



**Kaasrahanud
Euroopa Liit**

Eesti Maaülikool

**Lõpparuanne: Ameerika haudmemädaniku põhjustajate genotüüpiseerimise
uuring**

Risto Raimets, PhD

Sigmar Naudi, PhD

Margret Jürison, MSc

Tartu 2026

PROJEKTI LÕPPARUANNE

1. **PROJEKTI NIMETUS:** Ameerika haudmemädaniku põhjustajate genotüpiseerimise uuring

2. **PROJEKTI NIMETUS INGLISE KEELES:** Genotyping of the causative agents of American foulbrood

3. **PROJEKTI KESTUS**

Algus: 17.12.2025

Lõpp: 20.08.2026

4. **PROJEKTI EELARVE**

Kululiik	Uuringu erinevate etappide maksumus km-ta
Proovide kogumise kulu km-ta	1200
Proovide ettevalmistamine laboris koos laboritarvikute soetamisega.	1500
Proovide analüüs laboris. Andmete analüüs.	19810
Uuringu lõpparuande koostamine ja tagasiside saatmine uuringus osalenud mesinikele	2650
Eesti Maaülikooli üldkululõiv (20%)	6290
Maksumus kokku km-ta	31450

5. **PROJEKTI LÕPPARUANDE KOKKUVÕTE:**

Käesoleva projekti raames koguti 2025. aasta suvel Eesti eri piirkondades paiknevatest mesilatest haudmeproove ning 2026. aasta kevadel võimaluse korral samadest mesilatest tarulangetise proove. Eesmärgiks oli tuvastada kogutud proovidest Ameerika haudmemädanikku põhjustava *Paenibacillus larvae* eoseid ning määrata isoleeritud tüvede genotüübid ERIC-PCR meetodil. Saadud tulemustest lähtuvalt loodi *P.larvae* erinevate genotüüpide jaotuskaart.

Metoodika

Haudmeproovide kogumine

Esmalt kaardistati mesilad Eesti eri piirkondades, misjärel võeti ühendust mesinikega ning tutvustati neile töö eesmärki ja proovivõtu korraldust. Proovide kogumisega püüti saavutada võimalikult ulatuslik geograafiline kaetus üle Eesti. Proove kogusid Eesti Maaülikooli taimetervise õppetooli tolmeldajate töörühma töötajad. Ristsaastumise vältimiseks kasutati proovide kogumisel ühekordseid proovivõtuvahendeid.

2025. aastal koguti töölishaudme proove kokku 53 mesilapunktist üle Eesti. Igast mesilapunktist võeti võimaluse korral värskelt kaanetatud haudmeproov kolmest erinevast mesilasperest. Iga proov paigutati eraldi selleks ettenähtud ja nõuetekohaselt märgistatud anumasse. Kokku koguti 145 haudmeproovi. Proovivõtukohtade geograafiline jaotus Eestis on esitatud **joonisel 1**. Kogutud proovid transporditi termokastides võimalikult kiiresti Eesti Maaülikooli laborisse ning säilitati kuni analüüsimiseni temperatuuril $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$.

Värskelt kaanetatud töölishaudme uurimine on Ameerika haudmemädaniku tekitaja *Paenibacillus larvae* tuvastamisel oluline, kuna nakatumine toimub vastseeas, ning nakatunud haue sureb sageli pärast haudmekannu kaanetamist. Seetõttu võimaldab värskelt kaanetatud haudme analüüsimine tuvastada nakkust haiguse arengujärgus, mil *P. larvae* võib haudmes juba esineda, kuid tüüpilised kliinilised haigustunnused ei ole veel välja kujunenud.

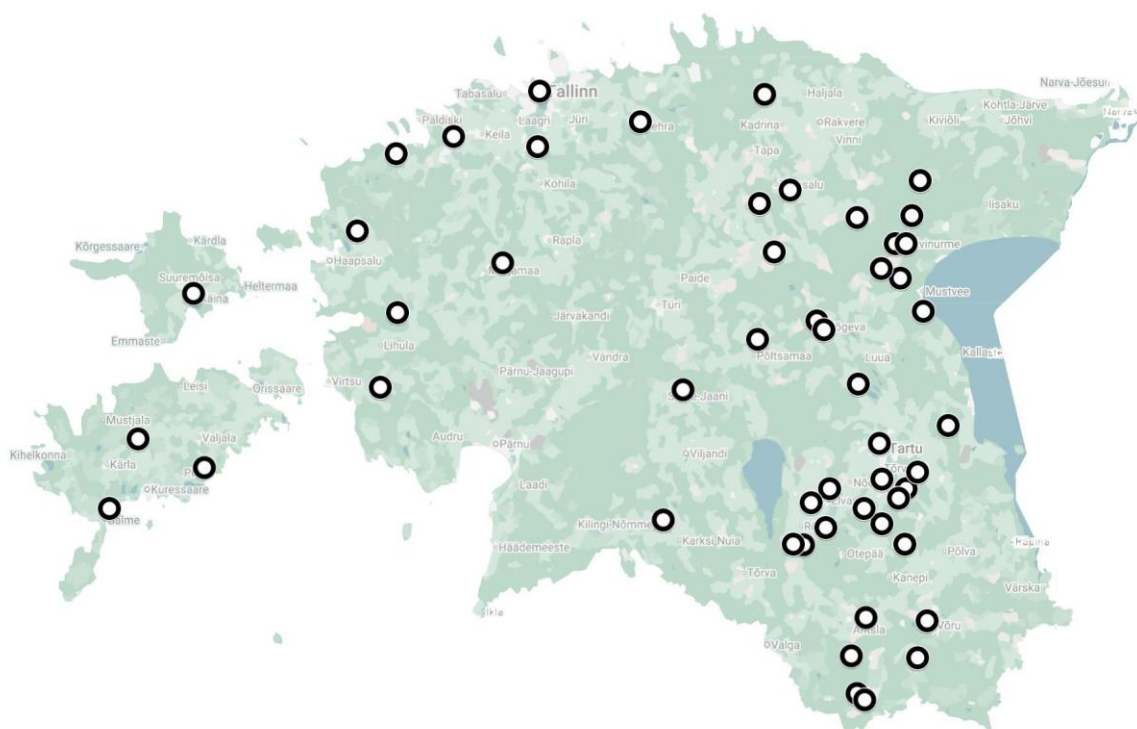
2026. aasta talvel sulatati kogutud haudmeproovid ning igast proovist eraldati 20 eelnuku staadiumis töölishauet. Materjal homogeniseeriti Eppendorfi tuubides, purustades eelnukud ühekordse plastiktikuga. Seejärel lisati proovile PBS-puhverlahust ning proov segati vortex-segisti abil ühtlaseks suspensiooniks. Pärast homogeniseerimist kuumutati proove laboriahjus $82\text{ }^{\circ}\text{C}$ juures 20 minutit. Kuumtöötamise eesmärk oli vähendada proovis teiste võimalike mikroorganismide esinemist ja soodustada spooride tuvastamist järgnevas analüüsis. *P. larvae* spoorid säilitavad elujõulisuse sellise kuumtöötamise tingimustes.

Töölishaudme uurimise eesmärk on tuvastada *P. larvae* otse haudmest ning vajaduse korral saada bakterist puhaskultuur edasiseks genotüüpiseerimiseks (Amšiejute *et al.* 2022). Ameerika haudmemädanik on eelkõige vastsete ja nukkude haigus ning tugevalt nakatunud haudmes võib esineda väga suur hulk *P. larvae* spoore. Seetõttu on nakatunud haudmematerjal diagnostiliselt väärtuslik.

Proovid märgistati viisil, mis võimaldas säilitada nende seose konkreetse mesilaspere ja proovivõtukohaga. Erinevatest mesilasperedest pärinevat materjali ei ühendatud enne analüüsi, võimaldades võrrelda *P. larvae* esinemist eri peredes ning positiivsete proovide korral määrata saadud isolaatide genotüüpe.

Homogeniseerimise eesmärk oli jaotada haudmekude ja selles sisalduv mikroobne materjal vedelikus võimalikult ühtlaselt. Võrreldes tarulangetise proovidega on haudmeproovide ettevalmistamine lihtsam, kuna puudub vajadus suure koguse vahamaterjali eemaldamiseks ja vesifaasi eraldamiseks. Saadud homogenisaati saab sõltuvalt analüüsi eesmärgist kasutada nii kultuuripõhiseks uuringuks kui ka DNA eraldamiseks ja sellele järgnevas PCR- või qPCR-analüüsiks. Vajaduse korral võib osa homogenisaadist säilitada kordusanalüüsideks.

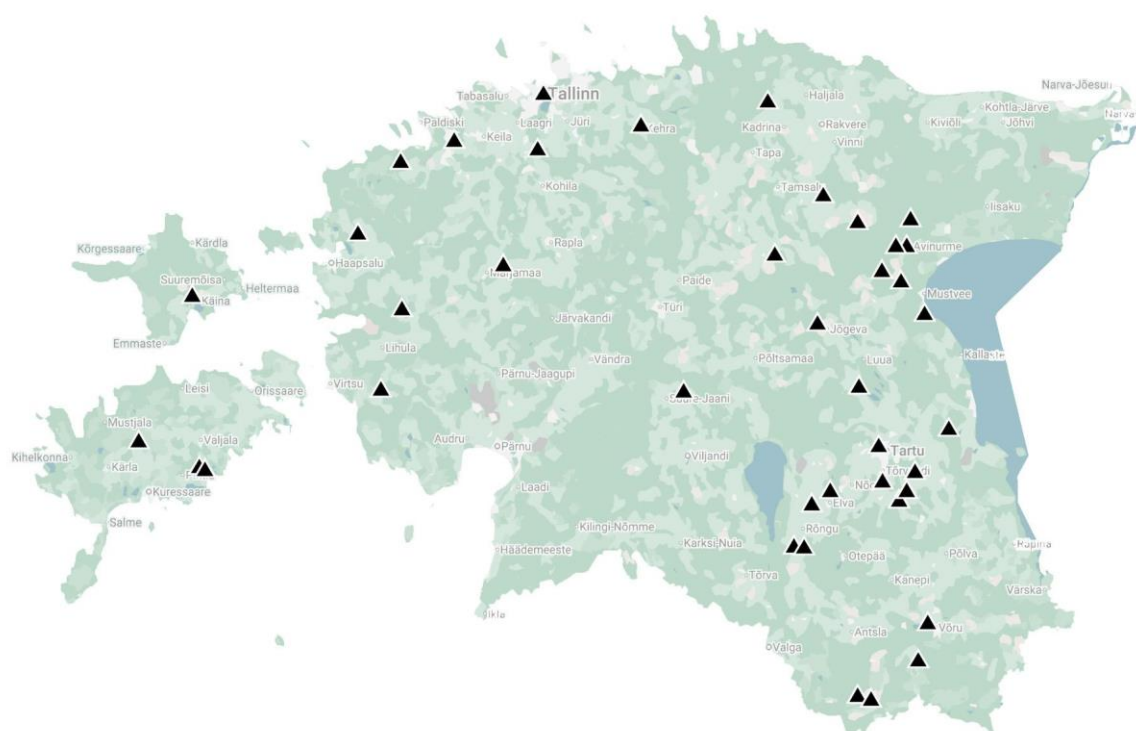
Töödeldud materjal külvati *Paenibacillus larvae* kasvatamiseks 5% lambaverd sisaldavale Columbia agarile vastavalt laboris kasutatavale külviprotokollile. Agarplaate inkubeeriti 3–7 päeva. Pärast inkubeerimist hinnati söötmel kasvanud kolooniaid ning *P. larvae* suhtes kahtlastest kolooniatest valmistati puhaskultuurid. Kinnitatud puhaskultuurist võeti materjal DNA eraldamiseks ja edasiseks genotüpiseerimiseks.



Joonis 1. 2025 aasta suviste haudmeproovide jaotuskaart.

Tarulangetise proovide kogumine

Kevadel 2026 koguti võimalusel samadest mesilagruppidest ja võimaluse korral samadest mesilasperedest kokku 133 tarulangetise proovi. Proovide arv oli võrreldes 2025. aastal kogutud haudmeproovidega väiksem, kuna osa projektis osalenud mesilasperedest oli talve jooksul hukkunud või nugiste, karude või lindude tõttu kahjustada saanud ning mesinikud olid need enne proovide kogumist juba eemaldanud. Kahel juhul ei õnnestunud tarulangetise proove saada mesinikelt, kelle mesilasperedest oli 2025. aastal kogutud haudmeproove. Vaatamata sellele koguti uuringu jaoks kokku 133 tarulangetise proovi. Proovide kogumiskiirkonnad on esitatud **joonisel 2**.



Joonis 2. 2026 aasta kevadiste tarulangetise proovide jaotuskaart.

Tarulangetise proove kogusid Eesti Maaülikooli Taimetervise õppetooli tolmeldajate töörühma töötajad. Mõnel juhul juhendati mesinikke enne proovide võtmist põhjalikult ning proovid kogusid mesinikud ise. Sellisel juhul säilitati proove sügavkülmas kuni nende üleandmiseni EMÜ töötajatele.

Käesolevas uuringus käsitletakse tarulangetisena 2025/2026. aasta talve jooksul taru põhjale langenud surnud mesilasi, vahapuru ja muud sinna kogunenud materjali. Igast tarust võetud proov koguti selleks ette nähtud ja eelnevalt märgistatud proovianumasse. Proovide kogumisel kasutati ühekordseid proovivõtuvahendeid, et vältida proovidevahelist ristisaastumist.

Kogutud proovid toimetati Eesti Maaülikooli laborisse, kus neid säilitati kuni edasise töötlemiseni temperatuuril $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$. 2026. aasta kevadel võeti proovid sügavkülmast välja ning tarulangetisest eraldati surnud mesilased ja vahapuru. Edasiseks analüüsiks eraldati igast proovist vähemalt 1 g vahapuru, mis paigutati 50 ml tuubi ja märgistati vastava proovi koodiga.

Tarulangetise proovide töötlemise eesmärk oli vabastada vahapuru ja muu tarulangetise materjaliga seotud *Paenibacillus larvae* spoorid ning viia need vesifaasi, mida sai kasutada edasiseks mikrobioloogiliseks ja molekulaarseks analüüsiks.

Igast tarulangetise proovist võeti ligikaudu 1 g vahapuru. Suuremad vahatükid peenestati enne töötlemist väiksemateks osadeks, et suurendada materjali kokkupuutepinda ekstraktsioonilahusega. Ühele grammile vahapurule lisati 10 ml PBS-i, mis sisaldas Tween 20. PBS/Tween 20 lahuse valmistamiseks kasutati $1\times$ PBS-i ning Tween 20 lõppkontsentratsioon oli 0,05–0,1%. Seega lisati ühe liitri PBS-i kohta 0,5–1,0 ml Tween 20. Tween 20 kasutati pindaktiivse aina, et soodustada hüdrofoobse vahamaterjali ühtlast jaotumist lahuses ning vahaga seotud mikroobse materjali vabanemist vesifaasi.

Pärast PBS/Tween 20 lahuse lisamist segati proovid põhjalikult. Seejärel hoiti proove $70\text{ }^{\circ}\text{C}$ juures 15 minutit ning segati neid töötlemise ajal regulaarselt. Soojendamise eesmärk oli mesilasvaha pehmeneda ja sulatada, et suurendada vahamaterjali kokkupuudet vedelfaasiga. Vaha täielikku lahustumist PBS/Tween 20 lahuses ei eeldatud, kuna tegemist oli kahefaasilise süsteemiga. Oluline oli saavutada vahamaterjali võimalikult ühtlane jaotumine vedelfaasis ning soodustada vahaga seotud mikroobse materjali vabanemist. Vajaduse korral homogeniseeriti proove täiendavalt vortex-segistiga.

Kui proove ei olnud võimalik kohe edasi töödelda, säilitati PBS/Tween 20 lahusega homogeniseeritud materjali esmalt temperatuuril $4\text{ }^{\circ}\text{C}$. Sellel temperatuuril säilitati proove vajaduse korral ligikaudu ühe ööpäeva jooksul. Pikema säilitamise korral külmutati proovid temperatuuril $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$. Enne edasist töötlemist lasti proovidel täielikult sulada ning need segati uuesti põhjalikult läbi, kuna säilitamise ajal võisid vaha, vesifaas ja tahked osakesed üksteisest eralduda.

Pärast homogeniseerimist võeti suspensioonist ligikaudu 1 ml alikvoot mikrotsentrifuugituubi ning tsentrifuugiti vahafaasi, vesifaasi ja raskema tahke materjali eraldamiseks. Tsentrifuugimise järel paiknes vahamaterjal valdavalt proovi ülemises osas, raskem tahke materjal aga võis settida tuubi põhja. Vaha- ja vesifaasi piirile võis moodustuda ka hägune emulsioonikiht. Edasiseks analüüsiks koguti ettevaatlikult vesifaas, vältides võimaluse korral ülemise vahakihi, faasidevahelise emulsioonikihi ja tuubi põhja settinud jämedama materjali kaasamist.

Kultuuripõhiseks analüüsiks ette nähtud vesifaasile tehti enne külvi selektiivne kuumtöötlus temperatuuril 85 °C 15 minuti jooksul. Kuumtöötamise eesmärk oli vähendada proovis esineva vegetatiivse kaasmikrofloora hulka, säilitades samal ajal *P. larvae* spooride tuvastatavuse. Pärast kuumtöötlust lasti proovidel jahtuda ning need segati enne edasist analüüsi uuesti põhjalikult läbi.

Töödeldud vesifaas külvati *Paenibacillus larvae* kasvatamiseks 5% lambaverd sisaldavale Columbia agarile vastavalt laboris kasutatavale külviprotokollile. Agarplaate inkubeeriti 3–7 päeva. Pärast inkubeerimist hinnati söötmel kasvanud kolooniaid ning *P. larvae* suhtes kahtlastest kolooniatest valmistati puhaskultuurid. Kinnitatud puhaskultuurist võeti materjal DNA eraldamiseks ja edasiseks genotüüpiseerimiseks.

***Paenibacillus larvae* isolaatide genotüüpiseerimine**

Paenibacillus larvae isolaatide genotüüpiseerimiseks kasutati ERIC-PCR (Enterobacterial Repetitive Intergenic Consensus PCR) meetodit. Meetodi eesmärk oli määrata uuritud isolaatide kuuluvus ERIC I–V genotüüpi, võrreldes proovide amplifikatsioonil saadud DNA-fragmentide mustreid vastavate referentstüvede ERIC-PCR profiilidega.

DNA eraldamine

DNA eraldamiseks kasutati 6% Chelex 100 (Bio-Rad) suspensiooni. *P. larvae* puhaskultuurist kraabiti üks või mõned hästi isoleeritud kolooniad ning suspendeeriti 200 µl steriilses Milli-Q vees. Proove tsentrifuugiti 2 min kiirusel 10 000 rpm, mille järel eemaldati supernatant ning rakusade resuspendeeriti 150 µl 6% Chelex 100 suspensioonis.

Proove inkubeeriti 20 min temperatuuril 56 °C loksutamiskiirusel 250 rpm. Seejärel vortexiti proove suurel kiirusel 10 s ning kuumutati 20 min temperatuuril 99 °C loksutamiskiirusel 250 rpm. Pärast kuumutamist vortexiti proove uuesti 10 s ning tsentrifuugiti 8 min kiirusel 12 000 rpm.

Tsentrifuugimise tulemusena settisid Chelexi osakesed ja rakujäänused tuubi põhja ning DNA-d sisaldav supernatant kanti ettevaatlikult uude steriilsesse tuubi. Saadud DNA ekstrakti kasutati ERIC-PCR-i matriitsina. Vajadusel säilitati DNA ekstrakte kuni analüüsimiseni temperatuuril –20 °C.

ERIC-PCR

ERIC-PCR reaktsioonis kasutati praimereid PLaERIC1for ja PLaERICrev:

- PLaERIC1for: 5'-ATGTAAGCTCCTGGGGATTAC-3'
- PLaERICrev: 5'-AAGTAAGTGACTGGGGTGAGCG-3'

Praimerite lõppkontsentratsioon PCR-reaktsioonis oli 0,2 µM. PCR-i kogumaht oli 25 µl. Reaktsioonisegu valmistamiseks kasutati 2× DreamTaq Green PCR Master Mixi. Praimerite 10 µM töölahuste kasutamisel sisaldas üks reaktsioon 12,5 µl DreamTaq Green PCR Master Mixi, 0,5 µl PLaERIC1for praimerit, 0,5 µl PLaERICrev praimerit, 6,5 µl steriilset Milli-Q vett ja 5 µl DNA.

Kõigi proovide jaoks valmistati ühine mastermix, mis sisaldas DreamTaq Green PCR Master Mixi, mõlemat praimerit ja Milli-Q vett. Mastermix jaotati PCR-tuubidesse 20 µl kaupa ning igasse reaktsiooni lisati eraldi 5 µl vastava isolaadi DNA-d.

ERIC-PCR produktide analüüs agarosgeelelektroforeesil

PCR-produktide analüüsimiseks kasutati agarosgeelelektroforeesi. ERIC-PCR fragmentide paremaks lahutamiseks valmistati 1,2% agarosgeel 1× TBE puhvril.

Agaros lahustati kuumutamisel TBE puhvril ning geel jahutati enne vormi valamist. DNA visualiseerimiseks kasutati laboris kasutatavat DNA värvainet. Elektroforees viidi läbi 1× TBE jooksupuhvril.

ERIC-genotüübi määramine

Isolaatide ERIC-genotüüp määrati ERIC-PCR amplifikatsioonil saadud ribamustri põhjal. Uuritavate isolaatide profiile võrreldi teadaoleva ERIC-genotüübiga *P. larvae* referentstüvede profiilidega.

Genotüüpide võrdlemiseks kasutati järgmisi referentstüvesid:

ERIC-genotüüp	Referentstüvi
ERIC I	DSM 25719
ERIC II	DSM 25430

ERIC III	LMG 16252
ERIC IV	LMG 16247
ERIC V	DSM 106052

Isolaadi genotüüp määrati kogu ERIC-PCR ribamustri sarnasuse põhjal vastava referentstüve ribamustriga. Hindamisel arvestati mitme erineva suurusega amplifikatsiooniproducti kombinatsiooni, mitte üksiku DNA-riba esinemist.

ERIC-PCR võimaldas seega määrata uuritud *P. larvae* isolaadid ERIC I–V genotüüpidesse.

Mesinikelt lisainformatsiooni küsimine

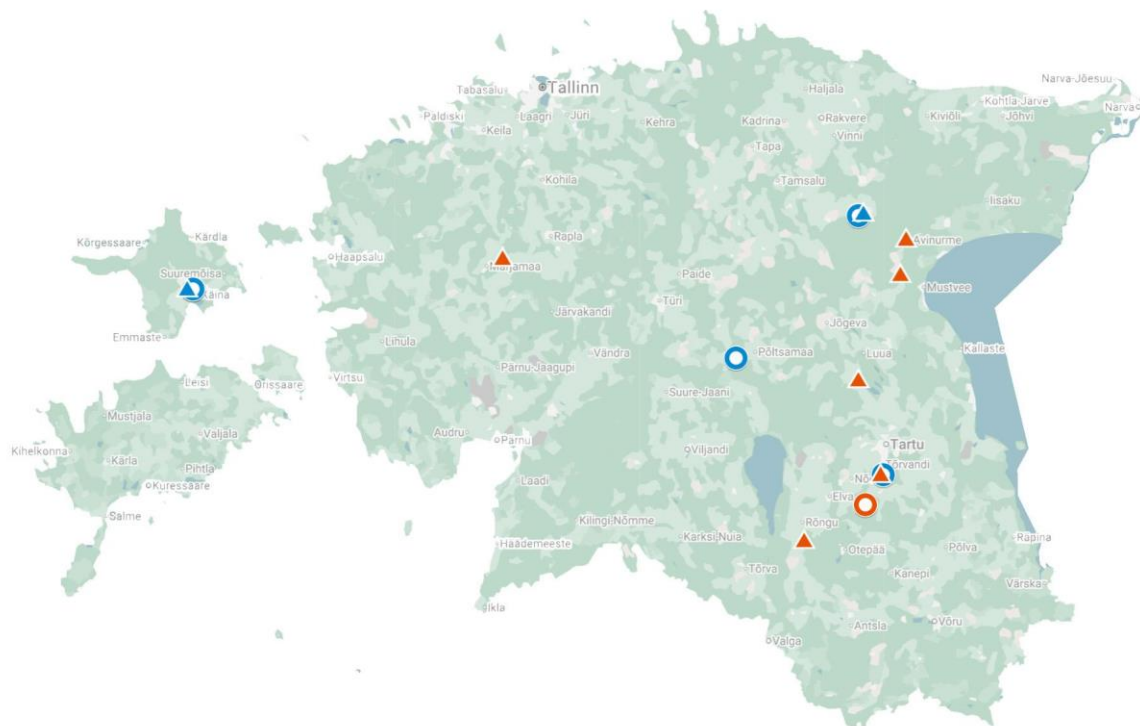
Projektis osalenud Maaülikooli töötajad koostasid taustinformatsiooni kogumiseks mesinike jaoks väikese küsimustiku, mida nad ise mesinikelt proove kogumas käies paralleelselt ka täitsid. Küsimustiku ühe olulise osana sooviti mesinikelt saada teada, et milliseid hügieeni võtteid mesilas mesinikud praktiseerivad (kuidas teostatakse raamide ja inventari desinfitseerimist). Lisaks sooviti saada lisainformatsiooni mesilas peetavate mesilasperede kohta (tõug/rass; millised mesilasemad on kasutusel).

Tulemused

Töö tulemustest selgub, et Ameerika haudmemädaniku suhtes positiivsete proovide arv oli suhteliselt väike nii suvel kogutud haudmeproovide kui ka kevadel kogutud tarulangetise proovide hulgas. Kokku analüüsiti 278 proovi, millest Ameerika haudmemädaniku tekitaja *Paenibacillus larvae* tuvastati 18 proovis (6,5%). Positiivsetest proovidest 7 (38,9%) olid suvised haudmeproovid ja 11 (61,1%) kevadised tarulangetise proovid (**Joonis 3**).

Suviste haudmeproovide hulgas oli positiivsete proovide osakaal 4,8%, samas kui kevadiste tarulangetise proovide hulgas oli see 8,2%. Seega oli positiivsete proovide osakaal **väiksem** suvel kogutud haudmeproovides võrreldes kevadiste tarulangetise proovidega.

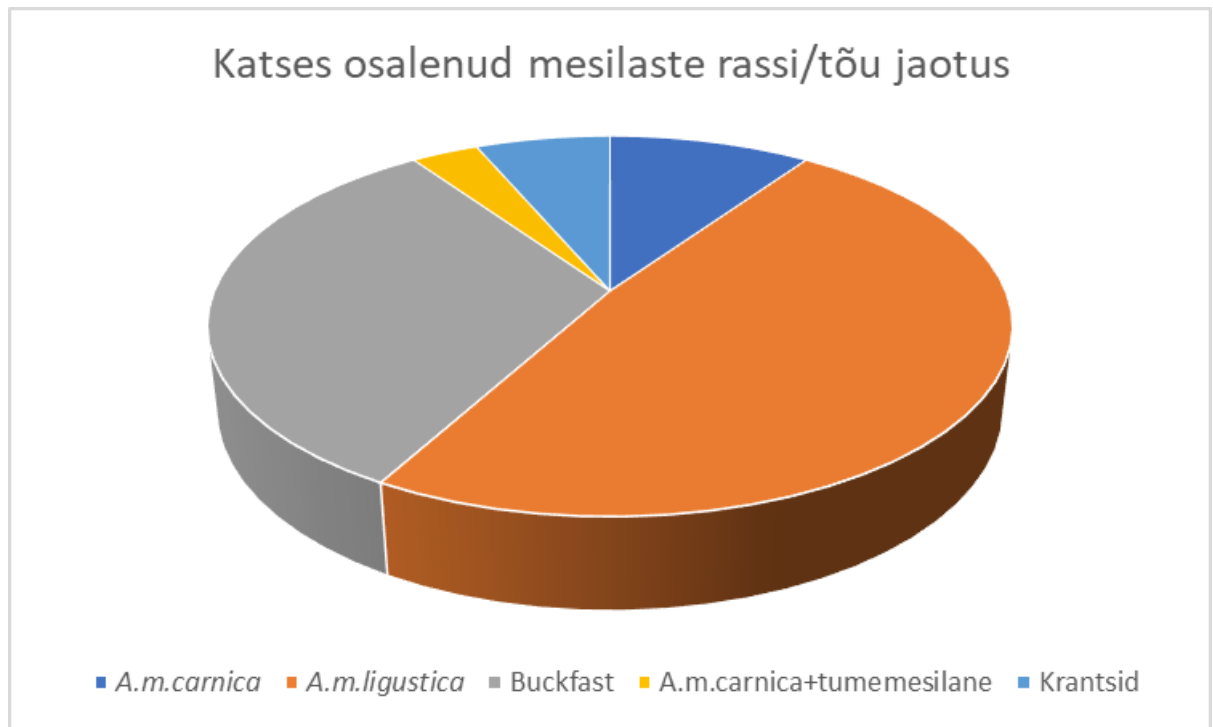
ERIC-PCR analüüsi tulemused näitasid, et positiivsete proovide hulgas tuvastati arvuliselt kõige enam ERIC II genotüüpi. ERIC II tuvastati 10 proovis, moodustades 55,6% kõigist positiivsetest proovidest, samas kui ERIC I genotüüp tuvastati kaheksas proovis ehk 44,4% positiivsetest proovidest (**Joonis 3**). Asukohapõhiselt oli siiski laiemalt levinud ERIC I genotüüp, mida tuvastati suuremas arvus erinevates proovivõtukohtades. ERIC II suurem proovide arv tulenes sellest, et ühes proovivõtukohas tuvastati seda genotüüpi mitmes sama asukoha tarus ehk mitmes eraldiseisvas proovis. Seega oli ERIC II osakaal proovide lõikes suurem, kuid ERIC I genotüüp oli geograafiliselt laiemalt levinud.



Joonis 3. Kolmnurgad joonisel tähistavad 2026. aastal kogutud ja positiivseks osutunud tarulangetise proove. Ringid joonisel tähistavad 2025. Aastal kogutud ja positiivseks osutunud töölishaudme proove. Punane värvus kujutisel tähistab ERIC I genotüüpi ja sinine värvus tähistab ERIC II genotüüpi.

Mesinikelt lisainformatsiooni küsides selgus, et pea kõik proovide kogumisel osalenud mesinikud praktiseerivad oma mesilates raamide pesu seebikiviga. Vaid ühel juhul kasutas mesinik raamide vahasulatusjärgseks desinfitseerimiseks raamide kraapimist konkspeitliga ja seejärel leeklambiga üle põletamist. Mesinikelt küsiti informatsiooni ka nende mesilates kasutatavate meemesilaste rassi/tõu kohta. **Joonisel 4** on välja toodud mesilaste rasside/tõu jaotus. Kõige populaarsemaks rassiks osutus Itaalia mesilane (*A.mellifera ligustica*) (48,4%), talle järgnesid Buckfasti tõugu mesilane (32,3%) ja Kraini mesilane (*A.mellifera carnica*) (9,7%). Ühe mesila puhul kasutas mesinik

Kraini ja kohaliku tumemesilase ristandeid. Kahel juhul ei teadnud mesinik oma mesilaste täpsed rassi/tõugu ja need liigitusid krantsideks. Mesinikud tõid veel oma vastustes välja, et mesilasperede talvitumine oli halb (4 mesinikku). Ühel juhul toodi välja ka lubihaudme esinemist ja nõrka perede arengut kevadel. Ameerika haudmemädaniku kliinilist pilti täheldas vaid üks proove andnud mesinik.



Joonis 4. Projektis osalenud mesilaste rassi/tõu jaotus.

6. JÄRELDUSED

- 1) Käesoleva projekti tulemused näitasid, et Ameerika haudmemädaniku tekitaja *Paenibacillus larvae* esinemissagedus uuritud proovides oli suhteliselt madal. Kokku analüüsitud 278 proovist tuvastati *P. larvae* 18 proovis ehk 6,5% proovidest. Haigustekitajat leiti nii suvel kogutud haudmeproovidest kui ka kevadel kogutud tarulangetise proovidest.
- 2) ERIC-PCR analüüsi põhjal tuvastati kaks *P. larvae* genotüüpi – ERIC I ja ERIC II. Domineerivaks osutus ERIC II, mis moodustas 55,6% positiivsetest proovidest, samas kui ERIC I osakaal oli 44,4%.
- 3) Oluliseks tulemuseks võib pidada ka seda, et Ameerika haudmemädanikule iseloomulikke kliinilisi tunnuseid oli täheldanud vaid üks uuringus osalenud mesinik, kuigi *P. larvae* tuvastati kokku 18 proovis. See näitab, et haigustekitaja võib mesilasperes esineda ka siis, kui Ameerika haudmemädanikule iseloomulikud kliinilised tunnused puuduvad.
- 4) Mesinike seisukohast näitavad tulemused, et mesilasperede visuaalse kontrolli kõrval on oluline ka laboratoorne seire, kuna *P. larvae* võib olla tuvastatav ka peredes, kus Ameerika haudmemädanikule iseloomulikke kliinilisi tunnuseid ei ole märgatud. Haiguse leviku vähendamiseks on oluline jätkata mesindusinventari regulaarset puhastamist ja desinfitseerimist ning pöörata tähelepanu võimalikele muutustele haudme tervises.
- 5) Loomatervise ja mesinduspoliitika seisukohast toetavad saadud tulemused Ameerika haudmemädaniku laboratoorse seire jätkamist. Seire ei peaks põhinema üksnes kliinilise haiguse kahtlusega mesilasperedel, sest *P. larvae* tuvastati ka olukordades, kus mesinikud haigusele iseloomulikke tunnuseid ei olnud täheldanud. Regulaarne või riskipõhine proovide kogumine võimaldaks saada parema ülevaate haigustekitaja levikust ning jälgida selle muutumist ajas. ERIC-genotüüpide määramine ja kaardistamine võiks seejuures anda täiendavat teavet erinevate genotüüpide leviku kohta Eestis.
- 6) Eesti mesinduse seisukohalt on oluline ka ERIC II genotüübi suurem osakaal uuritud proovides. ERIC II moodustas 55,6% kõigist tuvastatud *P. larvae* genotüüpidest. Varasemate uuringute põhjal erinevad ERIC-genotüübid haiguse kulgemise ja virulentsuse poolest ning ERIC II korral võib nakatunud haue hukkuda kiiremini kui ERIC I korral. See võib mõjutada ka mesilasperes täheldatavat haiguspilti ning raskendada haiguse äratundmist üksnes tavapäraste kliiniliste tunnuste põhjal.

7. TULEMUSTE LEVITAMINE

- 1) Käesoleva töö tulemustest on kavas kirjutada koos Eesti Maaülikooli kolleegidega rahvusvaheliselt eelretsenseeritav teadusartikkel. Antud artiklis pööratakse just rõhku AHM-i erinevate genotüüpide levikule Eestis ja nende muutust ajas ja erinevates maatriksites (haudmeproovid vs tarulangetise proovid).
- 2) Projektis osalenud mesinikele saadeti personaalselt nendelt kogutud proovide tulemused e-maili peale.
- 3) Projekti tulemusi tutvustatakse erinevatel Eesti mesinikele mõeldud teabepäevadel.
- 4) Projekti tulemusi esitletakse rahvusvahelistel mesinikele ja teadlastele suunatud konverentsidel.

8. KASUTATUD ALLIKAD

Amšiejute P, Jurgelevičius V, Mačiulskis P, Butrimaite-Ambrozevičiene C, Pilevičiene S, Janeliunas Z, Kutyrjova T, Jacevičiene I and Paulauskas A (2022) Molecular diversity of *Paenibacillus* larvae strains isolated from Lithuanian apiaries. *Front. Vet. Sci.* 9:959636. doi: 10.3389/fvets.2022.959636