



Kaasrahanud Euroopa Liit
Euroopa Põllumajanduse Tagatisfond

EESTI MESINDUSKOGU



Lõpparuanne

Mesilas esinevate patogeenide ja parasiitide kompleksi ajaliste muutuste
kirjeldamine mee metagenoomse DNA analüüsi abil

Tellija: Eesti Mesinduskogu

Aruande koostas: Reet Karise; PhD

Tartu 2025



PROJEKTI LÕPPARUANNE

1. **Projekti nimetus:** Mesilas esinevate patogeenide ja parasiitide kompleksi ajaliste muutuste kirjeldamine mee metagenoomse DNA analüüsi abil

2. **Projekti nimetus inglise keeles:** Describing temporal changes in the complex of pathogens and parasites present in honey bees using metagenomic DNA analysis of honey

3. **Projekti kestus:** 09.05.2025 – 30.06.2025

4. Projekti lõpparuande kokkuvõte:

Käesoleva projekti eesmärgiks oli määrata mee sees esinevate mesilaste patogeenide ja parasiitide kompleksi ja nende ajalist muutust läbi kolme aasta, kasutades selleks mee metagenoomset DNA analüüsi. Toetava taustainfona koguti mesinikelt küsimustiku abil lisainfot nende mesilasperede seisundi kohta viimase kolme aasta vältel.

Töö tulemustest selgub, et mee seest eraldatud meemesilaste parasiitide DNA kirjete arv on üsna väike. Ootuspäraselt leiti enamikest proovidest varroalesta DNA-d, mille hulk mõne proovi puhul oli väga kõrge. Siiski vaadates mesinike endi poolt kirjeldatud varroalesta tõrjeskeeme läbi aastate ja lesta DNA kirjete arvu võib tõdeda, et enamikel juhtudel suutsid mesinikud varroalesta populatsiooni mesilasperedes kontrolli all hoida. Enamikel juhtudel läks mesinike endi hinnang varroalesta kõrge arvukusele kokku mee metagenoomse DNA analüüsi tulemustega, mis samuti kinnitasid kõrget varroalesta arvukust proovis. Trahheelega DNA-d käesoleva uuringus ei tuvastatud. Ühelt poolt võib see tuleneda trahheelega vähesest esinemisest Eestis, kuid teisalt võib viidata sellele, et varroalesta tõrjumisega hävib paralleelselt ka trahheelest (Seda eriti just sipelghappe kasutamise korral). Otsitud meemesilase haigustest leiti ootuspäraselt Ameerika haudmemädaniku (AHM) DNA-d, kuid enamasti äärmiselt väikestes kogustes. Siiski tuvastati kahel juhul väga kõrge Ameerika haudmemädaniku DNA kirjete arv, mis viitab tõenäoliselt piirkondlikule haiguskoldele. Kuna erinevad uuringud on näidanud, et AHM-i eoste kontsentratsioon on suurem mesilashaudmes kui mees, siis käesoleva uuringu puhul 2 kõrget leidu mee sees tähendab seda, et vägagi tõenäoliselt on mesilasperes eoste arv palju suurem ja mesinikud peaksid viivitamatult asjakohased meetmed käsile võtma.

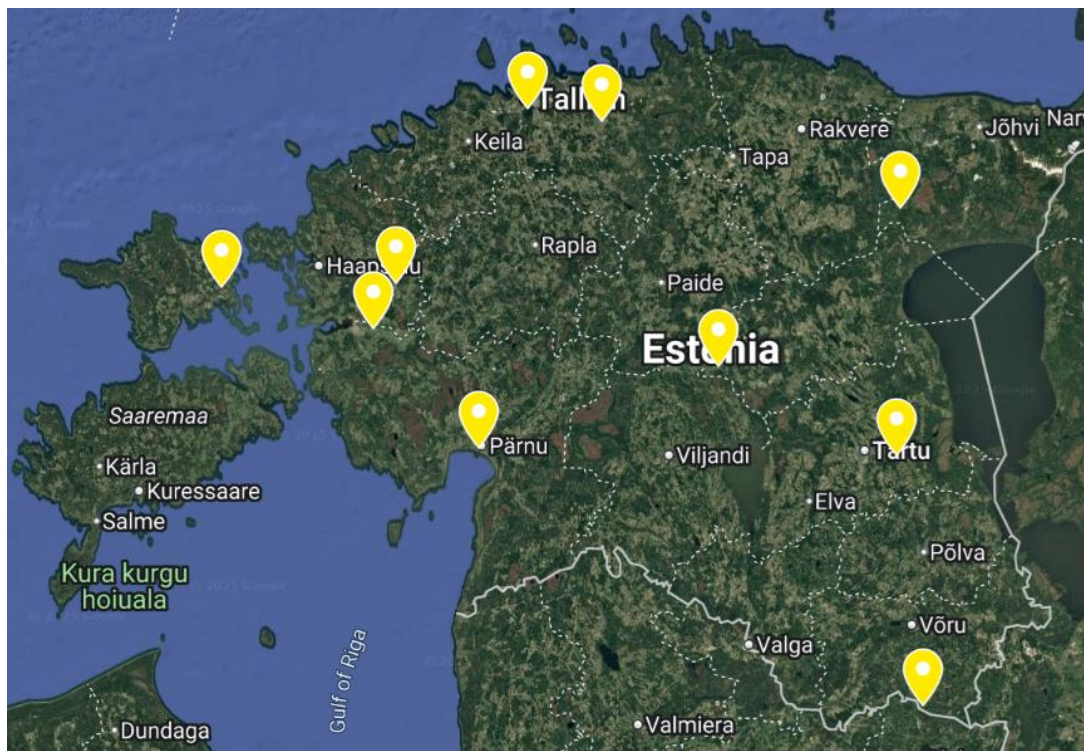
Käesoleva andmestiku põhjal ei tuvastatud olulisi seoseid mesila suuruse, naabruses olevate mesilate arvu, mesilas esinenud suremuse ning haiguste ja parasiitide DNA vahel. Ei AHMi ega varroalesta DNA esinemine ei mõjutanud mesila meetoodangut negatiivselt. Ülejäänud haiguste/parasiitide DNAd esines liiga vähe, et statistilisi analüüse läbi viia. Ka meekorje taimede ja haigustekitajate vahel ei leitud olulisi seoseid. Selliste tulemuste põhjustena võib välja tuua, et proovides esinenud DNA võib tuleneda kaudse saastena (mesilased käivad korjel



öiel, millel leidus võõrast DNAs) või siis ei peegelda mees olevate DNA järjestuste hulk objektiivselt mesilas esineva haiguse või parasiidi mõju.

Metoodika

Meeproovide saamiseks ja asjast huvitatud mesinike kaasamiseks reklaamiti projekti Eesti mesinduskogu kodulehel (www.sekkumine.mesinduskogu.ee) ja sotsiaalmeedias. Projektis osalemise tingimuseks oli see, et mesinik pidi olema valmis andma viimase kolme aasta mett (2022, 2023 ja 2024) – iga aasta kohta ca 500 grammi mett (soovitavalt kristalliseerunud kujul). Huviliste seast sorteeriti mesilad välja selliselt, et hajutatus üle Eesti oleks võimalikult suur. Projektis osales 10 mesilat, kes andsid kokku 30 meeproovi (joonis 1).



Joonis 1. Projektis osalenud mesilate asukohad.

Kui proovid olid toimetatud Eesti Maaülikooli Põllumajandus- ja keskkonnainstituudi Taimetervise õppetooli laborisse, siis seal omistati igale proovile unikaalne kood, ehk teisisõnu kõik proovid anonümiseeriti. Seejärel toimetati 30 unikaalse koodiga meeproovi ettevõttesse Celvia CC AS (Teaduspargi 13, Tartu), kus teostati proovidele mee metagenoomne DNA analüüs (Paluoja et al., 2025).

Eelneva sisendina anti Celvia CC AS-ile ette ka nimekiri mee seest otsitavatest mesilaste patogeenide ja parasiitide kompleksidest (**Tabel 1**). Lisaks meemesilaste parasiitide ja patogeenide kompleksidele määrati meeproovidest metagenoomse DNA analüüsi abil ära ka põhilisemad korjetaimed (**Tabelis 2**). Mesindusvõtete ja patogeenide vaheliste seoste leidmiseks koostati mesinike jaoks ka küsimustik (vt Lisa 1), mis annab olulist lisainfot talvekadude, mesilas rakendatavate varroalesta tõrjeskeemide jm kohta.



Tabel 1. Mee metagenoomse DNA analüüsi abil otsitavad mesilaste parasiitide ja patogeeni kompleksid.

Jrk nr	Meemesilase haigustekitaja/parasiit
1.	Ameerika haudmemädanik (<i>Paenibacillus larvae</i>)
2.	Euroopa haudmemädanik (<i>Melissococcus plutonius</i>)
3.	<i>Nosema apis</i>
4.	<i>Nosema ceranae</i>
5.	Trahheelest (<i>Acarapis woodi</i>)
6.	Lubihaue (<i>Ascosphaera apis</i>)
7.	Kivihau (<i>Aspergillus flavus</i>)
8.	<i>Tropilaelaps</i> lest
9.	Väike tarumardikas (<i>Aethina tumida</i>)
10.	Varroalest (<i>Varroa destructor</i>)
11.	Melanoos (<i>Melanosella mors-apic</i>)

Tabel 2. Meeproovidest metagenoomse DNA analüüsi abil määratud põhilisemad mesilaste korjetaimed

Jrk nr	Taimeliik
1.	Õun (Perekond <i>Malus</i>)
2.	Kirss/Ploom (Perekond <i>Prunus</i>)
3.	Pirn (Perekond <i>Pyrus</i>)
4.	Raps (<i>Brassica napus</i>)
5.	Rüps (<i>Brassica rapa</i>)
6.	Tõlkjas (Perekond <i>Bunias</i>)
7.	Põldsinep (<i>Sinapis arvensis</i>)
8.	Keerispea (<i>Phacelia tanacetifolia</i>)
9.	Tatar (<i>Fagopyrum esculentum</i>)
10.	Päevalill (<i>Helianthus annuus</i>)
11.	Kurgirohi (<i>Borago officinalis</i>)
12.	Ristikud (Perekond <i>Trifolium</i>)

Tulemused

Mees olev DNA pärineb kõikidelt organismidelt, kellega mesilane, mesi või nektarit andnud taim kokku on puutunud. Iga rakk sisaldab DNA-d, kuid analüüsi käigus loendatakse erinevate DNA ahelate juhusliku pikkusega lõike (järjestusi). Piisavalt pika järjestuse korral saab selles olevate nukleotiidipaaride järjestuse põhjal öelda, missugusele organismile see kuulus, juhul kui vastava organismi DNA on kaardistatud, et tagada võrdlusmaterjal. Lähemate sugulasliikide DNA võib sisaldada üksteisega kattuvaid osi – tõsiasi, mistõttu võib käesolev analüüsi teatud juhtudel ühe liigi teisena identifitseerida. Lisaks võib üks DNA ahel laguneda mitmeks osaks ja kui need olid analüüsitava pikkusega tuvastatakse neid ka vastav arv kordi,



mistõttu ei saa käesoleva uuringu tulemusi otseselt näiteks eoste arvuga seostada. Samuti ei ole võimalik hinnata, kas DNA ahela lõik pärines näiteks elusast või surnud eosest. Küll aga saab väga suure tõenäosusega eristada proove, kus mõnda otsitavat organismi oli palju või vähe ning seda on käesolevas raportis tõlgendustena arvesse võetud (Jeong et al., 2022).

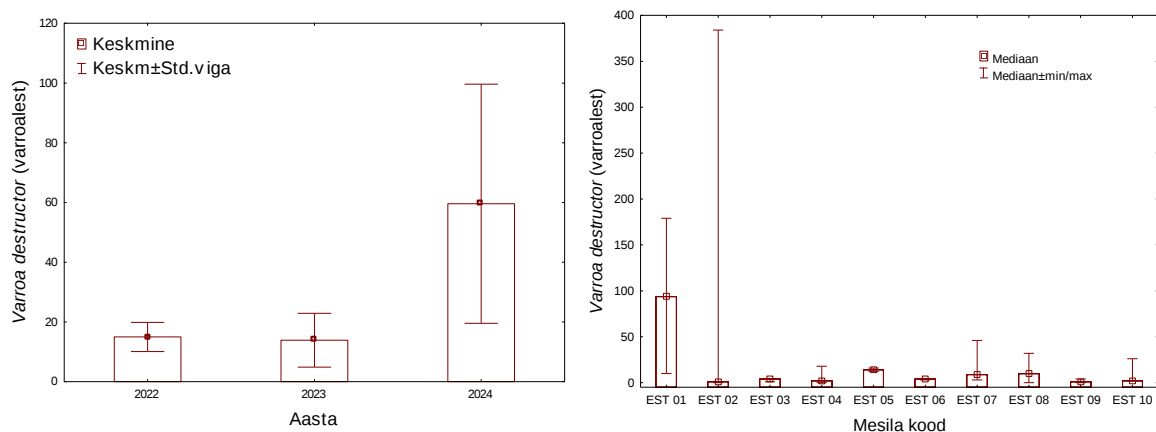
Parasiitide esinemine

Mee metagenoomse DNA analüüsi abil otsiti kokku 4 erinevat meemesilase parasiiti/kahjurit (Trahheelest, Tropilaelaps lest, Väike tarumardikas, Varroalest). Tulemustest selgub, et Väikese tarumardika ja Tropilaelaps lesta DNA-d mee seest ei leitud. Senini ei ole neid mesilaste parasiite meie kliimaregioonist veel leitud, kuid pidev seire on vajalik, sest mõlemad on potentsiaalselt suure levimisvõimega ning mesilastele ohtlikud.

Üllataval kombel ei leitud proovidest ka Trahheelesta DNA-d, mis on ilmselt seletatav sellega, et suur enamik uuringus osalenud mesinikest kasutas varroalesta tõrjeks ka sipelghapet, mis teatavasti mõjub surmavalt ka trahheelestale. Samas ei ole trahheelesta esinemist Eestis kunagi väga arvukalt. Madalat arvukust ja vähest levikut on näidatud ka Itaalias (Pietropaoli et al., 2022), Türgis (Akpınar et al., 2023).

Varroalesta DNA-d leiti kogutud 30-st proovist 26-l juhul. 2024.a. meeproovidest leiti kõrgemaid varroalesta DNA jääke, kuid seos ei olnud statistiliselt oluline ($KW-H(2;30) = 0,6$; $p = 0,75$, **joonis 1**). Meeproove andnud mesinike vahel olulist erinevust ei ilmnunud ($KW-H(9;30) = 9,74$; $p = 0,37$), mis tähendab, et mitte kellegi mee proovides ei olnud uuritavat DNAd püsivalt kõrgel tasemel. Enamikes ($N=18$) proovides oli varroalesta DNAd väga vähe, jäädes alla 10 tuvastatud DNA järjestuse. Ei saa välistada, et selline kogus DNAd või mee sisse sattuda ka läbi kaudse kontakti õiel – nakatunud mesilane oli eelnevalt sama õit külastanud. 9 proovis oli varroalesta DNA järjestusi 10-50, ühes proovis 94, ühes 179 ja ühes 384. näidud 94 ja 179 pärinesid sama mesila järjestikkusest aastatest. Kõigil kolmel kõrge näidu puhul oli mesinik täheldanud ka tarus kõrget lestatuse taset. Kuna varroalesta tõrjevõtteid on mitmeid erinevaid ning käesolevas uuringus osalenud mesinikud olid ka erinevaid võtteid kasutanud (**Tabel 3**), ei ole nii väikese valimi korral võimalik teha nende efektiivsuse analüüsi. Kõik mesinikud olid tegelenud varroalestade tõrjumisega.

Varroalesta DNA jälgede hulka mees ei mõjutanud mesilas olevate perede arv ($r = 0,04$; $p = 0,9$; $r^2 = 0,001$), meekogumise aastal hukkunud perede osatähtsus ($r = -0,33$; $p = 0,13$; $r^2 = 0,11$), teiste parasiitide/patogeenide esinemine ($r = -0,26$; $p = 0,16$; $r^2 = 0,07$) ega ka 5 km raadiusega naabruses olevate mesilate hulk ($r = -0,21$; $p = 0,26$; $r^2 = 0,05$). Tundub, et mesila meetoodangut varroalesta DNA jääkide esinemine negatiivselt ei mõjuta ($r = 0,41$; $p = 0,04$; $r^2 = 0,16$ – nõrk, kuigi statistiliselt oluline positiivne korrelatsioon).



Joonis 1. Varroalesta DNA jääkide hulk meeproovis keskväärtus aastate (vasakul) ja mediaanväärtus mesilate (paremal) kaupa

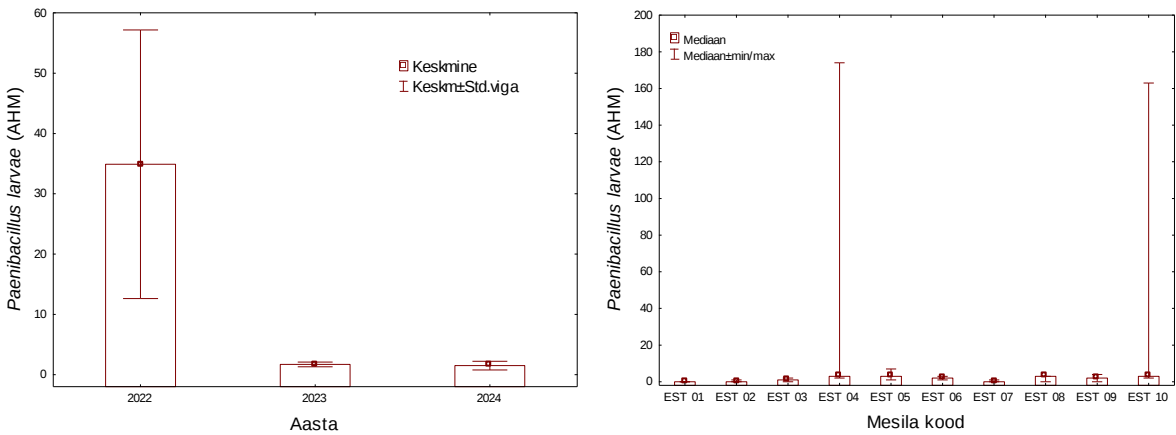
Haiguste esinemine

Mee DNA metagenoomika ei tuvastanud kõnealustel aastatel noseematoosi, mida võib selgitada kaheti. Esiteks, mett vurritatakse Eestis suvisel perioodil, mil vanad talvemesilased on asendunud noorte mesilastega ja mesilaspere kasvu tõttu *Nosema* eoste arvukus mesilasperes "lahjeneb". Teiseks põhjuseks võib olla see, et *Nosema* eosed satuvad küll mette ja liiguvad sealt edasi potentsiaalselt läbi töölismesilaste, kuid samas on näidatud nosema eoste lühikest eluiga mee sees tarutemperatuuril (Malone et al. 2001), mis võibki olla põhjuseks miks antud projekti raames mee seest neid ei leitud.

Lubihauet tuvastati vaid ühest proovist 2022. aasta meest ja sedagi vaid väga väheses koguses. Euroopa haudmemädaniku eoseid leiti samuti väga vähesel määral (1 kirje proovi kohta) ja seda 4-st proovist. Ühestki proovist ei leitud Melanoosi põhjustava *Melanosella mors-apic* DNA-d.

Ameerika haudmemädaniku (AHM) eoseid leiti kokku 20-st proovist. Oluline on märkida, et vaid 2 proovis oli AHMi DNAd hulgaliselt (vastavalt 163 ja 174). Ülejäänud proovides oli see ääretult madal (1-7). Kuigi esimesel aastal oli keskväärtus kõrgem ülejäänud kahest aastast, ei olnud erinevus statistiliselt usutav ($KW-H(2;30) = 1,67$; $p = 0,43$), sest kõrged näitajad esinesid vaid kahes meeproovis. Samuti ei tuvastatud mesilate vahelist erievust ($KW-H(9;30) = 16,6$; $p = 0,06$) (Joonis 2). Kuna erinevad uuringud on näidanud, et AHM-i eoste kontsentratsioon on suurem mesilashaudmes kui mees, siis käesoleva uuringu puhul 2 kõrget leidu mee sees tähendab seda, et vägagi tõenäoliselt on mesilasperes eoste arv palju suurem (Matovic et al., 2023; Lindström et al., 2008) ja mesinikud peaksid viivitamatult asjakohased meetmed käsile võtma.

AHMi DNA esinemine meeproovides ei ole seostatav mesilas esinenud perede hukkumisega ($r = 0,35$; $p = 0,10$; $r^2 = 0,12$), mesila meetoodanguga ($r = 0,08$; $p = 0,69$; $r^2 = 0,01$) ega ka mesila suurusega ($r = -0,18$; $p = 0,33$; $r^2 = 0,03$). Mesilate hulk 5 km raadiuses ei mõjuta AHM DNA esinemist meeproovides ($r = -0,11$; $p = 0,56$; $r^2 = 0,01$). Samuti ei mõjuta meeproovidest leitud kõikide haigustekitajate/parasiitide esinemine ($r = 0,13$; $p = 0,50$; $r^2 = 0,02$) ega ka varroalesta DNA esinemine ($r = -0,04$; $p = 0,84$; $r^2 = 0,001$) AHM DNA esinemist.



Joonis 2. Ameerika haudmemädaniku tekitaja DNA jääkide hulk meeproovis keskväärtus aastate (vasakul) ja mediaanväärtus mesilate (paremal) kaupa

Mesinike varroalesta tõrjeskeemid läbi 3 aasta

Küsimustikule vastanud mesinikel paluti lisaks muule informatsioonile ka ära märkida viimase 3 aasta (2022-2024) varroalesta tõrjeskeemid, mis on koondatud käesolevas töös **Tabelis 3**.

Tabel 3. Mesinike poolt teostatud varroalesta tõrjeskeemid läbi 3 mesindushooaja (2022-2024), vastavalt mesinike endi poolt antud infole.

	Varroalesta tõrje 2022	Varroalesta tõrje 2023	Varroalesta tõrje 2024	Mesilasrass / tõug
Mesinik 1	Augustis 2x sipelghappe aeglane aurumine (10 päevased vahed)	Augustis sipelghappe aeglane aurumine (10 päeva) + Apiguard (10 päeva)	Augustis sipelghappe aeglane aurumine (10 päeva)+ 2x tümooli lapid (10+10 päeva)	Buckfast
Mesinik 2	Tümool + taru kuumutati 41°C	Oblikhappe lapid	Oblikhappe lapid + taru kuumutamine 41°C + Apivar ribad	Buckfast / krants
Mesinik 3	Tümoolilapid sügisel	Preparaat teadmata	Kevadel BeeVital + Sügisel Apiguard + tümooliribad + sipelghappe lapid	Buckfast
Mesinik 4	Sipelghappe aeglane aurustumine	Sipelghappe aeglane aurustumine	Sipelghappe aeglane aurustumine peale	Buckfast



	peale meevõttu + oblikhappe tilgutamine hilissügisel	peale meevõttu + Septembris Apiguard	meevõttu + oblikhappe tilgutamine hilissügisel	
Mesinik 5	Augustis sipelghappe aeglase aurustumise meetod + novembris oblikhappe tilgutamine	Augustis sipelghappe aeglase aurustumise meetod + novembris oblikhappe tilgutamine	Augustis sipelghappe aeglase aurustumise meetod + novembris oblikhappe tilgutamine	Itaalia
Mesinik 6	2x sipelghappe aeglane aurustumine peale meevõttu	2x sipelghappe aeglane aurustumine peale meevõttu	Sipelghappe aeglane aurustumine peale meevõttu + tümooli lapid 10 päeva pärast	Buckfast
Mesinik 7	2x oblikhappe aurutamine kevadel + 3x oblikhappe aurutamine sügisel	2x oblikhappe aurutamine kevadel + 3x oblikhappe aurutamine sügisel	2x oblikhappe aurutamine kevadel + 3x oblikhappe aurutamine sügisel	Itaalia / Kraini
Mesinik 8	Kevadel sipelghappe aeglane aurustumine + suvel BeeVital + sügisel sipelghappe aeglane aurustumine + 3x oblikhappe aurutamine. Vajadusel oblikhappe tilgutamine hilissügisel	Kevadel sipelghappe aeglane aurustumine + suvel BeeVital + sügisel sipelghappe aeglane aurustumine + 3x oblikhappe aurutamine. Vajadusel oblikhappe tilgutamine hilissügisel	Kevadel tõrjet ei teinud. Suvel BeeVital + sügisel 2x sipelghappe aeglane aurustumine + mõned pered said 2x oblikhappe auru või Apiguard geeli. Lisaks vajadusel oblikhappe tilgutamine hilissügisel.	Itaalia
Mesinik 9	Kevadel kiire sipelghappe aurustumine + peale meevõttu	Kevadel kiire sipelghappe aurustumine + peale meevõttu	Kevadel kiire sipelghappe aurustumine + peale meevõttu 2x	Kraini



	2x kiire sipelghappe aurustumine, haudmetegevuse lõppedes oktoobris oblikhappe aur	2x kiire sipelghappe aurustumine, haudmetegevus e lõppedes oktoobris oblikhappe aur	kiire sipelghappe aurustumine, haudmetegevuse lõppedes oktoobris oblikhappe aur	
Mesinik 10	Sügisel oblikhappe aur 3x	Sipelghappe lapid + oblikhappe aur + Apiguard + BeeVital	Apiguard + oblikhappe aur + sipelghappe lapid	Itaalia / Buckfast

Mesinike endi poolt kirjeldatud tõrjeskeemidest nähtub pilt, et mesinikud teevad varroalesta tõrjet mesilasperedes väga hoolsalt. Siiski sooviks rõhutada, et varroalestate loendamine, ehk lestasuse taseme hindamine on mesilasperedes äärmiselt oluline. Olenemata preparaadist kurnab varroalesta tõrje mesilaspere ühel või teisel viisil ja seetõttu pole näiteks madala lestasuse taseme korral mesilasperedele alati otstarbekas liialt palju lestatõrjet teha.

Tabelis 4 on välja toodud mesinike endi täheldused ja lisamärkused, mida nad mesilasperede puhul läbi 3 kõnealuse aasta märganud on. Lisaks viimases lahtris on käesoleva aruande autori kommentaarid, kus ta püüab leida seoseid mesinike tähelepanekute ja reaalsete DNA analüüsist saadud tulemuste vahel.

Tabel 4. Mesinike endi lisamärkused vastavalt aastale ja käesoleva aruande autori kommentaarid.

	Lisamärkused 2022	Lisamärkused 2023	Lisamärkused 2024	Aruande autori kommentaaris
Mesinik 1	Kõrge lestasus	Kõrge lestasus	5 ema probleemsed, 1 pere näljas	2022 aastal mee DNA tuvastas vaid 22 varroalesta DNA. Samas on mesiniku hinnang 2023 ja 2024 lestasuse kõrgele tasemele õige, sest DNA analüüs tuvastas vastavalt 94 ja 179 kirjet.
Mesinik 2	-	-	Lesta oli 3-4x rohkem kui	Mesiniku hinnang on täiesti õige, sest 2024



EESTI MESINDUSKOGU

			eelnevatel aastatel.	aasta proovis tuvastas DNA test 384 varroalesta kirjet, mis iseloomustab väga kõrget lestasuse taset.
Mesinik 3	-	-	-	Nälg
Mesinik 4	Nälg	Hiired ja nugised		-
Mesinik 5	-	-	-	-
Mesinik 6	Invertsiirupi kasutamine kogu täiend- ja talvesöötmise vältel. Selle tulemusena ei kulunud lennumesilased selle kärke paigutamisel, ei tekkinud vajadus uue põlvkonna kasvatamiseks ning sööt ei kaanetatud kärgedes. Tulemusena talvesööt kärgedes oli liigniiske, talvituvaid mesilasi oli liiga vähe ning suutmatus hoida mesilaspere termorežiimi normi piires.	Mesilasema hukkumine või vaikne vahetus hilissuvel, mil paarumine ei õnnestunud.	-	-
Mesinik 7	Kevadel noseματοosi ilminguid, suvel esines	Kevadel noseματοosi ilminguid, suvel esines paralüüsi	Kevadel noseματοosi ilminguid, suvel esines	Mee DNA metagenoomika ei tuvastanud kõnealustel aastatel



EESTI MESINDUSKOGU

	paralüüsi osades peredes, mis sügiseks kadus ära.	osades peredes, mis sügiseks kadus ära.	paralüüsi osades peredes, mis sügiseks kadus ära. Sügisene lehe-ja kanarbikumesi.	nosematoosi, mis muidugi ei tähenda, et nendes mesilates nosematoosi ei esinenud. Vt täpsemat seletust "Tulemused" peatükis "Haiguste esinemine" alt.
Mesinik 8	Lest, pere ventilatsioon, probleem sügisese ema vahetusega	Lest, pere ventilatsioon	Lest, probleem sügisese ema vahetusega	2022. aastal tuvastas DNA 32 varroalesta kirjet, mida võib tõesti siduda lesta- seuse probleemiga mesilasperes. Siiski 2023. a ja 2024. a oli lesta- seuse tase väga madal või olematu (vastavalt 10 ja 0 kirjet).
Mesinik 9	-	-	-	-
Mesinik 10	Hukkus talvel ca 3 pere olid raamid surnud- tõenäoliselt oli ventilatsioon puudulik niiskuse tagajärjel	Kevadel/varasuvel oli lubihauet ja suvealguses samas peres avastasin AHMi mida kinnitasid ka hilisemad labori uuringud	Põhjuseks nälg sööda puudus	Mesinikul on AHM-I osas täiesti õigus. 2022 aasta meeproovist tuli välja kokku 163 AHM-I DNA kirjet, mis viitab kõrgele nakkustasemele mesilasperes.

Tabelis 5 on välja toodud uuringus osalenud mesilate keskmine meetoodang läbi 3 aasta ning lisaks DNA testi kaudu määratud otsitavad peamised korjetaimed osatähtsuse järjekorras. Kultuurtaimede põllud võivad teatud tingimustel (lähikonnas vaid mõni üksik põld ja erinevaid mesilaid palju) soodustada haiguste levikut, seetõttu, et meemesilased armastavad korjel käia suurtel toiduressurssidel (Goulson et al., 2009) ning eelistavad neid looduslikele rohumaadele (Liiskmann, et al., käsikiri, EMÜ). Käesolevas töös kõrvutasime erinevate kultuurtaimede ning patogeenide esinemist mees ja ühtki positiivset korrelatsiooni ei leidnud. Selline tulemus võib tuleneda sellest, et mesilased olid piisavalt terved (mees haiguste/parasiitide jälgi vähe), või et sobilikke korjealasid leidis keskkonnas piisavalt ja need hajutasid mesilased keskkonnas laiali vähendades nii potentsiaalset haiguste levikut.



EESTI MESINDUSKOGU

Järgnevalt on välja toodud uuritud kultuurtaimede DNA ja patogeenide hulga vahelised korrelatsioonid: perekond *Malus* (õun) $r = 0,09$; $p = 0,65$; $r^2 = 0,01$; perekond *Prunus* (kirss/ploom) $r = 0,11$; $p = 0,58$; $r^2 = 0,01$; Perekond *Pyrus* (pirn) $r = -0,01$; $p = 0,96$; $r^2 = 0,001$; raps $r = -0,19$; $p = 0,32$; $r^2 = 0,04$; rüps $r = 0,05$; $p = 0,78$; $r^2 = 0,003$; keerispea $r = -0,11$; $p = 0,72$; $r^2 = 0,01$; tatar $r = -0,56$; $p = 0,02$; $r^2 = 0,32$ (mida rohkem tatra DNAd mees, seda vähem on seal patogeenide DNAd); päevalill $r = 0,19$; $p = 0,32$; $r^2 = 0,03$; ristikud $r = -0,01$; $p = 0,95$; $r^2 = 0,001$.

Tabel 5. Keskmine meetoodang aastate kaupa mesinike poolt antud informatsioonist lähtuvalt.

	Keskmine mee- toodang 2022	Keskmine mee- toodang 2023	Keskmine mee- toodang 2024	3 peamist meetaime tähtsuse järjekorras 2022	3 peamist meetaime tähtsuse järjekorras 2023	3 peamist meetaime tähtsuse järjekorras 2024
Mesinik 1	38	30	32	Raps; Ristikud; Õunapuu	Raps; Rüps; Tõlkjas	Ristikud; Õunapuu; Raps
Mesinik 2	Puudub ülevaade	50	70	Raps; Rüps; Õunapuu	Raps; Õunapuu; Rüps	Tõlkjas; Raps; Ristikud
Mesinik 3	30	22	15	Ristikud; Õunapuu; Pirnipuu	Ristikud; Õunapuu; Raps	Ristikud; Õunapuu; Kirss/ploom
Mesinik 4	50	30	40	Raps; Õunapuu; Pirnipuu	Pirnipuu; Ristikud; Õunapuu	Pirnipuu; Õunapuu; Ristikud
Mesinik 5	70	Puudub ülevaade	Puudub ülevaade	Ristikud; Raps; Rüps	Raps; Ristikud; Rüps	Õunapuu; Ristikud; Pirnipuu
Mesinik 6	50	40	45	Ristikud; Õunapuu; Pirnipuu	Õunapuu; Tõlkjas; Pirnipuu	Ristikud; Õunapuu; Pirnipuu
Mesinik 7	54	44	43	Ristikud; Raps; Õunapuu	Raps; Ristikud; Õunapuu	Õunapuu; Ristikud; Raps
Mesinik 8	40	38,5	42	Ristikud; Raps; Õunapuu	Raps; Õunapuu; Rüps	Ristikud; Õunapuu; Raps



EESTI MESINDUSKOGU

Mesinik 9	30	30	25	Ristikud; Õunapuu; Raps	Ristikud; Rüps; Tõlkjas	Ristikud; Õunapuu; Rüps
Mesinik 10	35	25	30	Ristikud; Õunapuu; Raps	Ristikud; Rüps; Õunapuu	Ristikud; Õunapuu; Raps

Tabelis 6 on välja toodud uuringus osalenud mesilate mesilasperede arv ja talvekadude % läbi kolme aasta. Nende näitajate vahel olulist seost ei tuvastatud ($r = -0,29$; $p = 0,18$; $r^2 = 0,08$). Samuti ei tuvastatud seost mesilaste hukkumise ja mesila ümbruses 5 km raadiuses mesilate arvu vahel ($r = 0,16$; $p = 0,48$; $r^2 = 0,02$).

Tabel 6. Uuringus osalenud mesilate mesilasperede arv ja talvekadude % läbi kolme aasta.

	Mesilas- perede arv 2022	Mesilas- perede arv 2023	Mesilas- perede arv 2024	Talve- kadu 2022 (%)	Talve- kadu 2023 (%)	Talve- kadu 2024 (%)
Mesinik 1	140	187	136	20 %	21,4%	7,4%
Mesinik 2	6	8	10	16,7%	20%	0%
Mesinik 3	14	14	14	Info puudub	Info puuduub	14,3%
Mesinik 4	12	8	10	25%	25%	0%
Mesinik 5	175	208	207	6,3%	8,2%	2,9%
Mesinik 6	10	9	10	40%	11,1%	0%
Mesinik 7	35	30	27	17,1%	13,3%	11,1%
Mesinik 8	19	19	17	21,1%	26,3%	17,6%
Mesinik 9	161	140	121	Info puudub	Info puudub	Info puudub
Mesinik 10	10	40	43	33,3%	Info puudub	Info puudub



Kasutatud kirjandus

Akpınar, R.K., Sevim, A., Sevim, E. et al. 2023. PCR-based detection of the honeybee tracheal mite (*Acarapis woodi*) in Türkiye. Parasitology Research 122, 1663–1670, <https://doi.org/10.1007/s00436-023-07871-x>

Jeong, J., Mun, S., Oh, Y., Cho, C.-S., Yun, K., Ahn, Y., Chung, W.-H., Lim, M.Y., Lee, K.E., Hwang, T.S., et al. 2022. A qRT-PCR method capable of quantifying specific microorganisms compared to NGS-based metagenome profiling data. Microorganisms, 10(2), 324, <https://doi.org/10.3390/microorganisms10020324>

Lindström, A., Korpela, S., Fries I. 2008. The distribution of *Paenibacillus larvae* spores in adult bees and honey and larval mortality, following the addition of American foulbrood diseased brood or spore-contaminated honey in honey bee (*Apis mellifera*) colonies. Journal of Invertebrate Pathology, 99(1), 82-86. <https://doi.org/10.1016/j.jip.2008.06.010>

Malone, L.A., Gatehouse H.S., Tregidga E.L. 2001. Effects of time, temperature, and honey on *Nosema apis* (Microsporidia: Nosematidae), a parasite of the honeybee, *Apis mellifera* (Hymenoptera: Apidae). Journal of Invertebrate Pathology, 77(4), 258-268 <https://doi.org/10.1006/jipa.2001.5028>

Matović, K., Žarković, A., Debeljak, Z., Vidanović, D., Vasković, N., Tešović, B., Ćirić, J. 2023. American Foulbrood—old and always new challenge. Veterinary Sciences, 10(3), 180, <https://doi.org/10.3390/vetsci10030180>

Paluoja, P., Vaher, M., Teder, H., Krjutškov, K., Salumets, A., Raime, K. 2025. Honey bulk DNA metagenomic analysis to identify honey biological composition and monitor honey bee pathogens. Science of Food (2025) 9:91 <https://doi.org/10.1038/s41538-025-00464-1>

Pietropaoli, M., Tofani, S., Formato, G., Rubino, R.C., Pietrella, G., Di Ruggiero, C., Milito, M., Merola, C., Amorena, M., Cersini, A. 2022. Molecular detection of *Acarapis woodi* using hive debris as innovative and non-invasive matrix. Applied Sciences. 2022, 12(6), 2837; <https://doi.org/10.3390/app12062837>



Lisa 1. Mesinikele saadetud küsimustik

Küsimus	Kirjuta vastus siia	Lisamärkused
Mesiniku nimi		
Mesilagruppide täpne asukoht, kus prooviks antud mesi kogutud on: linn; küla; vald (vallad); maakond. Võimalusel PRIA gruppide koodid (kui on)		
Mesilastõug/-rass		
Mesilasperede arv 2022		
Mesilasperede arv 2023		
Mesilasperede arv 2024		
Parasiitide ja haiguste tõrjeskeem 2022		
Parasiitide ja haiguste tõrjeskeem 2023		
Parasiitide ja haiguste tõrjeskeem 2024		
Hukkunud mesilasperede arv 2022 (võite lisamärkustesse kirjutada, mida kahtlustasite mesilasperede huku põhjuseks)		
Hukkunud mesilasperede arv 2023 (võite lisamärkustesse kirjutada, mida kahtlustasite mesilasperede huku põhjuseks)		



Kaasrahanud Euroopa Liit
Euroopa Põllumajanduse Tagatisfond

EESTI MESINDUSKOGU

Hukkunud mesilasperede arv 2024 (võite lisamärkustesse kirjutada, mida kahtlustasite mesilasperede huku põhjuseks)		
Keskmine meetoodang mesilaspere kohta 2022		
Keskmine meetoodang mesilaspere kohta 2023		
Keskmine meetoodang mesilaspere kohta 2024		
Kui soovite veel midagi lisada, siis palun siia lahtrisse		



Kaasrahanud Euroopa Liit
Euroopa Põllumajanduse Tagatisfond

EESTI MESINDUSKOGU