

Schlussbericht

zum Vorhaben

Thema:

Referenzsystem für ein vitales Bienenvolk „FIT BEE“

**Modul 4: Ausbreitung von Pathogenen zwischen
Bienenvölkern und deren Vermeidung durch imkerliche
Maßnahmen**

Zuwendungsempfänger:

**Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für
Biologie / Zoologie, Hoher Weg 4, 06120 Halle (Saale)**

Förderkennzeichen:

2817100710

Laufzeit:

01.04.2011 bis 31.08.2015

Monat der Erstellung:

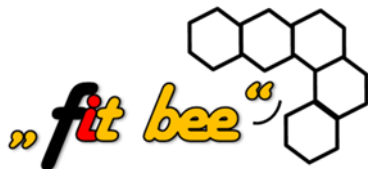
02/2016

Gefördert durch:



**aufgrund eines Beschlusses
des Deutschen Bundestages**

Das diesem Bericht zugrundeliegende Vorhaben wurde aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages mit Mitteln des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) über die Bundesanstalt für Ernährung BLE als Projektträger des BMEL im Rahmen der Innovationsförderung unterstützt. Die Verantwortung für den Inhalt dieser Veröffentlichung liegt beim Autor.



Schlussbericht

Referenzsystem für ein vitales Bienenvolk „FIT BEE“ - Modul 4

I. Ziele

Ziel des Verbundansatzes war das gesunde, vitale Bienenvolk („FIT BEE“). Alle Module zielten im Rahmen eines integrierten Netzwerkes darauf ab, die komplexen Wechselwirkungen zwischen Einzelbienen, Bienenvolk, Bienenkrankheiten und Umweltparametern besser zu verstehen, daraus die Bedingungen für ein gesundes Bienenvolk zu definieren und diese durch gezielte Maßnahmen zu verbessern.

- **Beurteilung von Parametern zur Beschreibung der Vitalität von Bienenvölkern (Definition des Referenzmodells „vitales Bienenvolk“).** Dabei haben wir auf verschiedenen Ebenen (Einzelbiene, Bienenvolk, Bienenstand) diejenigen Parameter definiert und quantifiziert, die für die Gesundheit des Bienenvolkes maßgebend sind.
- **Erforschung multifaktorieller Einflüsse auf die Vitalität von Einzelbienen und auf das Bienenvolk.** In unterschiedlichen Versuchsansätzen haben wir die Einflüsse von Krankheiten, Pflanzenschutzmitteln und Ernährungsqualität allein und in Kombination untersucht und dabei ein Versuchsmodell etabliert sowie Diagnosewerkzeuge für die entsprechenden Schadensschwellen entwickelt.
- **Erforschung von Bienenkrankheiten.** Wir haben Lösungen erarbeitet für die zwei derzeit wichtigsten Bienenkrankheiten im Zusammenhang mit Bienenverlusten in Deutschland: Die Varroa-Milbe und die Nosemose. Für beide wurden neue Bekämpfungs- bzw. Vorbeugungsverfahren entwickelt. Die Untersuchung der Transmission von Pathogenen von Volk zu Volk hat die Entwicklung neuer imkerlicher Maßnahmen zur Brechung der Infektionskette ermöglicht.
- **Untersuchungen zur Bedeutung von landwirtschaftlichen Produktionsverfahren.** Hierbei worden mit dem Schwerpunkt Raps die chronischen und subletalen Einflüsse von Pollenernährung und Pflanzenschutzmitteln untersucht und Verfahren erarbeitet, um (a) eine ausreichende Pollenversorgung sicher zu stellen und (b) den Eintrag von Pflanzenschutzmitteln ins Bienenvolk zu reduzieren.

Der Beitrag von MLU war auf Modul 4 fokussiert mit dem Ziel, die standortbezogene Ausbreitung von Bienenkrankheiten zwischen Bienenvölkern zu verstehen und am Ende durch die Entwicklung geeigneter imkerlicher Maßnahmen nachhaltig zu vermeiden.

1. Aufgabenstellung

- *das wissenschaftlich-technische Ergebnis des Vorhabens, die erreichten Nebenergebnisse und die gesammelten wesentlichen Erfahrungen, Voraussetzungen, unter denen das Vorhaben durchgeführt wurde*

Grundvoraussetzung für die Beantragung und Durchführung des Verbundprojektes FITBEE war die Tatsache, dass die Bienenhaltung selbst zur Ausbreitung und Virulenz von Pathogenen beiträgt. Standorte mit hoher Attraktivität für Wanderimker weisen oftmals extrem hohe Bienenvolkdichten auf, mit idealen Voraussetzungen für die Übertragung von Krankheiten. Der „Colony Collapse Disorder“ in den USA wird zum Beispiel auf die extrem hohen Koloniedichten für die Mandelblütenbestäubung in Kalifornien zurückgeführt. Die Transmission von Volk zu Volk wird dabei besonders durch verfliegende Arbeiterinnen und Drohnen gefördert. Gerade die Drohnen, obwohl bekannt für Verflug, sind bezüglich der Krankheitsübertragung und einer möglichen Funktion als Vektoren von Infektionen fast nicht untersucht. Zudem lassen die subletalen Effekte von Pflanzenschutzmitteln auf das Verhalten von Bienen hier eine Interaktion von Pflanzenschutzmitteln, Verflug und Transmission von Pathogenen vermuten. Die kranken oder geschädigten Tiere könnten durch ein reduziertes Heimfindevermögen verstärkt Pathogene übertragen: ein Mechanismus, der in der Evolution von Wirt-Parasit-Systemen sehr häufig beobachtet wird.

Die Arbeitsgruppen in Halle verfügten und verfügen über modernste DNA- und RNA-Labors, ein S1- und ein Bienenpathogenlabor. Die notwendige imkerliche Infrastruktur zur Durchführung der Freilandexperimente war und ist ebenso vorhanden wie die personelle Unterstützung durch 5 technische MitarbeiterInnen. Die Arbeitsgruppe hat ein Verbundprojekt im Rahmen von FUGATO plus zur funktionellen Genomanalyse bei der Honigbiene koordiniert, sowie ein großes europäisches Verbundprojekt (BEE DOC) im 7. Rahmenprogramm.

- *Planung und Ablauf des Vorhabens*

Das Vorhaben von Modul 4 war in drei Ziele unterteilt.

Ziel 1 untersucht den Verflug von Bienen durch subletale Vergiftungseffekte (in Kooperation mit Verbundpartnern in Hohenheim), Ziel 1.1 (Akute Effekte) und Ziel 1.2 (Langzeiteffekte).

Ziel 2 erforscht die Transmission von Pathogenen (in Kooperation mit Verbundpartner in Hohenheim, Celle, Mayen und Oberursel), Ziel 2.1 (standortspezifische Effekte), Ziel 2.2 (Koloniedichte) und Ziel 2.3 (Entwicklung eines molekular-biologischen Schnelltests für Viruserkrankungen).

Ziel 3 fokussiert sich auf die Transkriptomantwort auf Pflanzenschutzmittel (in Kooperation mit Verbundpartnern in Oberursel und Kirchhain).

Die Zwischenberichte vom 30.04.2012 (Zeitraum 01.04.2011 bis 30.04.2012), vom 27.05.2013 (Zeitraum 01.05.2012 bis 30.04.2013), vom 30.04.2014 (Zeitraum 01.04.2013 bis 31.03.2014) und vom 30.04.2015 (Zeitraum 01.04.2014 bis 31.03.2015) liefern eingehende Informationen zur Entwicklung des Moduls. Ergebnisse werden in Teil II dieses Berichts vorgestellt.

2. Stand der Technik

- *wissenschaftlicher und technischer Stand, an den angeknüpft wurde, insbesondere Angabe bekannter Konstruktionen, Verfahren und Schutzrechte, die für die Durchführung des Vorhabens benutzt wurden*

Während die Transmission von Pathogenen im Bienenvolk über den engen Kontakt zwischen den Bienen sehr leicht erfolgt, ist die Transmission zwischen Völkern für die Pathogene weitaus schwieriger. Die Wächterbienen, die den stockfremden Bienen den Einflug in die Kolonie verwehren (Robinson & Page 1988, Breed et al. 1990), fungieren als „soziales“ Immunsystem der Kolonie. Drohnen hingegen werden von den Wächterbienen weniger kritisch bewertet und zeichnen sich durch deutlich höhere Verflugeraten aus als die Arbeiterinnen. In einer zunehmenden Zahl von Publikationen wird nun deutlich, dass Drohnen oft im gleichen Maße von Pathogenen und Parasiten befallen sind wie Arbeiterinnen (Behrens et al. 2010, Yue & Genersch 2005). Damit stellen sie einen wichtigen Vektor für die Übertragung von Krankheiten zwischen Völkern dar. Besonders vor dem Hintergrund, dass Parasiten bei Arbeiterinnen den Verflug zwischen Völkern aktiv erhöhen (Kralj & Fuchs 2006, 2010), zeigt sich, welcher wichtiger Mechanismus der Verflug für die Transmission zwischen Völkern darstellen kann. Unter natürlichen Bedingungen ist der Verflug zwischen Völkern eher gering, da die lokalen Koloniedichten von Bienenvölkern vergleichsweise gering sind. Der imkerliche Bienenstand erzeugt jedoch unnatürlich hohe Völkerdichten, so dass der Verflug durch verirrte Bienen massiv zunimmt (Jay 1988). Auch wenn imkerliche Maßnahmen wie die unterschiedliche Farbgebung von Beutenfronten die Orientierung der Bienen bei der Heimfindung erleichtern, ist die schiere Dichte am Bienenstand eine der Hauptursache für die rasche Transmission von Parasiten und Pathogenen.

Verfahren:

- PCR-Nachweisverfahren
- RealTime-PCR-Nachweisverfahren

Darüber hinaus wurden nach derzeitigem Kenntnisstand der Verfasser keine weiteren Schutzrechte oder Verfahren verwendet.

- *Angabe der verwendeten Fachliteratur sowie der benutzten Informations- und Dokumentationsdienste*

Informations- Dokumentationssysteme:

- National Center for Biotechnology Information (NCBI)

3. Zusammenarbeit mit anderen Stellen

Eine Zusammenarbeit mit anderen Stellen wurde während des gesamten Projektzeitraums nicht in Anspruch genommen.

II. Ergebnisse

Eingehende Darstellung

Ziel 1 Der Verflug von Bienen durch subletale Vergiftungseffekte (in Kooperation mit Hohenheim), Ziel 1.1: Akute Effekte, Ziel 1.2: Langzeiteffekte

An experimentellen Bienenständen wurden Zusammenhänge und akute und Langzeit-Effekte sublethaler Dosen von Pflanzenschutzmitteln, Pathogen-Belastung und Verflug erfasst und analysiert (1.1 und 1.2). Hierzu wurden, aufgrund des verspäteten Projektstarts, Bienen im Frühjahr 2012 anstatt im Sommer 2011 gesammelt. Flugdrohnen und Flugbienen wurden genotypisiert und mit den Königinnengenotypen abgeglichen. Wir nutzten die neu entwickelte, auf DNA-Pools basierte Methode (Abb. 1 und 2), die es erlaubte, präzise und kosteneffizient die Königinnen-Allele und anschließend koloniefremde Bienen zu identifizieren. 288 Arbeiterinnen wurden von 28 Kolonien genotypisiert. Es wurden 48 verflogene Bienen detektiert wobei der Verflug in den unbehandelten Völkern höher war als in den behandelten (39 in Kontrollvölkern, 9 in behandelten Völkern). Es konnte kein Effekt der Behandlung auf einen erhöhten Verflug nachgewiesen werden. Ergebnisse erscheinen in Forfert *et al.* (2015). Die verflogenen Bienen waren für die Untersuchungen zur Pathogen Belastung analysiert (siehe unten, **Ziel 2**), um einen möglichen Zusammenhang zwischen Verflug und Pathogenen zu untersuchen.

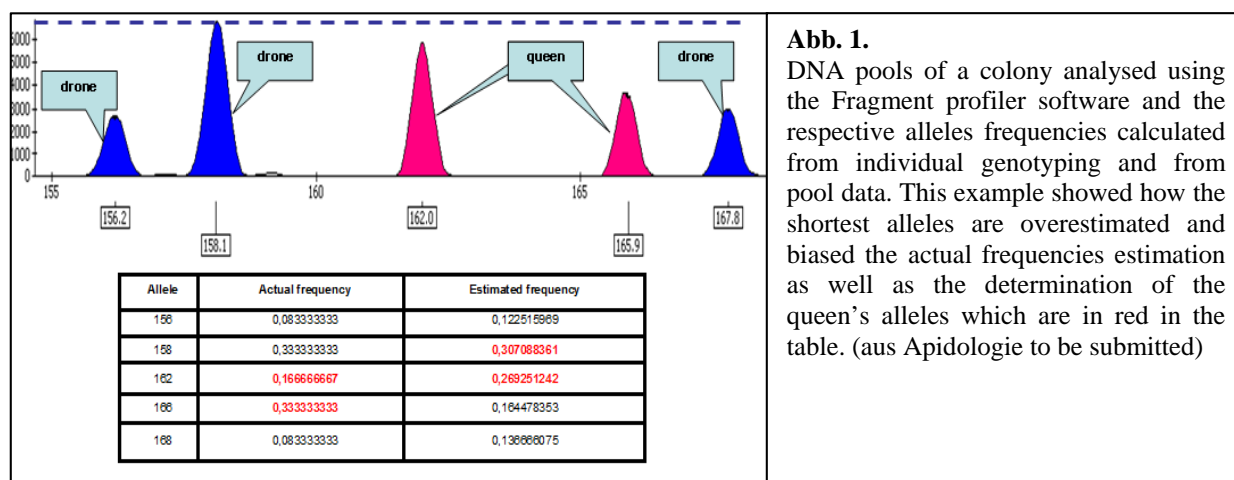


Abb. 1. DNA pools of a colony analysed using the Fragment profiler software and the respective alleles frequencies calculated from individual genotyping and from pool data. This example showed how the shortest alleles are overestimated and biased the actual frequencies estimation as well as the determination of the queen's alleles which are in red in the table. (aus Apidologie to be submitted)

Wir überprüften die Genauigkeit der neuen Technik, um verflogene Bienen zu identifizieren, indem wir gepoolte Genotypen mit individuellen Genotypen vergleichen haben. Die geschätzten Allelfrequenzen zeigten sehr hohe Korrelationen (Abb. 1 und 2) und die Technik ist für Feldstudien mit großem Probenumfang bestens geeignet. Die Methode ist hocheffizient zur Detektion von Populationsdifferenzierungen (räumlich und zeitlich) und erwies sich als hinreichend den Verflug in unserem Versuchsaufbau zu erfassen und zu quantifizieren. Die Ergebnisse wurden auf der 3. Zentraleuropäischen Tagung der IUSSI 2013 in Cluj-Napoca, Rumänien sowie der Tagung der Arbeitsgemeinschaft für Bieneninstitute 2013 in Würzburg präsentiert.

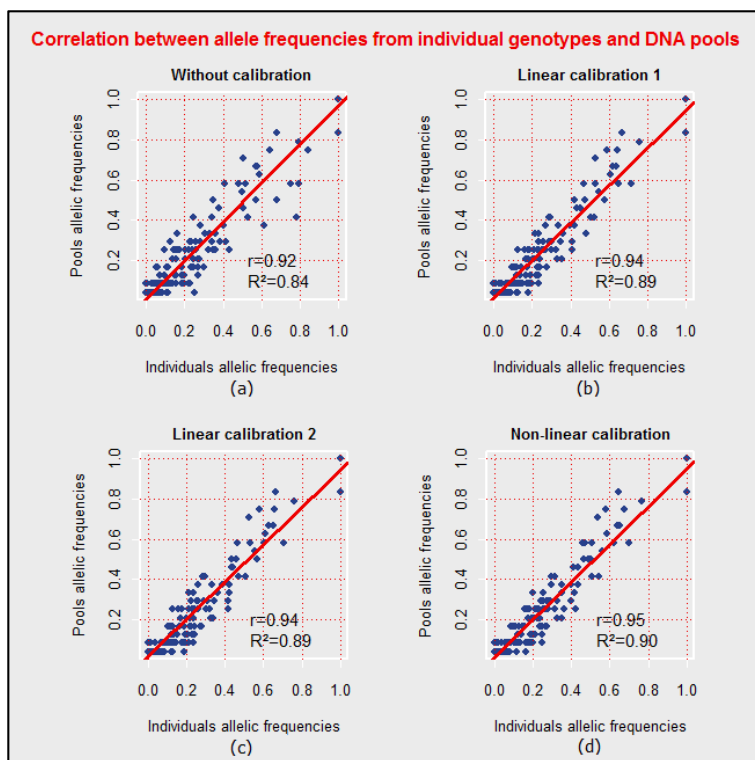
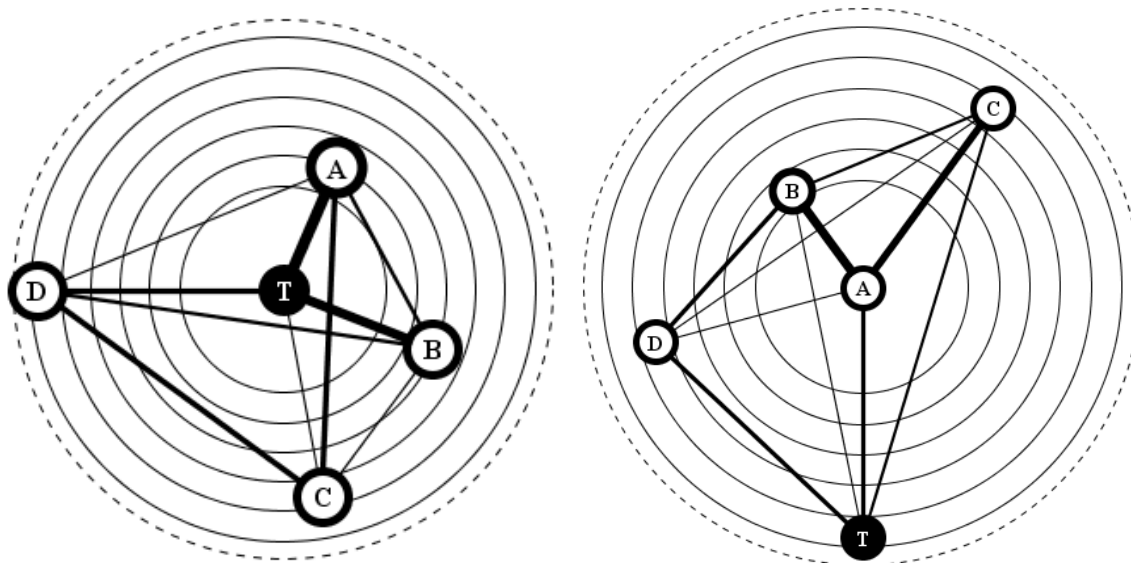


Abb. 2. Correlation between the allele frequencies from individually genotyped samples and allele frequencies estimated from DNA pools (individuals' allelic frequencies vs pools allelic frequencies) without calibration (a), after linear calibration 1 (b), after linear calibration 2 (c) and after non-linear calibration (d). For each correlation, the Pearson's coefficient correlation r and the determination coefficient R^2 are given; the linear correlation line is represented in red. (aus Apidologie to be submitted)

Es wurden zwei weitere Studien zur Wirkung von Neonicotinoiden auf Honigbienen durchgeführt. Königinnen sind essentiell für die Reproduktion und die Funktion eines Bienenvolkes. Negative Einflüsse von Neonicotinoiden auf die Königin könnten schwerwiegende Folgen für die Fitness des ganzen Bienenvolkes haben. Nach Behandlung der Königinnen mit Insektiziden und Genotypisierung der Brut zur Feststellung der Paarungsfrequenz, konnte gezeigt werden, dass Neonicotinoide den Paarungserfolg durch eine Reduzierung der genetischen Diversität der Arbeiterinnen innerhalb des Volkes beeinflussen (Manuskript in Revision Forfert et al. 2016a).

Weiterhin haben wir die Auswirkungen von Neonicotinoiden innerhalb der Kolonie untersucht, deren Einfluss auf die sozialen Netzwerke innerhalb der Kolonie und die Bedeutung für die Pathogenübertragung. Wir haben die sozialen Wechselwirkungen zwischen Thiacloprid behandelten und unbehandelten Bienen in sozialen Gruppen quantifiziert (Abb. 3). Es zeigte sich, dass subletale Dosen von Thiacloprid das Kommunikationsnetzwerk der Kolonie stören. Insbesondere der soziale Futteraustausch ist dadurch betroffen, was die Verbreitung von oral übertragbaren Krankheiten in der Kolonie fördert. Die Studie ist derzeit in Begutachtung (Forfert & Moritz 2016).

Abb. 3. Loss of network centrality in groups of honeybees after exposure to pesticide. Typical example of the loss of network position of a bee treated with 0,80 µg of thiacloprid (T) within its social group (n=5) before (left network) and after (right network) treatment. After the thiacloprid treatment, T moved to the periphery, thereby not only changing its own position but completely transforming the entire network structure.

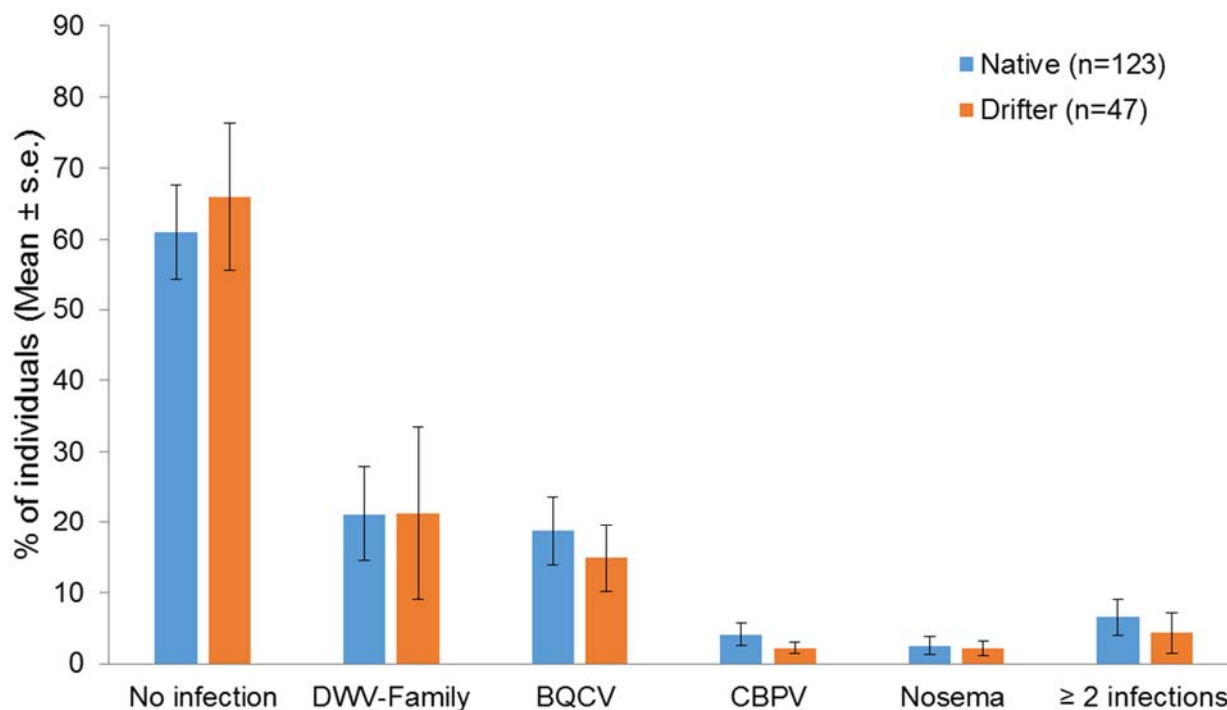


Ziel 2 Die Transmission von Pathogenen (in Kooperation mit Verbundpartner in Hohenheim)

Ziel 2.1: standortspezifische Effekte

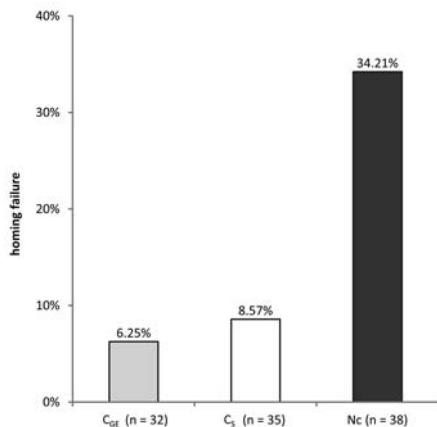
Pathogene und Parasiten scheinen sich bevorzugt durch Manipulations des Wirtverhaltens zu übertragen. Arbeiterinnen verfliegen sich gelegentlich von ihrer Ursprungskolonie in eine andere Kolonie. Pathogene können das Verfliegen verstärken und bilden somit Hauptweg der Übertragung zwischen den Kolonien. Verfliegen ist besonders häufig bei Imkervölkern, wo die Koloniedichte höher ist als bei Naturvölkern. Unter Verwendung der 288 Bienen aus 28 Bienenvölkern (siehe Ziel 1) wurden die Bienen genotypisiert, um verfliegene Arbeiterinnen zu identifizieren und einem Screening für 10 Virusarten unterzogen, *Nosema* spp. Infektion und Varroa Milben Befall. Mittels Netzwerkanalyse wurde ein Verflugprofil erstellt. Die Entfernung zwischen den Imkervölkern ist der Hauptfaktor für einen Verflug von 85%. Weder die untersuchten Viren noch *Nosema* spp. wurden mit der Häufigkeit des Verfluges assoziiert. Nur der Varroa Milben Befall wurde signifikant mit Verfliegen assoziiert. Kolonien mit einem hohen Varroa Befall zeigten signifikant erhöhte Akzeptanz von Verfliegern, obwohl sie nicht mehr verfliegende Bienen aussenden (Abb. 4). *Varroa* kann einen großen Einfluss auf das Verfliegen haben, nicht nur indem es seine eigene Verbreitung begünstigt, sondern auch indem es die Übertragung weiterer Schädlinge und Pathogene fördert. Ein Manuskript über diese Ergebnisse wurde an Veterinary Parasitology zu Begutachtung gesandt (Forfert et al. 2016b).

Abb. 4. Infection of drifter and native bees. To assess the effect of pathogens on drifting behavior, viruses and *Nosema* spp. infections were compared between the drifters and the native bees of the same source colonies (N=14 colonies). There was no difference in pathogen prevalence between drifters and native bees.



In einem weiteren Experiment in Zusammenarbeit mit Mitarbeitern von Rothamsted Research, England wurden Honigbienen mit *Nosema ceranae* infiziert und anschließend per Funk verfolgt, um festzustellen, wie sie in ihren Bienenstock zurückkehren. Der Erfolg war bei infizierten Bienen signifikant herabgesetzt (65,8 %) im Gegensatz zu gesunden Sammlerinnen (92,5 %) (Abb. 5). Verlorene Bienen zeigten signifikant kürzere Flugzeiten, dafür längere Ruhezeiten. Andere Flugparameter und Navigationsvermögen zeigten keine signifikanten Unterschiede zwischen infizierten und gesunden Bienen. Die Ergebnisse lassen erkennen, dass obwohl infizierte Bienen normale Flugeigenschaften aufweisen, sie jedoch im Heimfindevermögen eingeschränkt sind. Während dies zum einen die Sammeleffizienz der Kolonie negativ beeinflusst, ist dies für die Koloniegesundheit unter Umständen von Vorteil. Kranke Bienen kehren nicht zum Volk zurück und können keine Nestgenossinnen infizieren. Das ist die erste hochauflösende Analyse subletaler Effekte einer Krankheit, die das Flugverhalten von Insekten beeinflusst. Ergebnisse werden bei Wolf et al. (2014) dargelegt.

Abb. 5. Homing performance: Percentage of non-returning bees during homing flights per treatment group (Nc: *N. ceranae* treatment group, n=38 bees; C_{GE}: 1. control, n=32 bees; C_S: 2. Control, n=35 bees). A significantly higher proportion ($X^2 = 12.3$, $d.f. = 2$, $p = 0.002$) of bees inoculated with *Nosema ceranae* failed to return to the colony as compared to the control bees.



Ziel 2 Die Transmission von Pathogenen (in Kooperation mit Verbundpartner in Celle, Mayen und Oberursel)

Ziel 2.2: Koloniedichte

Hier sollte die Interaktion von Pathogenen auf den Verflug und damit die Transmission von Pathogenen erfasst und untersucht werden. Zudem sollte die Transmission durch die Betriebsweise erfasst werden (2.1, 2.2). In Zusammenarbeit mit Celle wurde ein neuer Plan zum Sammeln von Bienen in 2012 aus kontrollierten Bienenständen erstellt, um den verspäteten Start des Projektes in 2011 aufzuholen. Witterungsbedingt erwies sich die Probenahme 2012 sehr schwierig und nur an zwei Standorten konnten Drohnen gefangen werden. Um den Effekt der Betriebsweise und Koloniedichte auf den Verflug zu determinieren, waren daher 2013 erneut Drohnen und Arbeiterinnen Proben von zusätzlichen Bienenständen in und um Celle gesammelt werden. Mit Hilfe zweier weiterer FitBee Partner – Prof. B. Grünewald (Oberursel) und Dr. Christoph Otten (Mayen) – wurden Drohnen und Arbeiterinnen von zusätzlichen Standorten 2013 gesammelt. Dies ermöglicht es uns, zusätzliche Drohnensammelplätze in 2013 mit Variation bezüglich der Koloniedichte zu untersuchen, um den Zusammenhang zwischen Koloniedichte und Verflug und Krankheitsübertragung zu testen. Drohnen wurden von vier Standorten in Deutschland in einem paarweisen Versuchsansatz gesammelt (Abb. 6). An jedem Standort wurden zwei Drohnensammelplätze in einem Bereich mit hoher Völkerdichte und einem mit geringer Völkerdichte ausgewählt (der Minimalabstand zwischen den Standorten betrug 30 km). Von jedem Drohnensammelplatz (DCA) wurden 100 Drohnen gesammelt. Hierzu wurde synthetisches Königinnen-Pheromon in einer Wetterballon-Falle verwendet.

Abb. 6. DCA Sammelorte: in Hannover konnte wetterbedingt nur an einer Stelle erfolgreich gefangen werden.

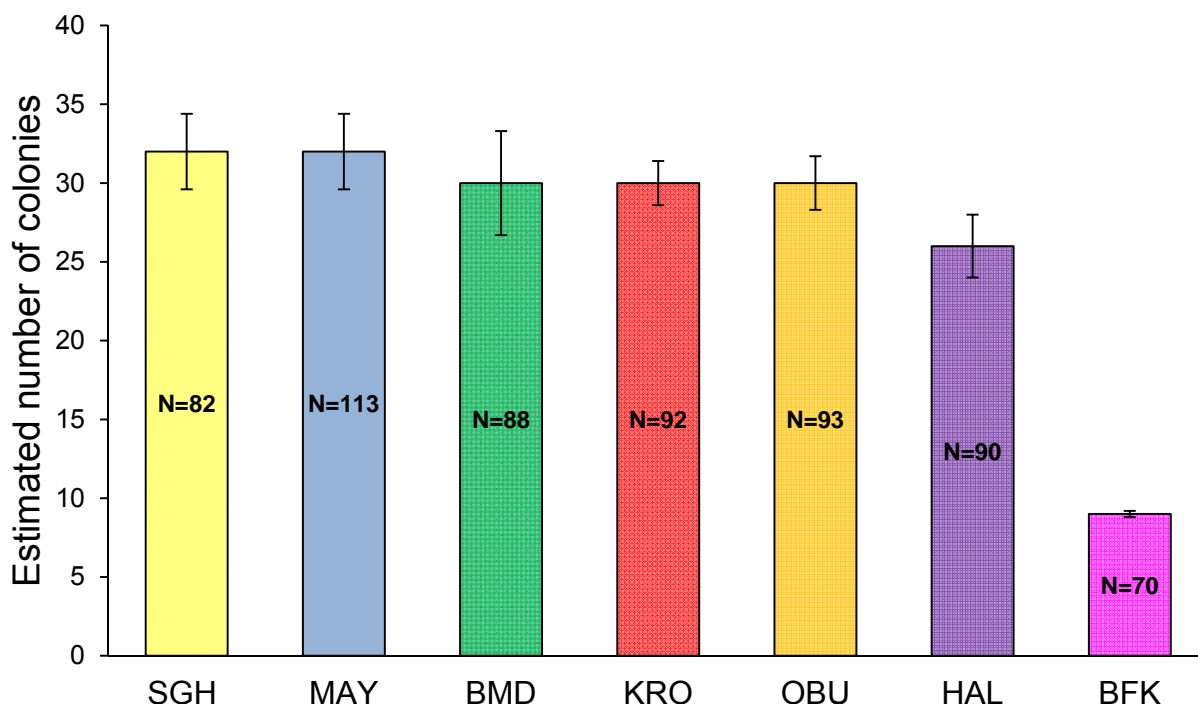


Die Koloniedichte jedes Sammelgebietes wurde mit Hilfe der Drohnen-Genotypen bestimmt und durch Berechnung, aus wie vielen Völkern die Drohnen am Drohnensammelplatz stammen. Ein Set von sieben eng gekoppelten Mikrosatelliten DNA Markern wurde genutzt, um 48 Individuen je Drohnensammelplatz zu genotypisieren. Wir nutzten zwei Schätzmethoden, um die Koloniedichte zu erfassen:

- 1) Die maximale Völkerzahl, entsprach der Gesamtzahl aller gefundenen Haplotypen zuzüglich des "non-sampling error" (der Wahrscheinlichkeit Drohnen bestimmter Völker nicht in der Stichprobe gefunden zu haben)
- 2) Die minimale Völkerzahl. Obwohl wir gekoppelte Marker benutzt haben, ergibt sich die Möglichkeit von Rekombinationsereignissen durch "crossing over". Wir haben daher die Anzahl der Haplotypen so kombiniert, dass solche, die durch mögliche Rekombinationsereignisse verschieden sind, dennoch der gleichen Mutterkönigin zugeordnet werden.

Die so geschätzten Völkerzahlen sind in Abb. 7 dargestellt.

Abb. 7. Estimated honeybee (*Apis mellifera*) colony density at Bad Münster am Deister (BMD), Mayen (MAY), Kronberg im Taunus (KRO), Sangerhausen (SGH), Halle (Saale) (HAL), Oberursel (OBU) and Börfink (BFK). Binomial standard errors of the estimated number of colonies were obtained by jackknifing over the samples.



Alle Drohnen wurden auf Pathogene untersucht, um ihren Gesundheitszustand festzustellen. Die Proben wurden auf zehn Virus-Arten (mittels MLPA; De Semt et al. 2012) und zwei Microsporidien (*N. apis* and *N. ceranae*) mittels rt-PCR getestet. Die am häufigsten gefundenen Virus-Arten waren: DWV/VDV/KV, BQCV, ALPV und SBPV/SBV. Die gesamt Prävalenz jeder Virus-Art wird in Abb. 8 gezeigt. *N. apis* und *N. ceranae* wurden nur in 4% und 2% der untersuchten Proben gefunden.

Der meist verbreitete und häufigste Virus war DWV. Seine Häufigkeit korrelierte positiv mit der Koloniedichte, wie durch Drohnengenotypisierung festgestellt wurde (Abb. 9). Diese Ergebnisse sind in einem Manuskript (Forfert et al. 2016b), das eingereicht worden ist.

Abb. 8. Viral prevalence of individual honeybee drones (*Apis mellifera*) at seven mating sites (DCAs): Kronberg im Taunus (O1), Oberursel (O2), BÖrfink (M1), Mayen (M2), Halle (Saale) (H1), Sangerhausen (H2), and Bad Münden am Deister (BM). N is the sample size of analysed drones per location. The greater the colony density, the more prevalent were pathogens in drones (data not shown; GLMM: p-value= 0.015).

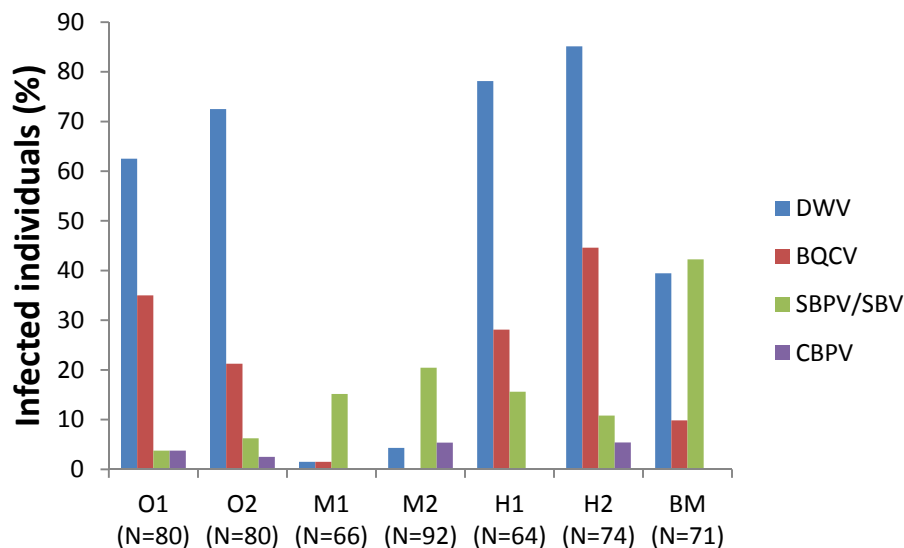
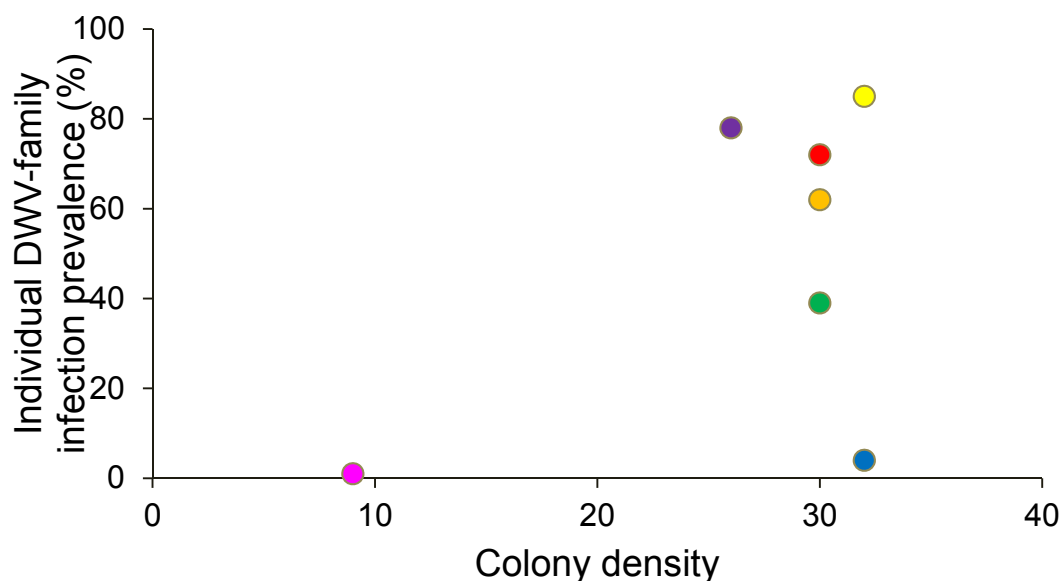


Abb. 9. DWV-family infection of honeybee drones (*Apis mellifera*) per site at seven mating sites (DCAs): Bad Münden am Deister (BMD) (green), Mayen (MAY) (blue), Kronberg im Taunus (KRO) (red), Sangerhausen (SGH) (yellow), Halle (Saale) (HAL) (violet), Oberursel (OBU) (orange) and BÖrfink (BFK) (pink). The greater the colony density, the more prevalent was the DWV-family (GLMM: p = 0.047).



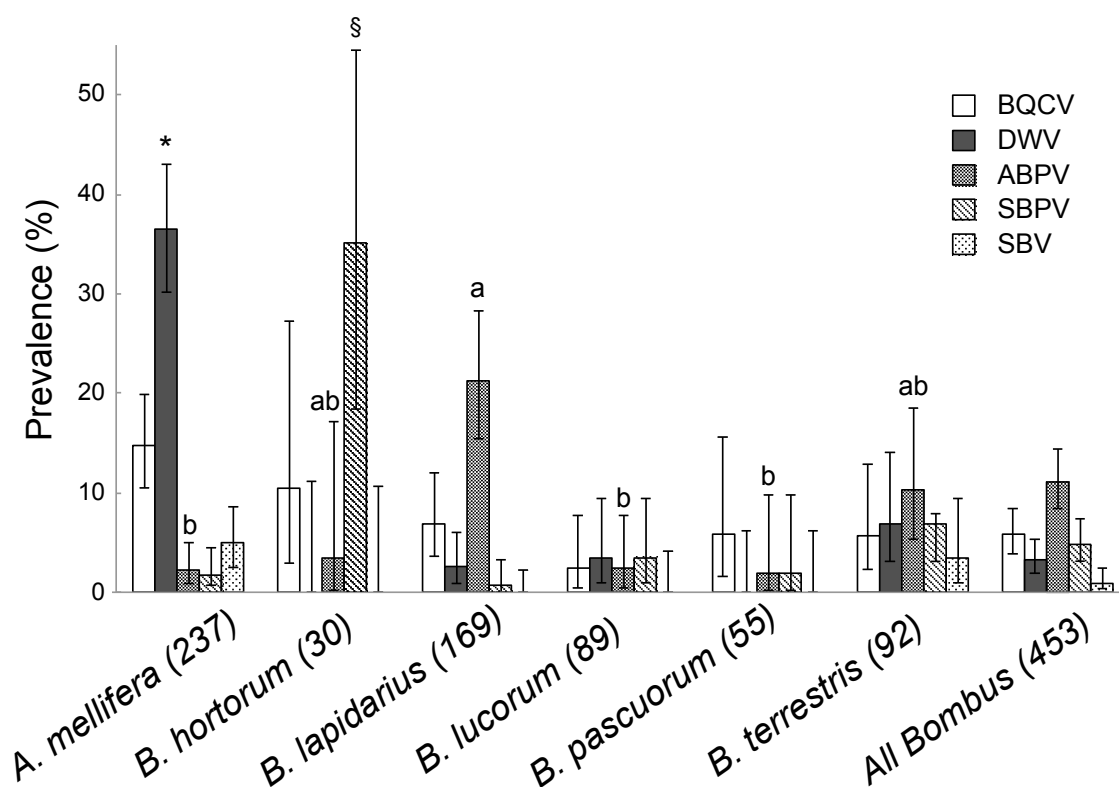
Diese Experimente und Beobachtungen lassen folgendes schlussfolgern:

- 1) Hohe Koloniedichten führen zu einer erhöhten Pathogenprävalenz.
- 2) Die Verbreitung von DWV, BQCV und SBPV/SBV wird wesentlich von der Koloniedichte beeinflusst. In Gebieten mit erhöhter Imkerei-Aktivität und somit hoher Anzahl an Honigbienenvölkern, wird die Anfälligkeit oder Übertragung dieser Viren gefördert

Trotz der statistischen Signifikanz dieser Ergebnisse, muss berücksichtigt werden, dass den Daten nur eine eher kleine Anzahl von Standorten zu Grunde liegen. Dies führt zu einer geringen Varianz in der Koloniedichte, was wir in einer Projekt-Verlängerung beheben möchten.

In weiteren Studien mit Kollegen aus England haben wir Honigbienen und Hummeln von 26 Sammelorten mittels MLPA und qPCR auf 10 Virusarten untersucht. Die Ergebnisse zeigen, dass Viren, besonders DWV in den Bienenarten verbreitet sind und weisen auf einen rezenten und andauernden Pathogen „spill over“ hin (Abb. 10, Ergebnisse in: Fürst et al. 2014 und McMahon et al. 2015).

Abb. 10. Prevalence of 5 viruses mapped by individual host honey bee and bumble bee species, showing mean true estimates and 95% CIs. Bonferroni-corrected χ^2 test for multiple comparisons: *DWV in *A. mellifera* significantly higher prevalence compared with all other species. §SBPV in *B. hortorum* significantly higher prevalence compared with all other species. ABPV: significant multiple comparisons indicated by letters a and b. Note that “all *Bombus*” is not included in statistical comparison.



Ziel 2 Die Transmission von Pathogenen

Ziel 2.3: Entwicklung eines molekular-biologischen Schnelltests für Viruserkrankungen

Die ursprünglich geplante Umsetzung des Tests basierend auf Chiptechnologie wurde abgeändert, da solche Hybridisierungstechnologien bereits als überholt gelten und weiterhin auch relativ störanfällig sind, was den verlässlichen, schnellen und kostengünstigen Gebrauch als Detektionsmethode der Wahl eingeschränkt hätte. Alternativ wurde ein Assay entwickelt, der auf PCR basiert (Tabelle 1) und somit sehr robust ist und problemlos in jedem Labor umgesetzt werden kann. Die Methode verwendet nur Standard-Komponenten und ist durch ihr Design deutlich schneller und kostengünstiger als vergleichbare Methoden (z.B. MLPA). Die Methode wird bereits zur Virendetektion, parallel zu MLPA, eingesetzt. Außerdem wurde versucht, solche Viren mit in den Assay zu integrieren, die erst nach Projektbeginn bekannt geworden sind. Details können dem Zwischenbericht von BioSolutions entnommen werden.

Ziel 3 Die Transkriptomantwort auf Pflanzenschutzmittel (in Kooperation mit Verbundpartnern in Oberursel und Kirchhain)

Um den akuten Einfluss chronischer Dosen von Pestiziden auf Bienen zu untersuchen, wurden chronische Dosen (5 ppm und 8 ppm) von den neonicotinoiden Thiacloprid und anderen Insektiziden auf larvalen und adulten Bienen appliziert. Bienen, welche Verhaltens- oder morphologische Auffälligkeiten besitzen, sollten ursprünglich auf der Ebene des Transkriptoms mithilfe von cDNA-Microarrays, die das gesamte Bienen-Transkriptom abdecken, getestet werden. Bislang konnten allerdings keine nachhaltigen Veränderungen im Verhalten bzw. in der Morphologie gefunden werden, für die sich eine Transkriptomuntersuchung angeboten hätte. Eine Untersuchung auf der Transkriptomebene ist daher bislang noch nicht sinnvoll gewesen. Wir haben zudem im Rahmen von Fitbee eine neue Technik entwickelt, die es erlaubt, mit Hilfe der Next generation Sequencing Technik komplette Genome aber auch Transkriptome auf „Benchtop“-Geräten zu analysieren (Stolle und Moritz 2013).

In Kooperation mit iDiv (Deutsches Zentrum für integrative Biodiversitätsforschung Halle-Jena-Leipzig) wurden zwei Workshops durchgeführt, um die Transkriptom Antwort der Honigbiene auf *Nosema ceranae* und *Varroa* assoziierte Viren zu untersuchen. Eine Metaanalyse aus 19 verschiedenen Datensätzen zeigte auf etliche konsistente Kandidatengene, die signifikant hoch bzw. runter reguliert sind. Eine Veröffentlichung der Ergebnisse ist in Vorbereitung (Doublet et al. 2016) und zeigt, wie auf molekularer Ebene eine „Fit Bee“ auf der Ebene der individuellen Honigbiene identifiziert werden kann.

1. Erzielte Ergebnisse

- *das wissenschaftlich-technische Ergebnis des Vorhabens*

i) Honigbienen können niedrigen, sub-letalen Konzentrationen von neonicotinoiden Pestiziden widerstehen, möglicherweise aufgrund der großen Kolonie und eusoziale Organisation mindert Stressfaktoren aus der Umwelt (Forfert & Moritz 2016; Forfert et al. 2016a).

ii) Pathogene sind in der Umwelt weit verbreitet. Honigbienen sind oft infiziert, besonders vom Flügeldeformationsvirus (DWV; Forfert et al. 2015; McMahon et al. 2016).

iii) Eine hohe Koloniedichte führt zu hoher Prävalenz an Pathogenen, besonders DWV (Forfert et al. 2016b).

iv) Varroa Milben verursachen bei befallenen Völkern eine höhere Akzeptanz von Verfliegern und erhöhen somit das Risiko neuer Pathogene und weiterer Varroa Milben (Forfert et al. 2015).

v) Pathogene der Honigbiene können andere Arten infizieren, wie z. B. Hummeln, die ebenfalls bedeutende Bestäuber sind (Fürst et al. 2014; McMahon et al. 2015).

- *die erreichten Nebenergebnisse*

Es wurde eine Reihe weiter Studien themenverwandt zu Modul 4 durchgeführt.

- Es wurde gezeigt, dass bei Infektion von Honigbienen mit zwei oder mehreren Pathogenen interagieren und damit die Bienengesundheit negativ beeinflussen. Die speziellen Pathogene waren: *Nosema apis*, *Nosema ceranae* und DWV (Doublet et al. 2015a; McMahon et al. 2016; Natsopoulou et al. 2015a, 2016a, 2016b). Pathogene können ebenfalls mit Pestiziden interagieren und die Sterblichkeit der Arbeiterinnen erhöhen (Doublet et al. 2015b):
- Es konnte gezeigt werden, dass Honigbienen in der Lage sind, mittels Selbstmedikation mit sekundären Pflanzenstoffen die Bienengesundheit zu verbessern (Erler & Moritz 2016)
- Datenauswertung (FAO Statistiken), um aufzuzeigen, dass die Gesellschaftspolitik eine entscheidende Rolle bei der Zahl von Bienenvölkern spielt, z. B. durch Förderung der Imkerei (Moritz 2014, Moritz & Erler 2016)

Somit können folgende weitere Schlussfolgerungen gezogen werden:

vi) subletale Dosen von Pestiziden können mit Pathogenen interagieren und somit den Schweregrad von Infektion erhöhen, jedoch nicht in jedem Fall. Es gibt inkonsistente Interaktionen zwischen neonicotinoiden Pestiziden und Pathogenen in Honigbienen.

vii) Gesellschaftliche und politische Mittel können die Imkerei fördern und dem Verlust von Honigbienen in Deutschland entgegen wirken.

- *die gesammelten wesentlichen Erfahrungen*

Nosema ceranae wurde früher als Pathogen angesehen, das große Kolonieverluste verursacht, scheint doch nicht so einflussreich zu sein wie angenommen. Andererseits scheinen Varroa und

assoziierte Viren besonders schädlich für Honigbienen und möglicherweise auch für Wildbienen. Imkertätigkeiten verursachen oft mehr Schaden als Nutzen an Honigbienen, so dass gesellschaftspolitische Unterstützung zu mehr und besserer Imkertätigkeit führen kann.

2. Verwertung

- *der voraussichtliche Nutzen, insbesondere der Verwertbarkeit des Ergebnisses im Sinne des fortgeschriebenen Verwertungsplans*

Unsere Ergebnisse nützen vor allem:

Imkern

- die Bienenvölker in einer angemessenen Anzahl pro Stand halten, dass die Pathogenausbreitung gering gehalten wird
- die Bienenvölker optimal gehalten werden, um Varroa Milben und assoziierte Viren unter Kontrolle zu halten

Politikern

- denen bewusst werden soll, dass die Ortsveränderung von Bienenvölkern eine Verschiebung und Verbreitung ihrer Pathogene nach sich zieht
- *Wissenschaftliche und/oder technische Erfolgsaussichten nach Projektende bzw. Aussichten für eine mögliche notwendige nächste Phase bzw. die nächsten innovatorischen Schritte zur erfolgreichen Umsetzung der Ergebnisse*

Varroa und seine assoziierten Viren, speziell DWV sind Parasiten, die erhebliche Schäden an Honigbienen verursachen. Nun müssen nachhaltige Kontrollmechanismen für Varroa und durch Varroa übertragene Viren entwickelt werden.

- *wirtschaftliche Erfolgsaussichten*

Die Entwicklung neuer und nachhaltiger Kontrolltechniken für Varroa Milben und DWV könnte einen beachtlichen Marktwert haben.

3. Erkenntnisse von Dritten

- *während der Durchführung des Vorhabens dem ZE bekannt gewordener Fortschritt auf dem Gebiet des Vorhabens bei anderen Stellen*

Obwohl zahlreiche Publikationen zu Effekten von Pathogenen und Pestiziden auf Honigbienen seit Projektbeginn von FitBee erschienen, ist der einzige große Durchbruch die Erkenntnis, dass Neonicotinoide aus dem Freiland nur eine gering wahrnehmbare Auswirkung auf die Gesundheit der Honigbienen haben (Rundlöf, M. et al. 2015. Seed coating with a neonicotinoid insecticide negatively affects wild bees. Nature 521, 77–80).

4. Veröffentlichungen

- *die erfolgten Veröffentlichungen des Ergebnisses*

Doublet V, Natsopoulou ME, Zschiesche L, Paxton RJ (2015a) Within-host competition among the honey bees pathogens *Nosema ceranae* and Deformed wing virus is asymmetric and to the disadvantage of the virus. Journal of Invertebrate Pathology 124:31-34.
doi:<http://dx.doi.org/10.1016/j.jip.2014.10.007>

- Doublet V, Labarussias M, de Miranda JR, Moritz RFA, Paxton RJ (2015b) Bees under stress: sublethal doses of a neonicotinoid pesticide and pathogens interact to elevate honey bee mortality across the life cycle. *Environmental Microbiology* 17:969-983. doi:10.1111/1462-2920.12426
- Erler S, Moritz RFA (2016) Pharmacophagy and pharmacophory: mechanisms of self-medication and disease prevention in the honeybee colony (*Apis mellifera*). *Apidologie in Druck*:1-23. doi:10.1007/s13592-015-0400-z
- Forfert N, Natsopoulou ME, Frey E, Rosenkranz P, Paxton RJ, Moritz RFA (2015) Parasites and pathogens of the honeybee (*Apis mellifera*) and their influence on inter-colonial transmission. *PLoS ONE* 10 (10):e0140337. doi:10.1371/journal.pone.0140337
- Fürst MA, McMahon DP, Osborne JL, Paxton RJ, Brown MJF (2014) Disease associations between honeybees and bumblebees as a threat to wild pollinators. *Nature* 506:364-366. doi:10.1038/nature12977
- McMahon DP, Fürst MA, Caspar J, Theodorou P, Brown MJF, Paxton RJ (2015) A sting in the spit: widespread cross-infection of multiple RNA viruses across wild and managed bees. *Journal of Animal Ecology* 84:615-624. doi:10.1111/1365-2656.12345
- Moritz RFA (2014) Die Ursachen des weltweiten Bienensterbens In: Rundgespräche der Kommission für Ökologie, Bd. 43 »Soziale Insekten in einer sich wandelnden Welt« Verlag Dr. Friedrich Pfeil, München,
- Moritz RFA, Erler S (2016) Lost colonies found in a data mine: global honey trade but not pests or pesticides as a major cause of regional honeybee colony declines. *Agriculture, Ecosystems & Environment* 216:44-50. doi:http://dx.doi.org/10.1016/j.agee.2015.09.027
- Natsopoulou ME, McMahon DP, Doublet V, Bryden J, Paxton RJ (2015) Interspecific competition in honeybee intracellular gut parasites is asymmetric and favours the spread of an emerging infectious disease. *Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences* 282:20141896. doi:10.1098/rspb.2014.1896
- Natsopoulou ME, Doublet V, Paxton RJ (2016a) European isolates of the Microsporidia *Nosema apis* and *Nosema ceranae* have similar virulence in laboratory tests on European worker honey bees. *Apidologie* 47:57–65. doi:10.1007/s13592-015-0375-9
- Natsopoulou ME, McMahon DP, Paxton RJ (2016b) Parasites modulate within-colony activity and accelerate the temporal polyethism schedule of a social insect, the honey bee. *Behav Ecol Sociobiol*: in Druck. doi:10.1007/s00265-015-2019-5
- Stolle E, Moritz RFA (2013) RESTseq – efficient benchtop population genomics with RESTriction fragment SEQuencing. *PLoS ONE* 8 (5):e63960. doi:10.1371/journal.pone.0063960
- Wolf S, McMahon DP, Lim KS, Pull CD, Clark SJ, Paxton RJ, Osborne JL (2014) So near and yet so far: harmonic radar reveals reduced homing ability of *Nosema* infected honeybees. *PLoS ONE* 9 (8):e103989. doi:10.1371/journal.pone.0103989
- *die geplanten Veröffentlichungen des Ergebnisses*
- Doublet V, Moritz RFA, McMahon DP, Natsopoulou ME, Brown MJF, Gogol-Döring A, Grozinger C, Paxton RJ (2016) A synthesis of genome-wide responses of honeybees reveals unique and

- conserved molecular responses to parasites. In Vorbereitung.
- Forfert N, Moritz RFA (2016) Neonicotinoids alter social interactions between honeybee workers (*Apis mellifera*). *Apidologie* In Begutachtung
- Forfert N, Natsopoulou ME, Paxton RJ, Moritz RFA (2016a) Viral prevalence increases with colony density in honeybee drones (*Apis mellifera* L.). *Veterinary Parasitology*. Eingereicht.
- Forfert N, Troxler A, Retschnig G, Gauthier L, Moritz RFA, Neumann P, Williams GR (2016b) Neonicotinoid pesticides reduce colony genetic diversity in honeybees (*Apis mellifera*). *Biology Letters*. In Revision.
- McMahon DP, Natsopoulou M, Doublet V, Fürst MA, Frey E, Rosenkranz P, Weging S, Brown MJF, Gogol-Döring A, Paxton RJ (2016) More than a common cold: an emerging virus genotype drives elevated honeybee loss. *PLoS Biology*. Eingereicht.

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN ISSN: 0022-2011	2. Berichtsart (Veröffentlichung) Peer Review Publikation
3. Titel Within-host competition among the honey bees pathogens <i>Nosema ceranae</i> and Deformed wing virus is asymmetric and to the disadvantage of the virus	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Doublet, Vincent; Natsopoulou, Myrsini E; Zschiesche, Luise; Paxton, Robert J	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.08.2015 6. Veröffentlichungsdatum 30.10.2014 7. Form der Publikation Peer Review Publikation
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Martin-Luther Universität Halle-Wittenberg Institut für Biologie /Zoologie Hoher Weg 4	9. Ber. Nr. Durchführende Institution 10. Förderkennzeichen *) 11. Seitenzahl 4
13. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) Wilhelmstr. 54 10117 Berlin	12. Literaturangaben 30 14. Tabellen 0 15. Abbildungen 2
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum) Journal of Invertebrate Pathology 124:31-34	
18. Kurzfassung Two pathogens co-infecting a common host can either interact positively (facilitation), negatively (competition) or act independently. A correlative study has suggested that two pathogens of the honey bee, <i>Nosema ceranae</i> and Deformed wing virus (DWV), interact negatively within a host (Costa et al., 2011). To test this hypothesis, we sequentially co-infected honey bees with these pathogens in a reciprocally crossed experimental design. Prior establishment in the host ventriculus by <i>N. ceranae</i> inhibited DWV while prior infection by DWV did not impact <i>N. ceranae</i> , highlighting an asymmetry in the competitive interaction between these emerging pathogens.	
19. Schlagwörter DWV / Microsporidia / Apis mellifera / Priority effect / Interaction	
20. Verlag Elsevier e.V.	21. Preis

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN ISSN: 1462-2912	2. Berichtsart (Veröffentlichung) Peer Review Publikation
3. Titel Bees under stress: sublethal doses of a neonicotinoid pesticide and pathogens interact to elevate honey bee mortality across the life cycle	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Doublet, Vincent; Labarussias, Maureen; de Miranda, Joachim R; Moritz, Robin FA; Paxton, Robert J	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.08.2015
	6. Veröffentlichungsdatum 11.3.2014
	7. Form der Publikation Peer Review Publikation
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Martin-Luther Universität Halle-Wittenberg Institut für Biologie /Zoologie Hoher Weg 4	9. Ber. Nr. Durchführende Institution
	10. Förderkennzeichen *)
	11. Seitenzahl 15
13. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) Wilhelmstr. 54 10117 Berlin	12. Literaturangaben 15
	14. Tabellen
	15. Abbildungen 3
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum) ENVIRONMENTAL MICROBIOLOGY 17:969-983	
18. Kurzfassung Microbial pathogens are thought to have a profound impact on insect populations. Honey bees are suffering from elevated colony losses in the northern hemisphere possibly because of a variety of emergent microbial pathogens, with which pesticides may interact to exacerbate their impacts. To reveal such potential interactions, we administered at sublethal and field realistic doses one neonicotinoid pesticide (thiacloprid) and two common microbial pathogens, the invasive microsporidian <i>Nosema ceranae</i> and black queen cell virus (BQCV), individually to larval and adult honey bees in the laboratory. Through fully crossed experiments in which treatments were administered singly or in combination, we found an additive interaction between BQCV and thiacloprid on host larval survival likely because the pesticide significantly elevated viral loads. In adult bees, two synergistic interactions increased individual mortality: between <i>N.ceranae</i> and BQCV, and between <i>N.ceranae</i> and thiacloprid. The combination of two pathogens had a more profound effect on elevating adult mortality than <i>N.ceranae</i> plus thiacloprid. Common microbial pathogens appear to be major threats to honey bees, while sublethal doses of pesticide may enhance their deleterious effects on honey bee larvae and adults. It remains an open question as to whether these interactions can affect colony survival.	
19. Schlagwörter COLONY COLLAPSE DISORDER; APIS-MELLIFERA-L.; NOSEMA-CERANAE; LEARNING PERFORMANCES; SEASONAL-VARIATION; JUVENILE-HORMONE; EXPOSURE; POLLINATORS; INFECTION; TOXICITY	
20. Verlag WILEY	21. Preis

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN	2. Berichtsart (Veröffentlichung) Peer Review Publikation
3. Titel A synthesis of genome-wide responses of honeybees reveals unique and conserved molecular responses to parasites	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Doublet, Vincent; Moritz, Robin FA; McMahon, Dino P; Natsopoulou, Myrsini E; Brown, Mark JF; Gogol-Döring, Andreas; Grozinger, C; Paxton, Robert J und ca.15 Andere	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.08.2015
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Martin-Luther Universität Halle-Wittenberg Institut für Biologie /Zoologie Hoher Weg 4	6. Veröffentlichungsdatum In Vorbereitung
	7. Form der Publikation Peer Review Publikation
	9. Ber. Nr. Durchführende Institution
13. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) Wilhelmstr. 54 10117 Berlin	10. Förderkennzeichen)
	11. Seitenzahl ca. 10
	12. Literaturangaben
16. Zusätzliche Angaben Manuskript in Vorbereitung, Zeitschrift noch nicht entschieden	14. Tabellen 2
	15. Abbildungen 5
	17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)
18. Kurzfassung Host-parasite relations are mediated by complex molecular interactions. It is now possible to examine these interactions at a genome-wide scale across multiple pathogens and parasites. We performed a synthetic analysis of 19 transcriptomes examining the responses of a model species, the honeybee (<i>Apis mellifera</i>) to its three major parasites: gut microsporidia, RNA viruses, and the parasitic mite <i>Varroa destructor</i> , which vectors RNA viruses. Firstly, we identified genes that are consistently regulated by these pathogens and parasites and characterized their associated biological functions and metabolic processes. We found that honeybees modulate similar molecular pathways in response to both microsporidia and viruses, despite the fact that these two parasites are phylogenetically distinct, a result which provides a mechanistic explanation for potential interactions between these parasites. Intriguingly, we found down-regulated genes have a higher evolutionary rate than non-regulated genes, suggesting strong selective pressures exerted by parasites on the honeybee genome. Secondly, we applied a new algorithm to reveal parasite- and tissue-specific responses of honeybees. Cellular responses were important following microsporidia infection whilst the innate immune signalling pathways (Toll and Imd) were important in the antiviral response. Our synthesis of transcriptomes enabled us to (i) identify of several new candidate genes involved in host-parasite interactions, including putative regulators of the immune response, (ii) generate a comprehensive overview of the metabolic and biological processes mediating the molecular dialogue between the host and its pathogens, and (iii) find potential molecular targets for future efforts to conserve this essential pollinator species.	
19. Schlagwörter <i>Apis</i> / virus / DWV / <i>Nosema</i> / emerging infectious disease	
20. Verlag	21. Preis

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN ISSN: 0044-8435	2. Berichtsart (Veröffentlichung) Peer Review Publikation
3. Titel Pharmacophagy and pharmacophory: mechanisms of self-medication and disease prevention in the honeybee colony (<i>Apis mellifera</i>).	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Erler, Silvio; Moritz, Robin FA	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.08.2015
	6. Veröffentlichungsdatum 25.11.2015
	7. Form der Publikation Peer Review Publikation
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Martin-Luther Universität Halle-Wittenberg Institut für Biologie /Zoologie Hoher Weg 4	9. Ber. Nr. Durchführende Institution
	10. Förderkennzeichen
	11. Seitenzahl 23
13. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) Wilhelmstr. 54 10117 Berlin	12. Literaturangaben
	14. Tabellen
	15. Abbildungen
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum) Apidologie DOI: 10.1007/s13592-015-0400-z	
18. Kurzfassung Apitherapy promises cures for diseases in human folk medicine, but the effects of honeybee produced and foraged compounds on bee health are less known. Yet, hive products should chiefly facilitate medication and sanitation of the honeybees themselves rather than other organisms. We here review the impact of both self-produced gland secretions and foraged hive products (pharmacognosy) on colony health. Although foraged plant-derived compounds vary highly in antibiotic activity depending on the floral and regional origins, secondary plant metabolites in honey, pollen and propolis are important for the antibiotic activity against pathogens and parasites. However, specific bee health-enhancing activities of bee products should clearly be distinguished from the effects of an intact nutrition ensuring the basic immune competence of bees. Further unravelling the interactions among groups of active substances or individual compounds used in concert with specific behavioural adaptations will deepen our understanding of the natural potential of honeybees to maintain colony health.	
19. Schlagwörter Virus, <i>Nosema</i> , drifting, apiary, apiculture, colony health	
20. Verlag Springer Verlag	21. Preis

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN eISSN: 1932-6203	2. Berichtsart (Veröffentlichung) Peer Review Publikation
3. Titel Parasites and pathogens of the honeybee (<i>Apis mellifera</i>) and their influence on intercolonial transmission.	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Forfert, Nadège; Natsopoulou, Myrsini E; Frey, Eva; Rosenkranz, Peter; Paxton, Robert J; Moritz, Robin FA	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.08.2015
	6. Veröffentlichungsdatum 9.10.2015
	7. Form der Publikation Peer Review Publikation
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Martin-Luther Universität Halle-Wittenberg Institut für Biologie /Zoologie Hoher Weg 4	9. Ber. Nr. Durchführende Institution
	10. Förderkennzeichen *)
	11. Seitenzahl 14
13. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) Wilhelmstr. 54 10117 Berlin	12. Literaturangaben 48
	14. Tabellen 1
	15. Abbildungen 3
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum) PLoS ONE 10(10): e0140337	
18. Kurzfassung Pathogens and parasites may facilitate their transmission by manipulating host behavior. Honeybee pathogens and pests need to be transferred from one colony to another if they are to maintain themselves in a host population. Inter-colony transmission occurs typically through honeybee workers not returning to their home colony but entering a foreign colony ("drifting"). Pathogens might enhance drifting to enhance transmission to new colonies. We here report on the effects infection by ten honeybee viruses and <i>Nosema</i> spp., and <i>Varroa</i> mite infestation on honeybee drifting. Genotyping of workers collected from colonies allowed us to identify genuine drifted workers as well as source colonies sending out drifters in addition to sink colonies accepting them. We then used network analysis to determine patterns of drifting. Distance between colonies in the apiary was the major factor explaining 79% of drifting. None of the tested viruses or <i>Nosema</i> spp. were associated with the frequency of drifting. Only colony infestation with <i>Varroa</i> was associated with significantly enhanced drifting. More specifically, colonies with high <i>Varroa</i> infestation had a significantly enhanced acceptance of drifters, although they did not send out more drifting workers. Since <i>Varroa</i> -infested colonies show an enhanced attraction of drifting workers, and not only those infected with <i>Varroa</i> and its associated pathogens, infestation by <i>Varroa</i> may also facilitate the uptake of other pests and parasites.	
19. Schlagwörter Virus, <i>Nosema</i> , drifting, apiary, apiculture, colony health	
20. Verlag Public Library of Science (PLoS)	21. Preis

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN ISSN: 1744-9561	2. Berichtsart (Veröffentlichung) Peer Review Publikation
3. Titel Neonicotinoid pesticides reduce colony genetic diversity in honeybees (<i>Apis mellifera</i>)	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Forfert, Nadège; Troxler, Aline; Retschnig, Gina; Gauthier, Laurent; Moritz, Robin FA; Neumann, Peter; Williams, Geoffrey R.	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.08.2015
	6. Veröffentlichungsdatum In Revision
	7. Form der Publikation Peer Review Publikation
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Martin-Luther Universität Halle-Wittenberg Institut für Biologie /Zoologie Hoher Weg 4	9. Ber. Nr. Durchführende Institution
	10. Förderkennzeichen)
	11. Seitenzahl 13
13. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) Wilhelmstr. 54 10117 Berlin	12. Literaturangaben
	14. Tabellen 1
	15. Abbildungen 1
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum) Biology Letters	
18. Kurzfassung Neonicotinoid insecticides can cause adverse sub-lethal effects in bees, and therefore threaten their pollination ecosystem services. In honeybees, queens are essential for reproduction and colony functioning and negative effects of neonicotinoids on queens may have serious consequences for the fitness of the entire colony. We show that neonicotinoid exposure interferes with queen mating success reducing the genetic diversity among the workers within the colony.	
19. Schlagwörter Thiacloprid, sublethal effects, queen mating, polyandry	
20. Verlag Royal Society Publishing	21. Preis

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN ISSN: 0304-4017	2. Berichtsart (Veröffentlichung) Peer Review Publikation
3. Titel Viral prevalence increases with colony density in honeybee drones (<i>Apis mellifera</i> L.)	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Forfert, Nadège; Natsopoulou, Myrsini E; Paxton, Robert J; Moritz, Robin FA	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.08.2015
	6. Veröffentlichungsdatum In Begutachtung
	7. Form der Publikation Peer Review Publikation
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Martin-Luther Universität Halle-Wittenberg Institut für Biologie /Zoologie Hoher Weg 4	9. Ber. Nr. Durchführende Institution
	10. Förderkennzeichen
	11. Seitenzahl ca. 10
13. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) Wilhelmstr. 54 10117 Berlin	12. Literaturangaben 45
	14. Tabellen 3
	15. Abbildungen 5
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum) Veterinary Parasitology, eingereicht	
18. Kurzfassung Transmission among colonies is important for the epidemiology of honeybee pathogens. High colony density may promote transmission among colonies, making colony density a potentially important parameter determining pathogen prevalence. To test this idea, we sampled honeybee males (drones) from seven distinct drone congregation areas (DCA), genotyped them to estimate colony density and screened them by multiplex ligation-dependent probe amplification (MLPA) to determine the prevalence of six common viral targets encompassing ten viruses. There was a significant positive association between colony density and number of viral infections. This result highlights the potential importance of high colony density for pathogen prevalence, possibly because high colony density facilitates pathogen transmission.	
19. Schlagwörter DWV / male / MLPA / virus / DCA	
20. Verlag Elsevier e.V.	21. Preis

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN ISSN: 0044-8435	2. Berichtsart (Veröffentlichung) Peer Review Publikation
3. Titel Neonicotinoids alter social interactions between honeybee workers (<i>Apis mellifera</i>)	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Forfert, Nadege; Moritz, Robin F.A.	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.08.2015
	6. Veröffentlichungsdatum In Begutachtung
	7. Form der Publikation Peer Review Publikation
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Martin-Luther Universität Halle-Wittenberg Institut für Biologie /Zoologie Hoher Weg 4	9. Ber. Nr. Durchführende Institution
	10. Förderkennzeichen
	11. Seitenzahl 32
13. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) Wilhelmstr. 54 10117 Berlin	12. Literaturangaben
	14. Tabellen 1
	15. Abbildungen 5
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum) Apidologie	
18. Kurzfassung Since the last decades, neonicotinoids have become a frequently used class of agricultural insecticides. Their toxicity to bees has been claimed to be a major stressor interfering with honeybee colony loss. Field realistic doses have been shown to cause a wide range of adverse sublethal effects in honeybees including impairment of orientation, homing failure and nervous system damage. Yet there may also be effects inside the colony affecting the social networks relevant for pathogen transmission. We therefore quantified the social interactions among individuals that had been exposed to sublethal doses of thiacloprid experimental groups using social network analyses. Bees fed with the agrochemical had a significant reduction of the network centrality although trophallactic food exchanges remained unaffected. Hence, whereas sublethal doses of thiacloprid may act as a perturbator of the communication network in the colony it may only play a minor role on the dynamics of intracolony pathogen transmission by trophallaxis.	
19. Schlagwörter Thiacloprid, social network, sublethal effects, experimental group	
20. Verlag Springer Verlag	21. Preis

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN ISSN: 0028-0836	2. Berichtsart (Veröffentlichung) Peer Review Publikation
3. Titel Disease associations between honeybees and bumblebees as a threat to wild pollinators	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Fürst, Matthias; McMahon, Dino P; Osborne, Juliet L; Paxton, Robert J; Brown, Mark JF	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.08.2015
	6. Veröffentlichungsdatum 20.2.2014
	7. Form der Publikation Peer Review Publikation
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Martin-Luther Universität Halle-Wittenberg Institut für Biologie /Zoologie Hoher Weg 4	9. Ber. Nr. Durchführende Institution
	10. Förderkennzeichen *)
	11. Seitenzahl 3
13. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) Wilhelmstr. 54 10117 Berlin	12. Literaturangaben 28
	14. Tabellen 0
	15. Abbildungen 3
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum) Nature 506:364-366	
18. Kurzfassung <p>Emerging infectious diseases (EIDs) pose a risk to human welfare, both directly and indirectly, by affecting managed livestock and wildlife that provide valuable resources and ecosystem services, such as the pollination of crops. Honeybees (<i>Apis mellifera</i>), the prevailing managed insect crop pollinator, suffer from a range of emerging and exotic high-impact pathogens, and population maintenance requires active management by beekeepers to control them. Wild pollinators such as bumblebees (<i>Bombus</i> spp.) are in global decline, one cause of which may be pathogen spillover from managed pollinators like honeybees or commercial colonies of bumblebees. Here we use a combination of infection experiments and landscape scale field data to show that honeybee EIDs are indeed widespread infectious agents within the pollinator assemblage. The prevalence of deformed wing virus (DWV) and the exotic parasite <i>Nosema ceranae</i> in honeybees and bumblebees is linked; as honeybees have higher DWV prevalence, and sympatric bumblebees and honeybees are infected by the same DWV strains, <i>Apis</i> is the likely source of at least one major EID in wild pollinators. Lessons learned from vertebrates highlight the need for increased pathogen control in managed bee species to maintain wild pollinators, as declines in native pollinators may be caused by interspecies pathogen transmission originating from managed pollinators.</p>	
19. Schlagwörter DWV / Microsporidia / <i>Apis mellifera</i> / <i>Bombus</i> spp.	
20. Verlag Nature Publishing Group (Macmillan Publishers Limited)	21. Preis

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN ISSN: 1365-2656	2. Berichtsart (Veröffentlichung) Peer Review Publikation
3. Titel A sting in the spit: widespread cross-infection of multiple RNA viruses across wild and managed bees	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] McMahon, Dino P; Fürst, Matthias; Caspar, Jessica; Theodorou, Pangiotis; Brown, Mark JF; Paxton, Robert J	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.08.2015
	6. Veröffentlichungsdatum 3.3.2015
	7. Form der Publikation Peer Review Publikation
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Martin-Luther Universität Halle-Wittenberg Institut für Biologie /Zoologie Hoher Weg 4	9. Ber. Nr. Durchführende Institution
	10. Förderkennzeichen *)
	11. Seitenzahl 10
13. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) Wilhelmstr. 54 10117 Berlin	12. Literaturangaben 61
	14. Tabellen 2
	15. Abbildungen 4
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum) Journal of Animal Ecology 84: 615-624	
18. Kurzfassung Declining populations of bee pollinators are a cause of concern, with major repercussions for biodiversity loss and food security. RNA viruses associated with honeybees represent a potential threat to other insect pollinators, but the extent of this threat is poorly understood. * This study aims to attain a detailed understanding of the current and ongoing risk of emerging infectious disease (EID) transmission between managed and wild pollinator species across a wide range of RNA viruses. * Within a structured large-scale national survey across 26 independent sites, we quantify the prevalence and pathogen loads of multiple RNA viruses in co-occurring managed honeybee (<i>Apis mellifera</i>) and wild bumblebee (<i>Bombus</i> spp.) populations. We then construct models that compare virus prevalence between wild and managed pollinators. * Multiple RNA viruses associated with honeybees are widespread in sympatric wild bumblebee populations. Virus prevalence in honeybees is a significant predictor of virus prevalence in bumblebees, but we remain cautious in speculating over the principle direction of pathogen transmission. We demonstrate species-specific differences in prevalence, indicating significant variation in disease susceptibility or tolerance. Pathogen loads within individual bumblebees may be high and in the case of at least one RNA virus, prevalence is higher in wild bumblebees than in managed honeybee populations. * Our findings indicate widespread transmission of RNA viruses between managed and wild bee pollinators, pointing to an interconnected network of potential disease pressures within and among pollinator species. In the context of the biodiversity crisis, our study emphasizes the importance of targeting a wide range of pathogens and defining host associations when considering potential drivers of population decline.	
19. Schlagwörter Apis / Bombus / decline / pathogen / spillover	
20. Verlag Wiley	21. Preis

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN ISSN: 1545-7885	2. Berichtsart (Veröffentlichung) Peer Review Publikation
3. Titel More than just a winter cold: an emerging virus genotype causes elevated honeybee loss	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] McMahon, Dino P; Natsopoulou, Myrsini E; Doublet, Vincent; Fürst, Matthias; Frey, Eva; Rosenkranz, Peter; Weging, Silvio; Brown, Mark JF; Gogol-Döring, Andreas; Paxton, Robert J	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.08.2015
	6. Veröffentlichungsdatum Eingereicht
	7. Form der Publikation Peer Review Publikation
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Martin-Luther Universität Halle-Wittenberg Institut für Biologie /Zoologie Hoher Weg 4	9. Ber. Nr. Durchführende Institution
	10. Förderkennzeichen *)
	11. Seitenzahl ca. 10
13. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) Wilhelmstr. 54 10117 Berlin	12. Literaturangaben 78
	14. Tabellen 2
	15. Abbildungen 3
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum) PLoS Biology, eingereicht	
18. Kurzfassung Emerging infectious diseases (EIDs) have contributed significantly to the current biodiversity crisis, leading to widespread epidemics and population loss. Bees are considered to be threatened globally, with severe overwinter losses of the most important commercial pollinator, the Western honeybee, being a major concern in the Northern Hemisphere. Although EIDs, particularly viruses belonging to the Deformed wing virus (DWV) complex, have been correlated with honeybee loss, there is still no clear explanation for the elevated rates of mortality seen in the past decade. We combine apiary and laboratory experiments with a systematic field survey to demonstrate that an emerging DWV genotype (DWV-B) drives elevated overwinter honeybee loss. Furthermore, we show that DWV-B is widespread in the landscape and is more virulent than the established DWV genotype (DWV-A). Although the evolutionary origins and global distribution of DWV-B are not well understood, its potential emergence in naïve populations of honeybees, including via recombination with DWV-A, could have significant ecological and economic impacts.	
19. Schlagwörter <i>Apis</i> / virus / DWV / pathogen / emerging infectious disease	
20. Verlag Public Library of Science	21. Preis

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN ISSN 0938-5851 ISBN 978-3-89937-179-6	2. Berichtsart (Veröffentlichung) Peer Review Publikation
3. Titel Die Ursachen des weltweiten Bienensterbens	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Moritz, Robin FA	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.08.2015
	6. Veröffentlichungsdatum 2014
	7. Form der Publikation Peer Review Publikation
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Martin-Luther Universität Halle-Wittenberg Institut für Biologie /Zoologie Hoher Weg 4	9. Ber. Nr. Durchführende Institution
	10. Förderkennzeichen *)
	11. Seitenzahl 8
13. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) Wilhelmstr. 54 10117 Berlin	12. Literaturangaben
	14. Tabellen
	15. Abbildungen 6
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum) Rundgespräche der Kommission für Ökologie, Bd. 43 »Soziale Insekten in einer sich wandelnden Welt«	
18. Kurzfassung Öffentliche Medien haben in vielfacher und sehr dramatischer Weise auf ein globales Sterben von Honigbienenvölkern hingewiesen und dies oft in Zusammenhang mit Krankheiten und Pestiziden gebracht. Eine Meta-Analyse der global bewirtschafteten Bienenvölker auf der Basis der Datenbank der FAO kann diese These allerdings nicht stützen. Es wird deutlich, dass sozial-ökonomische Veränderungen einen starken Einfluss auf die Zahl der gehaltenen Bienenvölker haben. Dadurch gibt es global extreme regionale Unterschiede, mit einem generellen (zum Teil dramatischen) Rückgang in den hoch entwickelten westlichen Industrienationen und einem Anstieg in anderen Teilen der Welt. Insbesondere in West- und Mitteleuropa hat die Abnahme der Bienenvölker zu einer Bienenendichte geführt, wie wir sie sonst nur in Wüstengebieten der Erde finden. Die Dichte der wilden Honigbienen in der Kalahari ist mehr als doppelt so hoch wie die in Nationalparks in Deutschland. Der Rückgang der Imker scheint unmittelbar mit diesem Rückgang der Bienenvölker verbunden.	
19. Schlagwörter Imkerei, Bienengesundheit, Pestizide, Pathogene	
20. Verlag Verlag Dr. Friedrich Pfeil, München	21. Preis

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN ISSI: 0167-8809	2. Berichtsart (Veröffentlichung) Peer Review Publikation
3. Titel Lost colonies found in a data mine: Global honey trade but not pests or pesticides as a major cause of regional honeybee colony declines.	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Moritz, Robin FA; Erler, Silvio	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.08.2015
	6. Veröffentlichungsdatum 25.11.2015
	7. Form der Publikation Peer Review Publikation
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Martin-Luther Universität Halle-Wittenberg Institut für Biologie /Zoologie Hoher Weg 4	9. Ber. Nr. Durchführende Institution
	10. Förderkennzeichen
	11. Seitenzahl 8
13. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) Wilhelmstr. 54 10117 Berlin	12. Literaturangaben 34
	14. Tabellen 0
	15. Abbildungen 6
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum) Agriculture, Ecosystems and Environment 216: 44–50	
18. Kurzfassung <p>Recent losses of honeybee (<i>Apis mellifera</i>) colonies have been linked to several non-exclusive factors; such as pests, parasites, pesticides (e.g., neonicotinoids) and other toxins. Whereas these losses pose a threat to apiculture, the number of globally managed colonies appeared to be less affected because beekeepers replace lost colonies. From a socioeconomic and ecological perspective the number of managed colonies is arguably more relevant when addressing the issue of apiculture and pollination services provided by honeybees. We here use the FAO data base to dissect the interactions between the global honey market and the number of colonies. Global scale analyses do not show a general colony decline. Whereas Western Europe and the US show suffer colony declines, other regions show considerable increase. We could not find any link between the colony dynamics and the occurrence of specific pathogens or the use of pesticides. In contrast, changes in the political and socioeconomic system show strong effects on apiculture. In addition, many countries show a tight negative correlation between honey import and the number of managed colonies. For some countries, the amount of honey produced per colony is highly positively correlated with the amount of honey imports, and we cannot exclude large scale relabeling of imported to nationally produced honey. It is very clear that honey trade is a dominating factor for the number of managed colonies since countries with a strong import and export ratio are those suffering most strongly from colony declines.</p>	
19. Schlagwörter Socioeconomics, Honey, Global trade, Colony losses, Beekeeping	
20. Verlag Elsevier	21. Preis

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN ISSN: 0962-8452	2. Berichtsart (Veröffentlichung) Peer Review Publikation
3. Titel Interspecific competition in honeybee intracellular gut parasites is asymmetric and favours the spread of an emerging infectious disease	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Natsopoulou, Myrsini E; McMahon, Dino P; Doublet, Vincent; Bryden, John; Paxton, Robert J	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.08.2015
	6. Veröffentlichungsdatum 26.11.2014
	7. Form der Publikation Peer Review Publikation
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Martin-Luther Universität Halle-Wittenberg Institut für Biologie /Zoologie Hoher Weg 4	9. Ber. Nr. Durchführende Institution
	10. Förderkennzeichen *)
	11. Seitenzahl 8
13. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) Wilhelmstr. 54 10117 Berlin	12. Literaturangaben 60
	14. Tabellen 1
	15. Abbildungen 3
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum) Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences 282: 20141896	
18. Kurzfassung There is increasing appreciation that hosts in natural populations are subject to infection by multiple parasite species. Yet the epidemiological and ecological processes determining the outcome of mixed infections are poorly understood. Here, we use two intracellular gut parasites (Microsporidia), one exotic and one co-evolved in the western honeybees (<i>Apis mellifera</i>), in an experiment in which either one or both parasites were administered either simultaneously or sequentially. We provide clear evidence of within host competition; order of infection was an important determinant of the competitive outcome between parasites, with the first parasite significantly inhibiting the growth of the second, regardless of species. However, the strength of this 'priority effect' was highly asymmetric, with the exotic <i>Nosema ceranae</i> exhibiting stronger inhibition of <i>Nosema apis</i> than vice versa. Our results reveal an unusual asymmetry in parasite competition that is dependent on order of infection. When incorporated into a mathematical model of disease prevalence, we find asymmetric competition to be an important predictor of the patterns of parasite prevalence found in nature. Our findings demonstrate the wider significance of complex multi-host–multi-parasite interactions as drivers of host–pathogen community structure.	
19. Schlagwörter <i>Apis mellifera</i> , Microsporidia, host, parasite, co-infection, priority effect	
20. Verlag Royal Society Publishing	21. Preis

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN ISSN: 0044-8435	2. Berichtsart (Veröffentlichung) Peer Review Publikation
3. Titel European isolates of the Microsporidia <i>Nosema apis</i> and <i>Nosema ceranae</i> have similar virulence in laboratory tests on European worker honey bees	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Natsopoulou Myrsini E; Doublet, Vincent; Paxton, Robert J	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.08.2015 6. Veröffentlichungsdatum 9.6.2015 7. Form der Publikation Peer Review Publikation
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Martin-Luther Universität Halle-Wittenberg Institut für Biologie /Zoologie Hoher Weg 4	9. Ber. Nr. Durchführende Institution 10. Förderkennzeichen *) 11. Seitenzahl 9
13. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) Wilhelmstr. 54 10117 Berlin	12. Literaturangaben 62 14. Tabellen 0 15. Abbildungen 1
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum) Apidologie 47: 57–65	
18. Kurzfassung <p><i>Nosema apis</i> and <i>Nosema ceranae</i> are gut parasites that infect western honey bees (<i>Apis mellifera</i>) worldwide. <i>N. ceranae</i> is an exotic infectious disease agent of <i>A. mellifera</i>, having been originally described in the Asian honey bee (<i>Apis cerana</i>), while <i>N. apis</i> is native to the western honey bee. To better understand the dynamics and epidemiology of the two pathogens, we examined the impact of European isolates of both Microsporidia on the longevity of European <i>A. mellifera</i> in a controlled laboratory experiment. <i>N. ceranae</i> caused slightly higher host mortality compared to <i>N. apis</i>, but differences in virulence were subtle and non-significant. Variation across published studies may reflect geographic differences in the coadaptation of hosts and parasites and seasonal differences in host susceptibility.</p>	
19. Schlagwörter <i>Apis mellifera</i> / Microsporidia / host / parasite / survival	
20. Verlag Springer	21. Preis

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN ISSN: 0340-5443	2. Berichtsart (Veröffentlichung) Peer Review Publikation
3. Titel Parasites modulate within-colony activity and accelerate the temporal polyethism schedule of a social insect, the honey bee	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Natsopoulou Myrsini E; McMahon, Dino P; Paxton, Robert J	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.08.2015
	6. Veröffentlichungsdatum 7.10.2015
	7. Form der Publikation Peer Review Publikation
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Martin-Luther Universität Halle-Wittenberg Institut für Biologie /Zoologie Hoher Weg 4	9. Ber. Nr. Durchführende Institution
	10. Förderkennzeichen *)
	11. Seitenzahl 12
13. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) Wilhelmstr. 54 10117 Berlin	12. Literaturangaben 97
	14. Tabellen 1
	15. Abbildungen 3
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum) Behavioral Ecology and Sociobiology (in Druck): doi: 10.1007/s00265-015-2019-5	
18. Kurzfassung <p>Task allocation in social insect colonies is generally organised into an age-related division of labour, termed the temporal polyethism schedule, which may in part have evolved to reduce infection of the colony's brood by pests and pathogens. The temporal polyethism schedule is sensitive to colony perturbations that may lead to adaptive changes in task allocation, maintaining colony homeostasis. Though social insects can be infected by a range of parasites, little is known of how these parasites impact within-colony behaviour and the temporal polyethism schedule. We use honey bees (<i>Apis mellifera</i>) experimentally infected by two of their emerging pathogens, Deformed wing virus (DWV), which is relatively understudied concerning its behavioural impact on its host, and the exotic microsporidian <i>Nosema ceranae</i>. We examined parasite effects on host temporal polyethism and patterns of activity within the colony. We found that pathogens accelerated the temporal polyethism schedule, but without reducing host behavioural repertoire. Infected hosts exhibited increased hyperactivity, allocating more time to self-grooming and foraging-related tasks. The strength of behavioural alterations we observed was found to be pathogen specific; behavioural modifications were more pronounced in virus-treated hosts versus <i>N. ceranae</i>-treated hosts, with potential benefits for the colony in terms of reducing within-colony transmission. Investigating the effects of multiple pathogens on behavioural patterns of social insects could play a crucial role in understanding pathogen spread within a colony and their effects on colony social organisation.</p>	
19. Schlagwörter Host / Pathogen / Multiple infection / <i>Apis mellifera</i> / <i>Nosema ceranae</i> / Deformed wing virus	
20. Verlag Springer	21. Preis

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN eISSN: 1932-6203	2. Berichtsart (Veröffentlichung) Peer Review Publikation
3. Titel RESTseq – Efficient Benchtop Population Genomics with RESTriction Fragment SEQuencing.	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Stolle, Eckhard; Moritz, Robin FA	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.08.2015
	6. Veröffentlichungsdatum 2013
	7. Form der Publikation Peer Review Publikation
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Martin-Luther Universität Halle-Wittenberg Institut für Biologie /Zoologie Hoher Weg 4	9. Ber. Nr. Durchführende Institution
	10. Förderkennzeichen
	11. Seitenzahl 5
13. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) Wilhelmstr. 54 10117 Berlin	12. Literaturangaben 15
	14. Tabellen
	15. Abbildungen 3
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum) PLoS ONE 8(5): e63960 2013	
18. Kurzfassung We present RESTseq, an improved approach for a cost efficient, highly flexible and repeatable enrichment of DNA fragments from digested genomic DNA using Next Generation Sequencing platforms including small scale Personal Genome sequencers. Easy adjustments make it suitable for a wide range of studies requiring SNP detection or SNP genotyping from fine-scale linkage mapping to population genomics and population genetics also in non-model organisms. We demonstrate the validity of our approach by comparing two honeybee and several stingless bee samples.	
19. Schlagwörter Genome analysis, next generation sequencing, SNP mapping	
20. Verlag Public Library of Science	21. Preis

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN eISSN: 1932-6203	2. Berichtsart (Veröffentlichung) Peer Review Publikation
3. Titel So near and yet so far: harmonic radar reveals reduced homing ability of <i>Nosema</i> infected honeybees	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Wolf, Stephan; McMahon, Dino P; Lim, Ka S; Pull, Christopher D; Clark, Suzanne J; Paxton, Robert J; Osborne, Juliet L.	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.08.2015
	6. Veröffentlichungsdatum 6.8.2014
	7. Form der Publikation Peer Review Publikation
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Martin-Luther Universität Halle-Wittenberg Institut für Biologie /Zoologie Hoher Weg 4	9. Ber. Nr. Durchführende Institution
	10. Förderkennzeichen)
	11. Seitenzahl 15
13. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) Wilhelmstr. 54 10117 Berlin	12. Literaturangaben 65
	14. Tabellen 1
	15. Abbildungen 6
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum) PLoS ONE 9(8): e103989	
18. Kurzfassung Pathogens may gain a fitness advantage through manipulation of the behaviour of their hosts. Likewise, host behavioural changes can be a defence mechanism, counteracting the impact of pathogens on host fitness. We apply harmonic radar technology to characterize the impact of an emerging pathogen - <i>Nosema ceranae</i> (Microsporidia) - on honeybee (<i>Apis mellifera</i>) flight and orientation performance in the field. Honeybees are the most important commercial pollinators. Emerging diseases have been proposed to play a prominent role in colony decline, partly through sub-lethal behavioural manipulation of their hosts. We found that homing success was significantly reduced in diseased (65.8%) versus healthy foragers (92.5%). Although lost bees had significantly reduced continuous flight times and prolonged resting times, other flight characteristics and navigational abilities showed no significant difference between infected and non-infected bees. Our results suggest that infected bees express normal flight characteristics but are constrained in their homing ability, potentially compromising the colony by reducing its resource inputs, but also counteracting the intra-colony spread of infection. We provide the first high-resolution analysis of sub-lethal effects of an emerging disease on insect flight behaviour. The potential causes and the implications for both host and parasite are discussed	
19. Schlagwörter Nosema, drifting, colony, flight, colony health	
20. Verlag Public Library of Science (PLoS)	21. Preis