

Ein Plan B für die Varroaresistenz-Zucht

Ein neues Projekt bei Agroscope, unterstützt vom Schweizerischen Nationalfonds (SNF), zielt darauf ab, die Züchtungsmöglichkeiten für die Varroaresistenz zu verbessern. Es basiert darauf, die zu züchtenden Bienenvölker durch genomische und natürliche Selektion zu bestimmen, wobei dieser Prozess von modernsten Techniken unterstützt wird.

HANNAH BRATSCHI, VINCENT DIETEMANN, MARKUS NEUDITSCHKO, BENJAMIN DAINAT,
ZENTRUM FÜR BIENENFORSCHUNG, AGROSCOPE, 3003 BERN

Seit mehreren Jahrzehnten ist der Parasit *Varroa destructor* ein erbarmungsloser Gegner der Honigbiene. Trotz Behandlungsmöglichkeiten, beispielsweise mit Ameisen- und Oxalsäure oder sogar mit synthetischen Akariziden, bleibt der Verlust ganzer Bienenvölker eine bittere Realität. Der Wunsch nach einer resistenten Honigbiene ist gross. Doch bisher war die Züchtung dieser Varroaresistenz nicht sehr erfolgreich. Weshalb? Und was ist der Plan B?

Erblichkeit der Resistenzmerkmale in Völkern ist bisher gering und schwer messbar

Das gesamte Genom der Honigbiene wurde schon im Jahr 2006 entschlüsselt und liefert seither wichtige Informationen, auch über mögliche Zuchtmerkmale.¹ Die Genorte, die mit Sanftmut, Hygieneverhalten und der Honigproduktion assoziiert werden, sind bekannt und hierfür könnte gezielter mit Hilfe von genetischen Markern gezüchtet werden.² Auch das Erkennen von varroainfizierter Brut und das darauffolgende Öffnen und wieder Verschliessen der Brutzellen (Recapping) ist auf dem Genom kodiert. Es zeigt sich: Das Wissen über die *V. destructor*-Resistenzmechanismen wächst, doch leider weisen die bisher beschriebenen varroaassoziierten Verhalten eine geringe Heritabilität (Erblichkeit) auf, was die gezielte Zucht erschwert. Neben der geringen Heritabilität sind die Resistenzmerkmale nicht wiederholt messbar. Die zahlreichen Umweltfaktoren, die sowohl

die Streuung in den Messungen erklären könnten als auch das Überleben der Völker beeinflussen, werden oft nicht berücksichtigt. Zusätzlich ist das Messen der assoziierten Verhalten aus verschiedenen Gründen schwierig und aufwendig.³

Das Darmmikrobiom als wichtiger Mitspieler der Bienengesundheit

Über den Einfluss des Darmmikrobioms (Gesamtheit aller Mikroorganismen im Verdauungstrakt) von Bienen wird intensiv geforscht. Es ist bekannt, dass das Verdauungssystem einen erheblichen Einfluss auf die Gesundheit der Honigbienen hat, z. B. positive Einflüsse auf die Futtermittelverarbeitung, Vitamin-Biosynthese, Gewichtszunahme und Immunität gegenüber Pathogenen. Das Mikrobiom der Honigbiene wird, ähnlich wie beim Menschen, durch soziale Interaktionen übertragen und kann in seiner Zusammensetzung sowie in seiner Diversität beeinflusst werden, zudem ist es empfindlich gegenüber Umweltfaktoren. Auch innerhalb eines Volkes wurden kürzlich zwischen Honigbienen mit und ohne Hygieneverhalten Unterschiede in der Zusammensetzung des Darmmikrobioms beschrieben.⁴ Trotz zunehmender Forschung sind bis heute einige Fragen unbeantwortet, wenn es um die Wechselwirkungen zwischen Darmbakterien der Honigbiene und der Gesundheit eines Volkes geht. Gerade die Effekte des Darmmikrobioms auf Resistenzmechanismen wie zum Beispiel *V. destruc-*

tor-Resistenz oder auf das Überleben eines Volkes, sind noch nicht aufgeklärt.

Plan-B-Omics: Eine mehrjährige Analyse der Organismen in Bienenvölkern auf genomischer Ebene

Seit Anfang 2025 untersucht das neue Projekt Plan-B-Omics (Plan B für die Bienen mit Hilfe von Genomik) am Zentrum für Bienenforschung, wie das Darmmikrobiom und Pathogene (Krankheitserreger) innerhalb eines Volkes die Varroaresistenz beeinflussen. Ziel ist es, mithilfe von Metagenom-Analysen (die gesamte genetische Information der Biene und der assoziierten Mikroben, einschliesslich Darmmikrobiom und Pathogenen) zu beantworten, inwiefern die einzelnen Komponenten den Erhalt der Völker beeinflussen. Das Team kombiniert dafür Sequenzierungstechnologien mit modernsten computergestützten Metagenomik-Methoden. Dadurch können die Mikroben und deren Einflüsse auf die Resistenzmerkmale gegen *V. destructor* in der Selektion berücksichtigt werden. In der aktuellen Selektion von Honigbienen mittels des BLUP-Verfahrens (Best Linear Unbiased Prediction, auf Deutsch Beste Lineare Unverzerrte Vorhersage), das eine optimale Trennung von Umwelt- und Genetik-Effekten ermöglicht, wurden bisher lediglich der Standort und das Jahr berücksichtigt. Zusätzlich erforscht das Team, inwiefern eine Co-Selektion von Mikrobiom, Pathogene und Honigbienen das Überleben der Völker positiv beeinflussen kann.

Weil das Verständnis der Merkmale, die zu einer Varroaresistenz führen, noch zu begrenzt ist, plant das Team, nach keinem Resistenzmerkmal zu züchten. Stattdessen setzen sie auf die natürliche Selektion von 60 Völkern. Um sicherzustellen, dass die Völker weder leiden noch eine Gefahr für umliegende Bienenstände darstellen, werden im Vorfeld entsprechende Vorsichtsmassnahmen getroffen.

Die mehrjährige, vom Schweizerischen Nationalfonds finanzierte Forschung erhofft sich, einen tieferen Einblick in die Interaktionen von Bienen, Mikrobiom und Pathogenen, vor allem von *V. destructor*, zu erhalten, um die aktuellen Zuchtstrategien für Resistenzmerkmale zu verbessern. Weiter möchte das Team am Zentrum für Bienenforschung



Hannah Katharina Bratschi (M.Sc. Molekularbiologin) unterstützt seit März 2025 das Plan-B-Omics Team am Zentrum für Bienenforschung im Liebefeld. Neben der Arbeit im Labor ist sie auch bei den Bienenständen involviert. Das Imkern erlernt sie im Simmental, auch dank ihres Vaters, der die Begeisterung für die Honigbienen seit vielen Jahren mit ihr teilt.

mehr über den Einfluss des Darmmikrobioms auf die Gesundheit der Völker erfahren. Das grössere Ziel dabei: das Überleben der Bienenvölker langfristig zu verbessern – ohne den Einsatz von Medikamenten. x

Literatur

- 1 The Honeybee Genome Sequencing Consortium (2006) Insights into social insects from the genome of the honeybee *Apis mellifera*. *Nature* 443, 931-949. <https://doi.org/10.1038/nature05260>
- 2 Guichard, M., Dainat, B., Eynard, S., Vignal, A., Servin, B., and Neuditschko, M. (2021) Identification of quantitative trait loci associated with calmness and gentleness in honey bees using whole-genome sequences. *Anim Genet*, 52: 472-481. <https://doi.org/10.1111/age.13070>
- 3 Guichard, M. et al. (2023) Natürliche Selektion – ein Wundermittel gegen die Varroamilbe? *Schweizerische Bienen-Zeitung* 09: 23-27.
- 4 Yola, Y.H., Wagoner, K., Strand, M.K. et al. (2025) The gut microbiome differs between hygiene-performing and non-hygiene-performing worker honey bees. *Insect. Soc.* <https://doi.org/10.1007/s00040-025-01029-x>