

Autoren: Laurent Gauthier, Diana Tentcheva, Magali Tournaire, Benjamin Dainat, François Cousserans, Marc Edouard Colin und Max Bergoin - Apidologie 38, S. 426-435

Titel: Abschätzung von Viruskonzentrationen in Bienenvölkern ohne Krankheitssymptome mit molekularen Methoden (quantitative RT-PCR)

Wegen des weltweit intensiven Austauschs von Völkern und Bienenmaterial brauchen wir dringend Methoden, die den Gesundheitszustand sowohl für Einzelvölker als auch für Bienenstände zuverlässig bestimmen können. Die Ermittlung von Kriterien zur Erkennung von dauerhaften oder unterschweligen Infektionen stellt deshalb eine Herausforderung für die Feldforschung dar und ist auch für die Imker wichtig. In früheren Untersuchungen stellte sich heraus, dass 92 % der Bienenstände mit mindestens drei verschiedenen Viren befallen sind, ohne dass Krankheitssymptome bemerkt wurden. In dieser Arbeit wurden jetzt neue, moderne molekulare Methoden zur Erkennung der für jede Virusart typischen Erbmuster eingesetzt, die reversen Transkriptase–Polymerase–Kettenreaktion (RT-PCR). Diese Methode ermöglicht die Befallsstärke zu ermitteln. Das ist wichtig, damit zukünftig Viruskonzentrationen bestimmten Krankheitsbildern zugeordnet werden können. Kritische Schwellenwerte, die zu Schäden in der Imkerei führen, sollten ebenfalls erfasst werden.

Die Autoren entwickelten eine Vorgehensweise mit Hilfe der RT-PCR, die eine zuverlässige Quantifizierung von folgenden sechs RNA Viren erlaubt: 1. Sackbrutvirus (SBV); 2. Verkrüppelter Flügelvirus (DWV); 3. Kaschmir-Bienenvirus (KBV); 4. Bienenparalysevirus (ABPV), 5. Schwarzer Königinnenzellenvirus (BQCV) 6. Chronischer Bienenparalysevirus (CBPV). Diese Methode beruht darauf, dass jetzt Erbmuster (Gensequenzen) einiger Bienenviren entschlüsselt sind und in sogenannten DNA-Bibliotheken für jeden Forscher abrufbar sind.

Die Autoren untersuchten die Verteilung der Virenkonzentration in Bienen und auch in Varroamilben von Proben aus 360 Bienenvölkern, die keine Krankheitssymptome aufwiesen. Die Proben stammten alle aus verschiedenen Orten in Frankreich. Es wurden zwei Populationen in Bezug auf Viruskonzentrationen gefunden. Die eine Gruppe der Völker hatte einen mittleren Virusbefall mit dem Bienenparalysevirus und dem Schwarzen Königinnenzellenvirus ($1,52 \times 10^5$ RNA Kopie – Äquivalenten pro Biene), die andere hatte eine fast doppelt so hohen Viruskonzentration von den anderen 4 Virusarten.

Die höchsten Viruskonzentrationen wurden in den für Verkrüppelte Flügelvirus (DW Virus) positiven Proben gefunden, wobei die Puppen höher befallen waren als die adulten Bienen. Eine Erklärung für den Unterschied sind sowohl die kurze Lebensdauer von Bienen mit verkrüppelten Flügeln als auch die aktive Entfernung von kranken Puppen und frisch geschlüpf-

ten Arbeiterinnen. Dieser Unterschied zwischen Brut und geschlüpften Bienen trat bei dem auch häufig vorkommenden Sackbrutvirus nicht auf.

In Varroamilben waren die Konzentrationen des DW Virus signifikant höher als die für ABPV und SBV. Das ist ein Hinweis auf eine Vermehrung des DW Virus in den Milben. Entsprechend könnte eine Infektion mit Varroa zur Verbreitung dieses Virus in andere Völker beitragen. Andere Autoren (Yue und Genersch 2005) halten es sogar für möglich, dass Varroa das Erbgut des DW Virus so verändert, dass er für Bienen gefährlicher wird.

Die Daten weisen außerdem daraufhin, dass

1. Bienenviren sich in ihrer Biologie stark unterscheiden,
2. Bienenvölker relativ hohe Viruskonzentrationen tolerieren können, ohne klinische Symptome zu zeigen, und
3. das Konzept der Bienenpathologie in seinen Untersuchungsansätzen zwischen Einzelbiene und Bienenvolk trennen muss.

Zusammengefasst von Dr. Gudrun Koeniger, Institut für Bienenkunde Oberursel (Polytechnische Gesellschaft), Karl-von-Frisch-Weg 2, 61440 Oberursel