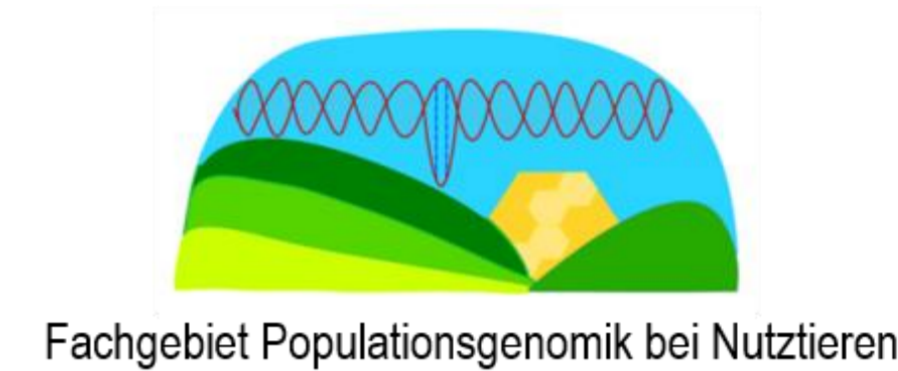
Landsiedlung Baden-Württemberg GmbH
Gerhard Kottek
gerhard.kottek@landsiedlung.de



Fachliche und wissenschaftliche Begleitung

Universität Hohenheim

- Fachgebiet Populationsgenomik bei Nutztieren
- Landesanstalt für Bienenkunde



Universität Tübingen

- Zentrum für Quantitative Biologie



Imkerverbände

- Verband der Buckfastimker Süd e.V.
- Landesverband Württembergische Imker e.V.
- Landesverband Badischer Imker e.V.



Arista Stiftung

sowie zahlreiche Imker/Innen aus ganz Baden-Württemberg

Weitere Informationen:

www.eip-agri-bw.de

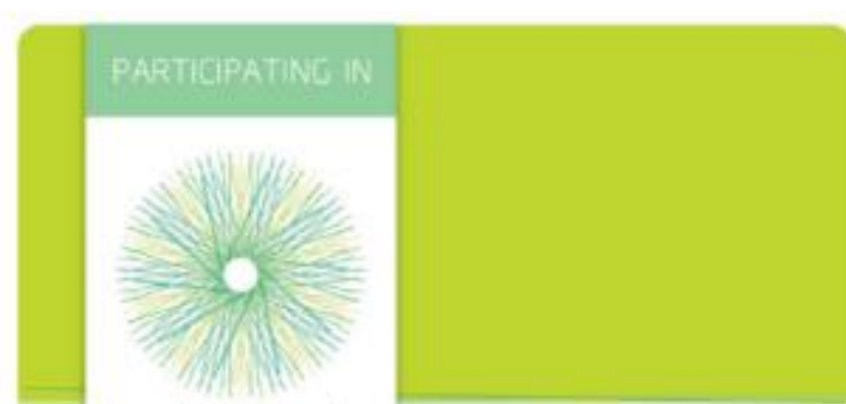
www.setbie.uni-hohenheim.de

Projektlaufzeit 2019 - 2022

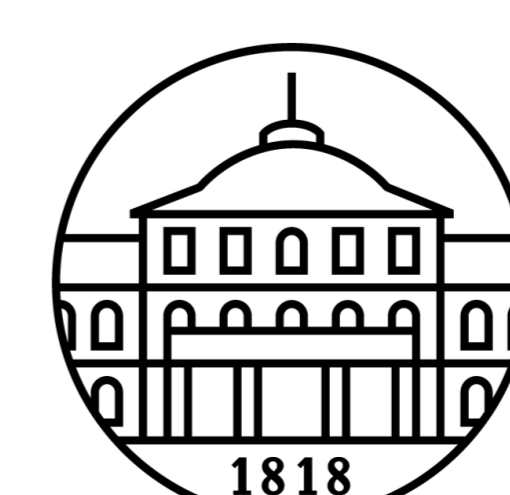
Fazit

Dieses Projekt lebt von den engagierten Arbeiten der vielen Imker/Innen aus Baden-Württemberg in enger Kooperation mit den bienenwissenschaftlichen Einrichtungen. Durch diese Verknüpfung kann der Grundgedanke des Projekts SETBie als eine innovative Kombination von klassischer Züchtung, genetischer Analyse und der Überprüfung der Ergebnisse in der Praxis optimal umgesetzt werden.

Förderung durch



Die genetische Analysen im Projekt umfassen das
1. **Genom:** Erbgut der Lebewesen (DNA); Identifizierung von unterschiedlichen Nukleotiden in der DNA
2. **Transkriptom:** Analyse der aktiv exprimierten Gene zu einem bestimmten Zeitpunkt. (RNA)
3. **Methylom:** Modifikation der DNA durch Methylgruppen zum Nachweis von epigenetischen Veränderungen.



UNIVERSITÄT HOHENHEIM

Text und Bilder A+B: Birgit Gessler (Birgit.Gessler@uni-hohenheim.de)