

01-5 - Projekt ABO – Nachweis von *Bacillus thuringiensis* aus Pflanzenschutzmitteln in verschiedenen Matrices des Bienenvolkes

Project ABO – Detection of Bacillus thuringiensis in different matrices of honeybee colonies

Hannes Beims¹, Abdulrahim Alkassab², Martina Janke¹, Jens Pistorius²

¹LAVES – Inst. f. Bienenkunde Celle, Herzogin-Eleonore-Allee 5, 29221 Celle

²JKI Inst. f. Bienenschutz, Messeweg 11-12, 38104 Braunschweig

Im Rahmen des ABO-Projektes werden die Auswirkungen verschiedener Pflanzenschutzmittel (PSM) auf die repräsentativen Bestäuberinsekten *Apis mellifera*, *Bombus terrestris* und *Osmia cornuta* untersucht. Im Fokus des Projektjahres 2020 standen PSM auf Wirkstoffbasis von *Bacillus thuringiensis*-Sporen.

B. thuringiensis produziert mehrere sog. Bt-Toxine, deren toxische Wirkung sich über Coleopteren, Lepidopteren, Hymenopteren, Dipteren und auch Nematoden erstreckt. Auf Grund der Unbedenklichkeit für den Menschen und der biologischen Abbaubarkeit der Bt-Toxine, sind PSM auf Basis von *B. thuringiensis* weit verbreitet.

Eine Beeinträchtigung der Bestäuberinsekten, insbesondere *A. mellifera*, ist bisher nicht beschrieben. Die Ergebnisse des ABO-Projektes 2020 sollen Aufschluss darüber liefern ob und in welchem Umfang die als PSM in Blühpflanzen ausgebrachten *B. thuringiensis*-Sporen in verschiedene Probenmatrices der Bestäuberinsekten eingetragen werden und dort möglicherweise akkumulieren.

Die Exposition der Testorganismen fand im Freiland statt. Hierzu wurde das *B. thuringiensis*-haltige Präparat FlorBac® (Belchim, Biofa AG, SUMITOMO CHEMICAL) im Raps appliziert. Über den Versuchszeitraum hinweg wurden unterschiedliche Matrices der Testorganismen beprobt, hierzu zählen neben den Imagines auch Brut, Futter, Pollen und Wachs.

Diese Proben wurden anschließend in einem neu etablierten Verfahren aufgearbeitet und die Konzentration der *B. thuringiensis*-Sporen in den verschiedenen Probenmatrices quantifiziert (cfu/g). Die Verifizierung der Speziesidentität nach eingänglicher visueller Sichtung erfolgte molekularbiologisch über den Nachweis der Gensequenz *cryIAb*, die Bestandteil des Cry-Proteins aus *B. thuringiensis* ist. Im weiteren Verlauf wurde hierfür ein TaqMan-basiertes PCR-Verfahren etabliert.

In weiterführenden Versuchen können zudem Einflüsse auf die Zusammensetzung der relevanten Darmmikrobiota in *A. mellifera* Aufschluss über Wechselwirkungen zwischen Bestäuberorganismus und PSM liefern.

01-6 - Moloch oder Paradies - Situation von Wildbienen in urbanen Räumen am Beispiel des Forschungsmodellprojekts Bienenstadt Braunschweig

Moloch or paradise - status of wild bees in urban areas using the example of the research model project Bienenstadt Braunschweig (Bee City Braunschweig)

Henri Greil¹, Benjamin Arlt², Anke Dietzsch¹, Tobias Jütte¹, André Krahner¹, Monika Weber¹, Jens Pistorius¹

¹Julius Kühn Institute (JKI) – Federal Research Centre for Cultivated Plants, Institute for Bee Protection

²University of Hildesheim

Verschiedene Studien der letzten Jahre zeigen Bestandsrückgänge bei Bestäubern u.a. Wildbienen (HALLMANN et al. 2017, SÁNCHEZ-BAYO, WYCKHUYS 2019, Zattara, Aizen 2019) in naturnahen Räumen und Agrarlandschaften. Städte und Gemeinden werden dagegen in einigen Studien als Rückzugsräume für Wildbienen diskutiert (ZURBUCHEN, MÜLLER 2012, BALDOCK 2020) während andere Studien insgesamt negative Auswirkungen