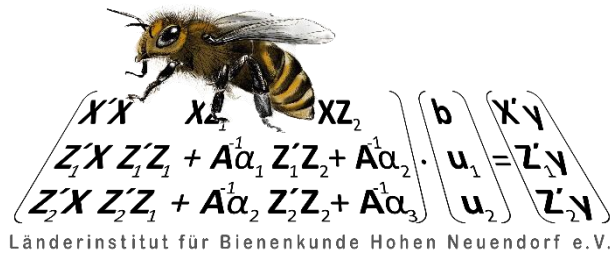


Genetisches Monitoring der Honigbiene



Andreas Hoppe

Landesinstitut für Bienenkunde Hohen Neuendorf

IBV Dialog: Langfristige Erhaltung einheimischer Nutztier rasse

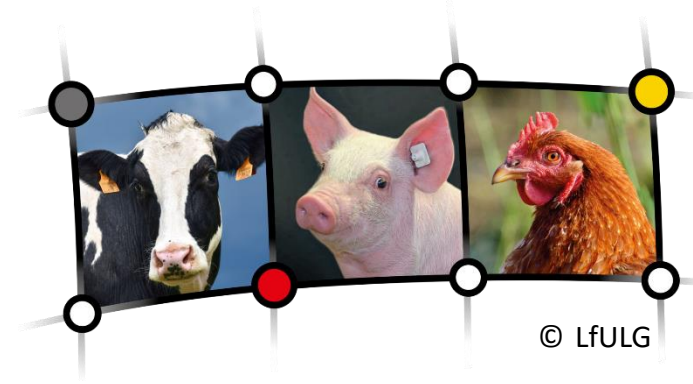
Bonn Oktober 2024

Vergleich Biene / Farmtiere

- Wildtierart in ursprünglichen Biotopen
 - Anpaarung unsicher
 - Unterartenstruktur teilweise erhalten
 - Hobby/Kleinstgewerbe dominieren
 - Dynamische globale Gesundheitskrise
Varroa/Viren
- Wildtierart tlw. ausgestorben / verdrängt
 - Anpaarung kontrollierbar
 - Unterarten verdrängt durch Zuchtrassen
 - mittelgroße Betriebe dominieren
 - Regional begrenzte
Gesundheitsgefahren



Bild von Catkin auf Pixabay



© LfULG

Genetisches Monitoring

- BMEL/BLE-Auftrag
 - Genetische Charakterisierung
 - Befragung der Imker & Züchter
 - Strukturen der Bienenzüchtung
 - Gefährdungsbeurteilung
 - Empfehlungen für zukünftiges Monitoring
 - Empfehlungen für den Erhalt gefährdeter Ressourcen
- Dezember 2021- August 2024



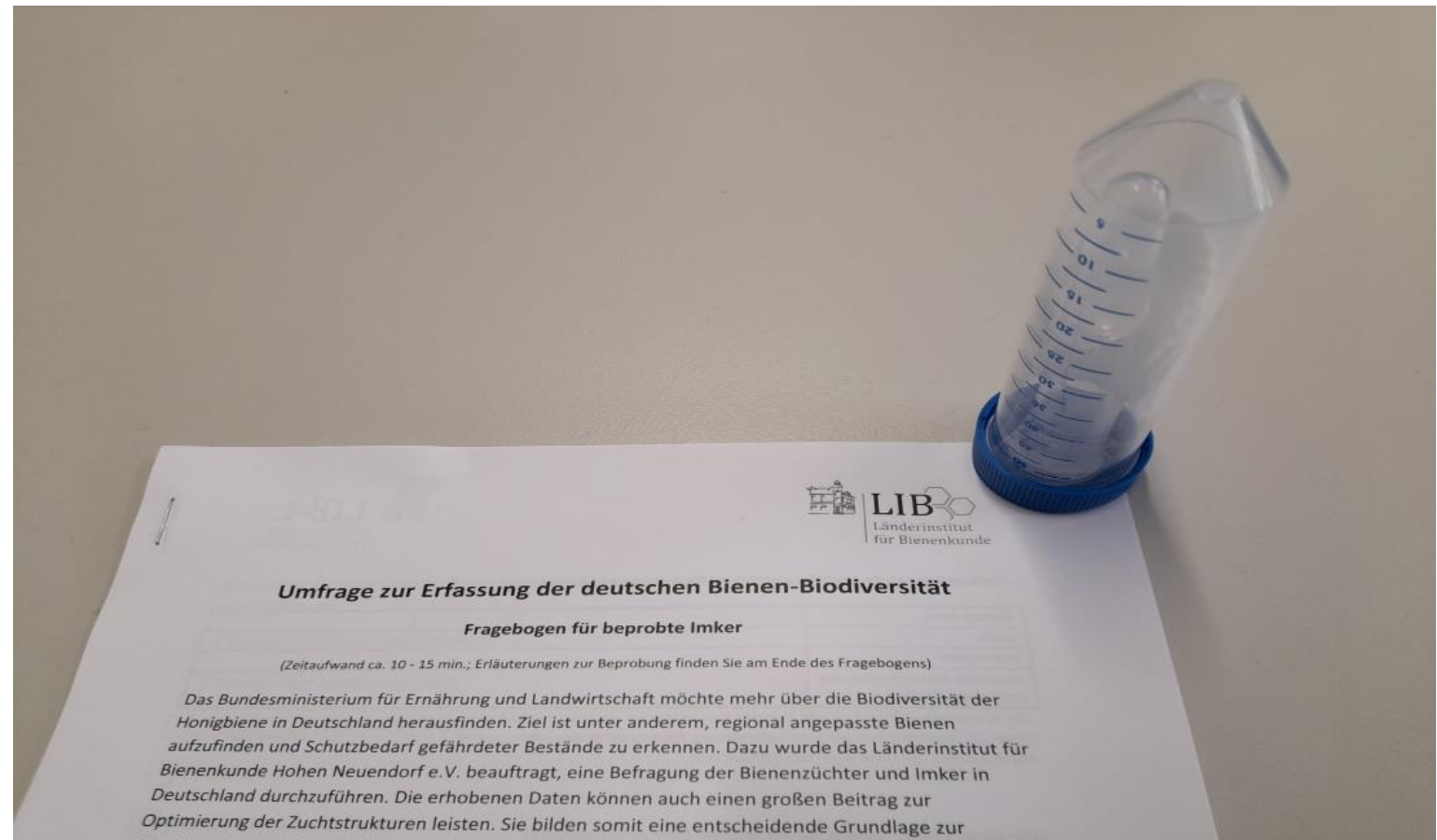
Bundesanstalt für
Landwirtschaft und Ernährung



Bundesministerium
für Ernährung
und Landwirtschaft

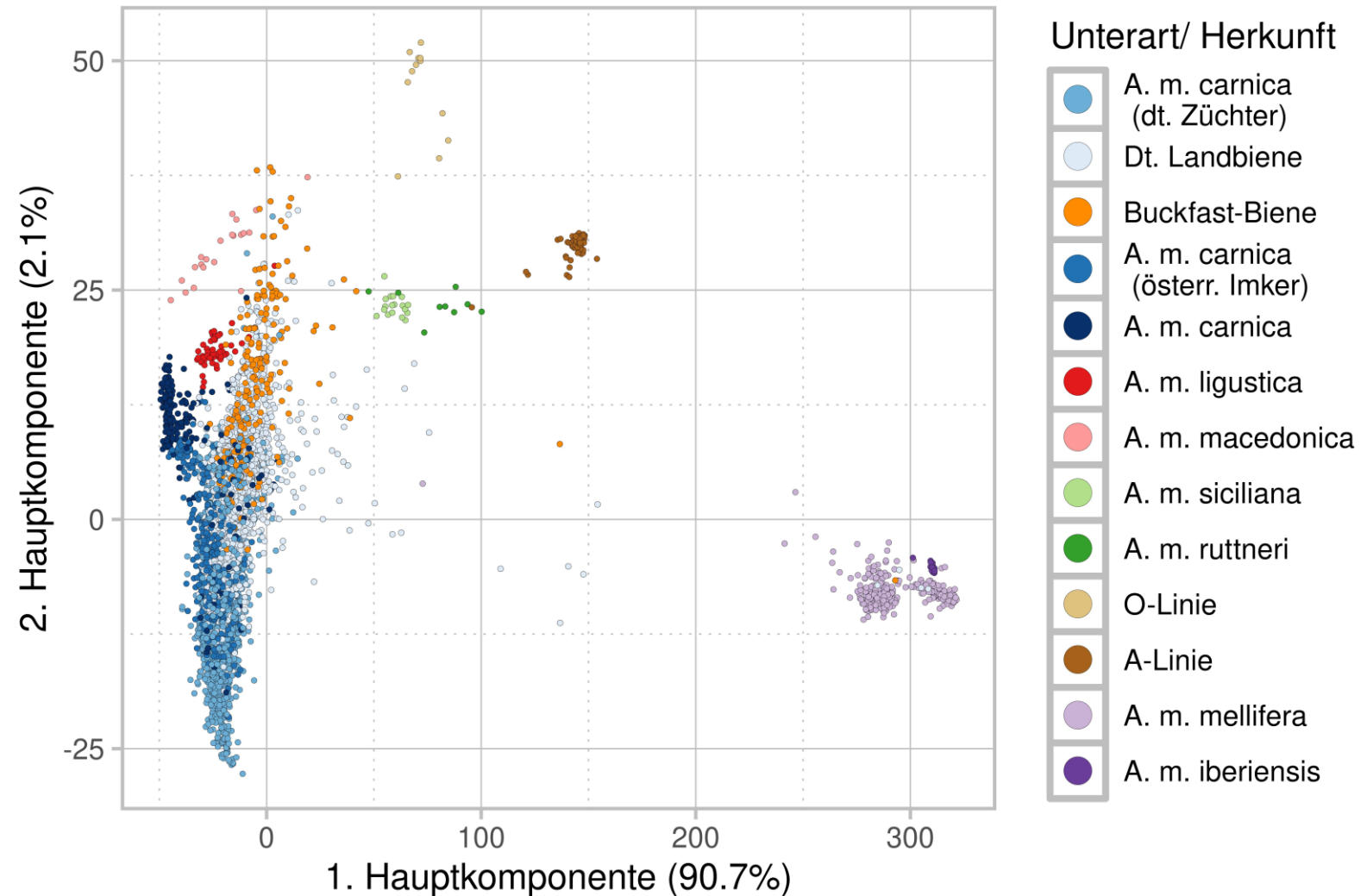
Probensammlung

- 2217 Proben
- 2016 mit Fragebogen
- 727 Proben aus ganz Europa als Referenz



Hauptkomponenten genetischer Unterschiedlichkeit

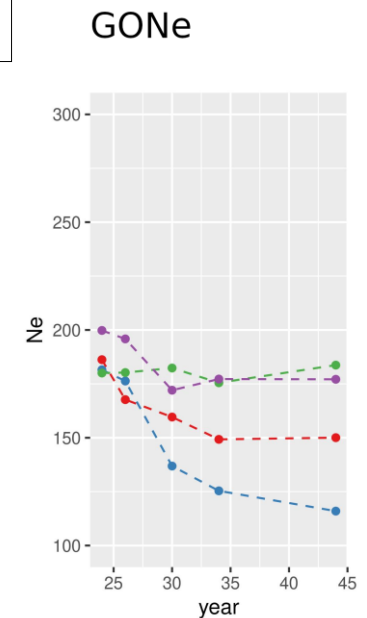
1. Deutschland Kontinuum an Bienen (außer Mellifera)
2. Zuchtrassen Carnica und Buckfast unterschieden, aber nicht getrennt
3. Landbiene weitestgehend vermischt



Effektive Populationsgrößen

Name	Effektive Populationsgröße	Anzahl Proben für GONe
Alle Proben	3288	1748
Carnica-Vermehrer	1863	86
Buckfast-Biene	4161	160
Sklenar	2165	50
Peschetz	2083	16
Mellifera	8	17

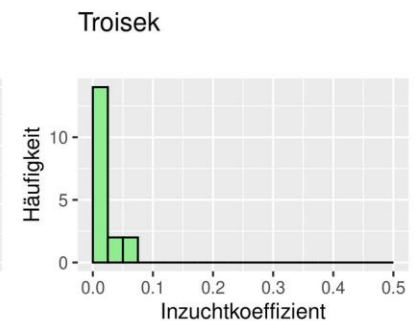
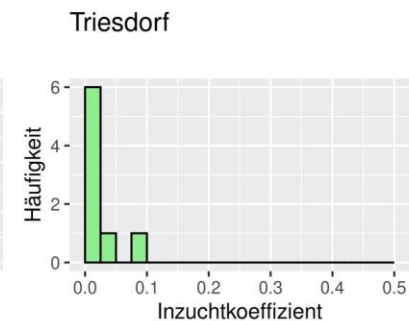
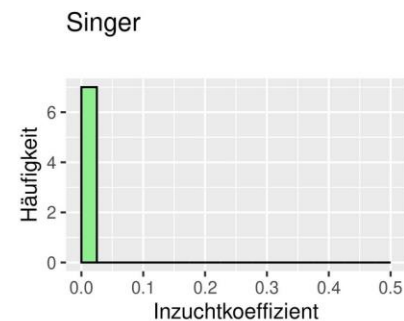
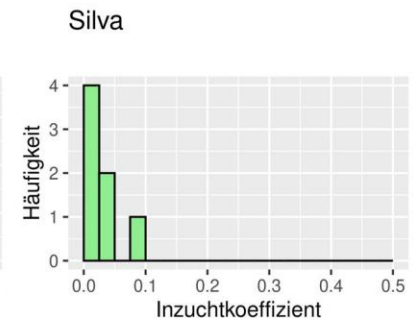
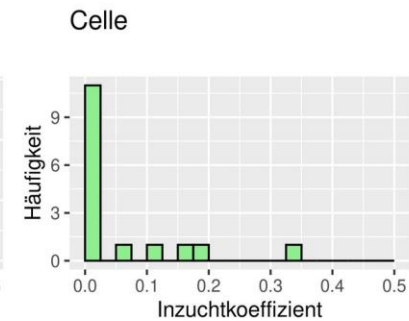
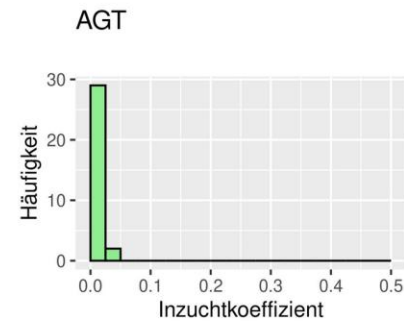
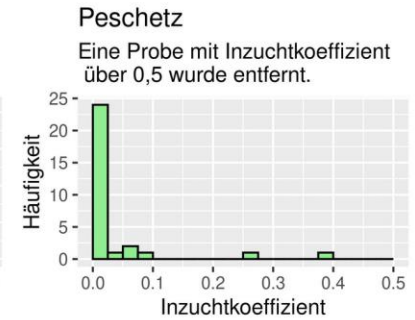
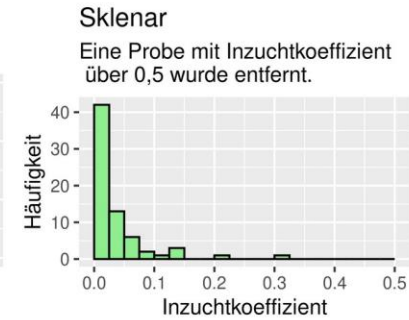
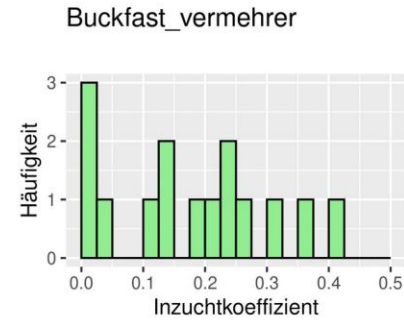
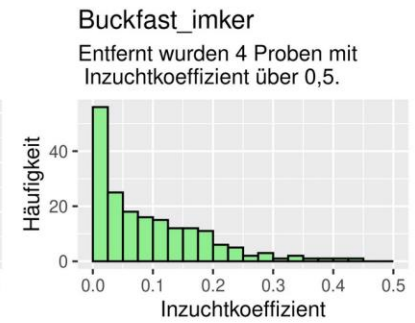
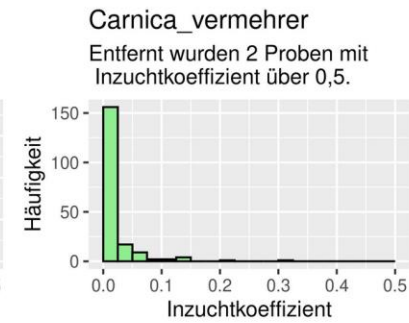
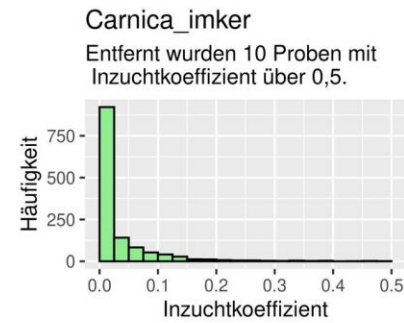
- Generell hoch
- In kleinen Zuchtpopulationen Ausdruck von Vermischung
- Gefährdung besteht in Verschwinden der Eigenständigkeit



Genomische Inzucht

Inzucht

- generell niedrig
- in einigen Zuchtrassen mittelhoch

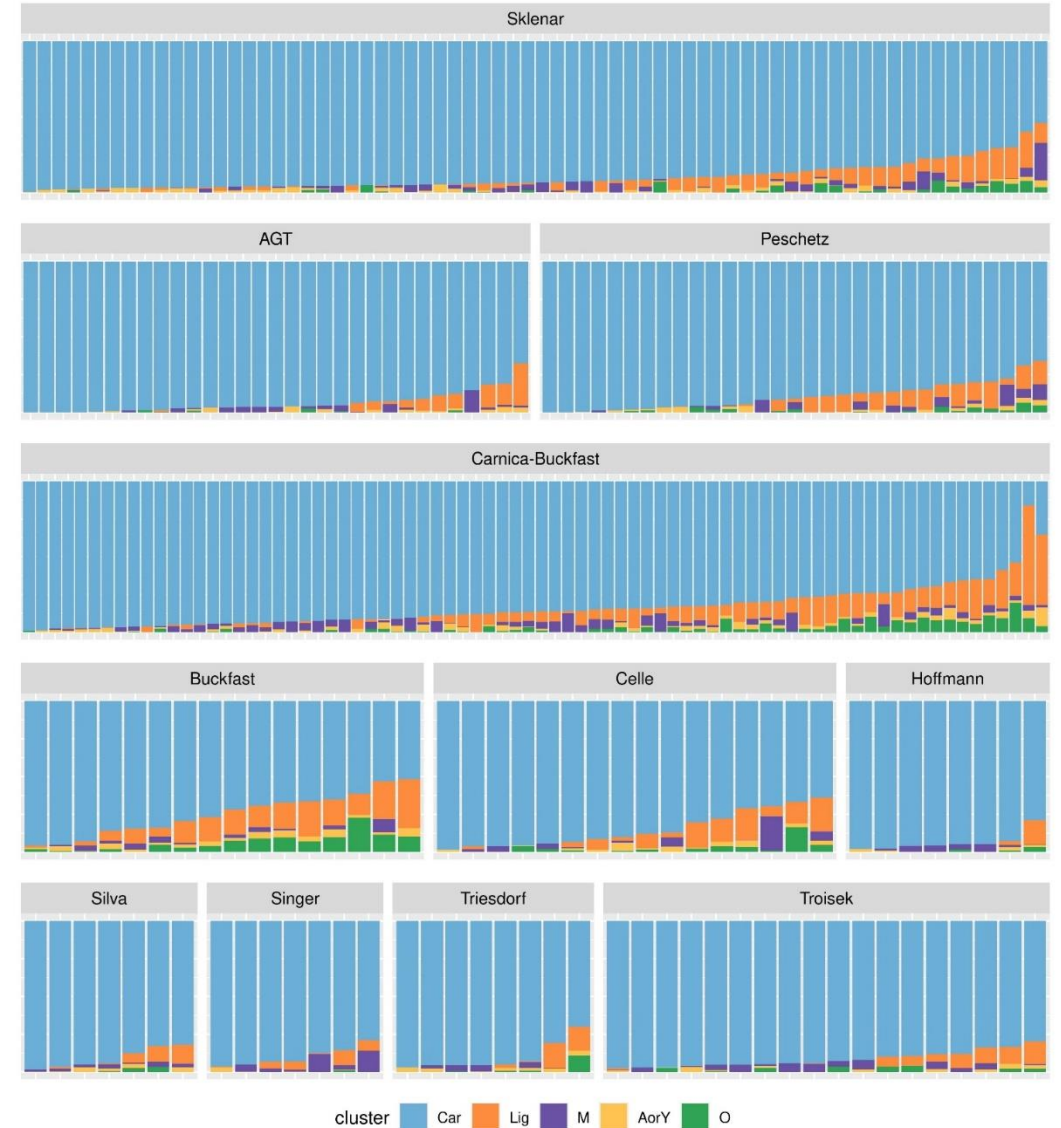


Herkunftsanalyse (Admixture) K=5

Starke Dominanz der C-
Evolutionlinie
(Deutschland autochthon: M)

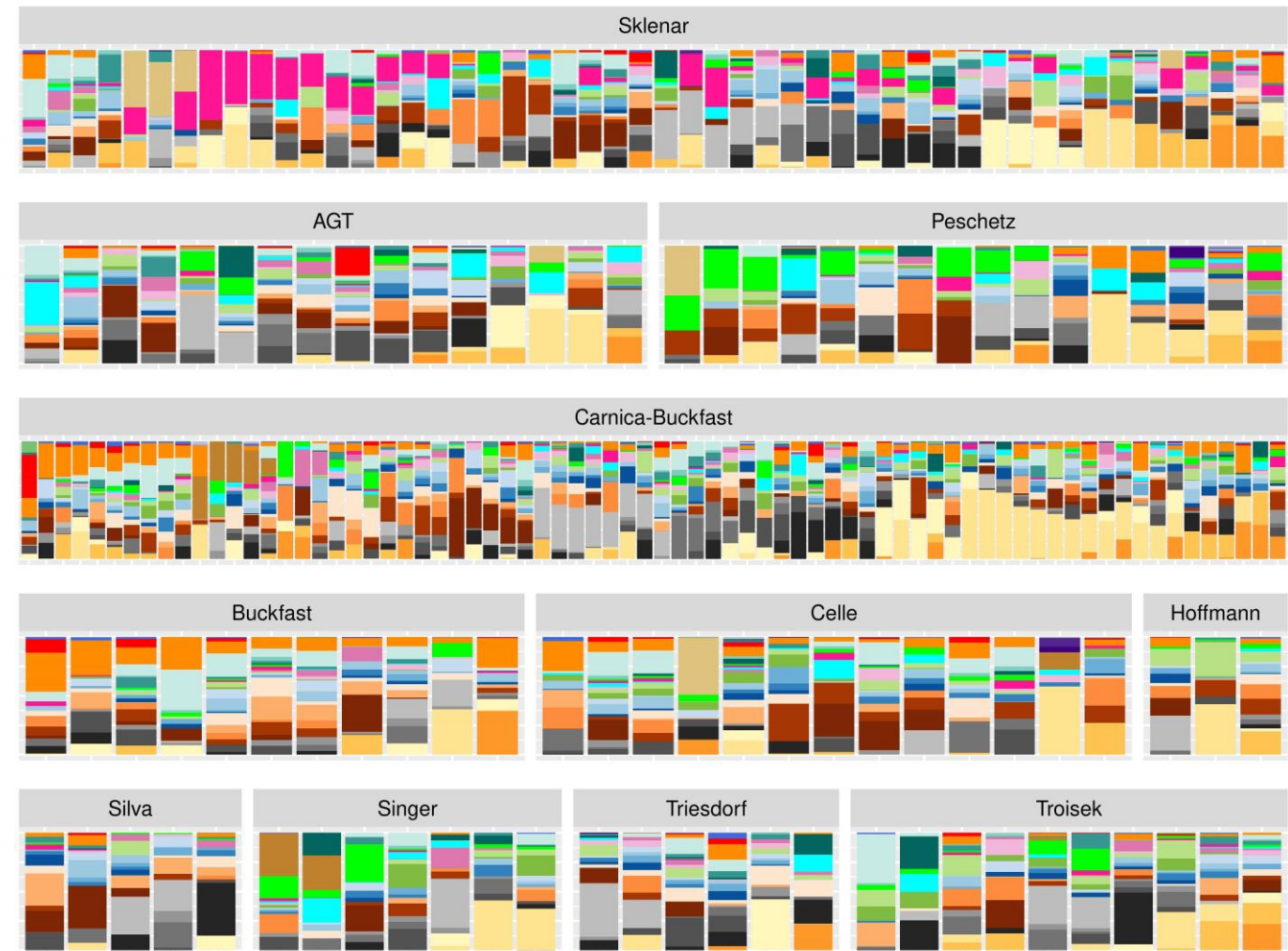


Tihelka et al. 2020



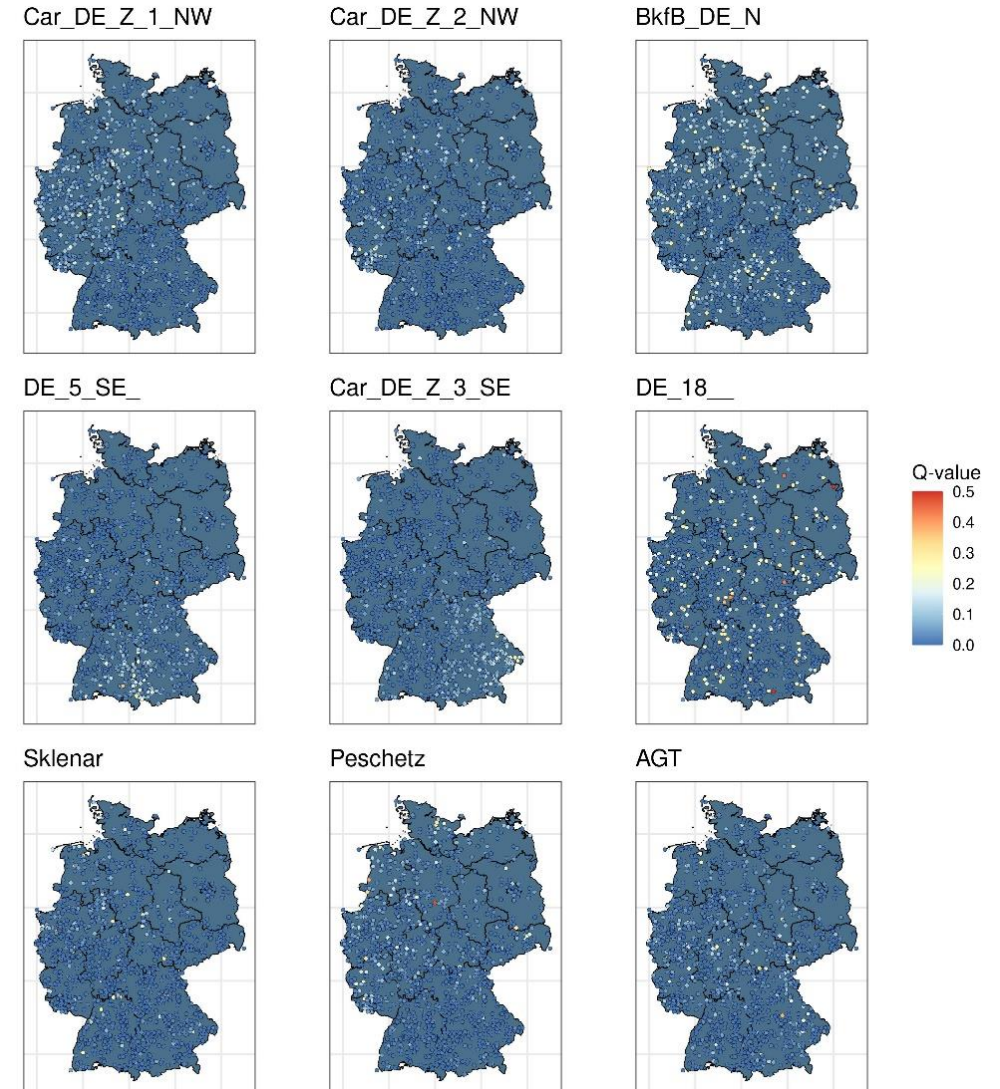
Herkunftsanalyse K=44

Große Heterogenität und Vermischung



Geografische Verteilung, K=44

Wenige
Herkunftskomponenten haben
geografische Struktur

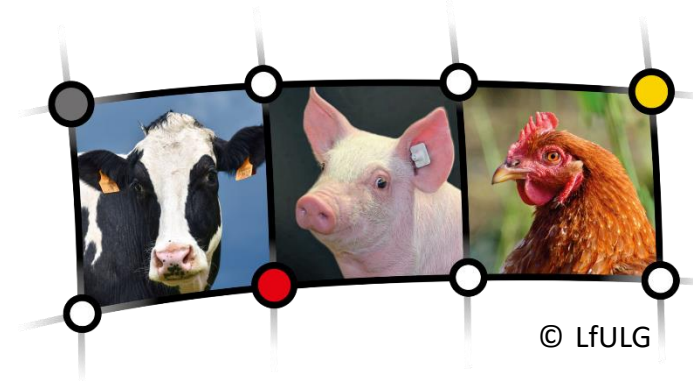


Vergleich Biene / Farmtiere

- verwischte Struktur der Zuchtrassen
- Zuchtpopulation 5‰
- N_e hoch (500-4000)
- Gefahr für Vielfalt: Vermischung
- Zuchtrassen klar definiert
- Zuchtpopulation 5-50%
- N_e niedrig (50-1000)
- Gefahr für Vielfalt: starke Inzucht



Bild von Catkin auf Pixabay



Monitoring-Strategie

- Züchter / aktive Imker (Erfassungslücke unvermeidlich)
- Erfassung von Zuchtungsaktivitäten
- Erhaltungsbemühungen verfolgen

Erhaltungsbemühungen

- Klarere Definition von Zuchtrassen
- Zucht & kontrollierte Anpaarung stärken
- Refugien ursprünglicher Bienen



Bild erstellt mit DALL-E/OpenAI

Honigbienen in der Deutschen Genbank

„Etablierung von *Ex-situ*-
Erhaltungsstrukturen (Kryokonservierung)
für die Honigbiene“

FKZ: 2817BM020

Projektnehmer: Länderinstitut für Bienenkunde Hohen Neuendorf e.V.

Auftrag
GenMon Honigbiene

„Erfassung und Dokumentation der genetischen Vielfalt der Honigbiene (*Apis mellifera* L.) und der Struktur der Züchtung in Deutschland“

Auftragnehmer:
Länderinstitut für Bienenkunde Hohen
Neuendorf e. V.

Projektnummer:
214-02.05-20.0179-21-I-B

- Viables Sperma: 216 Proben
- Referenzmaterial
- postmortales genetisches Material
- 2060 Proben



Danke für die Aufmerksamkeit!