

Genetische diversiteit van Texelse bijenvolken – een bijzondere samenwerking

Annemieke Rattink



Centrum voor Genetische bronnen, Nederland (CGN)

Inhoud presentatie

- Introductie CGN
- Waarom Zwarte Bij?
- Samenwerking 't Landras
- Aanpak
- Resultaten
- Vervolgstappen

Over CGN

- Wettelijke Onderzoekstaak (WOT) in opdracht van het ministerie van LNV
- Internationaal erkende genenbank en expertisecentrum
- Behoud en duurzaam gebruik van genetische diversiteit in:
 - Gewassen
 - Landbouwhuisdieren
 - Bomen en struiken
 - Aquacultuur



Centrum voor Genetische bronnen, Nederland (CGN)

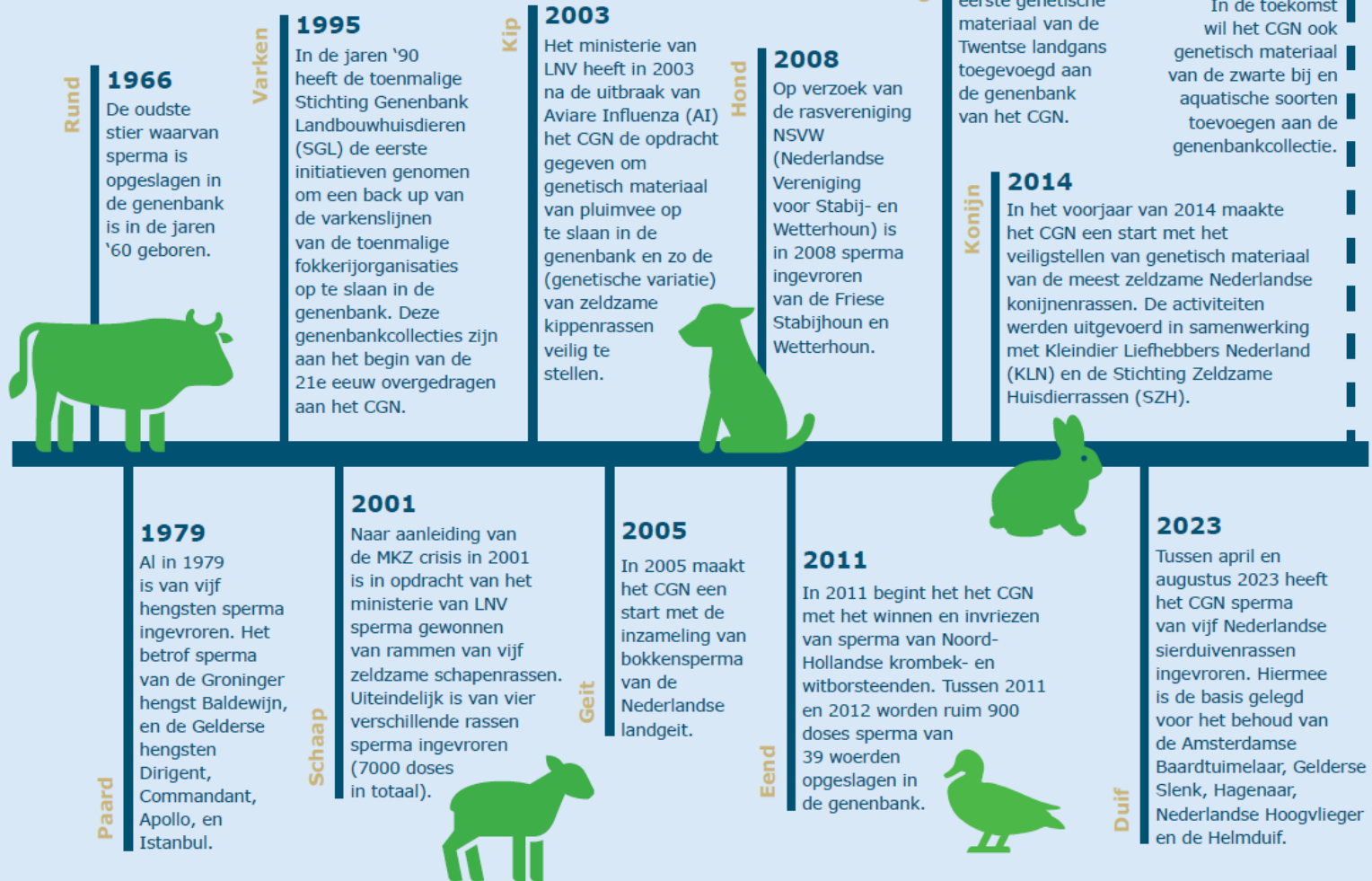
Doel van de genenbank

- Veiligstellen van genetische diversiteit van zeldzame rassen en van meer gangbare rassen
- Verzekering voor calamiteiten, zoals het verlies van rassen bij uitbraken van dierziekten
- Inzetten van genetisch materiaal ter ondersteuning van fokprogramma's van zeldzame rassen
- Beschikbaar stellen van materiaal voor onderzoek en genetische karakterisering

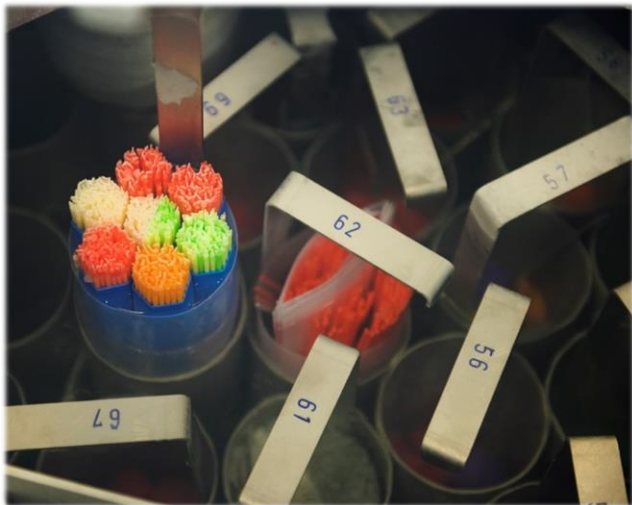
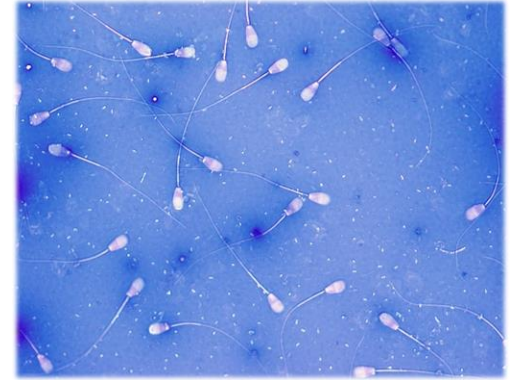


Geschiedenis genenbank

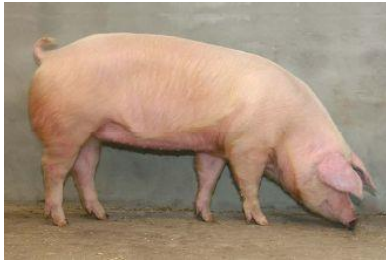
Tijdlijn opslag genetisch materiaal genenbank



Genenbank: praktijk



Diersoorten and rassen in de genenbank



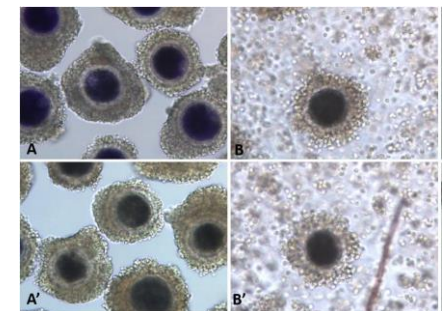
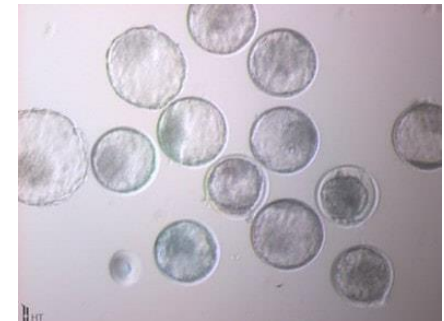
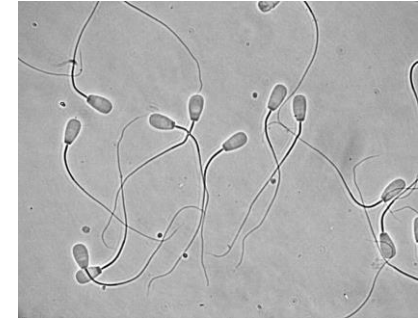
Hoe komen we aan genetisch materiaal?

- Snapshots – via afspraken met KI-organisaties/stamboeken nemen we met regelmaat van veel dieren een klein aantal doses in.
- Gerichte aanvullingen – selectie van rassen en dieren
- Overname materiaal – CGN neemt interessant materiaal over van bijv. KI-station of waar materiaal anders vernietigd zou worden















Genebank collecties

- Welke materialen slaan we op?
 - Sperma
 - Embryos
 - Eicellen
 - DNA
 - Haar



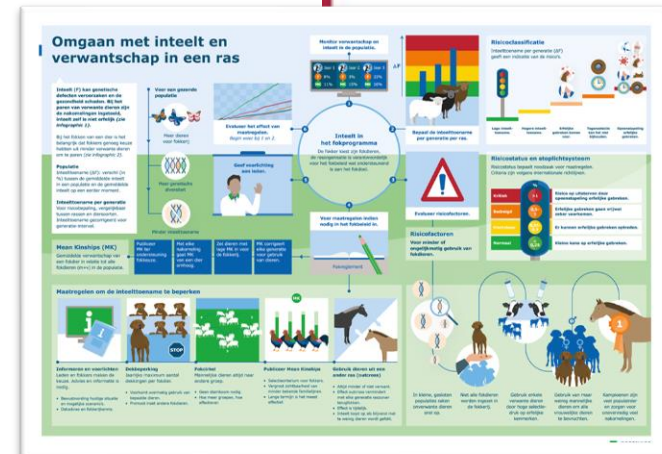
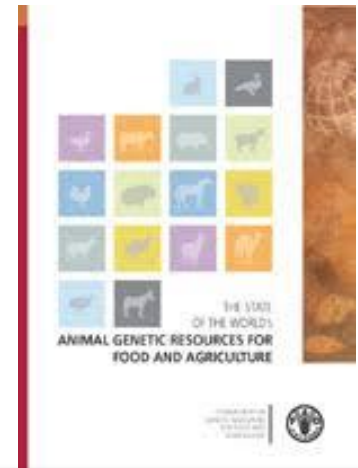
Genenbank collectie

Genenbankcollectie Nederlandse landbouwhuisdieren

Diersoort	Rassen	Donors	Doses	Verzamel periodes
	25	6.999	280.050	←————→
	16	423	6.953	←————→
	31	270	18.598	←————→
	9	21	479	←————→
	39	947	26.922	←————→
	13	381	36.115	←————→
	5	109	7.617	←————→
	4	67	1.569	↔
	1	11	102	↔
	8	62	1.898	↔
	9	28	645	↔
	1	250	27	↔
	156	9568	380.975	1966-----2000-----2025

Expertise en advies dierlijke bronnen

- Beleidsadviezen aan Ministerie van LNV, FAO, Verenigde Naties en de Europese Commissie
- Duurzame fokprogramma's en behoud van diversiteit
 - Gevraagd en ongevraagd advies aan de rasorganisaties
 - Genetische populatie analyses
- Kennisoverdracht, via lezingen, themadagen en webinars



Waarom Zwarte Bij?

- Onderdeel van Nederlands bio-cultureel erfgoed
- Duurzame voedsel productie
- Definitie WOT – 40 jaar en 6 generaties

inheemsedonkerebij.nl

T LANDRAS

Actueel Events De donkere bij Selectie & Teelt Meedoen & Meer Contact

Inheemse donkere honingbij (*Apis mellifera mellifera*)

DE DONKERE OF ZWARTE BIJ

De meerderheid van de bijenhouders in Nederland imkert met Carnica of Buckfastbijen of hybride tussensoorten. Eigenlijk zijn dat allemaal exoten. De zwarte bij (*Apis mellifera mellifera*) is de enige honingbij die van nature in ons land thuishoort: ze behoort tot ons natuurlijke erfgoed.

[MEER WETEN?](#)

De enige inheemse honingbij van West-Europa.

Wat is belangrijk voor CGN?

- In kaart brengen huidige genetische diversiteit Texelse zwarte bij
- Vergelijk met bijen uit andere Europese landen
- Zorgen dat genetische diversiteit niet achteruit gaat
- Selectie van volken voor sperma winning
- Opslag in genenbank

Waarom is dit belangrijk voor bijenhouders?

- Unieke genetica van Texelse zwarte bij – wetenschappelijke onderbouwing
- Inzicht in eigen genetica en advies voor maken in keuzes in de teelt

Oefenen – april 2024



Monstername Texel



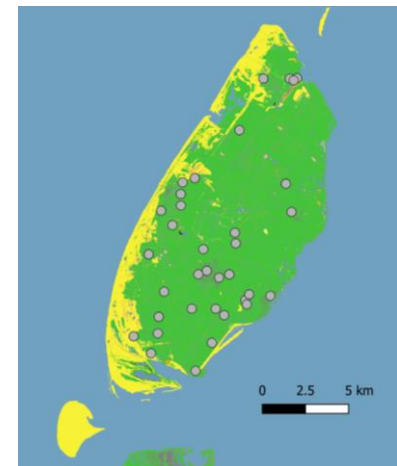
Wat hebben we tot nu toe gedaan?

- Eerste sampling alle bijen volken op Texel:
 - 10 darren per volk
- DNA isolatie
 - 1 dar per volk
- Genetische analyse
 - Hoe verwant zijn de huidige volken op Texel?
- Bijen voor vleugel morfologie – Henk Kok

Eerste sequence resultaten

- 133 volken (139 individuen)
- 37 locaties op Texel
- Whole genome sequencing
 - Genoom is 250 MB
 - 8-29x coverage

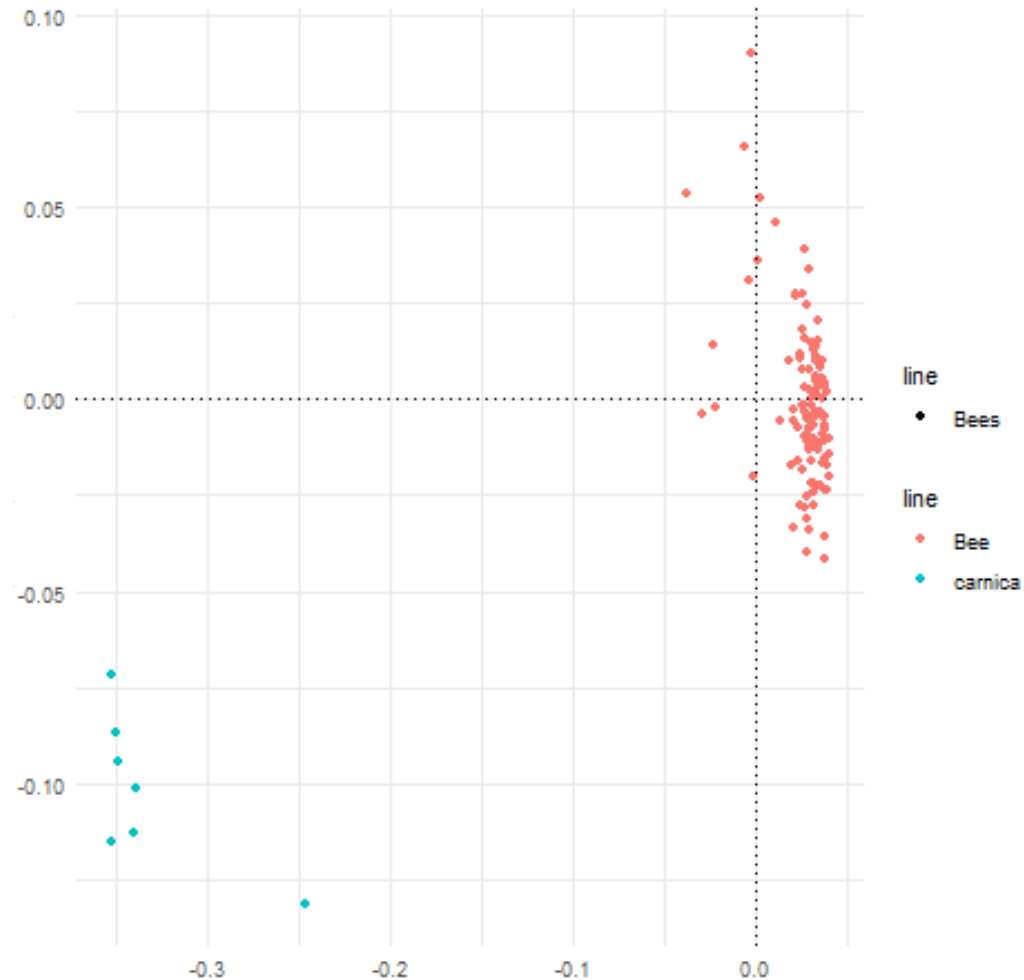
- Zwarte bij imker
- Landgebruik
 - Gemixt
 - Duinen
 - Heide
 - Infrastructuur



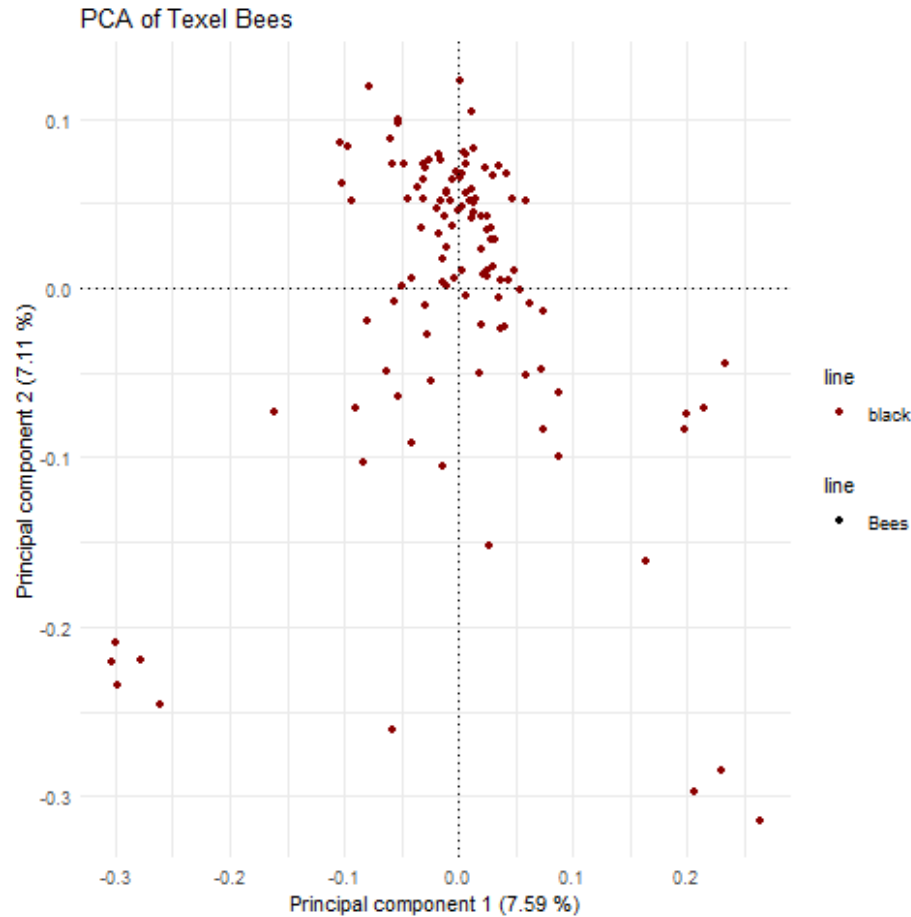
Eerste sequence resultaten

- Sequences zijn vergeleken met een referentie genoom van *A. m mellifera*
 - (Ouessant, Bretagne ([Eynard et al. 2024](#)))
- 10,132,863 genomische verschillen (SNPs) gevonden tussen de 139 samples

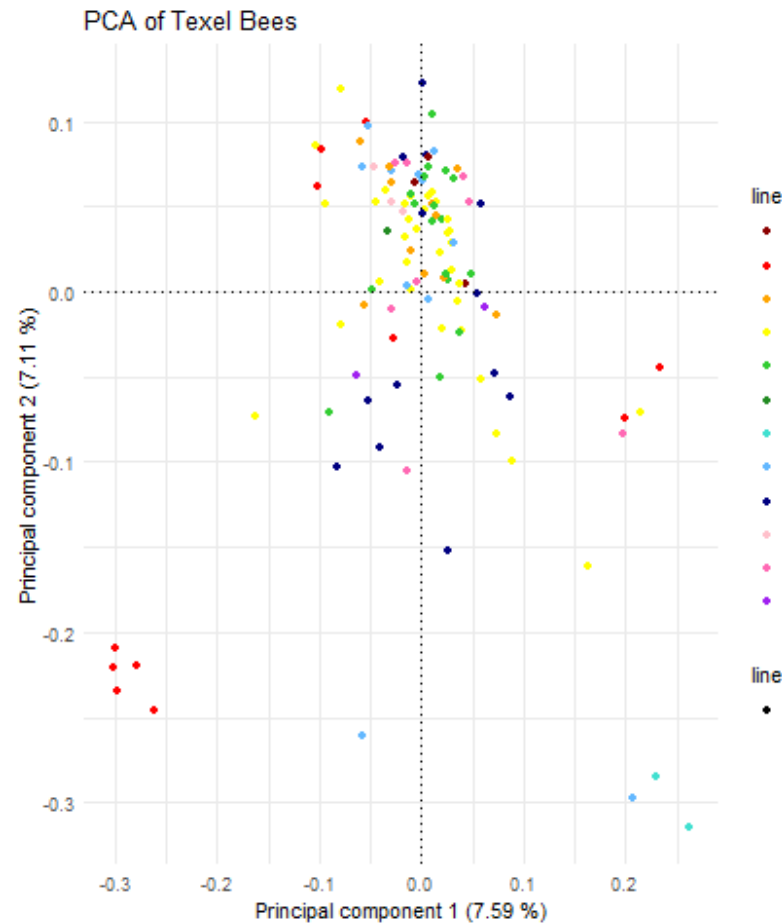
Eerste populatie structuur resultaten



Eerste populatie structuur resultaten



Eerste populatie structuur resultaten



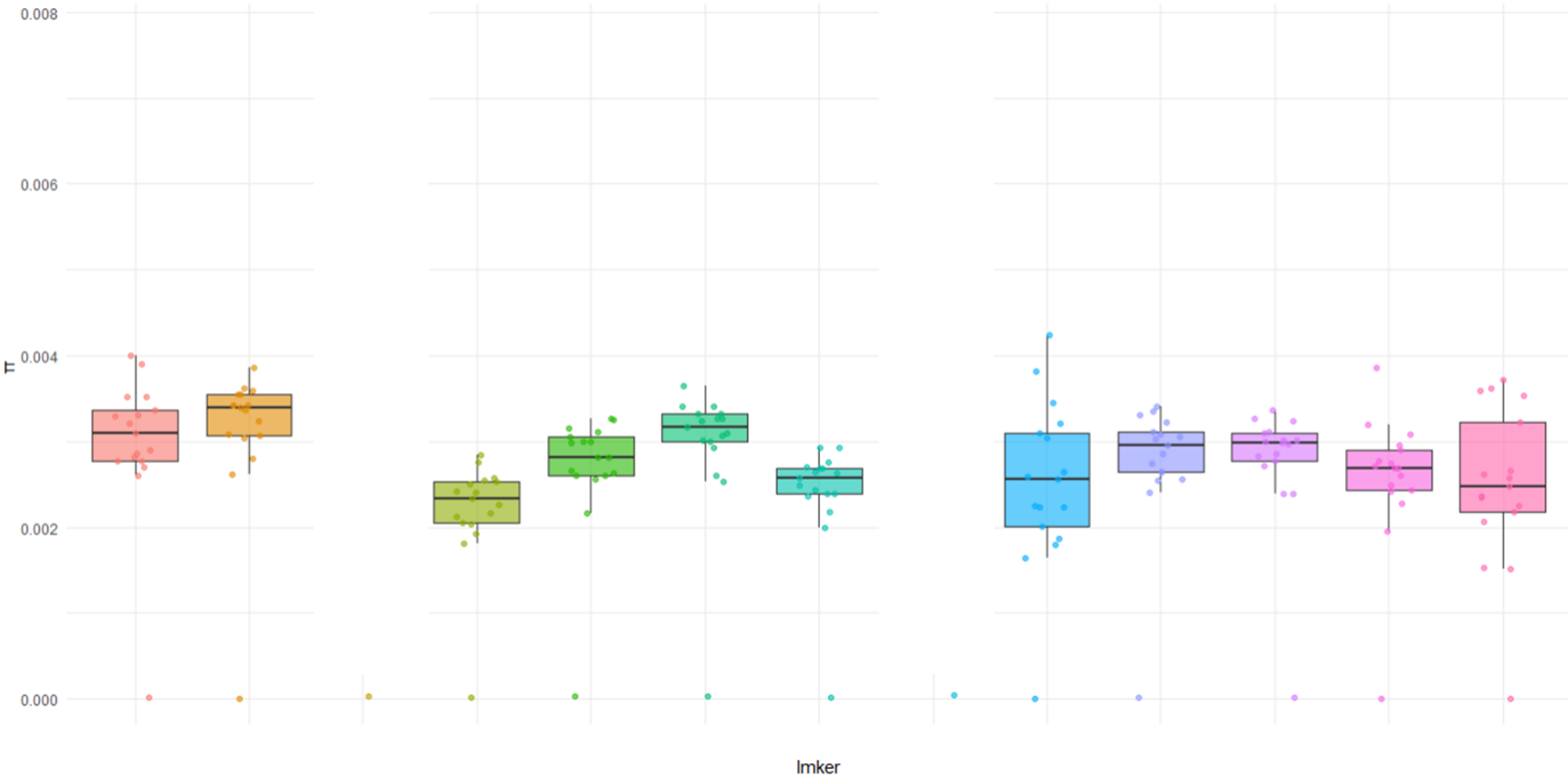
Eerste genetische diversiteit resultaten

Colony number	Heterozygosity
1	0.909
2	0.854
3	0.850
4	0.850
5	0.884
6	0.875
7	0.839
8	0.898
9	0.845
10	0.895
11	0.889
12	0.893
13	0.866
14	0.866
15	0.884
16	0.919
17	0.870
18	0.882
19	0.866
20	0.892
21	0.888
22	0.875
23	0.880
24	0.889
25	0.867
26	0.891
27	0.879
28	0.891
29	0.883
30	0.847
31	0.848
32	0.887
33	0.872
34	0.857
35	0.890
36	0.889
37	0.866

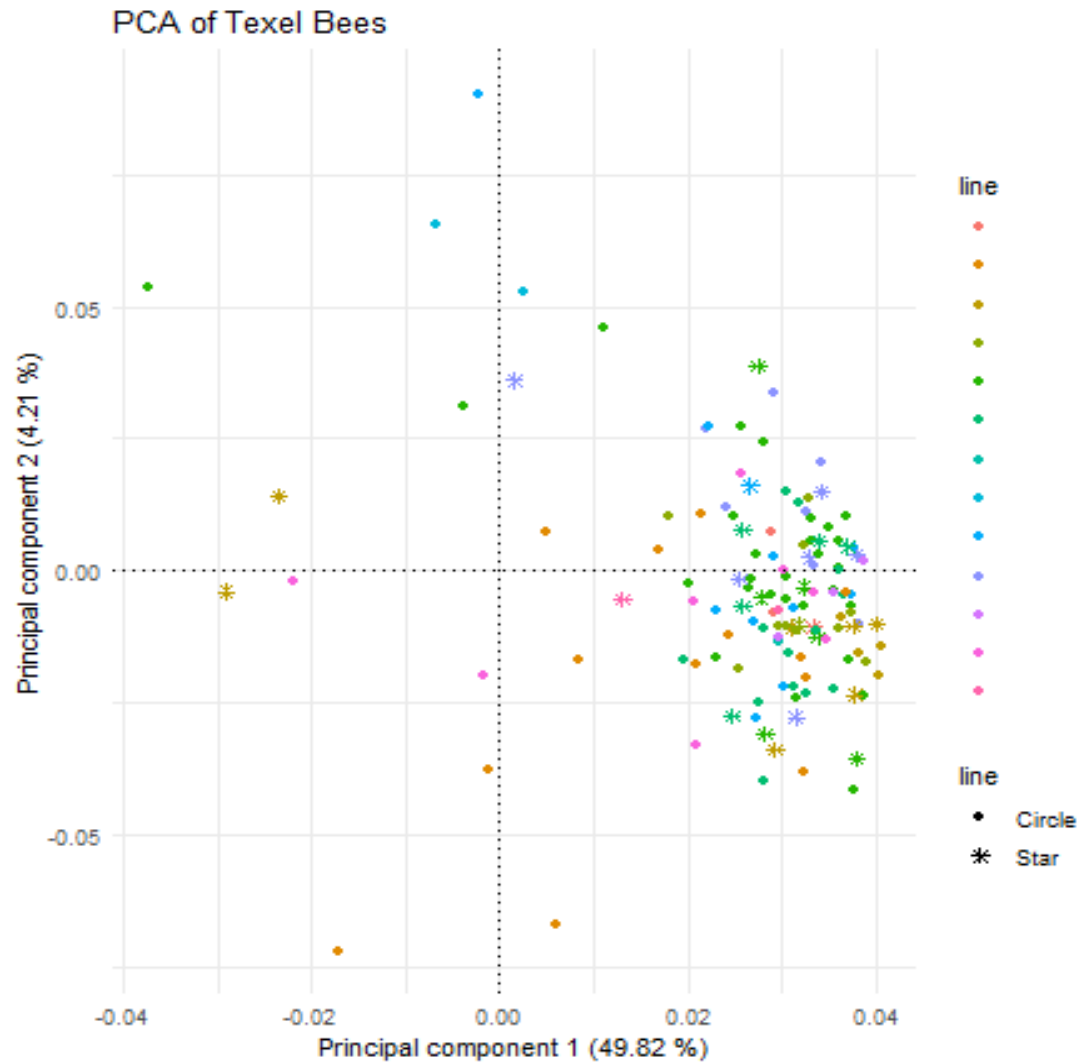
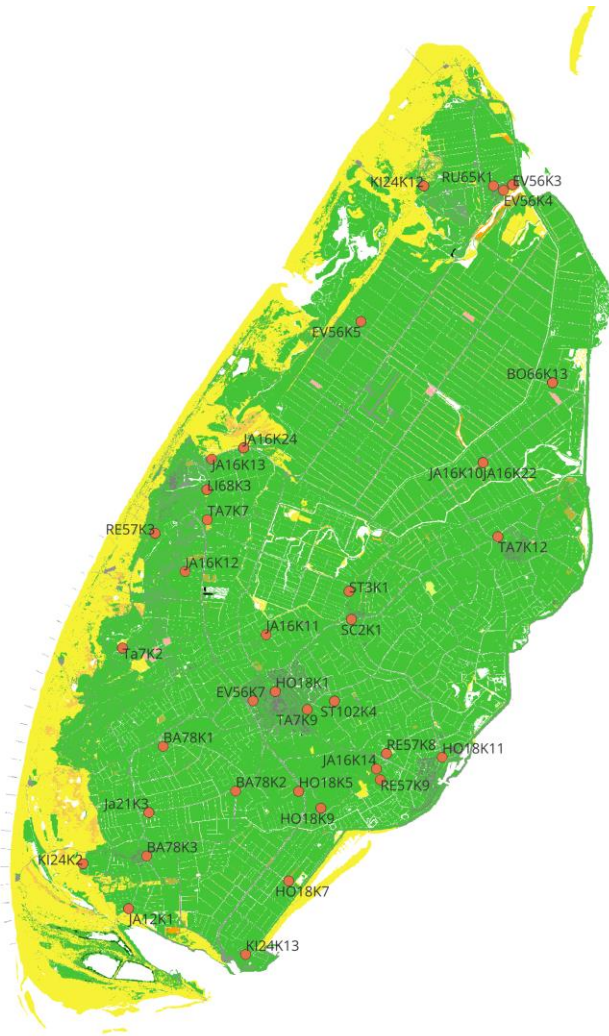
- Genetische diversiteit tussen volken is vergelijkbaar
- Er zijn nu nog geen aanwijzingen dat er geografische verschillen zijn

Genetische diversiteit

Comparison of Nucleotide Diversity (π) Across Populations



Vleugelmeting <-> DNA analyse



Vergelijking met Europese bijen







Received: 24 November 2021 | Revised: 26 May 2022 | Accepted: 1 June 2022

DOI: 10.1111/1755-0998.13665

RESOURCE ARTICLE

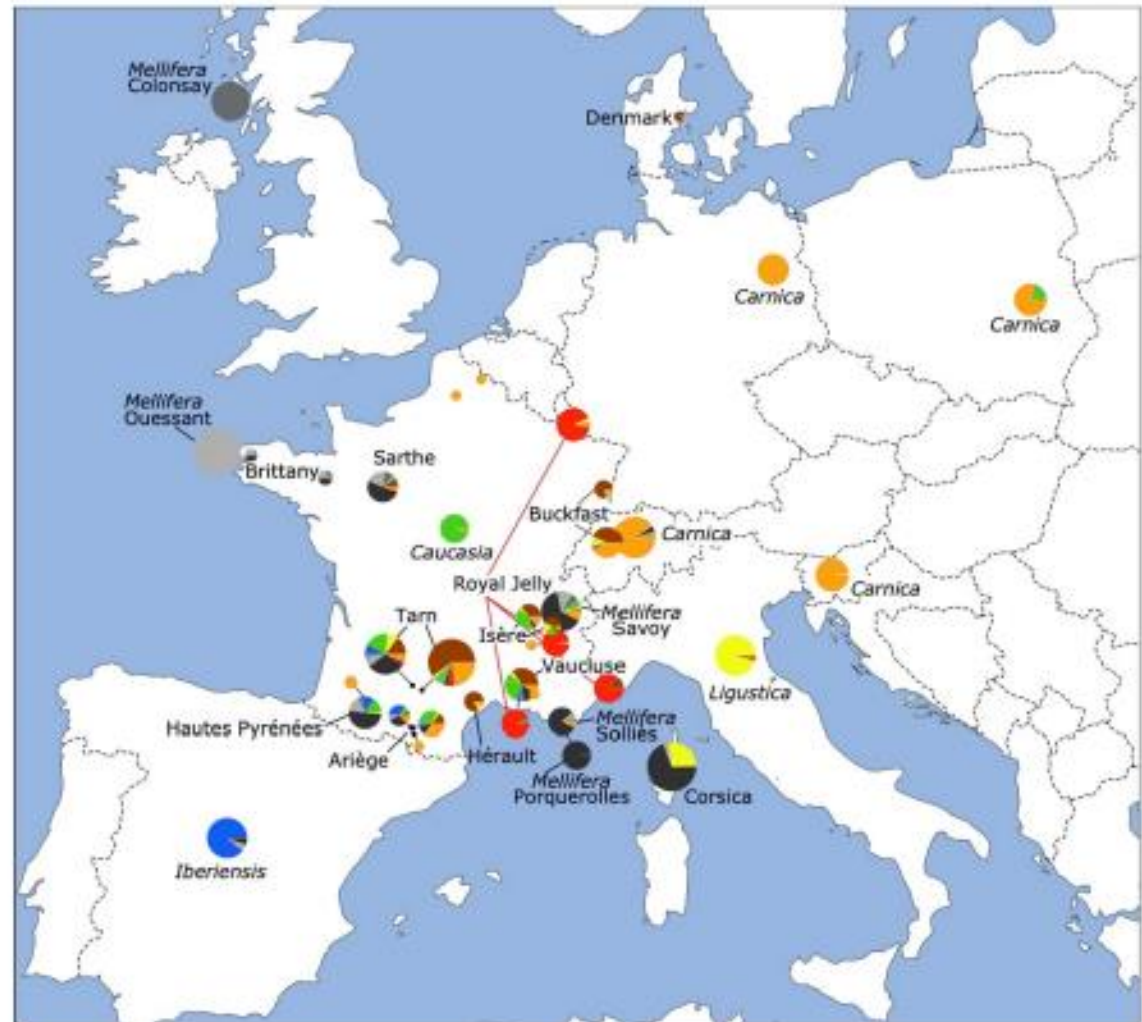
**MOLECULAR ECOLOGY
RESOURCES** WILEY

Complex population structure and haplotype patterns in the Western European honey bee from sequencing a large panel of haploid drones

David Wragg¹  | Sonia E. Eynard¹  | Benjamin Basso² | Kamila Canale-Tabet¹ |
Emmanuelle Labarthe¹ | Olivier Bouchez³ | Kaspar Bienefeld⁴  |
Małgorzata Bieńkowska⁵ | Cecilia Costa⁶ | Aleš Gregorc⁷ |
Per Kryger⁸ | Melanie Parejo⁹ | M. Alice Pinto¹⁰  | Jean-Pierre Bidanel¹¹ |
Bertrand Servin¹  | Yves Le Conte¹² | Alain Vignal¹ 

Vergelijking met Europese bijen

FIGURE 4 Admixture proportions and location of sample populations used in the diversity study. The size of the pie charts indicates the number of samples from a given location, with the number ranging from two samples (e.g., Denmark) to 43 samples (Corsica). Positions in France indicate the coordinates of the breeder or honey bee conservatory sampled. In other countries, reference samples are all grouped together, unless two genetic types were sampled (e.g., Switzerland). Colours in the pie charts correspond to the backgrounds found in the admixture analysis for $K = 9$, as presented in Figure 3. Reference populations for the five subspecies are indicated in italics. Two Buckfast populations in France and Switzerland are indicated, as the four breeders from the Royal Jelly breeders' organization (GPGR: Groupement des Producteurs de Gelée Royale) having provided samples



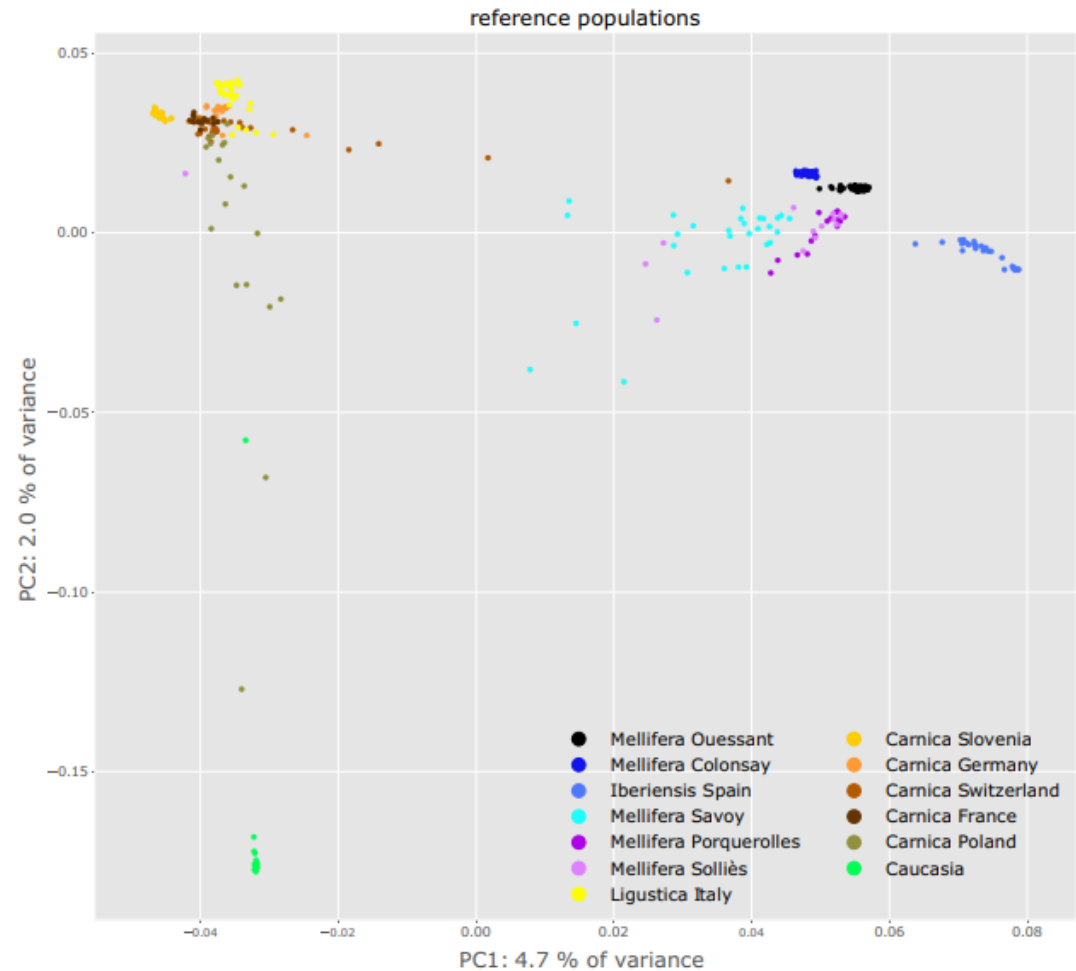
Vergelijking met Europese bijen

WRAGG ET AL.

MOLECULAR ECOLOGY
RESOURCES

3075

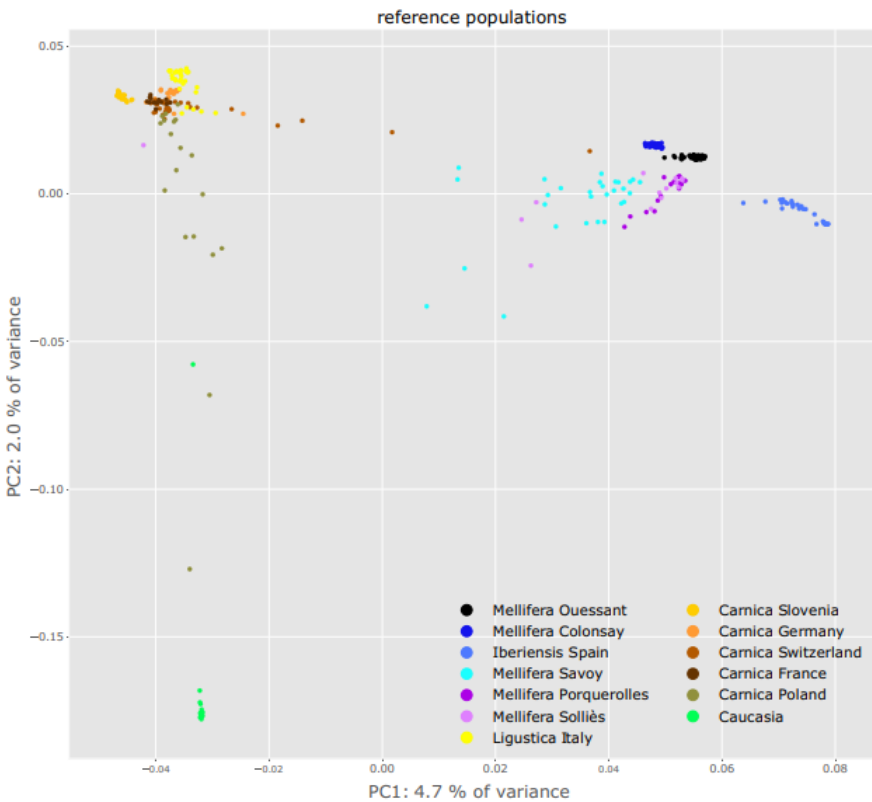
WILEY



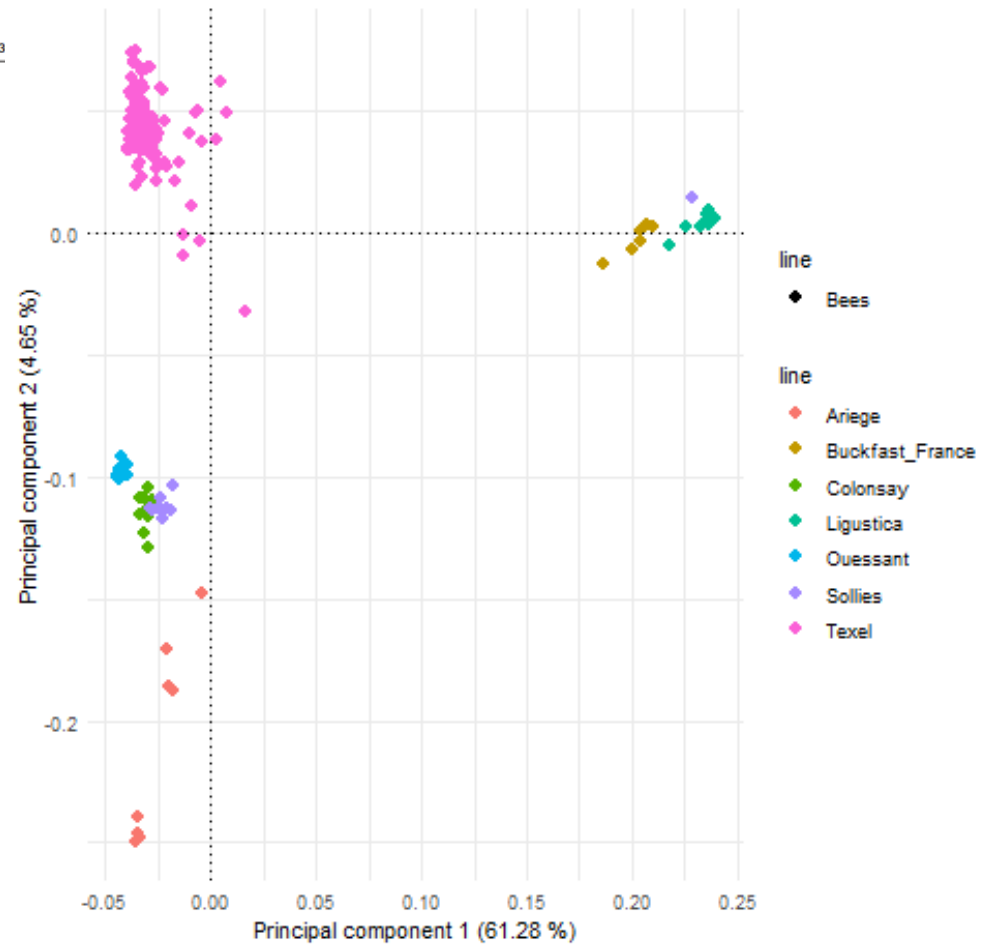
Vergelijking met Europese bijen

GG ET AL.

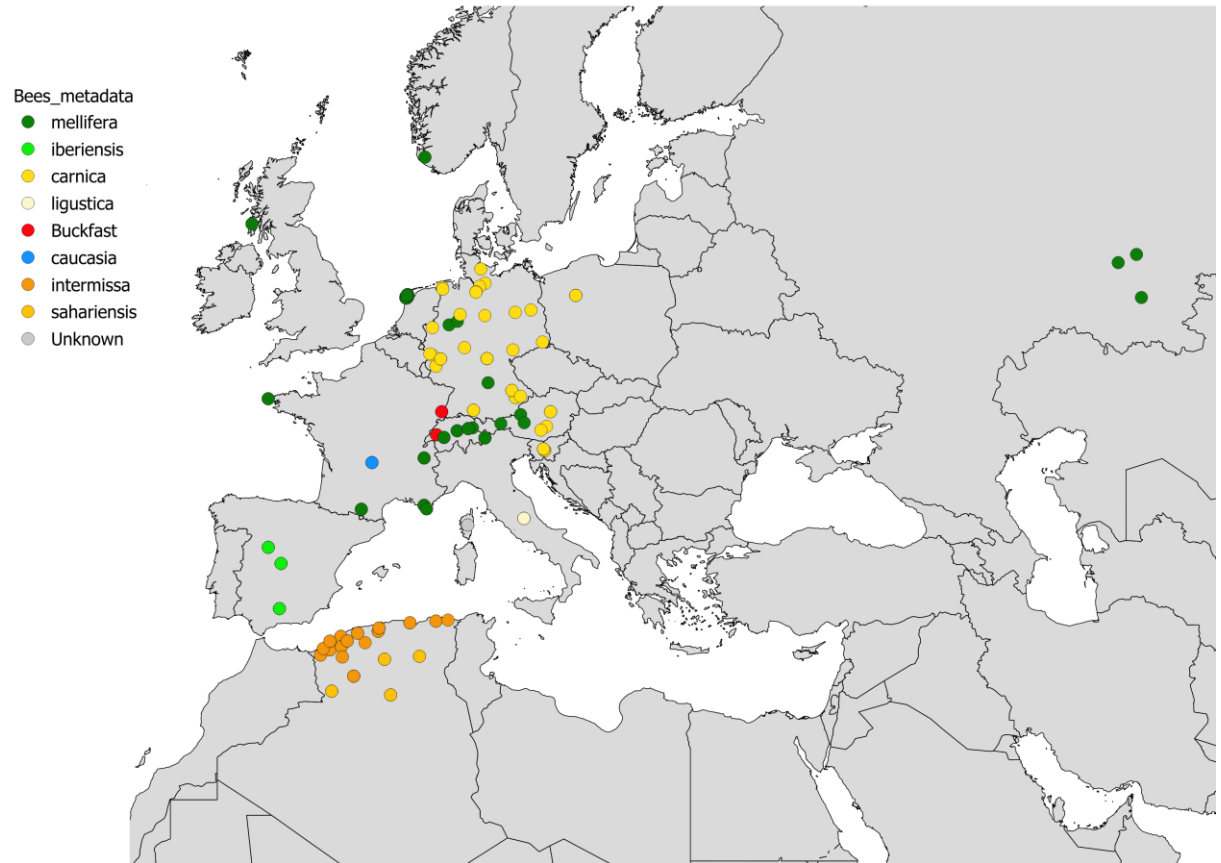
MOLECULAR ECOLOGY
RESOURCES WILEY | 3



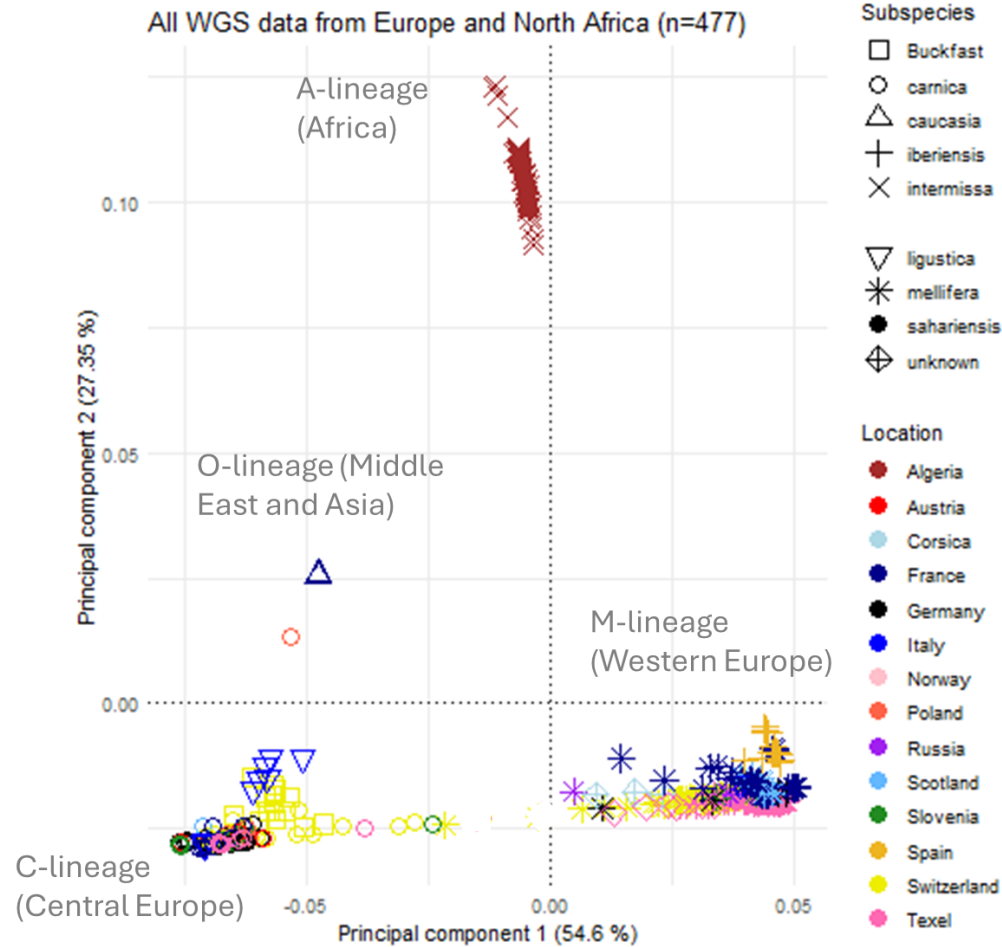
PCA of Texel Bees



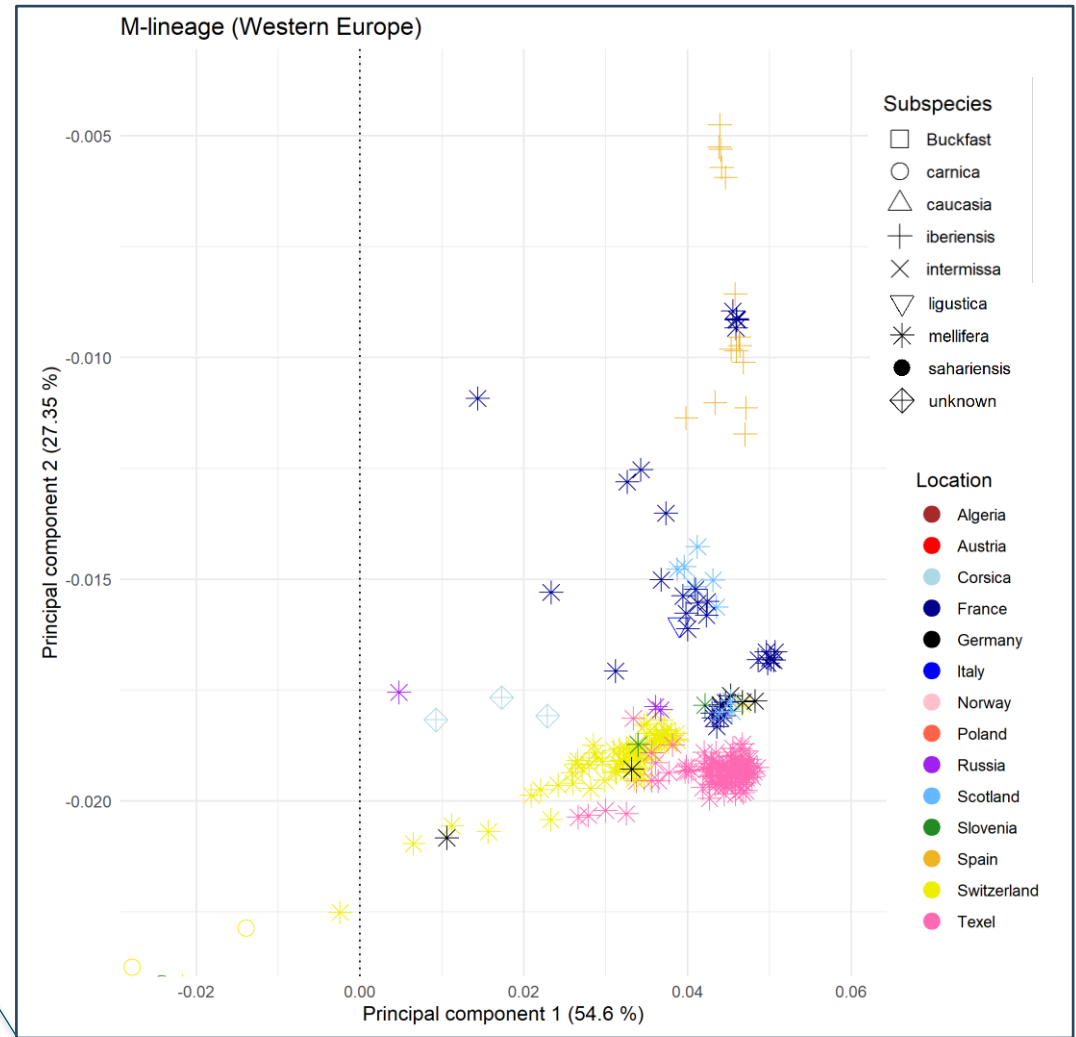
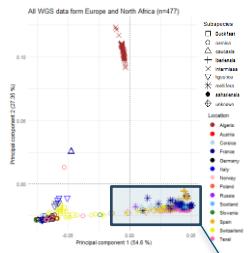
Aanvullende DNA data



Aanvullende DNA data



Aanvullende DNA data



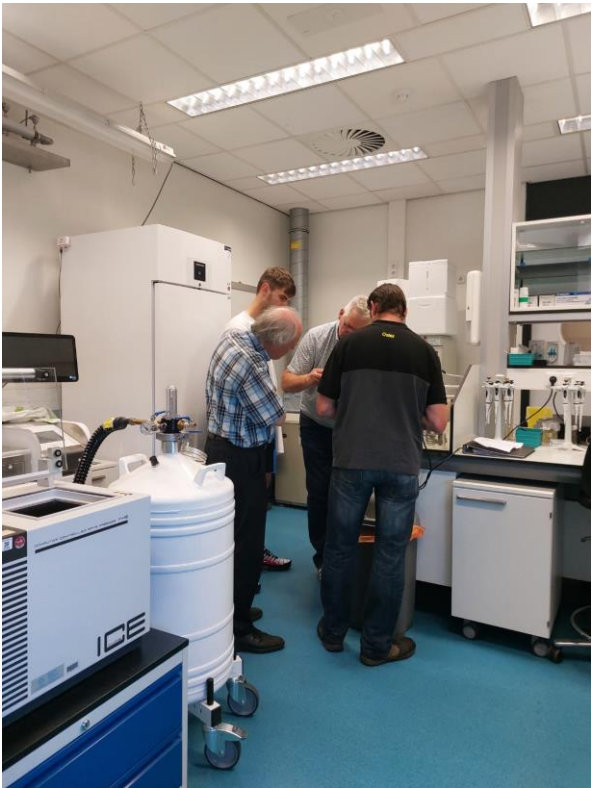
Sperma afname

- Henk Kok -> schema & overbrengen kasten naar Wageningen
- Zondag 15 juni Werkschuur Droevedaal Bijen@WUR
- Niek Oosterink & Egbert Touw



Invriezen

- Protocol van Wegener & Amerikaans methode
- Opgekrulde zaadcellen
- Ongeveer 50% levende cellen na ontdooien
- Motiliteit wel lager
- Hoge viscositeit
- Opbrengst:
 - Wegener: 1 rietje met 40ul sperma
 - Amerikaans: 7 rietjes met elk 20ul sperma



Inseminaties

- 4 koninginnen geselecteerd (13,14,15,16)
- Twee koninginnen met Wegener protocol, andere twee met Amerikaans protocol
- Geen werksterbroed, alleen darrenbroed

Wat gaan we doen – 1 (januari 2025)

■ Sequentie analyse

- Vergelijk met publieke *Apis mellifera mellifera* sequentie data en verwante soorten
- Hybridisatie bekijken
- Wetenschappelijke publicatie

■ Sperma verzamelen

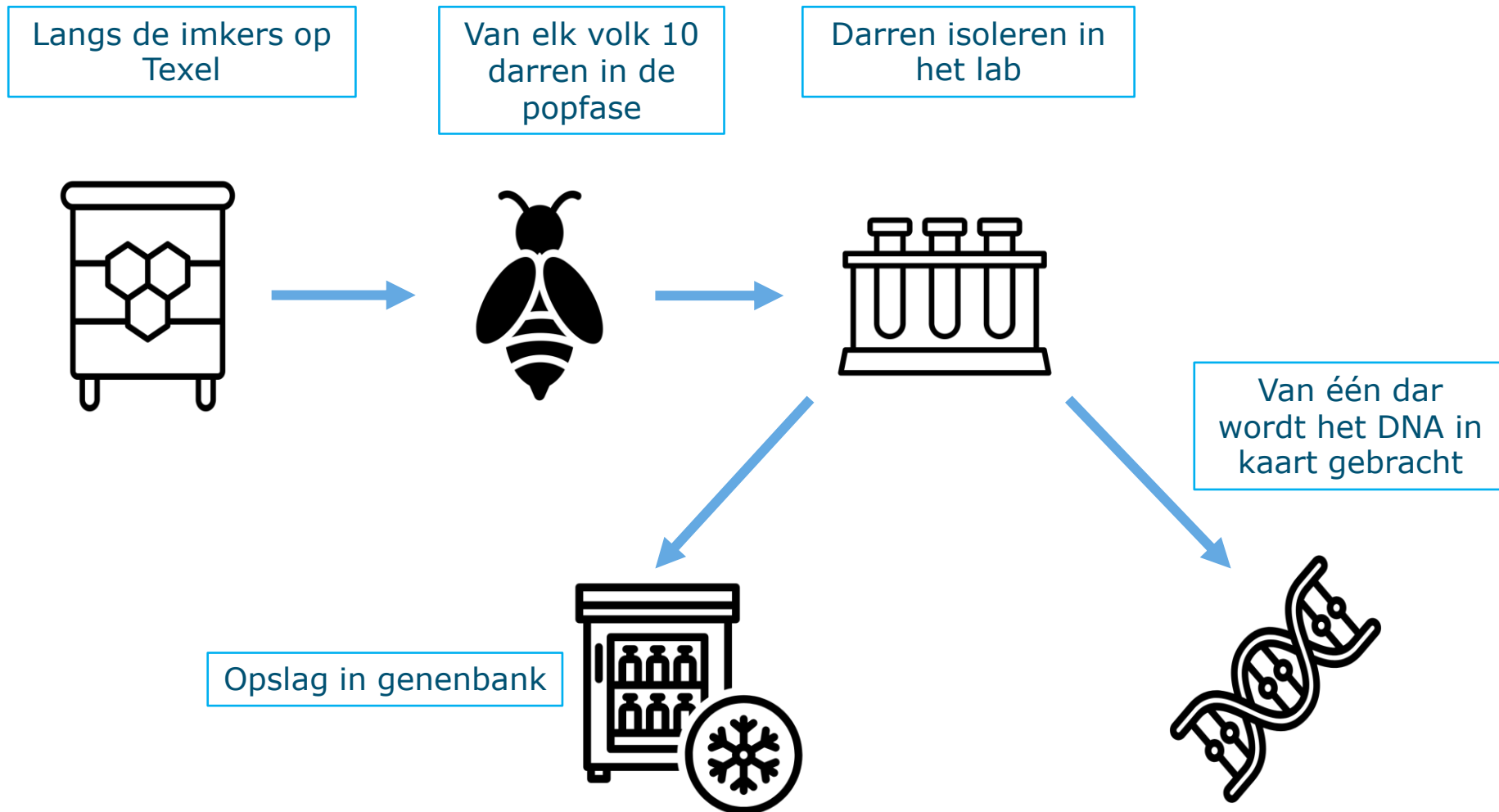
- Selectie genetisch diverse volken
- Beste invries protocol bepalen
- Sampling op Texel
- Inseminaties met bevroren sperma

Wat gaan we doen – 2 (januari 2025)

■ Imkers Texel

- Koppeling aan vleugel data Henk Kok
- Terugkoppeling van resultaten + SZH
- Input voor selecties
- Publiciteit voor Texelse Zwarte Bij

Wat hebben we tot nu toe gedaan?





Centrum voor Genetische bronnen, Nederland (CGN)