

Molekularbiologische Charakterisierung von Bienen- DNA in Honig

S. Länder, P. Behrmann, G. Beckh,
C. Lüllmann

Quality Services International GmbH,
Bremen

Herkömmliche in der Honiganalytik angewandte chemisch-physikalische Methoden erlaubten bislang ebenso wenig wie sensorische Verfahren eine Unterscheidung von Honigen nach ihrem zoologischen Ursprung. Es wird eine PCR-gestützte Methode aufgezeigt, die eine Charakterisierung von Honigen hinsichtlich der Bienenart, von der sie stammen, ermöglicht.

Bestimmte Bereiche der mitochondrialen DNA der Bienenarten *Apis mellifera*, *Apis cerana* und *Apis dorsata* unterscheiden sich in der Abfolge ihrer Basenbausteine [1, 2]. Teilsequenzen dieser Bereiche können mit Hilfe der Polymerase-Ketten-Reaktion (PCR) vervielfältigt werden und ermöglichen eine artgenaue Bestimmung.

Es wurden Honigproben diverser Provenienzen Europas und Asiens untersucht, die sowohl nur von einer bestimmten Bienenart, als auch von unterschiedlichen Bienenarten stammen (Mischhonige). Mit dem beschriebenen PCR-Verfahren lässt sich eine Honigprobe zoologisch drei verschiedenen Honigbienenarten zuordnen. Die Kombination zweier PCR-Systeme ermöglicht die qualitative Charakterisierung eines Honigs bezüglich des Vorhandenseins von DNA der Bienenarten *Apis mellifera*, *Apis cerana* und *Apis dorsata*.

Literatur:

1. Loxdale HD, Lushai G (1998) Bulletin of Entomological Research 88: 577–600
2. Moritz RFA (1994) Advances in Insect Physiology 25: 169–78