



# Diagnostik von Bienenkrankheiten

## Ergebnisse 2023

Dr. Andreas Schierling  
Bienengesundheitsdienst, TGD Bayern e.V.  
Mai 2024

Sind Anzeichen einer Erkrankung von Bienenvölkern erkennbar oder kommt es gar zum Volksverlust, ist es wichtig mögliche Ursachen und Hintergründe sicher und schnell zu ermitteln. Nur wenn bekannt ist auf welcher Erkrankung die vorliegende Problematik beruht, können adäquate Gegenmaßnahmen eingeleitet oder imkerliche Betriebsweisen zur Krankheitsprävention optimiert werden.

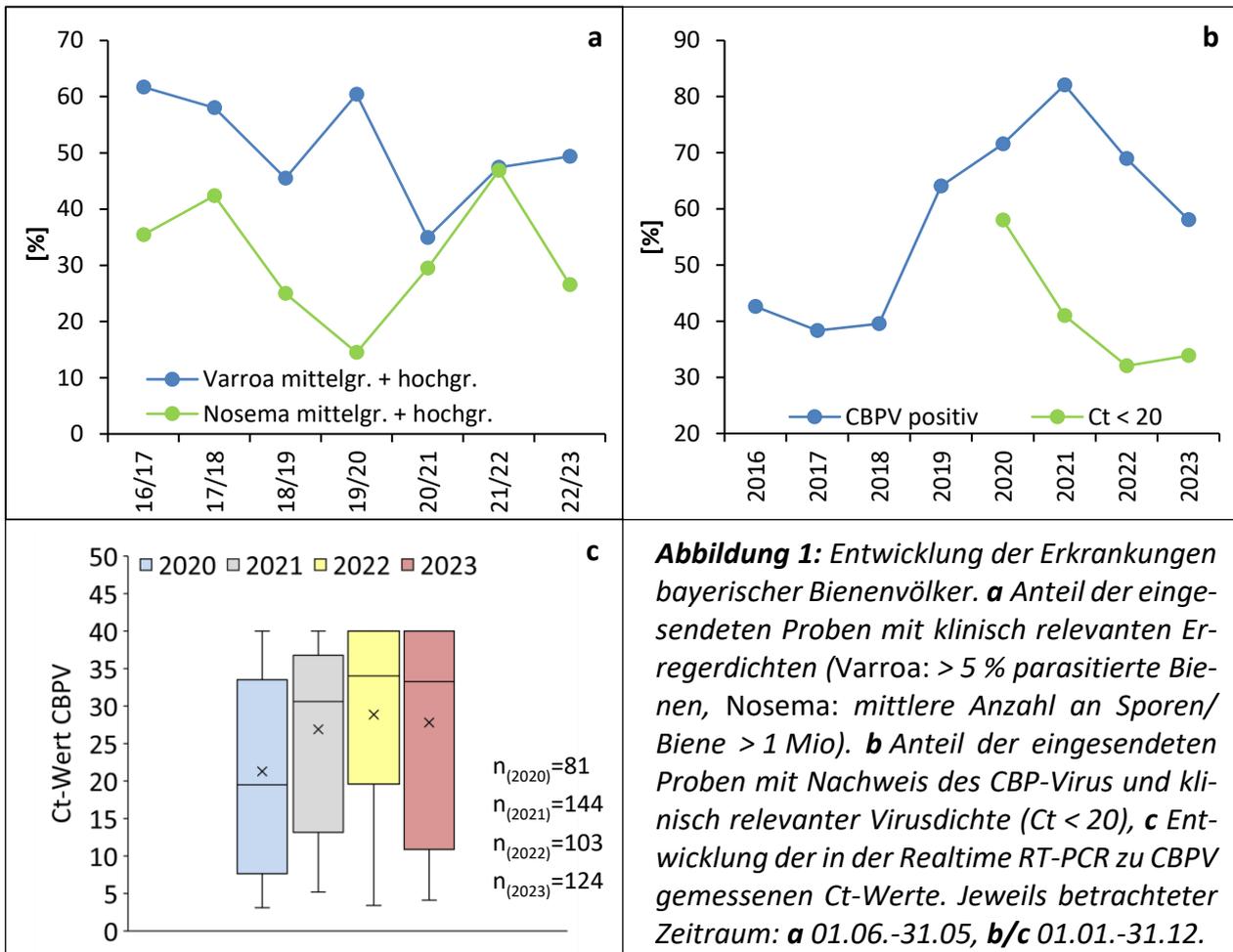
Durch Pathogene verursachte Schäden an Bienenvölkern sind in den meisten Fällen auf die *Varroa*-Milbe und die bei der Parasitierung übertragenen Infektionen mit dem Deformierte-Flügel-Virus (DWV) sowie z. T. andere *Varroa*-assoziierte Bienenviren zurückzuführen. Neben DWV stellen Infektionen mit dem *Varroa*-unabhängig übertragenen Chronische-Bienenparalyse-Virus (CBPV) und dem Mikrosporidium *Nosema spec.* weitere häufige Ursachen dar. Die beim BGD eingegangenen Proben zur Ursachenforschung bei Volksverlusten oder erhöhtem Totenfall spiegeln diese Aussagen wieder, wobei sich die Prävalenz der genannten Erreger in den eingesendeten Proben z. T. über die Jahre hinweg als variabel erwiesen hat.

Der seit 2021 feststellbare Anstieg von Fällen mittel- und hochgradiger *Nosema*-Infektionen setzte sich im Zeitraum Juli 2022 bis Ende Mai 2023 nicht mehr fort (Abb. 1a). Die relativ hohe Zahl an klinisch relevanten Ausbrüchen der *Nosemose* in bayerischen Bienenvölkern im Winter 2021/2022 wurde mitunter auf die ungünstige Witterung in 2021 zurückgeführt. Durch ausbleibenden Polleneintrag der Bienenvölker entstand vermutlich eine Mangelversorgung der Winterbienenbrut, was wiederum in einer erhöhten Anfälligkeit der Winterbienenpopulation gegenüber Infektionskrankheiten resultiert haben könnte. In den Jahren 2022 und 2023 lagen deutlich bessere Bedingungen vor. Die Reduktion der Anzahl der Fälle klinisch relevanter *Nosemose* könnte demnach auf die bessere Versorgungslage der Bienenvölker bei der Winterbienenaufzucht zurückzuführen sein.

Die *Nosemose* kann durch zwei Erreger, *Nosema ceranae* und *Nosema apis* hervorgerufen werden. In Süddeutschland scheint hierbei der Erreger *Nosema ceranae* zu dominieren. Alle 2023 anhand eingesendeter Proben aus Bayern festgestellten Fälle der *Nosemose* waren auf *Nosema ceranae* zurückzuführen. *Nosema apis* konnte 2023 in keiner der eingesendeten Proben nachgewiesen werden.

Der Anteil von Proben aus mittel- und hochgradig mit der *Varroa*-Milbe parasitierten Völkern lag in etwa auf dem Niveau des Vorjahres (Abb. 1a). Bei hoher *Varroa*-Parasitierung lässt sich in den Köpfen der Bienen meist das Deformierte-Flügel-Virus (DWV) nachweisen. Dieses Virus kommt in den Varianten DWV-A und DWV-B vor,

wobei DWV-B in der Varroa selbst repliziert und eine wesentlich höhere Virulenz für Bienenvölker aufweist als DWV-A. Seit einigen Jahren ist nahezu weltweit eine Verdrängung von DWV-A durch DWV-B zu beobachten<sup>1</sup>. Dies trifft auch auf Bayern zu, denn in über 95 % der DWV-positiven Proben aus 2023 war die Variante DWV-B feststellbar. In wenigen Einzelfällen lagen Mischinfektionen beider Varianten vor, in keinem Fall war nur DWV-A nachzuweisen.



**Abbildung 1:** Entwicklung der Erkrankungen bayerischer Bienenvölker. **a** Anteil der eingesendeten Proben mit klinisch relevanten Erregerdichten (Varroa: > 5 % parasitierte Bienen, Nosema: mittlere Anzahl an Sporen/Biene > 1 Mio). **b** Anteil der eingesendeten Proben mit Nachweis des CBPV-Virus und klinisch relevanter Virusdichte (Ct < 20), **c** Entwicklung der in der Realtime RT-PCR zu CBPV gemessenen Ct-Werte. Jeweils betrachteter Zeitraum: **a** 01.06.-31.05, **b/c** 01.01.-31.12.

Klinische Ausbrüche der Chronischen Bienenparalyse in bayerischen Imkereien waren auch 2023 zu beobachten, der Anteil CBPV-positiver Proben sank jedoch wie schon im Vorjahr weiter ab (Abb. 1b). Dies bestätigt Beobachtungen aus der Vergangenheit, nach denen die Chronische Bienenparalyse in einzelnen Jahren vergleichsweise häufig auftritt, in den Folgejahren jedoch sukzessive wieder auf ein Grundniveau zurückgeht. Der Anteil an eingesendeten Bienenproben in denen eine klinisch relevante Infektion mit dem CBP-Virus festgestellt werden konnte, stieg im Vergleich zum Vorjahr nur unwesentlich an (Abb. 2b). Die Ct-Werte der PCR-Analysen geben diese Stabilisierung ebenfalls wieder (Abb. 2c). Der Ct-Wert ist ein Ergebnisparameter der

<sup>1</sup> Paxton R. et al. (2022) Epidemiology of a major honey bee pathogen, deformed wing virus: potential worldwide replacement of genotype A by genotype B. International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife 18, 157–171.

quantitativen Realtime-PCR mit dem die Erregerdichte in einer Probe bestimmt werden kann. Ein hoher Ct-Wert steht hierbei für eine geringe, ein niedriger Ct-Wert für eine hohe Erregerdichte.