

Better-B newsletter

Issue n°4 – June 2026

Genetische Vielfalt ist entscheidend für die Widerstandsfähigkeit. Honigbienenvölker mit hoher genetischer Variation sind gesünder und besser in der Lage, mit Stressfaktoren umzugehen. Genetische Vielfalt ist zudem der Ausgangspunkt für die Evolution und ermöglicht es Honigbienenpopulationen, sich an das lokale Klima und die Umweltbedingungen anzupassen und Resistenzen gegen Krankheitserreger zu entwickeln. Um besser zu verstehen, wie genetische Vielfalt die Widerstandsfähigkeit fördert, hat das Better-B-Projekt die gesamten Genome von über tausend Honigbienen sequenziert. Die Ergebnisse haben Gene identifiziert, die wahrscheinlich für die Anpassung an unterschiedliche Klimata wichtig sind. Wir haben die Genomsequenzierung außerdem genutzt, um die genetischen Veränderungen zu untersuchen, die auftreten, wenn Honigbienenpopulationen den Befall mit der Varroamilbe ohne Behandlung überleben, was die natürliche Fähigkeit der Honigbienen unterstreicht, ihre genetische Vielfalt zu erhalten. Letztendlich ist es das Ziel dieser Forschung, Imkern die Auswahl von Honigbienen mit genetischen Hintergründen zu ermöglichen, die widerstandsfähig und gut an ihre lokale Umgebung angepasst sind.

Wie sind Honigbienen an ihre jeweilige Umgebung angepasst?



**Resilience
to climate
and heat
stress**

Die Imkerei gibt es in Europa in unterschiedlichen Klimazonen, die von den heißen und trockenen Sommern im Mittelmeerraum bis hin zu den langen skandinavischen Wintern reichen, unter Bedingungen, die sich aufgrund des Klimawandels rasch verändern. Um die Widerstandsfähigkeit und das Überleben der Bienenvölker zu fördern, ist es entscheidend, sicherzustellen, dass Honigbienen genetisch an ihre lokalen klimatischen Bedingungen angepasst sind. Um die Gene zu identifizieren, die für die Anpassung an das Klima wichtig sind, haben die Forschungsgruppen von Matthew Webster (UU) und Alice Pinto (IPB) in Zusammenarbeit mit vielen anderen Better-B-Partnern die Genome von mehr als 1000 Honigbienen sequenziert, die aus ganz Europa gesammelt wurden.

Die Evolutionsgeschichte der Honigbienen

Wenn wir verstehen wollen, wie Honigbienen an ihre Umwelt angepasst sind, müssen wir ihre Evolutionsgeschichte kennen. Honigbienen gibt es in Europa seit fast einer Million Jahren, lange bevor Menschen dort ankamen. Aufgrund massiver klimatischer Schwankungen während der Eiszeiten und geografischer Barrieren wie Gebirgsketten wurden zwei große evolutionäre Linien voneinander isoliert und entwickelten große genetische Unterschiede. Diese werden als M-Linie zu der die Dunkle Biene (*Apis mellifera mellifera*) und die Iberische Biene (*A. m. iberiensis*) gehören und als C-Linie, zu der die Italienische Biene (*A. m. ligustica*) und die Kärntner Biene (*A. m. carnica*) gehören, bezeichnet. Das natürliche Verbreitungsgebiet der M-Linie in Europa erstreckt sich im Westen von Skandinavien bis zur Iberischen Halbinsel, während die C-Linie auf den Südosten Europas, die italienische Halbinsel und den Balkan beschränkt ist.

In jüngerer Zeit, in den letzten 150 Jahren, wurde die natürliche Verbreitung der Honigbienen in Europa durch die Verbringung von Bienenvölkern und den Import von Königinnen durch Imker gestört. Dabei ging es vor allem um die Einfuhr der C-Linie in nördliche Länder, was den genetischen Hintergrund der dort heimischen Honigbienen der M-Linie beeinflusst hat. Die Vermischung der Honigbienenlinien erhöht zwar die genetische Vielfalt, kann aber auch die

Anpassungen zwischen Genen und Umwelt stören und so die Widerstandsfähigkeit lokaler Populationen verringern. Durch die Untersuchung der Genome von Honigbienen wollen wir herausfinden, welchen Einfluss der Transfer von Bienen darauf hat, wie gut sie genetisch an ihre Umgebung angepasst sind. Außerdem wollen wir Gene identifizieren, die Merkmale steuern, die für die Anpassung an das Klima wichtig sind.

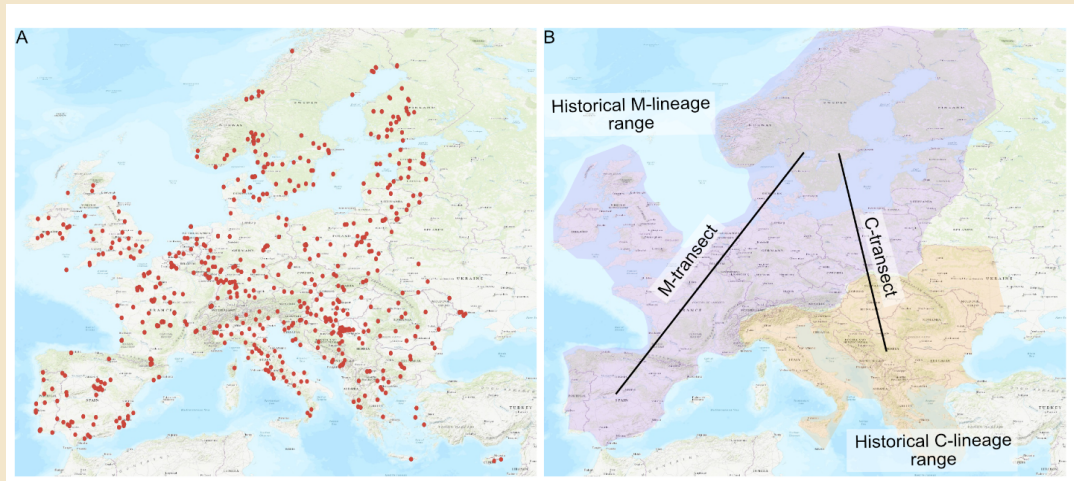


Abbildung 1: (A) Sammelorte von über 1.000 Bienen aus 33 europäischen Ländern, deren Genome von Better-B sequenziert wurden. (B) Das historische Verbreitungsgebiet der in Europa heimischen Bienen der Linien M und C ist schraffiert dargestellt. Diese Verbreitung wurde durch den Transport von Bienen der Linie C weiter nach Norden gestört. Wir haben die Genome von Bienen entlang zweier Nord-Süd-Transsekte verglichen, um Gene zu identifizieren, die die Anpassung an das Klima steuern.

1000 Honigbienen-Genome

Im Rahmen des Better-B-Projekts wurden Genome von Arbeiterbienen sequenziert, die in ganz Europa gesammelt wurden (Abb. 1A). Diese Daten haben gezeigt, dass der Transport von Honigbienen massive Auswirkungen auf ihre genetische Zusammensetzung hatte. In Ländern wie Deutschland, Belgien, den Niederlanden und den skandinavischen Ländern besteht der genetische Hintergrund mittlerweile zu mehr als 90 % aus der importierten C-Linie. Es ist möglich, dass diese groß angelegten Importe die Anpassung an die lokale Umwelt gestört haben, was zu weniger widerstandsfähigen Bienen geführt hat.

Unter Berücksichtigung dieses gemischten genetischen Hintergrunds haben wir Honigbienenpopulationen entlang zweier Nord-Süd-Transsekte verglichen, um Gene zu identifizieren, die die Anpassung an das Klima erklären könnten (Abb. 1B). Der M-Linie-Transsekt vergleicht Honigbienen auf der Iberischen Halbinsel mit denen in Nordeuropa, die aus spezifischen „Schutzpopulationen“ stammen müssen, die vom Import von Bienen der C-Linie unberührt geblieben sind. Der C-Linie-Transsekt vergleicht Honigbienen aus Südosteuropa mit denen aus Nordeuropa. Durch diese Vergleiche können wir spezifische genetische Varianten identifizieren, deren Häufigkeit sich zwischen nördlichen und südlichen Populationen unterscheidet und die die Anpassung an unterschiedliche Klimabedingungen erklären können.

Gene für die Klimaanpassung

Wir haben eine Vielzahl statistischer Methoden eingesetzt, um Gene zu identifizieren, die für die Anpassung an das Klima verantwortlich sind. Dazu gehört der Vergleich der Genome von Bienen, die in unterschiedlichen Breitengraden leben. Außerdem suchen wir nach Zusammenhängen zwischen Genhäufigkeiten und klimatischen Messwerten wie Temperatur und Niederschlag. Mit diesen Methoden haben wir mehrere Gene identifiziert, die in nördlichen und südlichen Ländern unterschiedliche Varianten aufweisen. Ein besonders interessantes Gen gehört zur Familie der

„Myosin-Schwerketten“, die Proteine produzieren, welche wichtige Bestandteile der Muskeln sind. Honigbienen nutzen ihre großen Flugmuskeln, um die Temperatur im Bienenstock zu regulieren, indem sie bei kaltem Wetter Wärme erzeugen oder den Luftstrom zum Bienenstock erhöhen, um ihn abzukühlen. Wir gehen davon aus, dass verschiedene Varianten dieses Gens von Vorteil sind, je nachdem, ob sich ein Bienenvolk in einem heißen oder kalten Klima befindet. Indem wir den Einsatz von Bienen fördern, deren genetische Varianten in diesem Gen dem jeweiligen Klima entsprechen, können wir die Widerstandsfähigkeit und das Überleben von Honigbienenvölkern steigern.

Wie entwickeln Honigbienen eine Resistenz gegen *Varroa*?



Local
adaptation
by Darwinian
selection

Die Varroamilbe ist die Hauptursache für den Verlust von Honigbienenvölkern in Europa, und die meisten Völker können ohne chemische Behandlung nicht überleben. Dennoch haben mehrere Honigbienenpopulationen in den letzten zwei Jahrzehnten eine natürliche Resistenz gegen diesen Parasiten entwickelt und können ohne Eingriffe des Imkers überleben. Im Rahmen des Better-B-Projekts wurden vier bereits existierende, *Varroa*-resistente Populationen untersucht und an neun verschiedenen Standorten in ganz Europa neue Populationen etabliert, die nicht gegen *Varroa* behandelt werden. Durch die Sequenzierung der Genome dieser Populationen können wir die Veränderungen der genetischen Variation analysieren, die auftreten, wenn Populationen eine Resistenz gegen *Varroa* entwickeln.

Genetik von „*Varroa*-überlebenden“ Bienenvölkern

Die Standorte der *Varroa*-resistenten Populationen sind in Abbildung 2 dargestellt. Wir haben vier bestehende Populationen in Cluj-Napoca (Rumänien), Gjerdrum (Norwegen), De Hoge Veluwe (Niederlande) und Kalmthout (Belgien) identifiziert. Alle diese Populationen haben die Varroamilbe seit vielen Jahren überlebt. Die norwegische Population wurde bereits 1999 gegründet, die niederländische im Jahr 2007, während sowohl die belgische als auch die rumänische Population seit 2019 behandlungsfrei sind. Die Better-B-Partner haben zudem zu Beginn des Projekts im Jahr 2023 neun neue Populationen in Regionen mit unterschiedlichen Klimabedingungen in ganz Europa gegründet. Jeder Standort begann mit durchschnittlich ~56 Völkern, die nach dem „Darwinian Black Box“-Ansatz bewirtschaftet wurden. Dieses Protokoll stellt sicher, dass sich die Populationen unter natürlicher Selektion durch die Varroamilbe entwickeln, und umfasst eine jährliche Volksteilung zur Schwarmverhinderung. Von diesen Populationen überlebten zwei das erste Jahr ohne *Varroa*-Behandlung nicht, was die verheerenden Auswirkungen auf Honigbienenvölker verdeutlicht.

Wir untersuchten die Entwicklung aller *Varroa*-überlebenden Populationen mittels Gesamtgenomsequenzierung. Dabei interessierten uns vor allem folgende Fragen: 1) Führen Populationsengpässe aufgrund natürlicher Selektion zu einer verminderten genetischen Variation? 2) Erhöht eine geringe genetische Variation das Risiko des Populationsuntergangs durch *Varroa*? 3) Welche genetischen Varianten stehen unter Selektion, weil sie die Resistenz gegen *Varroa* erhöhen?

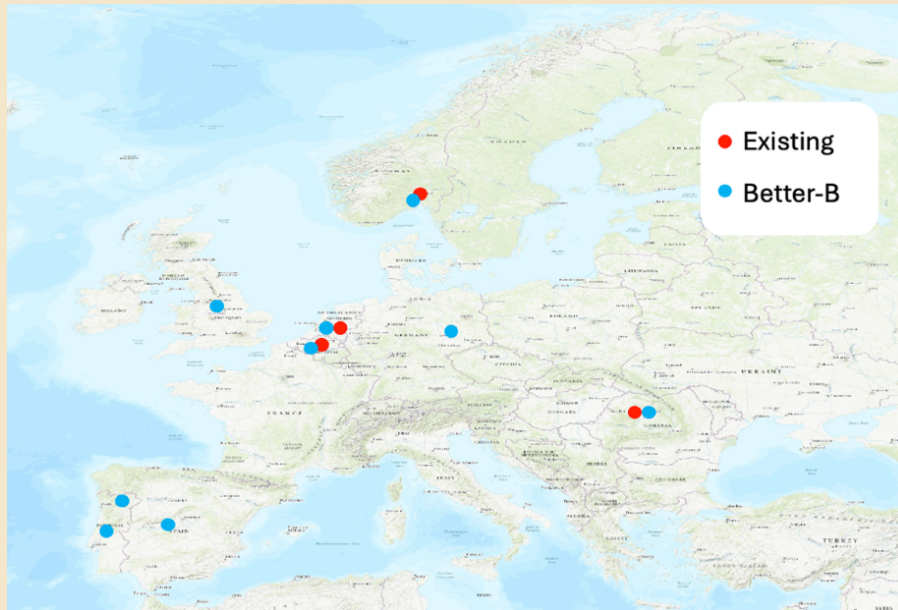


Abbildung 2: Standorte der im Rahmen des Better-B-Projekts untersuchten, *Varroa*-resistenten Honigbienenpopulationen

Hohe genetische Vielfalt bei europäischen Honigbienen

Wir haben den Grad der genetischen Vielfalt in den vier bestehenden, *Varroa*-resistenten Populationen mit Honigbienenvölkern in benachbarten Regionen verglichen, die gegen *Varroa* behandelt wurden. Überraschenderweise gab es keine konsistenten Unterschiede. Dies ist überraschend, da die unbehandelten Populationen aufgrund der Sterblichkeit der Völker erhebliche Bestandsrückgänge verzeichneten, was eigentlich zu einer verminderten genetischen Vielfalt hätte führen müssen. Die Ergebnisse unterstreichen daher die natürliche Fähigkeit der Honigbienen, genetische Variation durch Prozesse wie die Paarung der Königinnen mit mehreren Drohnen aufrechtzuerhalten.

Als wir die genetische Vielfalt aller Populationen miteinander verglichen, stellten wir fest, dass sie am stärksten mit ihrer historischen Herkunft korrelierte: Kolonien mit hybrider Abstammung wiesen eine größere genetische Vielfalt auf. Wir konnten jedoch keinen Einfluss der genetischen Vielfalt auf das Überleben der „Darwin’schen Black-Box“-Populationen feststellen, was darauf hindeutet, dass die genetische Vielfalt in all diesen Populationen ausreichend hoch ist und dass die durch *Varroa* bedingte Sterblichkeit auf andere Faktoren zurückzuführen ist.

Vergleiche der vier etablierten, *Varroa*-resistenten Populationen mit umliegenden Populationen, die gegen *Varroa* behandelt werden, ergaben keine spezifischen Gene, die für die *Varroa*-Resistenz verantwortlich sind. Dies liegt wahrscheinlich daran, dass eine große Anzahl von Genen für die Resistenz gegen *Varroa* wichtig ist und dass sich die unter Selektion stehenden genetischen Varianten je nach Population und Umgebung unterscheiden. Die im Rahmen von Better-B durchgeführten „Darwin’schen Black-Box“-Experimente werden mehrere weitere *Varroa*-resistente Populationen hervorbringen, die eine entscheidende Ressource für das Verständnis der Genetik der *Varroa*-Resistenz darstellen werden.

Wie geht es weiter?

In der nächsten Projektphase werden wir die zukünftigen Auswirkungen des Klimawandels auf die Anpassung der Bienen an ihre Umwelt modellieren. Dies wird uns helfen, die Auswirkungen des Klimawandels auf die Widerstandsfähigkeit von Honigbienenvölkern vorherzusagen und festzustellen, ob bestimmte Regionen Europas

aufgrund des Klimawandels besonders vom Verlust von Bienenvölkern bedroht sind. Durch die Identifizierung spezifischer genetischer Varianten, die an ein bestimmtes Klima angepasst sind, hoffen wir zudem, Imkern Empfehlungen zu den für ihre lokalen Bedingungen am besten geeigneten Honigbienenlinien geben zu können.

Im Rahmen von „Better-B“ laufen derzeit an neun Standorten darwinistische Selektionsexperimente. Diese Populationen entwickeln eine Resistenz gegen *Varroa*. Durch die Analyse der genetischen Veränderungen in Populationen, die überleben oder untergehen, und durch den Vergleich dieser Veränderungen zwischen den Populationen hoffen wir, genetische Faktoren aufzudecken, die die Widerstandsfähigkeit der Bienenvölker fördern.

Möchten Sie mehr erfahren?

Nehmen Sie bitte an unserer nächsten öffentlichen Veranstaltung teil, die am 25. November 2026 in Bragança, Portugal, sowie online stattfindet. Die Veranstaltung wird sowohl auf Englisch als auch auf Portugiesisch (und ein wenig auf Spanisch) abgehalten.

Wir werden uns eingehender mit der Genetik der Honigbiene und ihrer lokalen Anpassung befassen, erfahren, wie die Landschaft die Resistenz gegen Pestizide beeinflusst, und Einblicke in die Wärmeregulierung im Bienenstock gewinnen. Wir laden Sie herzlich ein, mit uns über das „Better-B“-Konzept für eine nachhaltige Imkerei zu diskutieren, das auf einem zweigleisigen Managementansatz basiert, bei dem Produktion und Fortpflanzung voneinander getrennt werden. Am Nachmittag findet eine praktische Einheit statt, in der wir lernen, wie wir dem Bienenvolk am besten dabei helfen können, die Temperatur im Bienenstock zu regulieren..

Learn more

www.better-b.eu

Follow us on LinkedIn

[Better-B Project](#)

This work was supported by the Better-B project, which has received funding from the European Union, the Swiss State Secretariat for Education, Research and Innovation (SERI) and UK Research and Innovation (UKRI) under the UK government's Horizon Europe funding guarantee (grant number 10068544).



Schweizerische Eidgenossenschaft
Confédération suisse
Confederazione Svizzera
Confederaziun svizra

Swiss Confederation