

Forschung für die Praxis

Bericht des Länderinstituts für Bienenkunde 2024

Das Länderinstitut für Bienenkunde Hohen Neuendorf e.V. (LIB) blickt auf ein arbeits- und erkenntnisreiches Jahr 2024 zurück. Inmitten dynamischer ökologischer, landwirtschaftlicher und gesellschaftlicher Veränderungen bleibt die Gesundheit und Leistungsfähigkeit der Honigbiene ebenso wie der Schutz der Biodiversität ein zentrales Anliegen.

Das LIB in Zahlen

Personal	Anzahl
Mitarbeitende	33
DoktorandInnen	9
Bachelor-/Masterstudierende	5
Auszubildende/FÖJlerInnen/Bufdis	6
PraktikantInnen	4
Öffentlichkeitsarbeit	
Publikationen international	6
Publikationen national	4
Wiss. Poster	22
Vorträge	56
Lehrgänge (Teilnehmende)	36 (539)
Gutachten	79
Imkerei	
Überwinterungsrate 2022/2023 (in %)	96
aufgezogene Weiseln/Zuchtlarven	529/939
künstlich besamte Königinnen	310
Bienenvölker des Instituts	229
davon leistungsgeprüft	60
Honigertrag (in t)	8,2
Analytik/Forschung	
<i>Untersuchung von Bienenprodukten</i>	
Honigproben	1194
Wachsproben	83
Pollen/Bienenbrot	81
<i>Untersuchung auf Bienenkrankheiten</i>	
Amerikanische Faulbrut	1.043
Nosemose	1.232
Viren	7.043
Zuchtwertschätzung	
Datensätze	305.556
Rassen	12
Forschungsprojekte	
gesamt	30
davon (ko)finanziert über Drittmittel	18

Zucht und Genetik bildeten weiterhin eine zentrale Säule zur langfristigen Sicherung gesunder und leistungs-fähiger Bienenpopulationen. Die Abteilung Molekulare Mikrobiologie und Bienenkrankheiten führte ihre Forschung zur Diagnostik, Prävention und Bekämpfung von Krankheiten konsequent fort. In der Abteilung Bienenprodukte und Bestäubung lag der Fokus neben der Qualitätskontrolle von Honig auch auf der Erforschung der Biodiversität in unterschiedlichen Landschaftstypen. Die gewonnenen Erkenntnisse werden in der Abteilung Aus- und Weiterbildung didaktisch aufbereitet und einer breiten Öffentlichkeit zugänglich gemacht.

Das LIB wird von den Ländern Brandenburg, Sachsen, Sachsen-Anhalt, Thüringen und Berlin als Forschungsinstitut mit dem Auftrag gefördert, Projekte zu verschiedensten Aspekten der Bienenhaltung zu bearbeiten. Im Folgenden wird ein Überblick über die verschiedenen Arbeitsbereiche des LIB und ein Auszug aus der Forschung im Jahr 2024 gegeben. Weitere Tätigkeiten des Instituts im Rahmen von Ausbildung, Zucht, Krankheitsdiagnostik, Honig- und Wachsuntersuchungen, der institutseigenen Imkerei sowie der Öffentlichkeitsarbeit, folgen danach.

Ausführlichere Informationen zur Arbeit des LIB sowie alle Kontaktdaten finden Sie auf unserer Webseite unter www.honigbiene.de.



Zucht und Genetik

Leiter: Dr. Andreas Hoppe

***Weiterentwicklung von BeeBreed.eu als umfassende Plattform der Bienenzucht**

Durchführung der Zuchtwertschätzungen:

Das LIB unterstützt 48 Verbände in der Zuchtregistratur und genetischer Evaluation, davon 22 aus Deutschland und 26 ausländische Verbände. Für das Prüffahr 2024 wurden 11.533 Leistungsprüfungen erfasst, davon 5640 aus den Landesverbänden des Deutschen Imkerbundes (D.I.B.). Für insgesamt 266.096 registrierte Königinnen aus acht Bienenpopulationen von sechs Bienenrassen in 14 Ländern wurden Zuchtwertschätzungen durchgeführt und auf BeeBreed.eu veröffentlicht. Mittlerweile konnten die Zuchtwertmodelle weiterentwickelt werden, dass die vier Hauptrassen auf BeeBreed (Carnica, Mellifera, Ligustica und Iberiensis) mit auf sie angepassten genetischen Parametern berechnet werden.

In der Carnica-Zuchtwertschätzung konnte eine weitere Beschleunigung des Zuchtfortschritts festgestellt werden. Diese an sich wünschenswerte Entwicklung hat die Kehrseite des Verlustes an genetischer Diversität und Vielfalt der Zuchtlinien, wobei das LIB hier aktuelle Ergebnisse aus dem genetischen Monitoring in die Debatte einbringen konnte.

BeeBreed-Weiterentwicklung:

Die auf BeeBreed vertretenen Züchter und Verbände zeigen zunehmend unterschiedliche Anforderungen an die Zuchtarbeit: Während einige intensive Zuchtschemata verfolgen, legen andere Wert auf Erhaltungszucht. Daraus ergibt sich ein steigender Entwicklungsbedarf der Plattform. Um der Bandbreite gerecht zu werden, wurde das Expertise-Level eingeführt, mit dem Nutzer ihren Funktionsumfang selbst bestimmen können. Zusätzlich ermöglicht eine neue Importfunktion die Übertragung externer digitaler Stockkarten in BeeBreed. Die neue Option der „Offenen Leistungsprüfung“ erlaubt nun individuelle Freigaben. Im genetischen Monitoring zeigte sich, dass Linien eigenständige Merkmale aufweisen können. Um deren Definition zu vereinheitlichen, wurde 2024 ein neues Linienkonzept eingeführt, bei dem autorisierte Personen die Linienzugehörigkeit vergeben.

Mit finanzieller Unterstützung des D.I.B. und anderer Verbände (Zuchtwertschätzung)

***Praktische Bienenzucht**

In den vergangenen drei Jahren hat das LIB seine beiden Hauptzuchtlinien – die Varroaresistenz- und die Traditionslinie – umfassend überprüft und weiterentwickelt. Erfahrene Züchter aus verschiedenen Regionen führten verdeckte Leistungsprüfungen durch, um objektive Daten zu gewinnen. Ein Schwerpunkt lag auf der gezielten Weiterentwicklung und Verbreitung von Kreuzungslinien zur Erhöhung der genetischen Vielfalt. Durch intensiven Datenaustausch im Züchternetzwerk wurde die Qualität der Zuchtwertschätzung deutlich verbessert. Die Ergebnisse bieten neue Erkenntnisse über das Potenzial der Linien und ermöglichen eine gezieltere Zuchtstrategie. Beide Linien werden nun so angepasst, dass sie aktuellen Anforderungen besser gerecht werden und langfristig zukunftsfähig bleiben.

***Genetisches Monitoring und Anwendung genomischer Methoden**

Das Ziel des abgeschlossenen Projekts war es, die genetische Vielfalt der Westlichen Honigbiene in Deutschland zu erfassen, insbesondere die der heimischen Populationen sowie der verschiedenen Bienenrassen und -linien. Dabei sollte frühzeitig erkannt werden, wenn potenzielle Gefahren für diese Vielfalt bestehen. Mit Unterstützung von Imkerverbänden wurden 2076 Bienenproben gesammelt, ergänzt durch Proben von wildlebenden Honigbienen und Referenzproben. Zudem wurden 3264 Fragebögen von Imkern ausgewertet. Eine detaillierte Analyse konnte auf Grundlage der Genotypen und Fragebogendaten von 2009 Bienenvölkern durchgeführt werden.

Die Ergebnisse zeigen, dass die effektive Populationsgröße der Honigbiene in Deutschland mit über 3000 Individuen hoch ist, was die genetische Vielfalt aktuell nicht gefährdet. Auch die beiden weit verbreiteten Rassen Carnica und Buckfast wiesen eine hohe Populationsgröße auf, allerdings war bei diesen Rassen eine zunehmende genetische Vermischung festzustellen. Innerhalb der Carnica-Population konnten einzelne Linien wie Sklenar und Peschetz genetisch abgegrenzt werden, jedoch auch hier gab es Anzeichen einer Hybridisierung. Die Mellifera-Proben wiesen ebenfalls eine deutliche genetische Abgrenzung auf, zeigten jedoch auch Spuren von Hybridisierung.

Obwohl die genetische Vielfalt der Honigbiene in Deutschland derzeit nicht unmittelbar bedroht ist, zeigt die zunehmende genetische Vermischung ein Risiko für die Nivellierung der Populationen und den Verlust der genetischen Eigenständigkeit der Bienenrassen und -linien. Diese Entwicklung verdeutlicht die Notwendigkeit, Maßnahmen zum Erhalt der genetischen Vielfalt und zur Bewahrung der Eigenständigkeit der verschiedenen Bienenrassen zu ergreifen.

Im Auftrag des BMLEH über die BLE mit der Projektnummer 214-02.05-20.0179-21-I-B.

*** Resiliente Bienenhaltung (BeeGuards)**

BeeGuards ist ein hoch komplexes Verbundprojekt, das das Thema der Resilienz auf unterschiedlichen Ebenen angeht. Das LIB ist an Arbeitspaketen zur innovativen Bienenzucht, zur Modellierung von Krankheiten und ihren Erregern und der Widerstandsfähigkeit von Bienen beteiligt. Für letztere wurde am LIB ein Experiment durchgeführt, bei dem verschiedene Bienenherkünfte Stress durch Hitze ausgesetzt wurden, um die Adaptation an Wärme zu untersuchen. Die Temperaturkurven zeigten deutlich, dass z. B. die Sizilianischen Bienen die Beute sehr viel effektiver kühlen konnten als andere Herkünfte.

***Simulationsstudien zur Entwicklung neuer nachhaltiger Zuchtstrategien für die Honigbiene**

Die Zuchtwertschätzung ermöglicht es, genetisch hochwertige Individuen gezielt auszuwählen. Dabei stellt die enge Verwandtschaft unter den besten Tieren eine Herausforderung dar, da Inzucht und genetische Verarmung drohen. Die Methode der Optimalen Beitragsselektion (OCS) löst dieses Problem, indem sie genetischen Fortschritt mit kontrollierter Inzucht kombiniert. In der Tier- und Pflanzenzucht ist OCS bereits erfolgreich etabliert. Für die Honigbiene gab es jedoch bisher keine passende OCS-Theorie, da ihre genetischen und biologischen Besonderheiten, wie haplo-diploides Erbgut, koloniebezogene Merkmale und mehrfaches Paarungsverhalten der Königin eine direkte Anwendung verhindern. Im Jahr 2024 wurde OCS erstmals für die Honigbiene angepasst. In drei Schritten werden zunächst die Grundlagen der klassischen OCS dargestellt, danach die speziellen Eigenschaften der Honigbiene analysiert und schließlich eine angepasste Theorie entwickelt, die diesen Besonderheiten gerecht wird.

Mit finanzieller Unterstützung der DFG unter der Förder-Nr.:462225818.



Molekulare Mikrobiologie und Bienenkrankheiten

Bienenkrankheiten sind in erster Linie Infektionskrankheiten, die von Viren, Bakterien und Pilzen oder von parasitischen Milben verursacht werden. Die Schädigung eines Bienenvolks durch die ektoparasitische Milbe *Varroa destructor* und das von ihr übertragene Flügeldeformationsvirus DWV, die Varroose, ist ein globales und ernstzunehmendes Problem in der Bienenhaltung. Aber auch das Bakterium *Paenibacillus larvae*, das die Brutkrankheit Amerikanische Faulbrut verursacht, führt weltweit immer wieder zu Völkerverlusten und großem wirtschaftlichen Schaden in der Bienenhaltung. In den letzten Jahren häuften sich zudem Berichte, dass sich das Mikrosporidium *Nosema ceranae*, das nur in den Darmzellen erwachsener Bienen lebt, immer weiter ausbreitet und zumindest in Südeuropa vermehrt mit Völkerverlusten in Verbindung steht. In den Forschungsarbeiten am LIB decken wir die ganze Bandbreite an Krankheitserregern ab und forschen z.B. zu dem an der Varroose beteiligten Flügeldeformationsvirus DWV, zu dem Pilz *Nosema* spp. als Verursacher der Nosemose und zu dem für die Amerikanische Faulbrut verantwortlichen Bakterium *Paenibacillus larvae*.

Leiterin: Prof. Dr. Elke Genersch

Drittmittel: BMLEH/BLE (FKZ 2819SE004) in Kooperation mit den anderen Bieneninstituten und der Uni Potsdam (Dr. Detlef Groth), EU (Verordnung VO (EG) Nr. 2021/2115), DFG (FOR5026 InsectInfect, GE1365.4-1), BMLEH/BLE (FKZ 281C302A19), BMW/EuroNorm GmbH (FKZ 49MF220001)

***Forschungsarbeiten zu Bienenkrankheiten**

Die Vitalität von Bienenvölkern hängt von vielen äußeren Faktoren ab, zu denen das Klima, das Wetter, die Trachtsituation, die landwirtschaftliche Praxis, aber auch die durch Viren, Bakterien, Pilze und Parasiten verursachten Krankheiten gehören. Da Infektionskrankheiten die Vitalität von Bienenvölkern unweigerlich negativ beeinflussen, bedeutet eine erfolgreiche Bekämpfung dieser Krankheiten automatisch eine Verbesserung der Bienenvitalität. Am Beginn von Bekämpfungs- oder Behandlungsmaßnahmen steht immer die Diagnose der Krankheit, d.h. die Identifizierung des verursachenden Krankheitserregers. Dies kann oftmals nur in speziellen Laboren erfolgen. Zur Abteilung für Bienenkrankheiten am LIB gehört ein solches Labor, in dem verschiedene klassische und molekulare Methoden zur Diagnose und Epidemiologie von bienenpathogenen Viren, Bakterien und

Pilzen etabliert sind. Die Diagnostikleistungen dieses Labors werden auch im Rahmen von Monitoringprogrammen zur Bienengesundheit genutzt, so z.B. im Rahmen des Deutschen Bienenmonitorings (DeBiMo, www.debimo.de), an dem das LIB seit Herbst 2004 kontinuierlich beteiligt ist, und im Rahmen der regionalen Monitoringprogramme, die das LIB zur Verbreitung der Nosemose und der Amerikanischen Faulbrut (AFB) in Nordostdeutschland durchführt. Weiterhin erfolgen Forschungsarbeiten zu Viren (Sackbrutvirus SBV, Schwarze Königinnenzellen-Virus BQCV, Flügeldeformationsvirus DWV), zu *Paenibacillus larvae*, dem Erreger der Amerikanischen Faulbrut und zu *Nosema* spp., den Erregern der Nosemose.

Virusdiagnostik

Um unser diagnostisches Portfolio in der Virusdiagnostik zu erweitern, haben wir Protokolle zum molekularen Nachweis von SBPV (Langsame Bienenparalyse Virus), BSRV (Big Sioux River Virus) und den beiden Varianten 1 und 2 des LSV (Lake Sinai Virus) etabliert. Im letzten Jahr haben wir ca. 200 Bienenproben auch auf diese neuen Viren untersucht, aber bisher nur die alten Bekannten DWV, ABPV, CBPV, BQCV und SBV nachweisen können.

Nosema ceranae

Ein weiterer, wichtiger Forschungsschwerpunkt zur Verbesserung der Diagnostik war die Entwicklung einer vereinfachten Methode zum Nachweis von *Nosema apis* und *Nosema ceranae*. Seit der ersten Studie aus dem Jahr 2008, die gezeigt hatte, dass *N. ceranae* nicht auf die Östliche Honigbiene *Apis cerana* beschränkt ist, sondern auch bei der Westlichen Honigbiene *Apis mellifera* als Erreger der Durchfallerkrankung Nosemose vorkommt, haben wir erfolgreich an der Entwicklung von neuen Methoden zur molekularen Diagnostik und zur Differenzierung der beiden Arten *N. apis* und *N. ceranae* gearbeitet. Unser ursprüngliches Differenzierungsprotokoll kombinierte den PCR-Nachweis von *Nosema* spp. mit einer zusätzlichen Methode zur Speziesdifferenzierung und war daher noch sehr zeit- und kostenintensiv. Diese Methode haben wir inzwischen durch ein genauso spezifisches, reines PCR-Protokoll ersetzt und dadurch Analysezeit und -kosten entscheidend gesenkt. Allerdings werden für beide Methoden spezialisierte Labore, Fachpersonal und vor allem PCR-Geräte, die die für die PCR notwendigen Temperaturzyklen zwischen 37°C und 94°C ermöglichen, benötigt. Auf der Suche nach einer Methode, die mit einfacher Ausstattung eventuell sogar direkt am Bienenstand durchgeführt werden kann, fiel unsere Wahl auf die sog. schleifen-vermittelte Vervielfältigung von DNA, abgekürzt LAMP von „Loop mediated AMPlification of DNA“, die bereits für viele Krankheitserreger in der Veterinär- und Humanmedizin etabliert ist. Das Prinzip der LAMP-Methode ist dem Prinzip der PCR nicht unähnlich, da in beiden Fällen die gesuchte Gensequenz so lange vervielfältigt wird, bis sie sichtbar gemacht werden kann. Die LAMP hat aber den entscheidenden Vorteil, dass die Reaktion bei einer konstanten Temperatur von ca. 50°C bis 70°C erfolgt und damit im Prinzip eine Thermoskanne mit entsprechend heißem Wasser als Reaktionsumgebung ausreicht. Ein weiterer Vorteil ist, dass das Reaktionsergebnis kolorimetrisch, also über eine Farbreaktion direkt im Reaktionsgefäß, angezeigt werden kann (Abbildung 3). Wir müssen jetzt nur noch eine Firma finden, die das von uns und unseren argentinischen Kooperationspartnern entwickelte Protokoll (Lannutti et al., Int. J. Parasitol. 2025) in ein Diagnostikprodukt umsetzt und auf den Markt bringt. Dann stünde es allen interessierten Imkern zur Verfügung.

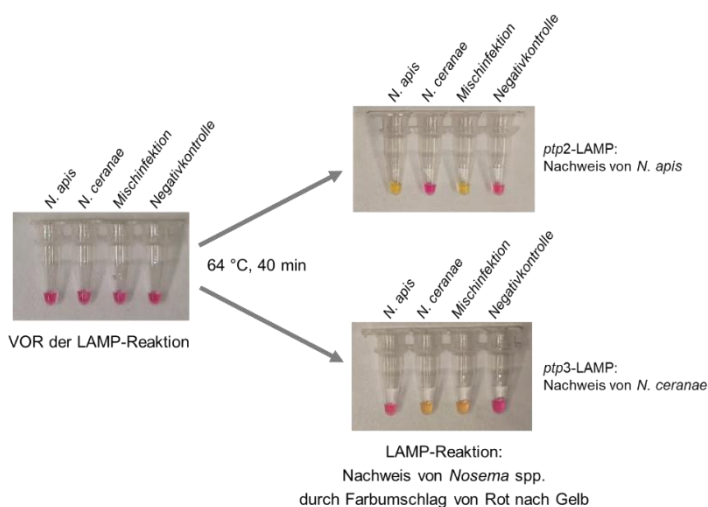
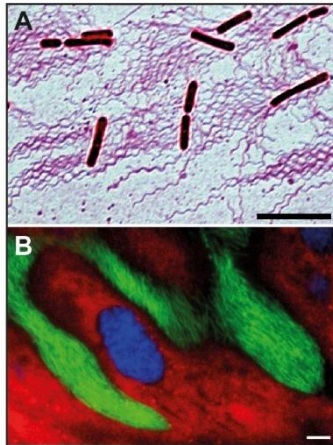


Abbildung 3: Diagnose von *N. apis*- und *N. ceranae*-Infektionen über eine LAMP-Reaktion mit kolorimetrischem Nachweis. Nach einer Reaktionszeit von 40 Minuten bei 64 °C zeigt der Farbumschlag von Rot nach Gelb, dass sich in der Probe *N. apis*- (ptp2-LAMP) oder *N. ceranae*-DNA (ptp3-LAMP) befindet.

Amerikanische Faulbrut (AFB)

Im letzten Jahr haben wir außerdem unsere Forschungsarbeiten zu den Faktoren, die aus *P. larvae* ein für Bienenlarven hochgefährliches Bakterium machen, fortgeführt und uns dabei auf die Rolle der Flagellen konzentriert. Mit Flagellen werden fadenförmige Gebilde auf der Oberfläche von Bakterien bezeichnet, die es den Bakterien ermöglichen, sich koordiniert zu bewegen. Auch *P. larvae* hat auf seiner Oberfläche solche Flagellen



(Abbildung 4A) und wir konnten zeigen, dass diese notwendig sind, damit sich die *P. larvae*-Bakterien im Larvendarm wie ein Schwarm gemeinsam und zielgerichtet zur Darmwand hin bewegen können, um diese dann in einem koordinierten Angriff zu zerstören (Abbildung 4B).

Abbildung 4: *P. larvae* besitzt auf seiner Oberfläche fadenförmige, gewellte Flagellen (A, rötlich ange-färbt), mit denen sich die Bakterien (B, grün gefärbt) zielgerichtet und ko-ordiniert bewegen und den kon-zertierten Angriff auf die Darmwand (B, rote Zellen mit blauen Kernen) starten.



Bienenprodukte und Bestäubung

Durch das Sammeln von Nektar und Honigtau können Bienen Honig produzieren. Entscheidend für die Zusammensetzung der Inhaltsstoffe eines Honigs sind die Trachtverhältnisse, die durch den Standort aber auch den Klimawandel beeinflusst werden. Weiterhin nimmt der Imker durch die Honiggewinnung, -bearbeitung, -lagerung und seine hygienische Arbeitsweise einen Einfluss auf die Qualität des Honigs. Neben den bereits für den Laien im Aroma, in der Farbe und Konsistenz erkennbaren Unterschieden verschiedener Honige, können durch unserer Laboranalysen ebenfalls chemische und physikalische Eigenschaften bestimmt werden und die botanische, bzw. geographische Herkunft durch die Pollenanalyse ermittelt werden. Hierdurch lassen sich Qualität, Reifegrad, Naturbelassenheit und Herkunft belegen.

Leiterin: Dr. Birgit Lichtenberg-Kraag

***Routineanalytik**

Honig:

Über die Webseite www.honiguntersuchung.de können Imker unserer Förderländer und nicht-Förderländer Honiganalysen beauftragen. Bei diesen Routineuntersuchungen nutzen wir die in unserem Haus entwickelte Infrarotspektroskopie (FTIR). Ein Verfahren, das es erlaubt, Honige schnell, umweltfreundlich und kostengünstig zu untersuchen. Innerhalb einer Messung können die wichtigsten Zucker, der Wassergehalt, die elektrische Leitfähigkeit, der Gehalt an freien Säuren und der pH-Wert eines Honigs bestimmen werden. Zusätzlich erhält man aus den Messdaten eine vorläufige Sortenzuordnung für die häufigsten Trachten (Lichtenberg-Kraag et al., 2002, Etzold und Lichtenberg-Kraag, 2008, Doktorarbeit Tanner, 2022). Daneben stehen uns selbstverständlich die Standardverfahren der Honiguntersuchung nach DIN zur Verfügung. Die Untersuchungsergebnisse dieser Honige werden in Datenbanken archiviert und können in verschiedene Forschungsprojekte berücksichtigt werden und durch zusätzliche Analysen ergänzt werden. Auch im Jahr 2024 konnte die Zuverlässigkeit unserer Untersuchungen durch die erfolgreiche Teilnahme an mehreren Laborvergleichsuntersuchungen bestätigt werden.

Bei den 646 routinemäßig untersuchten Honigen aus dem Jahr 2024 konnte nur eine durchschnittliche Qualität festgestellt werden. Etwa 26 % der Honige entsprachen nicht den geforderten Qualitätskriterien des D.I.B. Der häufigste Grund für eine Beanstandung war ein zu hoher Wassergehalt des Honigs. Während im Untersuchungsjahr 2023 nur 7,2 % der Honige deshalb beanstandet werden mussten, waren es 2024 ganze 18,2 %. Weitere Gründe für Beanstandungen waren eine zu geringe Invertaseaktivität (5,9 % der Honige) und Mängel bei der Sinnesprüfung (4,3 % der Honige). Aufgrund des zu hohen Wassergehalts sind einige Honige bereits in Gärung übergegangen, dass auch sensorische Defizite bedingt (Tabelle 2).

Bienenwachs:

Die FTIR-Analytik erlaubt es ebenfalls Bienenwachs auf Verfälschungen zu untersuchen (Tanner & Lichtenberg-Kraag, 2019). Durch Imker und den Imkereifachhandel erhielten wir 2024 insgesamt 83 Wachsproben, von denen in zwölf Proben Fremdwachse nachgewiesen werden konnten. Dies entspricht einem Anteil von 14,5 % und liegt damit in der Größenordnung des langjährigen Mittels von 16,2 % verfälschter Proben (Daten 2017-2024).

***Forschung**

Im Rahmen des EU-Projekts „Erhöhung der Ökosystemleistung und Biodiversität in verschiedenen Habitaten durch Honigbienen“ erfolgt eine Bestandsanalyse von Honigen, um beispielsweise den Einfluss von verschiedenen Landschaftstypen und deren Veränderungen erfassen zu können. Dazu wird unter anderem eine mehrjährige qualitative und quantitative Bestandsanalyse der Trachtpflanzen anhand von Honigproben durchgeführt. Darauf aufbauend kann das Sammelverhalten der Honigbienen in den unterschiedlichen Lebensräumen und Landschaftstypen bewertet und Rückschlüsse auf Klimaeinflüsse und Veränderungen im Trachtangebot gezogen werden.

Ein weiteres Ziel des Projekts ist die Etablierung des DNA-Barcodings, um die von den Bienen besuchten Pflanzen genauer als mit der herkömmlichen Pollenanalyse bestimmen zu können. Das Metabarcoding ist eine DNA-basierte Methode, die in etlichen ökologischen Studien bereits zur Bestimmung der botanischen Herkunft von Honig oder Pollenhöschchen eingesetzt wurde. Nach Isolierung der Pollen z.B. aus dem Honig und Aufreinigung der darin enthaltenen DNA, werden über PCR-Protokolle sogenannte Barcoderegionen selektiv vermehrt (amplifiziert). Bei den Barcoderegionen handelt es sich um DNA Abschnitte, die eine Unterscheidung verschiedener Pflanzen erlauben. Werden diese DNA-Abschnitte sequenziert kann durch einen Abgleich mit Referenzbibliotheken die botanische Herkunft des Pollens ermittelt werden. Da für die Bestimmung von Pflanzen noch kein universeller Barcode gefunden wurde, haben wir verschiedene Barcoderegion einzeln und in Kombination analysiert. Die Vorteile dieser Methode liegen in einer höheren taxonomischen Auflösung bis zur Speziesebene sowie einer möglichen Automatisierung. Die Biodiversität, die in einer Probe vorliegt, kann umfassender als mit einer Pollenanalyse bestimmt werden. Die klassische mikroskopische Pollenanalyse erlaubt z.B. nur die Bestimmung von Stein- und Kernobst als Gruppe. Das DNA-Barcoding hingegen erlaubt die Unterscheidung der verschiedenen Obstsorten und man kann feststellen, ob im Honig bspw. Apfel- oder Kirschkollen vorliegen. Hierdurch verbessert sich das Wissen zum tatsächlich genutzten Trachtangebot der Bienen und damit zur pflanzlichen Biodiversität, die den Bienen in den verschiedenen Landschaftstypen und Klimaregionen zur Verfügung steht. Durch erste Sequenzierungsergebnisse und Abgleich mit bestehenden Datenbanken konnten eine Vielzahl von Pollen im Honig nachgewiesen werden. Beim qualitativen Vergleich mit der klassischen mikroskopischen Pollenanalyse zeigten sich jedoch Unterschiede der Ergebnisse beider Methoden in Abhängigkeit des verwendeten Barcodes. Trotzdem ist das DNA-Barcoding in diesem Projekt zur Erhöhung der Ökosystemleistung und Biodiversität in verschiedenen Habitaten durch Honigbienen bereits jetzt eine wertvolle Ergänzung zur mikroskopischen Pollenanalyse.



Kofinanziert durch die Europäische Union (Verordnung VO (EU) 2021/2115)

Aus- und Weiterbildung

Leiter: Dr. Jens Radtke

***Wissenstransfer aus der Bienenforschung in die imkerliche Praxis**

Die Honigbiene besitzt eine herausragende ökologische und ökonomische Bedeutung, vor allem aufgrund ihrer Bestäubungsleistung. Ihre evolutionsgeschichtliche Rolle sowie besondere Eigenschaften, etwa Blütenstetigkeit, großer Flugradius und effektive Pollenübertragung, machen sie zu einem unverzichtbaren Bestäuber zahlreicher Pflanzenarten. Der Klimawandel, neue Schädlinge und Krankheiten erhöhen den Druck auf die Imkerei und erfordern fundiertes Wissen und imkerliches Können.

Ziel des Projekts ist ein Wissenstransfer zur Stärkung der Ökosystemleistung und Biodiversität durch Honigbienen sowie die Eindämmung von Krankheiten zur Sicherung der Bestäubung. Grundlagen bilden die Ergebnisse der Forschungsprojekte „Erhöhung der Ökosystemleistung und Biodiversität in verschiedenen Habitaten durch Honigbienen (EU-Projekt 1)“ und „Eindämmung von Bienenkrankheiten zur Sicherung der Bestäubung und zum Erhalt der Biodiversität (EU-Projekt 2)“, deren Ergebnisse didaktisch aufgearbeitet und in praxisorientiertes Wissen



überführt werden. Verschiedene Zielgruppen wie Imker, Landwirte, Gärtner, Fachverbände und Behörden sollen so von neuen Erkenntnissen profitieren.

Neben klassischen Lehrmedien wurden Formate wie PowerPoint-Präsentationen und wetterfeste Lehrtafeln (Abbildung 5) entwickelt. Diese fördern anschaulich Wissen über Bienenvielfalt, Unterschiede zu Wespen sowie Maßnahmen zur Bienengesundheit. Die Tafeln sind für Imker und Verbände zu erschwinglichen Preisen erhältlich und unterstützen die Öffentlichkeitsarbeit an Lehrpfaden und Bienenständen.

Im Jahr 2024 wurden 27 Schulungsveranstaltungen durchgeführt, ergänzt durch Lehrgänge und sieben praxisnahe Fachveröffentlichungen. Der Wissenstransfer zielt auf eine nachhaltige Anwendung in der Praxis, um Bienenbestände zu stabilisieren, Biodiversität zu fördern und die landwirtschaftliche Produktivität durch gesicherte Bestäubung zu stärken.



Kofinanziert durch die Europäische Union (Verordnung VO (EU) 2021/2115)

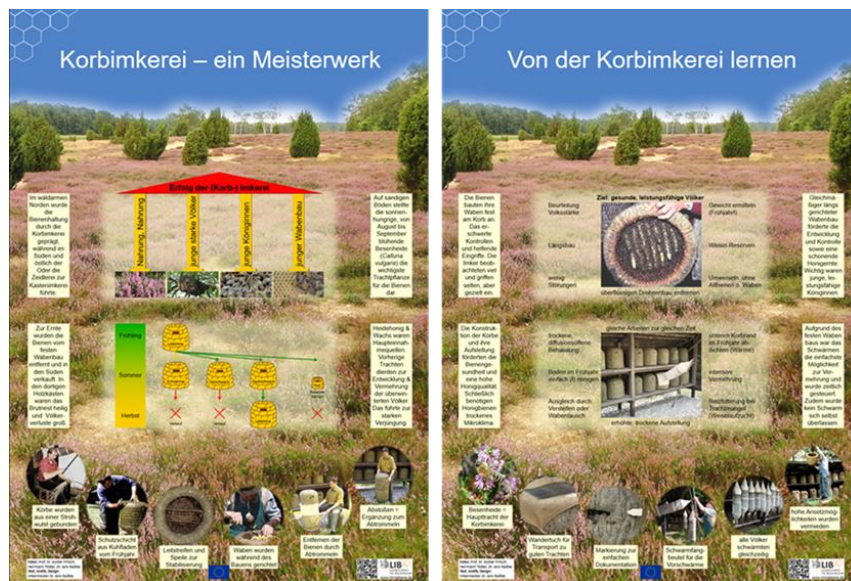


Abbildung 5: Beispiele für im Rahmen des Projektes entwickelte Lehrtafeln

Vorträge 2024

Bei mehreren Autoren ist der Vortragende unterstrichen.

1. BERNSTEIN, R., HOPPE, A., SAN DIEGO (USA) AM 14.01.2024
The 70k-SNP-Chip Honeybee_2021 and its Application in Genomic Selection, Genetic Monitoring and Breeding Quality Control
31th International Plant & Animal Genome Conference
2. BERNSTEIN, R., DU, M., HOPPE, A., WIEN (ÖSTERREICH) AM 25.07.2024
Effective population size in honeybees from pedigree and SNP data
7th International Conference of Quantitative Genetics
3. BERNSTEIN, R., HOPPE, A., HOHEN NEUENDORF (ONLINE) AM 26.11.2024
Erfassung und Dokumentation der genetischen Vielfalt der Honigbiene (*Apis mellifera* L.) und der Struktur der Züchtung in Deutschland
AGT Online Meeting (Regionalgruppe Bayern)
4. DU, M., BERNSTEIN, R., HOPPE, A., MÜNSTER AM 20.03.2024
Simulationsstudien zur Optimierung von Besamungsstrategien in der Bienenzucht
71. Jahrestagung der Arbeitsgemeinschaft der Institute für Bienenforschung
5. DU, M., PEKING (CHINA) AM 03.09.2024
Challenges in honey bee breeding
International Conference on Honey Bee Breeding
6. DU, M., BERNSTEIN, R., HOPPE, A., TALLINN (ESTLAND) AM 19.09.2024
How to optimize honeybee breeding schemes via instrumental insemination
10th Congress of Apidology (EurBee 10)
7. GENERSCH, E., WELS (ÖSTERREICH) AM 17.02.2024
Bienenviren
54. Fachtagung des Österreichischen Erwerbsimkerbundes
8. GENERSCH, E., MÜNSTER AM 07.03.2024
Monitoring und Epidemiologie der Amerikanischen Faulbrut (AFB)
Epidemiologie-Seminar des LAVES Niedersachsen und des LANUV- Nordrhein-Westfalen
9. GENERSCH, E., HOHENHEIM AM 10.03.2024
Was macht das Flügeldeformationsvirus (DWV) so gefährlich?
Hohenheimer Tag
10. GENERSCH, E., BERNBURG AM 06.04.2024
Bienenkrankheiten: Monitoringprogramme zur Bienengesundheit
36. Vertreterversammlung Imkerverband Sachsen-Anhalt e.V.
11. GENERSCH, E., LUXEMBURG (LUXEMBURG) AM 07.09.2024
Viren und Volksvitalität
92. Deutschsprachiger Imkerkongress
12. GENERSCH, E., NEUSS AM 26.09.2024
Auswirkungen des Klimawandels auf das Leben der Bienen
Neusser Vortragsreihe „Klimawandel und die Auswirkungen auf unser Leben“ der Health for Future Ortsgruppe Kaarst
13. GÖBEL, J., SIBUM, N., REINECKE, A., QUEDENAU, A., GENERSCH, E., BERLIN AM 01.11.2024
Neu identifizierte Virulenzfaktoren von *Paenibacillus larvae* verbessern unser Verständnis der Pathogenese der AFB
DVG-Vet-Congress 2024
14. GISDER, S., LANNUTTI, L., LEENEN, A., KLITTICH, A., GROTH, D. GENERSCH, E., BERLIN AM 01.11.2024
Nosema spp. – Virulenzunterschiede und molekulare Typisierung
DVG-Vet-Congress 2024
15. GENERSCH, E., HOHEN NEUENDORF AM 12.11.2024
Monitoringprogramme zur Bienengesundheit
27. Bundesausbildertagung Imkerei

16. GISDER, S., GENERSCH, E., MÜNSTER AM 21.03.2024
Observing the displacement of *Nosema apis* by *Nosema ceranae* in the *Apis mellifera* population in north-eastern Germany.
71. Jahrestagung der Arbeitsgemeinschaft der Institute für Bienenforschung e.V., Münster
17. GISDER, S., RIEBSCHLÄGER, S., GENERSCH, E., BERLIN AM 05.11.2024
Entwicklung immunologischer Tests für die Detektion von bienenpathogenen Viren
Innovationstage 2024 Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft
18. HOPPE, A., BANTIN AM 23.03.2024
Bienenzucht und die nördlichen Bundesländer
Züchtertagung der Landesverband der Imker Mecklenburg-Vorpommern e.V.
19. HOPPE, A., BERNBURG AM 06.04.2024
Zucht und Genetik
36. Vertreterversammlung Imkerverband Sachsen-Anhalt e.V.
20. HOPPE, A., HOHEN NEUENDORF (ONLINE) AM 22.04.2024
Genetische Grundlagen der Bienenzucht
Online-Züchterlehrgang Imkerverband Sachsen-Anhalt e.V.
21. HOPPE, A., HOHEN NEUENDORF (ONLINE) AM 22.04.2024
Erfassung und Dokumentation der genetischen Vielfalt der Honigbiene und der Struktur der Züchtung in Deutschland
Projektbegleitende Arbeitsgruppe den BMEL-Projektes Genetisches Monitoring
22. HOPPE, A., CELLE AM 28.04.2024
Breeding systems in the honeybee and the biological reasons for them
COST Action group der EU, WG6
23. HOPPE, A., CELLE AM 29.04.2024
Breeding cycle and breeding values
COST Action group der EU, WG6
24. HOPPE, A., BERLIN-TEMPELHOF AM 04.06.2024
Bienenzucht & Genetisches Monitoring
Vortragsveranstaltung des Imkervereins Tempelhof e.V.
25. HOPPE, A., HOHEN NEUENDORF (ONLINE) AM 16.07.2024
Erfassung und Dokumentation der genetischen Vielfalt der Honigbiene und der Struktur der Züchtung in Deutschland
Projektbegleitende Arbeitsgruppe den BMEL-Projektes Genetisches Monitoring
26. HOPPE, A., KLOSTERGUT WÖLTINGERODE AM 21.09.2024
Genetisches Monitoring und Implikationen für die Sklenarzucht
45. Mitgliederversammlung, Internationaler Bund der Sklenarzüchter e.V.
27. HOPPE, A., BONN AM 01.10.2024
Genetisches Monitoring der Honigbiene
IBV Dialog: Langfristige Erhaltung einheimischer Nutztierasse, BLE
28. HOPPE, A., HOFGEISMAR AM 01.11.2024
Überlebenstest - Die Stränge der Varroa-Resistenzzüchtung zusammenführen
Arbeitstagung Varroaresistenz 2023
29. HOPPE, A., BILBAO (SPANIEN) AM 14.11.2024
About honey bees races / subspecies breeding program / Genetic Monitoring of Honeybees in Germany
Kolloquium University of the Basque Country
30. HOPPE, A., BUSTURIA (SPANIEN) AM 16.11.2024
Programa de cría ERBEL en BeeBreed
Honey bee selection and genetics meeting 2024, Erle Beltz Hazleen Elkarte
31. HOPPE, A., BOLOGNA (ITALIEN) AM 21.11.2024
Heat Stress experiment
BeeGuards Annual General Meeting

32. LICHTENBERG-KRAAG, B., VEITSHÖCHHEIM AM 11.04.2024
Neue Analysedaten zur Beschreibung von Sortenhonigen
22. Honiganalytik-Workshop der D.I.B. Untersuchungsstellen
33. LICHTENBERG-KRAAG, B., BERLIN AM 14.04.2024
Honig vom Imker – Qualität bis aufs Brot
Versammlung des Imkervereins Charlottenburg-Wilmersdorf und Umgebung
34. LICHTENBERGG-KRAAG, B., ANGERMÜNDE AM 25.04.2024
Honigqualität und Pollenanalytik: Ergebnisse 2023 für das Biosphärenreservat Schorfheide-Chorin
Imkerversammlung der Prüfzeichenträger Biosphärenreservat Schorfheide-Chorin
35. LICHTENBERG-KRAAG, B., BERLIN AM 17.10.2024
Mit Chemie hinter die Rätsel von Honig kommen
FU-Berlin, NATürlich Studium! - Schülerinnen treffen Naturwissenschaftlerinnen
36. LICHTENBERG-KRAAG, B., HOHEN NEUENDORF AM 15.11.2024
„Honiguntersuchung: Vom Auftrag bis zum Befund“: Online-Beauftragung, Einblick in die Analytik,
Befunderstellung, Neuigkeiten
Multiplikatoren der Landesverbände der LIB Förderländer
37. LICHTENBERG-KRAAG, B., HOHEN NEUENDORF AM 15.11.2024
„Nicht nur auf die Schönheit kommt es an“: Fehlerquellen bei der Etikettierung von Honig
Multiplikatoren der Landesverbände der LIB Förderländer
38. LICHTENBERG-KRAAG, B., HOHEN NEUENDORF AM 15.11.2024
„Nur ein Tropfen“: 25 Jahre Infrarotspektroskopie als schnelle Analyseverfahren am LIB für Wachs und Honig
Multiplikatoren der Landesverbände der LIB Förderländer
39. LICHTENBERG-KRAAG, B., HOHEN NEUENDORF AM 16.11.2024
„Aus eins wird neun“: Honigqualität in Abhängigkeit von Bearbeitung, Temperatur und Zeit
Multiplikatoren der Landesverbände der LIB Förderländer
40. LICHTENBERG-KRAAG, B., HOHEN NEUENDORF AM 16.11.2024
„Heißgemacht“: Honig aus dem Entdeckelungswachsschmelzer
Multiplikatoren der Landesverbände der LIB Förderländer
41. LICHTENBERG-KRAAG, B., HOHEN NEUENDORF AM 16.11.2024
„Treue Imker“: Langzeitpollenanalysen als Spiegelbild der Natur
Multiplikatoren der Landesverbände der LIB Förderländer
42. LICHTENBERG-KRAAG, B., HOHEN NEUENDORF AM 16.11.2024
„Honig im Klimawandel“: Erntezeitpunkt, Honigtau, Deklaration
Multiplikatoren der Landesverbände der LIB Förderländer
43. LICHTENBERG-KRAAG, B., LÜBBENAU AM 21.11.2024
Botanische Herkunft und Qualität von Honigen aus der Region Spreewald
Imkertreff Bürgerstiftung Kulturlandschaft Spreewald
44. LICHTENBERG-KRAAG, B., LÜBBENAU AM 21.11.2024
Projekt KlimaBiene: Ergebnisse 2023
Imkertreff Bürgerstiftung Kulturlandschaft Spreewald
45. LICHTENBERG-KRAAG, B., HEILIGENGRABE AM 23.11.2024
Honigschulung
Schulungsveranstaltung des Landesverband Brandenburgischer Imker e.V.
46. RADTKE, J., FALKENHAGEN MARK AM 12.01.2024
Die Varroose der Bienen erfolgreich bekämpfen – die Ökosystemleistung der Bienen sichern Schulung
Imkervereine Falkenhagen, Frankfurt (Oder), Letschin, Seelow, Müncheberg
47. RADTKE, J., LETSCHIN AM 14.01.2024
Blüten brauchen Bienen, Bienen brauchen Blüten: Mit Bienen und für Bienen Biodiversität fördern
Schulung Imkervereine Letschin, Seelow, Falkenhagen, Müncheberg, Wriezen, Frankfurt (Oder), Fürstenwalde,
Strausberg, Fredersdorf
48. RADTKE, J., DRESDEN AM 15.02.2024
Honig in bienenfreundlichen Landschaften in hoher Qualität gewinnen, bearbeiten, konfektionieren und lagern
Schulung Imkervereine Dresden, Pirna, Dippoldiswalde, Königstein, Lohmen

49. RADTKE, J., HOHEN NEUENDORF AM 21.03.2024
Blüten brauchen Bienen, Bienen brauchen Blüten: Mit Bienen und für Bienen Biodiversität fördern
Grünflächenbeauftragte Vivantes Kliniken
50. RADTKE, J., GROßBEEREN AM 23.03.2024
Faszination Bienen - mit Bienen Artenvielfalt fördern
Landesverband der Gartenfreunde Brandenburgs
51. RADTKE, J., HOHEN NEUENDORF AM 04.05.2024
Blütezeit in der Mark: Bienen und Imkerei in Brandenburg
Veranstaltung der Stadt: Garten, Grünzeug und Gedöns
52. RADTKE, J., BERLIN AM 16.10.2024
Bienenhaltung heute: Einfluss der Globalisierung (Krankheiten, Schädlinge, invasive Pflanzen)
Schulung Rotary-Club Berlin-Spandau
53. RADTKE, J., PANSCHWITZ KUCKAU AM 18.11.2024
Honigbienen: Probleme & Perspektiven (Krankheiten, Schädlinge, invasive Pflanzen)
Imkervereine Serbska polnica, Neschwitz, Elstra, Kamenz, Burkau
54. RIEBSCHLÄGER, S., GISDER, S., GENERSCH, E., BERLIN AM 17.10.2024
Entwicklung eines lateral flow assays (LFA) für die simultane Detektion von vier bienenpathogenen Viren
BEENOVATION Abschlussveranstaltung
55. TANNER, N., VEITSHÖCHHEIM AM 11.04.2024
Melezitosehonig- Gewinnung und Eigenschaften
22. Honiganalytik-Workshop der D.I.B. Untersuchungsstellen
56. TANNER, N., ZERBST AM 19.10.2024
Rund um den Honig
Imkertag Zerbst

Poster 2024

1. BRASCAMP, P., UZUNOV, A., BIJMA, P., DU, M. (2024)
Genetics of selection in honeybees
20th COLOSS Conference 2024, Wageningen, Niederlande
2. DANG, T., GENERSCH, E., SÜSSMUTH, R.D. (2024)
Secondary metabolites produced by *Paenibacillus larvae* as potential virulence factors in American Foulbrood.
71. Jahrestagung der Arbeitsgemeinschaft der Institute für Bienenforschung e.V., Münster
3. DANG, T., WILSON, D.N., GENERSCH, E., SÜSSMUTH, R.D. (2024)
Resistance and target proteins of the aminopolyol peptide antibiotic paenilamicin.
5th European Conference on Natural Products, Würzburg
4. FÜNFHAUS, A., GENERSCH, E. (2024)
American Foulbrood monitoring in Berlin: results of molecular epidemiological analyses.
71. Jahrestagung der Arbeitsgemeinschaft der Institute für Bienenforschung e.V., Münster
5. FÜNFHAUS, A., EBELING, J., GENERSCH, E. (2024)
Multiple locus VNTR analysis - a good option for epidemiological studies of *Paenibacillus larvae*.
71. Jahrestagung der Arbeitsgemeinschaft der Institute für Bienenforschung e.V., Münster
6. FÜNFHAUS, A., EBELING, J., GENERSCH, E. (2024)
Epidemiological study of *Paenibacillus larvae* via MLVA using the example of a major European city.
56th Annual Meeting of the Society for Invertebrate Pathology, Wien
7. GISDER, S., LANNUTTI, L., SCHNITTGER, L., GENERSCH, E. (2024)
Analysis of the genetic diversity of *Nosema apis* based on Short Tandem Repeats (STR).
71. Jahrestagung der Arbeitsgemeinschaft der Institute für Bienenforschung e.V., Münster

8. GISDER, S., LANNUTTI, L., SCHNITTGER, L., GENERSCH, E. (2024)
Analysis of the genetic diversity of the honey bee (*Apis mellifera*) pathogen *Nosema* spp. based on Short Tandem Repeats (STR).
56th Annual Meeting of the Society for Invertebrate Pathology, Wien
9. GÖBEL, J., FÜNFHAUS, A., EBELING, J., GENERSCH, E. (2024)
Paenibacillus larvae flagellae – influence on multicellular behaviour and virulence.
71. Jahrestagung der Arbeitsgemeinschaft der Institute für Bienenforschung e.V., Münster
10. GÖBEL, J., FÜNFHAUS, A., EBELING, J., GENERSCH, E. (2024)
Flagella of *Paenibacillus larvae* – influence on multicellular behavior and virulence.
56th Annual Meeting of the Society for Invertebrate Pathology, Wien
11. LANNUTTI, L., LEENEN, A., GISDER, S., SABORIT, J.I., FLORIN-CHRISTENSEN, M., SCHNITTWER, L., GENERSCH, E. (2024)
Development of a tool for the study of genetic diversity of *N. ceranae* populations, based on micro and minisatellite markers.
71. Jahrestagung der Arbeitsgemeinschaft der Institute für Bienenforschung e.V., Münster
12. LI, R., RIEBSCHLÄGER, S., GISDER, S., GENERSCH, E. (2024)
Establishment of an exposure bioassay for experimental infection of honey bee larvae with SBV.
71. Jahrestagung der Arbeitsgemeinschaft der Institute für Bienenforschung e.V., Münster
13. LI, R., RIEBSCHLÄGER, S., GISDER, S., GENERSCH, E. (2024)
Establishment of an exposure bioassay for experimental infection of honey bee larvae with SBV.
56th Annual Meeting of the Society for Invertebrate Pathology, Wien
14. QUEDENAU, A., FÜNFHAUS, A., RIEBSCHLÄGER, S., EBELING, J., GENERSCH, E. (2024)
Characterization of microbial collagenase (ColA) secreted from *Paenibacillus larvae*.
71. Jahrestagung der Arbeitsgemeinschaft der Institute für Bienenforschung e.V., Münster
15. REINECKE, A., SCHREIBER, J., SIBUM, N., FÜNFHAUS, A., EBELING, J., GENERSCH, E. (2024)
Antimicrobial peptides as part of the immune response in honey bee larvae.
71. Jahrestagung der Arbeitsgemeinschaft der Institute für Bienenforschung e.V., Münster
16. REINECKE, A., SCHREIBER, J., SIBUM, N., FRANZ, M., FÜNFHAUS, A., EBELING, J., GENERSCH, E. (2024)
Evolution of virulence in *Paenibacillus larvae*, a honey bee pathogenic bacterium.
71. Jahrestagung der Arbeitsgemeinschaft der Institute für Bienenforschung e.V., Münster
17. REINECKE, A., SCHREIBER, J., FRANZ, M., ARETZ, T., SIBUM, N., FÜNFHAUS, A., GENERSCH, E. (2024)
Evolution of virulence in *Paenibacillus larvae*, a honey bee pathogenic bacterium.
56th Annual Meeting of the Society for Invertebrate Pathology, Wien
18. RIEBSCHLÄGER, S., GISDER, S., GENERSCH, E. (2024)
Development of a DWV-specific immunohistochemistry protocol to analyze tissue and cell tropism of DWV.
71. Jahrestagung der Arbeitsgemeinschaft der Institute für Bienenforschung e.V., Münster
19. RIEBSCHLÄGER, S., GISDER, S., GENERSCH, E. (2024)
Development of a DWV-specific immunohistochemistry protocol to analyze tissue and cell tropism of DWV.
56th Annual Meeting of the Society for Invertebrate Pathology, Wien
20. SIBUM, N., FÜNFHAUS, A., GENERSCH, E. (2024)
Sevadacin and Paenilamicin, key factors for the successful infection cycle of *Paenibacillus larvae*?
71. Jahrestagung der Arbeitsgemeinschaft der Institute für Bienenforschung e.V., Münster
21. SIBUM, N., FÜNFHAUS, A., GENERSCH, E. (2024)
The necrotrophic lifestyle of *Paenibacillus larvae*: Suppression of carcass microbiota in honey bee larvae.
56th Annual Meeting of the Society for Invertebrate Pathology, Wien
22. TANNER, N., DROST, L., LICHTENBERG-KRAAG, B. (2024)
Vergleich der mikroskopischen Pollenanalyse mit Metabarcoding zur Bestimmung der botanischen Vielfalt von Honigen
71. Jahrestagung der Arbeitsgemeinschaft der Institute für Bienenforschung e.V., Münster

Veröffentlichungen 2024

INTERNATIONAL

1. BRASCAMP, P., UZUNOV, A., BIJMA, P., DU, M. (2024)
GENETICS OF SELECTION IN HONEYBEES.
WAGENINGEN UNIVERSITY & RESEARCH,
DOI: 10.18174/677857
2. BRASCAMP, P., UZUNOV, A., BIJMA, P., DU, M. (2024)
SELEKTIONSGENETIK DER HONIGBIENE.
WAGENINGEN UNIVERSITY & RESEARCH,
DOI: 10.18174/685191
3. BÜCHLER, R., ANDONOV, S., BERNSTEIN, R., BIENEFELD, K., COSTA, C., DU, M., GABEL, M., GIVEN, K., HATJINA, F., HARPUR, B. A., HOPPE, A., KEZIC, N., KOVAČIĆ, M., KRYGER, P., MONDET, F., SPIVAK, M., UZUNOV, A., WEGENER, J., WILDE, J. (2024)
STANDARD METHODS FOR REARING AND SELECTION OF *APIS MELLIFERA* QUEENS 2.0.
JOURNAL OF APICULTURAL RESEARCH, 1–57. DOI: 10.1080/00218839.2023.2295180
4. DU, M., BERNSTEIN, R., HOPPE, A. (2024)
COMPARISON OF POOLED SEMEN INSEMINATION AND SINGLE COLONY INSEMINATION AS SUSTAINABLE HONEYBEE BREEDING STRATEGIES.
ROYAL SOCIETY OPEN SCIENCE 11, 231556
5. DU, M., BERNSTEIN, R., HOPPE, A. (2024)
THE NUMBER OF DRONES TO INSEMINATE A QUEEN WITH HAS LITTLE POTENTIAL FOR OPTIMIZATION OF HONEYBEE BREEDING PROGRAMS.
HEREDITAS 161, 28
6. VON KNOBLAUCH, T., JENSEN, A.B., MÜLLING, C.K.W., AUPPERLE-LELLBACH, H., GENERSCH, E. (2024)
CHALKBROOD DISEASE CAUSED BY *ASCOSPHAERA APIS* IN HONEY BEES (*APIS MELLIFERA*) - MORPHOLOGICAL AND HISTOLOGICAL CHANGES IN INFECTED LARVAE.
VETERINARY SCIENCES 11, 415, DOI.ORG/10.3390/VETSCI11090415

NATIONAL

1. GENERSCH, E., LICHTENBERG-KRAAG, B., HOPPE, A., RADTKE, J. ET AL. (2024)
LÄNDERINSTITUT FÜR BIENENKUNDE HOHEN NEUENDORF JAHRESBERICHT 2023
DEUTSCHES BIENENJOURNAL 32 (7), 37-40
2. DU, M. (2024)
DAS POTENTIAL DER KÜNSTLICHEN BESAMUNG IN DER BIENZUCHT.
DAS BUCKFASTJOURNAL 2/2024, 20-21
3. LICHTENBERG-KRAAG, B. (2024)
FARBE VON HONIG
DEUTSCHES BIENEN-JOURNAL 32 (11),46
4. RADTKE, J. (2024)
TOTE POLLENSAMMLERINNEN.
DEUTSCHES BIENEN JOURNAL 32(6),
46-47
5. RATH, A., RADTKE, J. (2024)
BIENENKUNDIG?! WELCHE UNTERSTÜTZUNG BIETET DIE AGRARFÖRDERUNG?
LANDINFORM (2), 23