

[Darwinian black box selection for resistance to settled invasive *Varroa destructor* parasites in honey bees](#)

Tjeerd Blacquière, Willem Boot, Johan Calis, Arrigo Moro, Peter Neumann, Delphine Panziera. *Biol Invasions* (2019) 21: 2519. <https://doi.org/10.1007/s10530-019-02001-0>

Deutsche Übersetzung von Claudia Blauert

Darwinistische Black-Box Selektion zur Resistenz gegen bereits etablierte invasive *Varroa destructor* Parasiten bei Honigbienen

Schlüsselwörter (dies sind im Original Text Links zu entsprechenden Querverweisen! Anm. d. Übers.)

Apis mellifera, Honigbiene, *Varroa destructor*, Natürliche Auslese, Nachhaltige Bienenzucht, Resistenz, Toleranz, Wirt-Parasiten-Beziehung

Zusammenfassung

Etablierte invasive Arten können eine ständige Bedrohung für die biologische Vielfalt und die Ernährungssicherheit darstellen und erfordern daher eine nachhaltige Schadensminderung. Es besteht Konsens darüber, dass die allgegenwärtige ektoparasitäre Milbe *Varroa destructor*, eine invasive Art aus Asien, die größte biologische Bedrohung für die weltweite Bienenzucht mit *Apis mellifera* darstellt. *V. destructor* hat die Populationen der wilden Europäischen Honigbiene (*Apis mellifera*) fast vollständig ausgelöscht. Das einzige Heilmittel für die Imkerei sind bisher häufige Kontrollmaßnahmen gegen die Milbe während der gesamten Saison, die allerdings mögliche Parasit-Wirt- Anpassungen verhindern. Durch gezielte Zuchtbemühungen ist es bisher nicht gelungen, tolerante oder resistente Bienen zu selektieren, aber natürliche Selektionsansätze sind in mindestens sieben Fällen gelungen.

Wir schlagen hiermit vor, sich diese Vorteile der natürlichen Selektion für die Resistenz der Honigbienen zu Nutzen zu machen, indem die Milbenbehandlung in bewirtschafteten Bienenvölkern gestoppt wird.

Die Hauptstrategie besteht aus der Paarung der eigenen jungfräulichen Königinnen und Drohnen sowie einer Selektion, die auf dem Überleben und der Entwicklung der Bienenvölker basiert. Bei der Anwendung über 10 Jahre hat sich gezeigt, dass dies zu annähernd "normalen" Kolonien mit einem hohen Grad an Resistenz gegen *V. destructor* führt.

Hier rufen wir lokale Gruppen von Imkern und Wissenschaftlern auf, sich einem neuartigen natürlichen Selektionsprogramm anzuschließen, das bisher an drei Standorten gestartet wurde.

Dies wird schließlich zu zahlreichen lokal angepassten, gegen *V. destructor* resistenten Honigbienenpopulationen auf der ganzen Welt führen und dazu beitragen, die globale Bienenzucht nachhaltiger zu gestalten.

Einführung

Die Westliche Honigbiene (*Apis mellifera* L.) ist fast weltweit verbreitet, sowohl als Wildtier (endemisch in Europa, Afrika und dem Mittleren Osten, eingebürgert in Amerika, Asien und Australien) als auch als vom Menschen bewirtschaftete Art (Moritz et al. 2005). *A. mellifera* ist die wichtigste, bewirtschaftete Bestäuberart und trägt damit sowohl zur Ernährungssicherheit, als auch zur Produktion von Imkereiprodukten weltweit bei (Honig, Pollen, Wachs und Propolis, Klein et al. 2007; Aizen et al. 2008). Es ist daher offensichtlich, dass die Bienenzucht von bedeutendem wirtschaftlichem und gesellschaftlichem Wert ist.

Als Folge der Globalisierung der Bienenzucht und Imkerei hat die Zahl der neuartigen Krankheitserreger, die *A. mellifera* befallen, durch Wirtsverlagerungen von eng verwandten Arten zugenommen. Dies war der Fall bei der ektoparasitären Milbe *Varroa destructor* (Anderson und Trueman 2000), die ihre Wirte von der östlichen Honigbiene (*Apis cerana*) zu *A. mellifera* verlagert hat. Diese Milbe ist inzwischen fast allgegenwärtig (Ellis und Munn 2005) und ist die primäre biologische Ursache für das weltweite *A. mellifera*-Koloniesterben (Neumann und Carreck 2010; Rosenkranz et al. 2010). *V. destructor* ist ein sehr effizienter Vektor verschiedener Honigbienenviren, die Krankheitsepidemien innerhalb des Bienenvolkes auslösen können, das dann innerhalb von 2-3 Jahren immer schwächer wird, bevor es stirbt (Neumann et al. 2012).

Die globale Ausbreitung von *V. destructor* fand sehr schnell statt, so dass nur sehr wenig Zeit blieb, um die biologische Invasion durch Verhinderung der Einschleppung, Ausrottung der eingeschleppten Milben oder schließlich durch Hemmung der weiteren Ausbreitung abzuschwächen (Van der Weijden et al. 2007).

Bemerkenswerterweise ist *A. mellifera* die einzige Honigbiene, die vor ihrer Exposition gegenüber *V. destructor* keinerlei parasitäre Brutmilben aufwies (Eickwort 1994). Das offensichtliche Fehlen einer Wirt-Parasiten-Koevolutionsgeschichte kurz nach den Wirtsverlagerungen (Woolhouse et al. 2005) könnte die viel höhere Anfälligkeit von *A. mellifera* gegenüber *V. destructor* und - als Folge davon - den rapiden Rückgang der wilden und verwilderten europäischen (-abgeleiteten) Honigbienenpopulationen weltweit seit Beginn der Ausbreitung von *V. destructor* erklären (Rosenkranz et al. 2010; Villa et al. 2008; Kraus und Page 1995).

Auch wenn natürliche Selektion unvermeidlicherweise dazu führen muss, dass sich *A. mellifera* an *V. destructor* anpasst, wenn die bewirtschafteten Bienenvölker unbehandelt bleiben, wurde diese Option in der Bienenzucht nicht in Betracht gezogen, da der voraussichtliche Verlust von Bienenvölkern verständlicherweise Bedenken hinsichtlich der Nachhaltigkeit der Bestäubung von Nutzpflanzen und damit der Ernährungssicherheit aufkommen ließ (Klein et al. 2007; Aizen et al. 2008).

Daher wurde *V. destructor* in bewirtschafteten Bienenvölkern permanent kontrolliert, in der Folge wurden dadurch auch mögliche Koevolutionsprozesse (wie von Oldroyd 1999 vorhergesagt) verhindert und konnten nicht stattfinden, die zu einer Wirtsresistenz und Toleranz der Bienen oder einer verringerten Virulenz des Parasiten führen (Neumann und Blacquière 2017; Brosi et al. 2017).

Es gibt klare Hinweise darauf, dass Wildpopulationen von *A. mellifera* durch natürliche Selektion den *V. destructor*-Befall überleben können (Seeley 2007; Le Conte et al. 2007; Fries et al. 2006; siehe Locke 2016 für eine Übersicht). Dies gilt auch für bewirtschaftete Populationen, die nicht gegen *V. destructor* behandelt wurden (Oddie et al. 2017, 2018; Kruitwagen et al. 2017; Panziera et al. 2017; McMullan 2018). Daher ist eine nachhaltige Bienezucht ohne die Notwendigkeit einer Behandlung gegen *V. destructor* eindeutig machbar.

Auch wenn die Mechanismen, die der Resistenz gegen den Befall mit *V. destructor* ohne Behandlung zugrunde liegen, noch nicht vollständig verstanden sind, schlagen wir vor, die natürliche Selektion nach Darwin zur Anpassung der Bienen an diesen neuartigen Parasiten als integrierten Bestandteil der lokalen Bienezucht zu nutzen.

Wir stellen einen Entwurf für einen (natürlichen) Selektionsweg vor, der in jede lokale Bienezucht integriert werden kann und der auch Methoden zur Begrenzung möglicher Kollateralschäden, wie z.B. die Reinvansion in benachbarte Bienenstöcke, beinhaltet.

Die Vorgehensweise [mit dem Namen "**Darwin's Black Bee Box**" (**DBBB**)] wurde aus 10 Jahren früherer Arbeit und Studien entwickelt (siehe Panziera et al. 2017; Kruitwagen et al. 2017) und wird in einem neuen Projekt, das gerade an drei Standorten (d.h. mit drei lokalen Gruppen von Bienenvölkern) begonnen hat, weiter getestet.

Wir rufen hier die Imker und Bienenforscher auf, sich gleichzeitig sowohl diesem Projekt anzuschließen, als auch das unten skizzierte Schema an ihren eigenen Standorten umzusetzen.

Darwin's Black Bee Box - Darwin's Bienen – Black Box

Das Schema basiert auf den Prinzipien der Evolution durch natürliche Auslese: überlebensfähige Kolonien, die sich erfolgreich vermehren und ihre Gene an die nächste Generation weitergeben. Allele von Genen, die für Merkmale kodieren, die zum Überleben beitragen, werden allmählich häufiger, während schädliche oder neutrale Allele seltener werden. Entsprechend Darwins Erkenntnissen ist es möglich, Anpassungen zu beobachten, ohne zuvor die zugrunde liegenden Mechanismen verstehen zu müssen.

Wir verwenden hier die Analogie einer Black Box, deren Inhalt verborgen bleibt, während die offensichtlichen Auswirkungen ihres Inhalts dennoch klar und sichtbar sind.

Außerdem determiniert der Weg nicht im Voraus bestimmte, als vorteilhaft erachtete Eigenschaften, sondern folgt einfach der Natur, um als Ergebnis das Überleben und die Reproduktion zu erreichen. Innerhalb der Black Box werden die Allele, die mit einem erfolgreichen Phänotyp assoziiert sind, konserviert und bleiben auch in der nächsten Generation erhalten.

Die natürliche Selektion ist daher "inklusiv", da sie die genetische Vielfalt erhält, indem sie alle überlebenden Phänotypen in der Black Box hält, einschließlich möglicherweise seltener Allele, die für die Resistenz gegen Parasiten und Pathogene von Vorteil sind oder sein können (Delaplane et al. 2015).

Gezielte Selektivzuchtprogramme hingegen reduzieren per Definition die genetische Vielfalt, indem aus den überlebenden Phänotypen nur die der jeweiligen Präferenz entsprechenden, ausgewählten Merkmale selektiert werden und damit viele der Phänotypen trotz ihrer nachgewiesenen Überlebensfähigkeit potentiell ausschließen (Uzunov et al. 2017).

Die DBBB-Selektion folgt dem natürlichen, jahreszeitlichen Reproduktionszyklus der Honigbienenvölker und ahmt den Schwarmprozess durch die Art der Vermehrung der Kolonien nach. Folglich erhält die Population nicht nur ihre genetische Vielfalt, sondern auch das damit verbundene vielfältige Biom (sowohl günstige als auch ungünstige Begleitorganismen; Bakterien, Hefen, Pilze, Viren, Milben usw.), was die Entwicklung weniger virulenter (schädigender) Wirt-Parasiten-Beziehungen fördert (Neumann und Blacquièrre 2017; Blacquièrre und Panziera 2018).

Dies schließt auch aus, dass eine Königin der nächsten Generation mit einer völlig neuen biotischen Umwelt (Kolonie plus Biota) konfrontiert wird. Umgekehrt verhindert es, dass die Nachkommen der Kolonie (plus Biota) einer fremden Jungkönigin (Königin plus mögliche Biota) ausgesetzt werden.

Nachfolgend beschreiben wir die praktischen Prinzipien und Methoden dieser Herangehensweise, deren Anwendung wir ausdrücklich empfehlen, und wo immer es möglich ist, diese in gut strukturierter Weise umzusetzen.

Voraussetzungen

1. 25-30 Kolonien

Das DBBB-Programm kann im Frühjahr mit einer Population von 25-30 genetisch unterschiedlichen lokalen Kolonien (von verschiedenen Imkern) aus einer Region gestartet werden. Dies ermöglicht vielfältige Variationen und erhält die lokale/regionale Anpassung der Population (Genotyp-Umwelt-Interaktionen Böhler et al. 2014). Nach der Teilung der sich erfolgreich entwickelnden Bienenvölker in je vier Ableger (siehe untenstehendes Verfahren) müssen diese im ersten Jahr, wenn die jungen Königinnen mit der Eiablage begonnen haben und bevor die Brut verdeckelt wird, letztmalig durch Besprühen mit Oxalsäure gegen *V. destructor* behandelt werden.

Die Kolonien, die den Winter bis in das nächste Frühjahr überleben und eine gute Entwicklung im Frühjahr (Wachstum der Kolonie und Drohnenproduktion) aufweisen, werden die Muttervölker sein, die die nächste Generation produzieren. In der Mitte des Winters, wenn die Bienen auf Milbenbefall beprobt werden, kann ein Viertel dieser Jungvölker als Kontrollgruppe ausgewählt werden.

Das Vorhandensein einer Kontroll-/Referenzgruppe von Bienenvölkern ist für das Auswahlverfahren nicht notwendig, aber es kann sehr hilfreich sein, um in Zukunft die ausgewählten und nicht ausgewählten Gruppen zu vergleichen, um die lokalen Mechanismen aufzudecken, die das Überleben der Bienenvölker trotz *V. destructor*-Befalls ermöglichen.

2. Abgelegenes Gebiet

Ein abgelegenes Gebiet wird zu Beginn des Sommers benötigt, um Königinnen und Drohnen innerhalb der Population zu paaren. Wenn eine Kontrollgruppe Teil der Vorgehensweise ist,

wird für diese Völker ein weiterer separater, abgelegener Bereich benötigt. Wir betrachten ein Gebiet ohne oder kaum Bienenzucht im Umkreis von 3 km als ausreichend isoliert.

Die Arbeiten von Jaffé et al. (2009) und Moritz et al. (2007) kamen zu dem Schluss, dass innerhalb eines Radius von 1200 m 60-75% der Verpaarungen mit Drohnen stattfanden.

In einem Versuch von Jensen et al. (2005) lag die Paarungsdistanz (Flugradius der Königinnen + Flugradius der Drohnen) in 50% unter 2,5 km, und für 90% innerhalb von 7,5 km. Die höhere letztere Distanz lässt sich wahrscheinlich durch eine Zunahme der Flugreichweite der Königinnen erklären, vermutlich verursacht durch einen Mangel an Drohnen in der Gegend (was sich in einer geringeren Anzahl von Paarungen pro Königin widerspiegelt, Neumann et al. 1999a, b).

Das von uns vorgeschlagene DBBB-Selektionsschema basiert auf negativer Selektion (Nicht-Überleben nicht angepasster Phänotypen) und zielt nicht auf eine starke Zunahme spezifischer (ausgewählter) Merkmale/Phänotypen ab. Wenn also einige wenige Fremddallele in den Genpool gelangen, wird der natürliche Selektionsprozess wahrscheinlich nicht beeinträchtigt. Darüber hinaus produziert das DBBB-Verfahren (siehe unten) zum richtigen Paarungszeitpunkt einen Überschuss an reifen lokalen eigenen Drohnen, die wahrscheinlich weit fliegende, fremde Drohnen zahlenmäßig bei weitem überflügeln werden.

3. Keine Behandlung gegen *Varroa destructor*

Die DBBB-Selektionskolonien werden während der gesamten Dauer des Programms nicht gegen *V. destructor* behandelt, abgesehen von der letzten Oxalsäurebehandlung im ersten Sommer.

Umgekehrt werden aber die Völker der Kontrollgruppe gegen *V. destructor* behandelt, um die Milbenpopulation auf einem akzeptablen Niveau zu halten, Schäden zu vermeiden und um zu verhindern, dass auch in den Kontrollkolonien ein Selektionsdruck durch *V. destructor*-Befall entsteht. In unserem Fall erwies sich die Behandlung mit Oxalsäure in Abwesenheit von verdeckelter Brut zweimal pro Jahr als ausreichend (Panziera et al. 2017).

4. Fütterung der Kolonien

Die Fütterung der Kolonien ist offensichtlich nicht natürlich. Aus den Arbeiten von Seeley (1995, 2017) wissen wir, dass in der freien Natur (hier Arnot-Wald) nur 23% der Gründerkolonien von Primärschwärmen, die erfolgreich eine Nisthöhle besetzen, den ersten Winter überleben können. Bei etablierten Kolonien steigt die Überlebensrate im Winter auf 84% (Seeley 2017). Der Hunger über den Winter kann die Hauptursache für das Nicht-Überleben der Kolonien in der freien Natur sein. Im Vergleich dazu überleben in Deutschland > 95% der gut geführten Bienenvölker (= gut gefüttert und gegen *V. destructor* behandelt) den Winter (Genersch et al. 2010). In unserem Schema vermeiden wir einen zusätzlichen Selektionsdruck aufgrund von Futtermangel, indem wir die jungen Bienenvölker mit Zuckerteig füttern. In futterarmen Zeiten sollten auch etablierte Kolonien gefüttert werden.

5. Mindestdauer von 4 Jahren

Das Programm sollte mindestens 4 Jahre laufen, um die ersten Auswirkungen zu sehen, und vorzugsweise fortgesetzt werden. Der Grund dafür ist, dass wir in einer früheren Studie in den Niederlanden nach 4 Jahren Veränderungen im Reproduktionserfolg von *V. destructor* in den unbehandelten Kolonien gesehen haben (Panziera et al. 2017; Kruitwagen et al. 2017).

Neuere Untersuchungen von Avalos et al. (2017) zeigten, dass die Evolution durch das Durchlaufen eines Selektions - Engpasses in der Tat sehr schnell (nur zehn Generationen/Jahre) bei der hochgradig polyandrischen Honigbiene verlaufen kann.

Verfahren und Grundsätze

Keine Behandlung gegen *V. destructor*: in den ausgewählten DBBB-Kolonien wird die Behandlung gegen *V. destructor* nach dem ersten Sommer eingestellt. Letztendlich ist nur die Anpassung der Bienen an den neuartigen Parasiten die für das Überleben wichtigste Option (möglicherweise einschließlich einer Anpassung der Milben, siehe Seeley 2007), alle anderen wären eine Sackgasse.

Fortpflanzungsfähigkeit: In gemäßigten Regionen wird sich ein wildes *A. mellifera*-Volk, wenn es die Umstände erlauben, im Frühjahr oder Sommer durch die Produktion eines Hauptschwarms und die Aufzucht neuer Königinnen im verbleibenden Teil des Volkes (von denen einige nach dem Schwärmen im Volk verbleiben) fortpflanzen.

Wir folgen der natürlichen Entwicklung der Völker während der Saison: unsere Kolonien haben die Möglichkeit, sich zu vermehren (Drohnen und Schwarmzellen zu produzieren), wann und wenn die Bienen dies entscheiden. Da wir jedoch vier Nachzuchtvolker (jede mit einer jungfräulichen Königin aus dem Muttervolk) anstreben, vermeiden wir den Verlust von Schwärmen, indem wir einen künstlichen Schwarm bilden, kurz bevor der natürliche Schwarm abgeht (Schwarmvorwegnahme). Durch das Entfernen der Königin (zusammen mit dem künstlichen Schwarm) wird die Produktion neuer Königinnenzellen synchronisiert. Dies bedeutet jedoch, dass nur Kolonien, die rechtzeitig den Reproduktionsprozess einleiten (durch die Aufzucht von Drohnenbrut), auch zur nächsten Generation beitragen werden. Das Selektionsergebnis wird daher auch von der Reproduktionsfähigkeit (Drohnen- und Königinnenproduktion) bestimmt sein.

Wachstumsfähigkeit: Mit der Selektion auf die Fortpflanzungsfähigkeit (wie oben beschrieben) wird indirekt die Fähigkeit der Kolonien gefördert, sich im Frühjahr gut zu entwickeln, da nur Kolonien, die gut wachsen und sich entwickeln, das mit dem Schwärmen verbundene Verhalten einleiten. Diese Selektion auf die Wachstumsfähigkeit ist auch im Sommer stark: Völker, die im Frühsommer gebildet werden, haben nur 3 Monate Zeit, um bis zu einer ausreichenden Größe zu wachsen, damit sie den folgenden Winter überleben können.

Überleben: Der erste Meilenstein für das Überleben ist die erfolgreiche Paarung der Königinnen. Diejenigen Bienenvölker, die in der Folge eine starke und gesunde Population von Winterbienen produzieren, haben gute Chancen, den Winter zu überleben und sich im nächsten Frühjahr weiter zu entwickeln.

Vorgehensweise durch die Saison

Die im Laufe des Jahres durchgeführten Verfahrensschritte (Abb. 1) folgen so weit wie möglich der natürlichen Entwicklung der Völker.

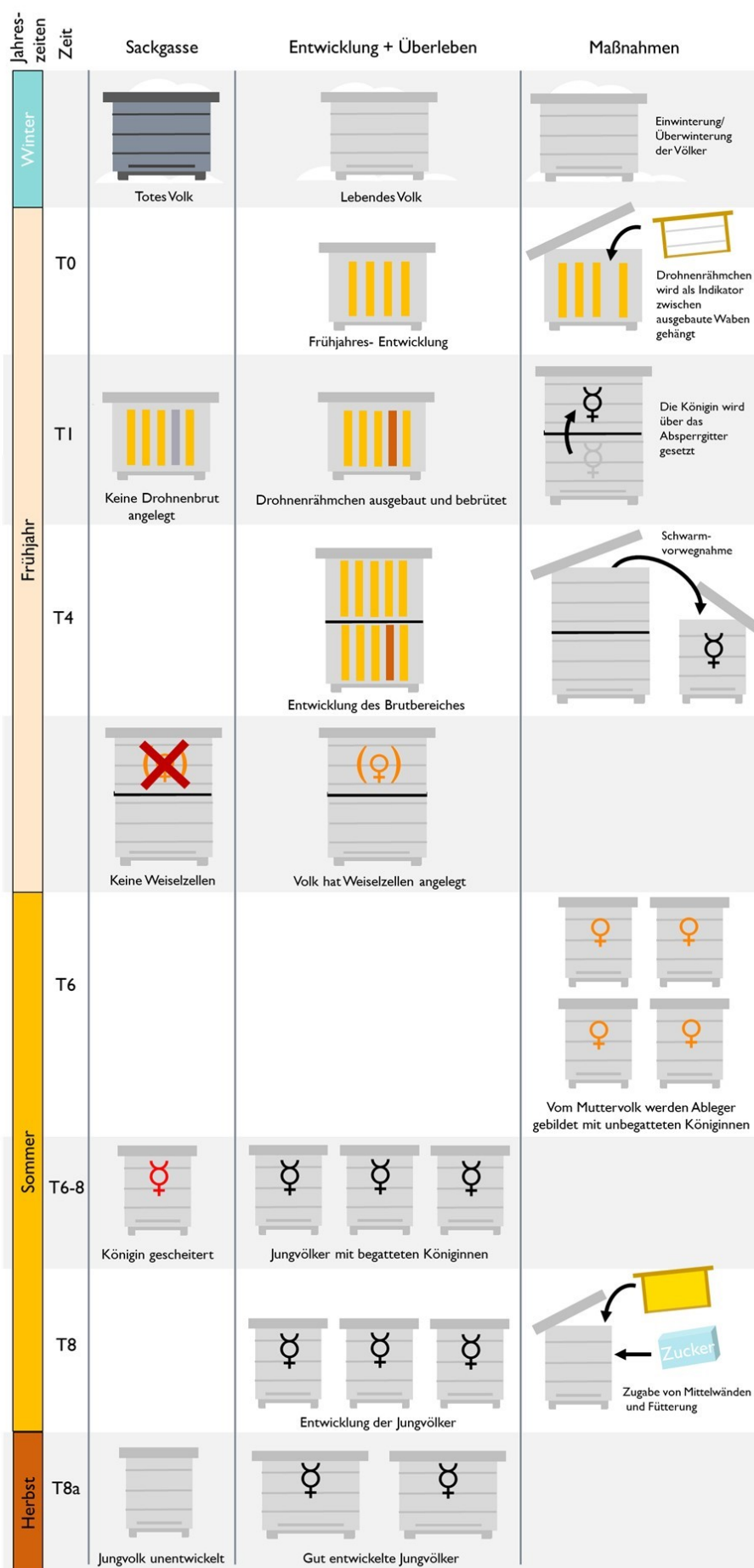


Abb. 1 Jahresplan,

Zeitpunkt in Wochen ab T-0

(= Anfang eines Reproduktionszyklus, beginnt mit dem Einhängen eines Rähmchens als Indikator, welches mit Verdrahtung aber ohne Mittelwand ist)

und die Überlebensvölker,

sowie die Sackgassen (linke Spalte) in DBBB

Die beschriebene Vorgehensweise stellt sicher, dass in jeder Saison genügend neue Kolonien aufgezogen werden, um dadurch Verluste aufgrund des natürlichen Selektionsdruckes auszugleichen, und macht gleichzeitig die Fähigkeit der Kolonien, einen Befall mit *V. destructor*-Milben zu überleben, zum wichtigsten, die Selektion antreibenden Faktor.

Die Schritte sind nicht fest vorgeschrieben, sondern sollen veranschaulichen, dass diese Vorgehensweise der Natur den Raum gibt, die Leitung des Selektionsprozesses zu übernehmen: Ausfall nicht überlebensfähiger Phänotypen nach der Paarung, vor und während des Winters und im Frühjahr; die natürliche Volksentwicklung während der Saison wird möglichst weitgehend befolgt; Jungköniginnen stammen ausschließlich aus den Völkern, in denen sie auch aufgezogen wurden.

In der Kontrollgruppe der Bienenvölker wird die mögliche Anpassung der Bienen an die *V. destructor*-Milbe zweimal im Jahr (im Sommer, 2 Wochen nach der Bildung der Ableger und im Winter, wenn keine Brut vorhanden ist) durch eine Behandlung der Bienenvölker mit Oxalsäure zur Abtötung der Phoresmilben unterbrochen. Je nach den örtlichen Gegebenheiten und der Praxis können auch andere bekannte, effiziente Behandlungsmethoden eingesetzt werden (untersucht von Rosenkranz et al. 2010).

Perspektive

DBBB ist schnell, einfach und kann Merkmale aufdecken, die an der Resistenz beteiligt sind.

Kolonien der europäischen Unterart *A. mellifera* sind in der Lage, *V. destructor*-Befall durch natürliche Selektion zu überleben, was sich in mehreren Fällen gezeigt hat (Seeley 2007; Le Conte et al. 2007; Fries et al. 2006, überarbeitet von Locke 2016; Oddie et al. 2017). Seitdem wurden mehrere Beispiele für die in der Bienenzucht erworbene Resistenz gegenüber dieser Milbe veröffentlicht (Panziera et al. 2017; Kruitwagen et al. 2017; Kefuss et al. 2016; Oddie et al. 2017; McMullan 2018). In allen Beispielen wurde die Selektion nach dem Ergebnis (Überleben, Vitalität (d.h. sich gut entwickelnde Kolonien) oder nach dem (langsamen) Wachstum der Milbenpopulation), nicht jedoch nach ausgewählten Merkmalen wie hygienischem Verhalten oder aktivem Pflegeverhalten durchgeführt, einschließlich der Studie von Panziera et al. (2017), die genau den in diesem Artikel beschriebenen Ansatz verwendet hat. (Anm. d. Übersetz.: Siehe Querverweise zu den genannten Studien im original Artikel!)

Populationen von Honigbienenvölkern, die sich aus diesen Selektionsansätzen ergeben, haben offensichtlich eine gewisse Resistenz und/oder Toleranz gegenüber *V. destructor* erworben und können eine gute Gelegenheit bieten, phänotypische Merkmale zu enthüllen, die der Anpassung an diesen neuartigen Parasiten auf Bienen- und Völkerebene zugrunde liegen. Einige Merkmale, die sich über die Ebene der einzelnen Biene auswirken, können leicht durch ihre Effekte auf Drohnen verfolgt werden, da Drohnen haploid sind.

Noch wichtiger ist, dass solche Kenntnisse uns helfen können zu verstehen, wie sich die Parasitenresistenz im Allgemeinen bei Honigbienen entwickelt.

Wenn wir den vorgeschlagenen Ansatz verwenden, können wir bald (4-10 Jahre) signifikante Effekte erwarten, wie die früheren Beispiele zeigen (Panziera et al. 2017; Kefuss et al. 2016; Oddie et al. 2017, 2018; McMullan 2018; Guarna et al. 2017).

Wenn man die Selektion auch auf Drohnen zulässt, was bei diesem Ansatz die Regel ist, kann die Selektion noch schneller voranschreiten, sowohl weil Drohnen mit anfälligen Allelen möglicherweise nicht vital sind und sich nicht paaren, als auch weil erfolgreiche Kolonien eine höhere Anzahl von Drohnen produzieren (Jandricic und Otis 2003). Ein Beispiel für schnelle "negative" Selektion (Eliminierung nicht passender Phänotypen, in diesem Fall überaggressive Bienenvölker) innerhalb eines Jahrzehnts wurde von afrikanisierten Honigbienen in Puerto Rico berichtet, die genauso sanftmütig wurden wie die europäischen (Avalos et al. 2017).

Für Hobby-/nichtprofessionelle Imker hat der Ansatz eine niedrige Schwelle: er ist einfach und benötigt keine spezielle Ausrüstung.

Daher kann sie von einem einzelnen Imker oder von einer lokalen Gruppe von (kleinen) Hobbyimkern durchgeführt werden. Nach Jandricic und Otis (2003) ist es auch wirtschaftlicher als jedes gezielte Selektionsprogramm. Randy Oliver (2018), ein kommerzieller Imker in Kalifornien, hat gerade ein vergleichbares Programm mit vorselektierten Völkern gestartet und zieht dabei ähnliche Rückschlüsse. Die niederländische kommerzielle Imkerei „Inbuzz v.o.f.“ führte ein solches Programm zusammen mit zehn Hobbyimkern mindestens 8 Jahre lang durch (Van Stratum 2016).

DBBB mögliche Einschränkungen

Um die wirtschaftlichen Verluste in den ersten Jahren zu begrenzen, braucht nur ein kleiner Teil der lokalen Bestände diesem Ansatz der natürlichen Selektion unterworfen werden. Die Imker können den Großteil ihrer Bienenvölker weiterhin wie bisher bewirtschaften. Sie können jedoch neue Königinnen aus der zu selektierenden Population aufziehen und so die gesamte Population schrittweise verändern. Da wir die Vorteile der natürlichen Selektion nutzen, entstehen keine Nachteile auf Kosten der Fitness (nach Darwin) angepasster Bienenvölker.

Kommerzielle Königinnenzucht, wie sie momentan betrieben wird, ist nicht vereinbar mit dem vorgeschlagenen Ansatz, da die gesamte Kolonie die Grundlage der Selektion ist.

Imker, die unseren Ansatz anwenden, könnten jedoch zusätzliche Königinnen produzieren (in den meisten Fällen produzieren die Bienenvölker > 4 Königinnen), diese zu sehr kleinen Begattungsvölkchen (z.B. Apidea mit einigen hundert Bienen) hinzufügen und diese Königinnen sich an der gleichen, abgelegenen Stelle mit den anderen gebildeten Ablegern aus der Selektionsgruppe paaren lassen.

Es besteht die Möglichkeit eines erheblichen genetischen Engpasses, wenn nur sehr wenige Bienenvölker aus der Anfangskohorte überleben. Wir raten jedoch von einer totalen Isolation ab. Daher ist es wahrscheinlich, dass einige Gene von außerhalb in die Population gelangen. Sollte es dennoch zu Inzucht kommen, könnte das Hinzufügen von Kolonien in Erwägung gezogen werden, um die genetische Vielfalt zu erhalten.

Es gibt grundlegende, biologische Unterschiede zwischen östlichen und westlichen Honigbienen in Bezug auf den *V. destructor*-Befall (überprüft von Rosenkranz et al. 2010). So ist beispielsweise die erfolgreiche Milbenvermehrung bei *A. cerana* auf die Drohnenbrut beschränkt, was für *A. mellifera* kein vorhersehbares Szenario ist. Es ist daher offensichtlich, dass der neue Wirt *A. mellifera* mit großer Wahrscheinlichkeit nicht genau den gleichen Grad an Milbenresistenz/-toleranz erreichen wird wie der ursprüngliche Wirt.

Dennoch weisen die Berichte und Befunde zur natürlichen Milbentoleranz in Populationen europäischer Honigbienenunterarten (siehe oben) in Verbindung mit der scheinbaren Toleranz wild lebender und bewirtschafteter afrikanisierter und afrikanischer Honigbienenpopulationen gegenüber dieser Milbe (überprüft von Locke 2016) stark darauf hin, dass der tatsächliche Grad der Toleranz, der von *A. mellifera* erreicht werden kann, offensichtlich ausreicht, um stabile Populationen zu erhalten.

DBBB arbeitet auf lokaler, "natürlicher" Ebene und wird dazu beitragen, die Ausbreitung von nicht einheimischen Krankheiten und Parasiten zu verhindern

Obwohl Drohnen und jungfräuliche Königinnen mehrere Kilometer zur Paarung fliegen können, insbesondere bei geringer Drohrendichte (Neumann et al. 1999a, b; Jensen et al. 2005), finden mehr als 75% der Paarungen mit Drohnen aus dem 4,5 km² großen Gebiet um den Bienenstock der Königin statt (Jaffé et al. 2009). Bei der geschätzten Dichte von 2,4-3,2 Kolonien pro km² in Deutschland (Moritz et al. 2007) wären die Königinnen also mit 11-15 Drohnen produzierenden Kolonien in ihrer Reichweite versorgt. Jaffé et al. (2009) berichteten, dass die mittlere Anzahl der Kolonien in Reichweite von jungfräulichen Königinnen in Europa 10-37 (10-17 in Deutschland) beträgt. Ausgehend von 25 Kolonien und mit (aufgrund von Teilverlusten) ~ 15 verbleibenden Kolonien, die sich im nächsten Frühjahr gut entwickeln, haben wir also eine Paarungspopulation/Koloniedichte, die der Situation in der Natur sehr ähnlich ist [obwohl die Zahlen in Afrika und im Mittelmeerraum höher sind (Jaffé et al. 2009)].

Diese Größe der Populationen sollte groß genug sein, um Inzucht zu vermeiden, und mögliche Engpässe werden durch den Selektionsdruck auf die sogenannten Geschlechtsallele entsprechend ausgeglichen. Dadurch wird die Häufigkeit seltener Geschlechtsallele erhöht, wie bei *A. cerana* nach der Invasion in Australien gezeigt wurde (Gloag et al. 2016; Ding et al. 2017).

Ein zusätzlicher Vorteil der Arbeit in einem lokalen Gebiet ist die Möglichkeit der Anpassung an die lokale Umgebung und Futtersaisonalität (Strange et al. 2007), sowie an lokale Krankheitsvarianten (Blacquièrre und Panziera 2018).

Eine jüngst durchgeführtes Experiment mit umgesiedelten Völkern, bei dem Kolonien verschiedener europäischer Herkünfte verglichen wurden mit ihren ursprünglichen Standorten hat gezeigt, wie bedeutsam dies sein kann: **Standortangepasste Kolonien zeigten aufgrund starker Genotyp-Umwelt-Interaktionen immer eine bessere Leistung als Völker, die nicht an den Standort angepasst sind** (Büchler et al. 2014; Meixner et al. 2014).

Es ist wichtig zu berücksichtigen, dass die meisten Invasionen von Bienenparasiten und Krankheiten im Zusammenhang mit dem Handel mit Bienen und Bienenköniginnen aufgetreten sind (Mutinelli 2011; Owen 2017). Brosi et al. (2017) erklärten, wie diese immunitätsverletzenden Praktiken die

Anfälligkeit eines Bienenbestandes erhöhen. Da unser Ansatz auf lokaler Ebene arbeitet, werden die Risiken, Krankheiten und Parasiten zu importieren oder zu exportieren, schließlich abnehmen.

DBBB kann die funktionelle genetische Vielfalt lokaler Honigbienenpopulation erhöhen und erhalten

Es wurde festgestellt, dass die westliche Honigbiene aufgrund großflächiger imkerlicher Haltung eine sehr hohe genetische Diversität aufweist, die höher ist als in "ursprünglichen" endemischen Populationen in Europa (Harpur et al. 2012; Oldroyd 2012), verursacht durch die Vermischung von Völkern verschiedener ursprünglicher Abstammungslinien, z. B. der M-Linie (*A. m. iberica* und *A. m. mellifera*) und der C-Linie (*A. m. carnica* und *A. m. ligustica*) aus Europa (Honey bee Genome Sequencing Consortium 2006).

Diese hohe Diversität mag zwar erstrebenswert wirken, könnte aber tatsächlich eine Bedrohung für lokal angepasste Unterarten oder Populationen darstellen. Eine extrem hohe Diversität genetischer Allele (die Art und Weise, wie ein Gen ein Merkmal ausprägt, bezeichnet man als **Allel**, Anm. d. Übers.) könnte eine selektive Anpassung von Eigenschaften, die polygen (also auf viele, verschiedene Gene verteilt sind, Anm. d. Übers.) codiert werden, verlangsamen.

Zusätzlich könnte die Verpaarung von lokal gut angepassten Königinnen mit Drohnen aus nicht angepassten Kolonien auch das Risiko des Koloniesterbens erhöhen. Daher fordern De La Rúa et al. (2013) nachdrücklich strenge Erhaltungsmaßnahmen, um die funktionelle genetische Vielfalt gerade durch die Erhaltung lokaler Unterarten zu bewahren. Der Schutz des Genpools wird sogar auf einer kleineren (lokaleren) Ebene funktionieren, da unsere vorgeschlagene Vorgehensweise dazu beiträgt, lokale, an den Standort angepasste Honigbienen Populationen zu erhalten.

Dies wird insgesamt die funktionelle genetische Diversität der Honigbiene auf Länder- und Kontinentalebene erhöhen (diese ist die Summe aus den vielen natürlichen, lokalen Varianten, im Gegensatz zu einer künstlichen Vielfalt, aufrecht erhalten durch eine begrenzte Anzahl von Züchtern).

DBBB kann die Ansiedlung von Schwärmen fördern und damit zur Wiederansiedlung von Honigbienen in der freien Natur beitragen

Ein signifikanter Anteil der westlichen Honigbienen bzw. *A. mellifera*-Populationen unterlag schon immer keinerlei Bewirtschaftung (Afrika; Jaffé et al. 2009).

Auf verwilderte Kolonien wirkt jedoch starker Selektionsdruck, nicht nur durch *V. destructor*. Die Verwilderung kann aber auch bestimmte Selektionsdrucke reduzieren, die bei bewirtschafteten Völkern bestehen (Loftus et al. 2016). In Fällen, in denen die Wildpopulation ausreichend von den bewirtschafteten Kolonien isoliert ist, kann dies zu Resistenzen führen (z.B. Seeley 2007; Le Conte et al. 2007). Häufig sterben Schwärme aus bewirtschafteten Kolonien, die verwildert werden, bald ab (Thompson et al. 2014) - wahrscheinlich weil diese Kolonien keine Gene besitzen, die das Überleben ohne Milbenbehandlung ermöglichen.

Schwärme aus der natürlich selektierten Population werden jedoch mit größerer Wahrscheinlichkeit überleben, weil sie eine Resistenz gegen *V. destructor* erworben haben.

Darwin's Black Bee Box könnte daher das Gleichgewicht zwischen bewirtschafteten und verwilderten Bienenvölkern verschieben, indem sie die Überlebenschancen und die Wiederansiedlung von wilden Honigbienen erhöht.

DBBB könnte dabei helfen, aus der Invasion von *Varroa destructor* eine erfolgreiche Einbürgerung werden zu lassen

Nachdem sich eine invasive Art etabliert hat, kann der bevorzugte und gewählte Weg des gezielten Managements, einschließlich der Bekämpfung/Milderung, kostspieliger und mühsamer werden, als das unvermeidliche Schicksal zu akzeptieren, dass diese Art "die unsere" geworden ist (Epstein 2017). Die Etablierung impliziert jedoch auch, dass die invasive Art zu einem Teil "unserer" Natur geworden ist, was auch eine Herausforderung für die invasive Art darstellt, sich anzupassen und sich als eingebürgerte Art in eine neue Nische einzufügen (Blackburn et al. 2011).

Für die etablierte invasive Art *V. destructor* schlagen wir vor, die gezielten Managementmaßnahmen schrittweise aufzugeben und die Initiative der natürlichen Selektion zu übergeben.

Wir laden daher die Imker und Wissenschaftler ein und rufen dazu auf, unsere Darwin's Black Bee Box - Studien zu verfolgen, die jetzt und in den kommenden Jahren gestartet werden.

DBBB könnte auch bei anderen invasiven Parasitenarten funktionieren

Da die Evolution durch natürliche Auslese für alle Arten universell ist, scheint es offensichtlich, dass diese Art von Ansatz prinzipiell auch für andere invasive Arten verwendet werden könnte (z.B. für *Tropilaelaps spp.*, de Guzman et al. 2017, und für *Nosema ceranae*, Fries 2010).

Invasive Parasitenarten werden in vielen Fällen durch den Einsatz von Pestiziden bekämpft, wodurch die Anpassung an den neuartigen Wirt verhindert wird (untersucht von Dunn and Hatcher 2015).

Da sich unsere Vorgehensweise sinnvoll an diese anderen Fälle invasiver Parasitenarten anpassen lässt, könnte die Nutzung der natürlichen Selektion einen nachhaltigen Ansatz für den Umgang mit etablierten Parasiten und biologischen Invasionen in der Zukunft darstellen.

Finanzierung

Die Ideen, die zur Erstellung dieses Perspektivpapiers geführt haben, basieren zum Teil auf den Erfahrungen und Ergebnissen eines 10-jährigen Versuchs zur natürlichen Selektion, für die finanzielle Unterstützung gebührt die Anerkennung dem niederländischen Wirtschaftsministerium (jetzt Ministerium für Landwirtschaft, Natur und Lebensmittelqualität) und der Europäischen Kommission (Projekte NL 05/2.2; NL 08/2.1; NP 11/2.1; NP 14-6.1; NP 17.1). Darüber hinaus wurden die Ideen

innerhalb der COLOSS (<https://coloss.org/>) Task Force "Survivors" diskutiert und im Detail ausgearbeitet.

Einhaltung ethischer Standards

Interessenkonflikt: Alle Autoren erklären, dass sie keine Interessenkonflikte haben.

Open Access: Dieser Artikel wird unter den Bedingungen der Internationalen Creative Commons Urheberrechtslizenz 4.0 veröffentlicht (<http://creativecommons.org/Lizenzen/von/4.0/>), diese erlaubt die uneingeschränkte Nutzung, Verbreitung und Vervielfältigung in jedem Medium, vorausgesetzt, die Originalquelle wird entsprechend hervorgehoben, indem die Autor(en) und die Quelle genannt werden, dazu gehört auch der Link zur Seite der Creative Commons Urheberrechtslizenz, und die Angabe, ob Änderungen vorgenommen wurden.

Anm. d. Übers.: Bitte beachten Sie auch meine ausdrückliche Empfehlung, die **Literaturhinweise, Referenzen und Links dazu in der Original Publikation** zu studieren!