

Genetisk undersøgelse af brun Læsø-bi populationen og vurdering af bevaringsforanstaltninger

Seniorforsker Per Kryger og forskningschef Jørgen B Jespersen
Aarhus Universitet
Institut for Plantebeskyttelse og Skadedyr

Indledning

I forbindelse med Monitoringsgruppens slutrapport fra april 2008 vedrørende foranstaltninger til at sikre bevarelse af den brune bi på Læsø, blev det anbefalet at foretage en fornyet undersøgelse på Læsø i 2010 eller 2011. Monitoringsgruppen ønskede at få afklaret, om parringsområdet var tilstrækkeligt stort til at sikre den brune bis renhed, samt om populationen af brune bier på Læsø er tilstrækkelig stor til at sikre den genetiske variation i den brune bi. Den genetiske variation er vigtig for at fastholde vitale egenskaber hos de brune bier på Læsø.

Plantedirektoratet har på vegne af Fødevareministeriet og med henvisning til ovennævnte anbefalinger bestilt en ny udredning i marts 2010. Formålet med udredningen er at få afklaret, om den nye bekendtgørelse for biavl på Læsø fungerer efter hensigten, det vil sige sikre bevarelse af den brune bi på Læsø. Der er to vigtige aspekter af dette:

Til bevarelse af de brune bier på Læsø er et område længst mod øst på Læsø forbeholdt brune bier. Området er ca. 6 kilometer bredt. Heraf er længst mod vest en såkaldt bufferzone på ca. 2 kilometer, der afgrænser avlspopulationen fra resten af Læsø. I bufferzonen må der kun forefindes brune bier, men eventuelt parrede droninger herfra kan ikke anvendes i videre avl på grund af mulighed for parring med ikke brune droner. Det egentlige parringsområde længst mod øst kaldes Danzigmand. Her skal alle parring af brune bidroninger på Læsø foregå, hvis de skal opnå støtte fra Udvalget til Bevarelse af Genetiske Ressourcer (GRU). Hensigten med nærværende udredning er at klarlægge, om dette har fungeret efter hensigten, altså om området er tilstrækkelig stort til at sikre populationen af brune bier på Læsø mod parring med ikke brune droner, således at populationen forbliver ren. Området længst mod øst giver kun plads til et vist antal bifamilier som dronegiver, hvilket betyder, at populationens størrelse er begrænset, da det kun er de bifamilier, der står i parringsområdet, der leverer droner til de næste generationer. Det vil kunne føre til indavl med mulige negative effekter og deraf følgende genetisk drift. Udredningen skal vurdere, om dette er et problem for bevarelsen af den brune bi på Læsø.

Et andet vigtigt aspekt ved udredningen er at få fastslået, om biavlerne i området lever op til bekendtgørelsens krav om, at de skal have brune bier, og at disse er afkom efter de 123 droninger, der i 2008 blev udpeget til videre avl. Dette er af betydning for den støtte avlerne af brune bier kan opnå hos GRU.

Indsamling af bier

Undersøgelsen er gennemført ved indsamling af bier i løbet af 2010 fra samtlige stader i parringsområdet kaldet Danzigmand og fra bufferzonen, hvor der kun må forefindes brune bier (*Apis mellifera mellifera*). Endvidere er de bistader, som er placeret udenfor parringsområdet, men tilknyttet

GRU støtteprojektet, blevet kontrolleret for renhed. I alt fandtes 182 stader ved gennemgang i juli 2010. Derudover blev fire stader udpeget af lokale biavlere, idet man gerne ville teste, om det var en del af den brune population. Disse fire bifamilier havde ikke en stambog tilbage til de oprindelige 123 godkendte bifamilier til videre avl, jævnfør BEK 122 af 19. februar 2009, Den første oktober er der tilsendt bier fra yderligere 33 familier, der ikke var i æglægning i juli, samt fra den tilførte norske dronning parret på Læsø og fra 6 svenske dronninger indført med henblik på at tilføre populationen frisk blod udefra. I alt er der hermed i 2010 undersøgt bier fra 226 bifamilier fra Læsø.

I forbindelse med udtagelse af prøver kunne det konstateres, at biavlerne har etableret stadekort, der gør det muligt at spore dronningernes oprindelse.

Metode

Som i det forgangne år har vi undersøgt de indsendte bier med DNA-mikrosatellitter med de samme loci, som blev anvendt i undersøgelsen fra 2005 til 2007. Der ekstraheres DNA fra hver enkelt bi, udføres PCR reaktioner, og de producerede fragmenter køres på et DNA sekvensapparat til at undersøge hvilke alleler, der findes i hver bi. Det er muligt at sammenligne 25 loci på grund af de forskellige farver vi påhæfter.

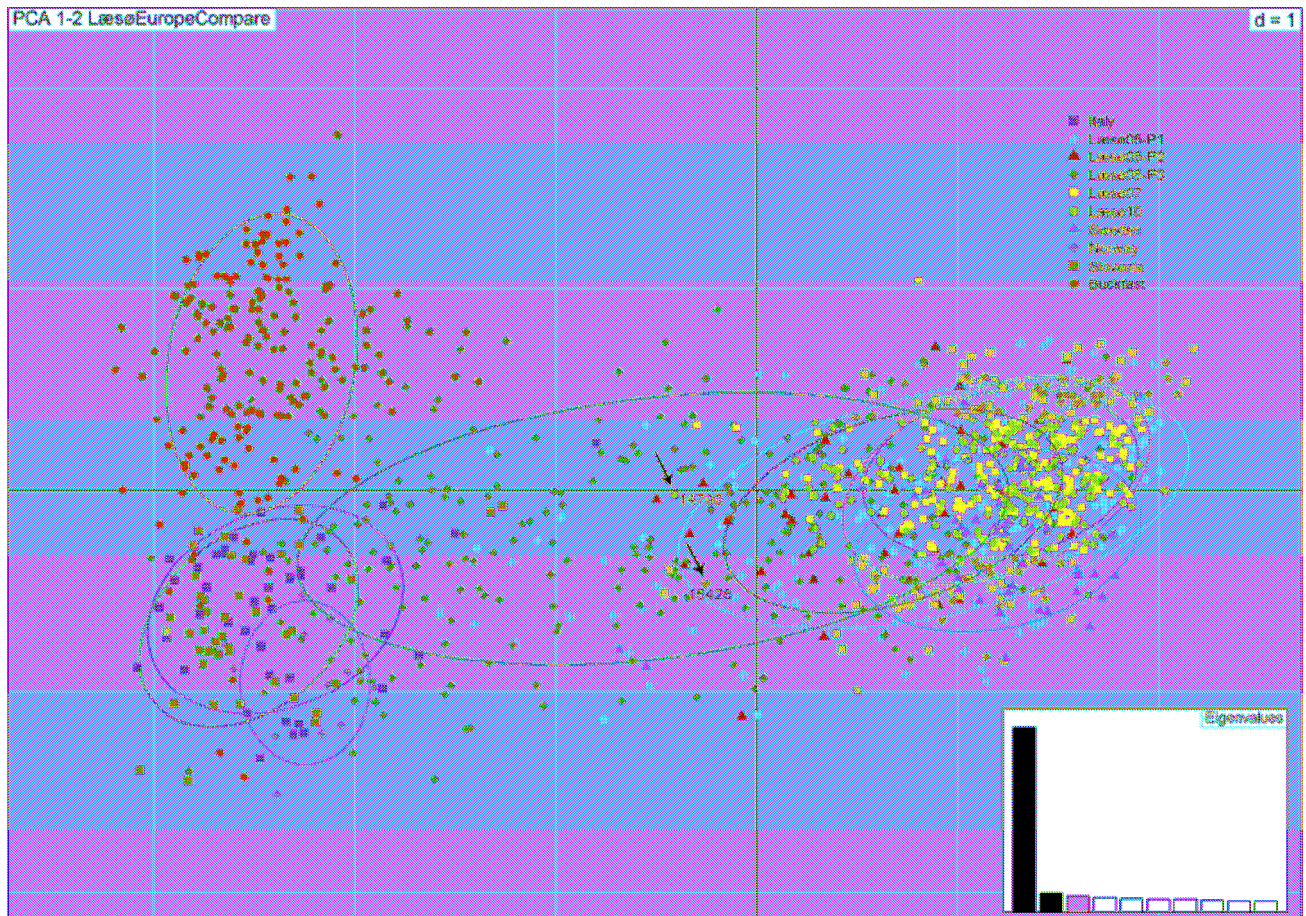
Dette år har vi haft et større uheld i ekstraktionsfasen i Flakkebjerg. Der blev tabt en plade på gulvet med DNA fra 95 stader, hvilket førte til sammenblanding af det oprensede DNA. I et forsøg på at sikre brugbare data valgte vi at tage en ny DNA ekstraktion fra biernes hoveder, men der mangler fuldstændigt resultater fra 54 af de stader vi har samlet bier fra, og for et antal af de 41 resterende bier har et reduceret antal loci virket. Trods dette uheld har vi data nok til at svare på de generelle spørgsmål vedrørende bevaringsforanstaltningerne. For de bifamilier vi ikke har data, vil det være nødvendigt at indsamle nye bier i 2011 for at klarlægge, om enkelte bifamilier eventuelt ikke er støtteværdige. Der er dog samlet set næppe grund til at antage dette.

Populationens renhed

Populationens renhed er undersøgt med de samme metoder, som vi anvendte i perioden fra 2005 til 2007. Den metode vi anvendte i første fase af undersøgelsen i 2005 var en Principal Component Analysis (PCA). Der er udviklet nyt værktøj til denne analyse, ADEGENET, som er en pakke under det frie statistikprogram R. Vi har med dette værktøj analyseret en række prøver indsamlet fra Læsø og andre steder. Der er anvendt bier fra samtlige undersøgte stader besøgt i 2005 på Læsø. Disse er inddelt i tre grupper og er markeret i figur 1 som LÆSØ05P1, LÆSØ05P2, LÆSØ05P3 og repræsenterer henholdsvis bierne fra medlemmer af "Læsø Biavlerforening" (der har søgt at bevare den brune bi), bier fra den biavler, der ikke er medlem af nogen forening og bier fra foreningen "De frie biavlere", der ikke har noget specielt ønske om brune bier. Det fremgår af figuren, at bierne fra P1 og P2 især er til højre i fordelingen, henholdsvis de lyseblå prikker og de røde trekanter. Det er fra disse bier, der blev udvalgt materiale til det videre avlsarbejde med henblik på at bevare den brune bi på Læsø. P3 (de grønne prikker) har en meget bredere fordeling og repræsenterer et bredt spektrum af bier fra ret brune bier til bier, der minder meget om *A. m. ligustica* bier fra Italien (mærket Italy og blå firkanter) eller *A. m. carnica* bier fra Slovenien eller Norge (mærket Slovenia med brune firkanter eller Norway med lyseblå ruder). Der er desuden en del, der ligner Buckfast bier (fra danske avlere, i olivengrønne cirkler), men flertallet er hybrider mellem de brune bier og andre racer. De mest interessante bier i figuren blev indsamlet fra Læsø 2007 (LÆSØ07 mærket med gule firkanter) og 2010 (LÆSØ10 mærket med orange prikker). Der er indtegnet en cirkel om hvert sæt af punkter i samme farve som

punkterne. Disse cirkler viser 95% confidence intervaller, hvilket betyder, at det forventes, at 95% af bier fra en given gruppe ligger indenfor cirklen. De to cirkler i gul og orange er næsten identiske i placering. Cirklen fra 2010 er lidt mindre. Den sidste endnu ikke nævnte gruppe, er de bier, der er indført til Læsø i 2010 fra Sverige. Det drejer sig om bier fra 6 dronninger, der er parret i Sverige (Sweden med lilla trekant). Disse bier er klart brune bier, fordelt på samme side af grafen som bierne fra Læsø, men de adskiller sig en anelse fra Læsø bierne.

Februar 2011



Figur 1. PCA diagram, der viser fordelingen af undersøgte bier. De forskellige undersøgte grupper er mærket med forskellige farver og former, se de indsatte mærker øverst til højre. Nederst til højre ses diagram med Eigenvalues.

Det er vigtigt at bemærke det indsatte vindue med Eigenvalues. Det viser vægten af de to akser, og de øvrige som ikke kan vises til to dimensioner. Der er størst variation på den første akse fra venstre til højre og derfor en meget større Eigenvalue 1 end på den anden akse op-ned akse i figur 1 Eigenvalue 2. Dette betyder, at forskellen på bierne fra Sverige i forhold til Læsø populationen ikke er stor. To bier 14790 og 15426 fra Læsø ligger lidt udenfor skyen af brune bier fra 2010 (se pilene). De to bier er fra stader, der ikke er opstillet i det beskyttede område fra Danzigmand. Den ene er en sværm fanget

i Vesterø og den anden fra et stede fra Holtemmen. Disse to familier bør ikke anvendes i det videre avlsarbejde på Læsø.

Sammenfattende kan det konstateres, at de undersøgte bier på Læsø i 2010 ligner de brune bier fra 2007. Den anbefalede strategi om at udvælge 123 bifamilier til videre avl og brug af det udpegede parringsområde på Danzigmand har fungeret efter hensigten.

Populationsstørrelse

Et vigtigt spørgsmål vedrører populationsstørrelsen af den brune bi på Læsø. Der blev som nævnt indsamlet bier fra 186 stader i juli 2010, og efterfølgende er der indsendt bier fra yderligere 33 stader. Derudover er der tilført populationen 7 nye dronninger, en fra Norge der er parret på Læsø, og 6 dronninger parret i Sverige. Det giver 226 bifamilier, et antal der har været ret konstant i perioden siden 2005. Antallet af familier er ikke stort, og på grund af Læsøs isolerede placering vil der ikke naturligt tilføres øen nye gener udefra.

En population, der er så lille, vil på grund af tilfældigheder ved overgivelse af alleler fra generation til generation have en indbygget tendens til at tabe genetisk variation. Det kaldes i fagsprog genetisk drift. Genetisk drift sker faktisk i alle populationer uanset størrelse; det er ikke muligt at fastholde alle genvarianter over tid. Men ved store populationer vil der typisk opstå en ligevægt mellem de gener, der forsvinder på grund af den genetisk drift, og de nye gener, der kommer til på grund af mutationer og migration fra nærtliggende populationer.

Det er i den sammenhæng ikke tilstrækkeligt at tælle antallet af individer i en population, fordi et vist antal af individer ikke bidrager til næste generation, eller enkelte bidrager mere end andre. Man har derfor indført et begreb; den effektive populationsstørrelse, ofte kaldet N_e . N_e er et tal, der sammenfatter disse forskelle i de enkelte individers reproduktion, det vil sige en slags harmonisk middelværdi. En population af en størrelse som den effektive populationsstørrelse vil tabe gener i samme rate, som den observerede population taber gener, men under den forudsætning, at alle individer bidrager med lige meget afkom til næste generation.

Der findes en række metoder til at beregne den effektive populationsstørrelse. De mest simple kræver, at man ved, hvor meget afkom hvert enkelt individ i en population producerer. Der skal kun medtages den del af afkommet, som i næste generation kommer til at producere afkom. Fisk, der producerer millioner af æg, har altså ikke en stor effektiv populationsstørrelse, fordi kun ganske få af disse æg bliver til nye hunner. Det er klart umuligt for bier at bestemme, hvor meget afkom hver dronning producerer til næste generation. Det er ikke muligt at måle, hvor mange droner hver familie på Læsø producerer, og endnu mere umuligt at vide hvilke af disse droner, der faktisk opnår at parre sig med en dronning. Den slags metoder kan anvendes på populationer i zoologiske haver, hvor man har helt styr på, hvem der producerer hvilket afkom med hvem.

Der findes andre indirekte metoder, der anvender genetisk information. Det kan være de DNA-mikrosatellitter vi har anvendt på Læsø til at undersøge, om bierne er brune bier. Man undersøger forskydningen af allelfrekvenser mellem to klart adskilte generationer. Ved at gennemgå listen over fundne alleler fra de to prøver på Læsø fra 2007 og 2010 kan man se forskydninger ret hurtigt. I 2007

var der i gennemsnit 6 alleler for de 25 undersøgte loci. I 2010 er dette faldet til 5,2 alleler/locus. For en række loci er der forsvundet et eller to alleler. Mest tydeligt er det for locus A29, der har de fleste alleler. I 2007 blev der fundet 20 alleler, i 2010 kun 16, der skal dog gøres opmærksom på, at antallet af bier var større i 2007, og specielt A29 har fungeret ringe i 2010, hvorfor der kun er data fra 146 bier mod 267 i 2007. Der er også enkelte nye alleler i 2010. Det kan skyldes, at disse alleler er så sjældne (typisk under 1% hyppighed), at de tilfældigt ikke var med i stikprøven i 2007. Det er sådanne allerede sjældne alleler, der er mest udsatte for at gå tabt i efterfølgende generationer. Det passer med, at cirklen for bierne i figur 1 er lidt mindre i 2010 end i 2007.

Moniteringsgruppen valgte i sin rapport i 2008 at pege på en opfølgende undersøgelse i 2010 eller 2011, fordi bier har såkaldt overlappende generationer. Det er muligt for en dronning at leve i op til 5 år og producere både droner og dronninger hvert år. Det er dog sjældent, at en dronning holder mere end 3 år, og det første leveår produceres der ganske få droner og næppe nogen dronninger under danske forhold. Den faktiske generationstid er tæt på 1 år, det vil sige langt flertallet af dronninger udskiftes årligt. Der er altså forløbet 3 generationer fra de bier, der blev indsamlet i 2007, til de bier, der blev indsamlet i 2010. Genetisk drift vil medføre, at der er alleler, der er gået tabt fra 2007 til 2010. Den genetiske variation er mindsket, hvilket kunne ses som ovenfor beskrevet ved direkte at sammenligne de to prøver. Den effektive populationsstørrelse N_e kan måles ved hjælp af programmerne NeEstimator og TM3, som på forskellig måde søger at måle dette tab i variation og omregner det til en effektiv populationsstørrelse. De forskellige metoder har alle givet et lavere tal for den effektive populationsstørrelse end antallet af observerede bifamilier. N_e ligger mellem 30 og 162 i de forskellige metoder i NeEstimator og på 126 i TM3. Dette er kritisk lavt. I en population på kun 30 individer tabes alleler ganske hurtigt, men også en population med 162 individer er udsat for tab af genetisk variation fra generation til generation. Det ville ikke være korrekt at sammenligne med bierne fra 2005 eller 2006, fordi vi her pålagde biavlere aktivt at fjerne en lang række af de bier, der bar gener fra andre populationer end den brune bis. Det ville påvirke målingerne, og den effektive populationsstørrelse vil synes langt mindre.

Det må konstateres, at det ikke er lykket at etablere en population på Anholt, og heller ikke de få andre avlere af brune bier i Danmark deltager aktivt i at øge populationsstørrelsen af de brune bier på Læsø. Den indførte kompensation for at holde brune bier på Læsø har ikke ført til, at de biavlere, der holder andre bier end brune bier på Læsø, har skiftet til brune bier. Det er ikke optimalt for den brune bis fremtid. Det er helt nødvendigt, at flere danske biavlere tager del i bevarelsen af de brune bier for at sikre deres bevaring.

Indavlsdegeneration og genetisk drift

For honningbier er genetisk drift særligt problematisk. Honningbier har et komplekst system til at afgøre afkommets køn. Bier, der har to forskellige alleler ved det såkaldte kønslocus CDS, bliver til hunner, arbejdere eller dronninger. Bier, der kun har et enkelt allel, bliver til hanner eller droner. Derfor opstår der af ubefrugtede æg altid droner. Der kan kun være et allel i et ubefrugtet haploid æg. Men der kan også opstå droner fra befrugtede æg, hvis sædcelle og æg indeholder samme kønsallel vil der opstå en homozygot bi for kønslocus men i realiteten en diploid drone. I praksis ser man ikke de diploide droner. Arbejderbierne opdager de diploide dronelarver og æder disse i de første få timer efter, at larven er udklækket. Det giver huller i yngellejet. De celler, der skulle indeholde en larve, bliver

tomme, og i biavl er man generelt opmærksom på dette som et tegn på et begyndende indavlsproblem. Det vil blive et større problem på Læsø i de kommende år, hvis ikke man griber styrende ind.

Der er i 2010 indført dronninger fra Norge, hvoraf dog kun en enkelt blev parret. Der er endvidere indført 6 parrede dronninger fra Sverige. Fordelen ved at indføre en dronning og lade hende parre sig på Læsø er, at man dermed kan se, om de to populationer indeholder forskellige kønsalleler allerede i første generation. De parrede dronninger fra Sverige kan først i 2011 bruges til produktion af dronninger, og de vil samtidigt producere droner, hvorfor det ikke kan udelukkes, at nye dronninger fra disse svenske bier vil parres med deres brødre. Til gengæld kan man undgå et tab af avlsmateriale ved mislykkede parring. Indførelse af gener udefra er, hvad man populært kalder "blodfornyelse". Formålet med denne indførelse er at modvirke de tegn på indavl man havde iagttaget på Læsø. Der var dels bifamilier med hullet yngelleje i staderne, men et større problem er den udbredte kalkyngel på Læsø. Det vides nu, at bifamilier med reduceret genetisk varians er mere modtagelige for smitsomme yngelsygdomme. Det skyldes muligvis, at der mangler genetisk varians i de gener, der er vigtige for biernes immunforsvar.

Det er naturligvis for tidligt at sige, om de indførte bier vil modvirke genetisk drift hos den brune bi på Læsø. Ved at tilføre genetisk variation udefra kan biavlerne genindføre den variation, som er gået tabt ved genetisk drift. Dette er ikke en proces, der kan gennemføres i en enkelt operation. Det vil være nødvendigt at sørge for en konstant forsyningslinie til udveksling af gener mellem bierne på Læsø og andre populationer af brune bier. Ved Flakkebjerg har vi undersøgt bier fra en række andre populationer af brune bier. Det virker mest oplagt at hente bier fra geografisk nært liggende populationer og bier, der har egenskaber, der ligner bierne på Læsø. Norge har en stor avlspopulation med tæt ved 10.000 bifamilier af brune bier. Desværre er der efter vi fik dronninger fra Norge konstateret europæisk bipest i kerneområdet for brune bier i Sørlandet. Indtil dette udbrud er effektivt bekæmpet, er det ikke interessant at indføre bier fra Norge. Sverige er et alternativ, som biavlerne på Læsø selv har fundet, fordi man tidligere har leveret dronninger til den svenske population. Holland har en lille population af brune bier på øen Texel i Nordsøen. Der er i Flakkebjerg i 2010 undersøgt bier fra Texel, og disse bier er ganske klart brune bier uden indblanding af gener fra andre underarter. Bier fra øen Colonsay i Skotland er i øjeblikket ved at blive undersøgt. Hvis det viser sig, at disse bier er tilsvarende brune, vil de også stamme fra et klima, der ligner det danske og fra et område med lyngvækst.

Fremtiden for den brune bi ikke bare på Læsø men helt generelt vil være afhængig af, at der etableres forbindelseslinier, således at gener kan overføres imellem de fragmenterede populationer, der findes i ret isolerede områder. Bierne i både Skotland og Holland er fra tilsvarende små populationer og vil være udsat for indavl og genetisk drift. Som nævnt er der i Norge udbrudt europæisk bipest, hvilket har negativ indflydelse på avlsarbejdet der. Man har i Norge anbefalet at udveksle bier med andre nordiske og baltiske populationer af brune bier (Birøkteren 2011), fordi man her er bekymret for den situation, der opstår i forbindelse med, at man udrydder hele bigårde på grund af europæisk bipest. Man kalder det en genetisk flaskehals, når en del af populationen på den måde udryddes. Den norske population har længe været på 10.000 bifamilier, fordelt på 30 avlslinier.

Tilsvarende gælder for en række af de andre europæiske underarter, der ikke længere er populære blandt moderne biavlere. Disse bier er ofte kun at finde i små og isolerede egne. Det gælder bierne fra Middelhavsøerne, Sicilien *A. m. siciliana*, Malta *A. m. ruttneri*, Kreta *A. m. adami* og Cypern *A. m. cypria*. Undtagelsen er *A. m. ligustica*, der ikke bare i Italien har stor popularitet, *A. m. carnica* der også findes mange steder uden for dens oprindelige område i Balkan, Ungarn og Rumænien, og *A. m. macedonica* der holder sig godt i det sydlige Balkan, Grækenland og Bulgarien. De bier, som flertallet af biavlerne anvender i store dele af Nordeuropa, hvor der oprindeligt fandtes *A. m. mellifera*, er indført fra sydligere himmelstrøg, men deres egenskaber er optimeret til moderne biavl og de afgrøder landbruget i dag dyrker især den tidlige raps. En del af den avl, der foregår med bier for at forbedre produktionsegenskaberne, er helt afhængig af tilgang til oprindelige og ikke hybridiserede underarter. Det er i alle biavlernes interesse at sørge for bevarelsen af de oprindelige bier og deres særlige tilpasninger til de lokale forhold.

Det kan være svært at forstå, at man kun kan bevare den brune bi på Læsø ved at sørge for, at der tilføres gener fra andre populationer af brune bier. Det er i den sammenhæng vigtigt at holde sig for øje, at de gener, der går tabt ved genetisk drift som følge af indavl i små populationer, har en evolutionshistorie, der rækker tilbage til istiden. Den brune bi har sandsynligvis overlevet syd for Pyrenæerne, og da isen trak sig tilbage, bredt sig i hele det vestlige og nordlige Europa helt ind til Rusland. De gener, der fandtes i bierne, der startede denne kolonisering af landområderne efter isen forsvandt, har ikke forandret sig væsentlig på de i den sammenhæng kun få tusinde år. Der er sket mutationer, genetisk drift og lokale adaptationer i forbindelse med kolonisering af dette store område, men bierne nord for alperne tilhørte alle underarten af den brune bi *A. m. mellifera*. Ved at skabe en såkaldt metapopulation med brune bier, altså et større netværk af populationer, kan man modvirke den genetiske drift, der ikke kan undgås i små lukkede populationer, således at de gener, der tilfældigt er gået tabt et sted, hentes tilbage fra andre nært beslægtede populationer.

Der er i øjeblikket arbejde i gang i Norge og i Østrig med etablering af en elektronisk stambog og bedømmelse af brune bifamiliers avlsværdi. Systemet kaldes BeeBreed, og er fremstillet specielt til honningbier. Det synes oplagt at tilslutte de brune bier på Læsø dette system, da det vil lette udvælgelse af ubeslægtede dronninger til videre avl.

Kontrolaspekter

Undersøgelsen i 2010 har også haft et aspekt af kontrol, det vil sige er de bier, der findes på Læsø, tilstrækkeligt brune til at modtage støtte fra Udvalget til Bevarelse af Genetiske Ressourcer (GRU). To bifamilier er ikke godkendt, fordi de falder lidt udenfor rammerne af rene brune bier. Denne ene familie, der ikke er godkendt (14790 udpeget med pil i figur 1), er allerede død. Dronningen gik tabt, og bifamilien begyndte at lave droner. Denne bifamilie stod ved Holtemmen langt udenfor parringsområdet. Den anden familie er en sværm fanget i Vesterø af en brun biavl og opstillet uden for parringsområdet JS22 (15426 udpeget med pil i figur 1). Biavleren er informeret om, at familien ikke kan godkendes til videre avl og ikke er støtteberettiget.

Derimod fik vi bier fra 2 andre familier BJ25 og KKJX på Læsø, som er godkendte til videre avl på grundlag af dels den viste PCA og dels fra den analyse, der er lavet med STRUCTURE, en Bayesian assignment metode. STRUCTURE sorterer bierne i et af brugeren fastlagt antal grupper, således at der

dannes grupper, der er mest muligt forskellige fra hinanden, men der er mindst mulig intern forskel på gruppens medlemmer.

STRUCTURE-analysen viser helt som PCA, at bierne 14790 og 15426 er hybridiserede. Bi 14790 indeholder 20% gener fra anden oprindelse end de brune bier. De fremmede gener synes mest at have Buckfast baggrund. Bi 15426 har 22% fremmede gener, der synes at være fra *A. m. carnica* eller *A. m. ligustica*. To familier LG49 og LGTESTA, hvorfra der blev udtaget bier til kontrol, har hver en enkelt bi med godt 3% fremmede gener. Disse to familier bør ikke bruges til videre avl af dronninger og kan ikke anses for at være støtteværdige.

De resterende bier fra Læsø i 2010 har overvejende brune gener og er støtteberettigede. I forhold til 2007, hvor 123 blev identificeret som fremtidens avlsfamilier, fordi de havde mere end 99% gener med oprindelse i *A. m. mellifera*, har nu mindst 150 bifamilier af dem vi har fået data på over 99% af deres gener med oprindelse i *A. m. mellifera*. Det er et klart tegn på, at der arbejdes seriøst med at bevare de rette egenskaber på Læsø.

På grund af de tabte prøver mangler der data fra 54 familier. Det tabte materiale kan ikke genskabes, og det synes oplagt at foretage endnu en prøvetagning i 2011 for at sikre, at alle bier er brune. Det må dog vurderes usandsynligt, at præcist de manglende prøver er særligt forurenede med fremmede gener, da de repræsenterer et tilfældigt udsnit af prøverne fra Læsø.

Sammenfatning

Det kan konstateres, at parringsområdet Danzigmand er effektivt til at sikre den brune bi på Læsø mod parring med andre droner. Området er dermed effektivt og tilstrækkeligt til at sikre populationens renhed.

Bierne på Læsø er udsat for genetisk drift. Størrelsen af den genetiske drift er betydelig, som det fremgår af tabet af en række alleler i den periode på 3 år vi her sammenligner. Det er en ny trussel for bevarelsen af den brune bi på Læsø i forhold til tidligere opblanding med fremmede gener. Det er afgørende for sikring af populationen, at der etableres kontakt med andre populationer af brune bier med henblik på at øge den effektive populationsstørrelse og at få nogle af de tabte alleler tilbage til Læsø. Biavlerne på Læsø har i 2010 selv taget initiativ til dette og har indført bidronninger fra Norge og Sverige. Dette arbejde skal fortsættes og udbygges for at modvirke den konstaterede genetiske drift.

Det må igen konstateres, at den danske population af brune bier er sårbar. Det skyldes bl.a., at der findes ganske få brune bier i Danmark udenfor Læsø. Det er vigtigt, at biavlere i resten af Danmark deltager aktivt i arbejdet med at sikre størrelsen af populationen af brune bier, da et udbrud af sygdom på Læsø kan tilføre populationen et betydeligt tab og være fatal for populationens overlevelse.

Biavlerne på Læsø har udført et stort arbejde i de tre år siden seneste undersøgelse i 2007. Der er kontrol med dronningernes afstamning, og dette er i høj grad med til at sikre populationens renhed.

Erkendtlighed

Der rettes en tak til biavlerne fra Læsø, der igen velvilligt åbnede deres stader og lod prøver udtage. Biavler Romee van der Zee har leveret bier fra Holland til sammenligning med andre brune bier. Der rettes ligeledes en tak til de biavler, der er nævnt i rapporten fra Monitoringsgruppen fra 2008. Laborant Lene Hasmark har ekstraheret DNA, og laborant Bente Flügel har arbejdet med at få data frem fra DNasekvenseren. Ph.d.-studerende Roy Mathew Francis har hjulpet med analyserne i ADEGENET og lavet figur 1.

Flakkebjerg den 2. marts 2011