

Insektenmikrobiom

Blüten, Bestäuber und ihre Bakterien – eine Dreiecksbeziehung

ARNE WEINHOLD, ALEXANDER KELLER

CENTER FOR ORGANISMIC ADAPTATION, ZELLULÄRE UND ORGANISMISCHE
NETZWERKE, LMU MÜNCHEN

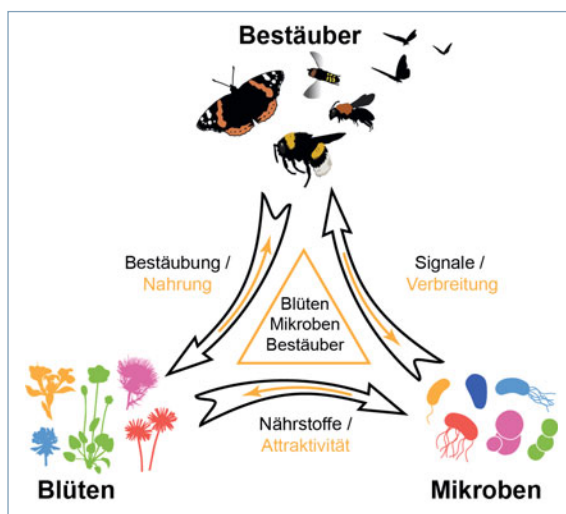
The plant-microbe-pollinator triangle represents a mutualistic tripartite interaction network among plants, microbes, and insects. Microbes do not only support pollinator health but influence pollination success directly by altering the scent of nectar. Pollinators, in turn, can serve as microbial vectors, and transfer microbes between flowers and across species. Understanding these complex interaction networks is crucial to sustain ecosystem service by wild pollinators for future generations.

DOI: 10.1007/s12268-025-2495-8
© The Author(s) 2025

■ Die Interaktion von Bestäubern und Blüten wird oft nur als zweiseitige Wechselbeziehung angesehen. Die Blüte wird bestäubt und der Bestäuber bekommt eine Belohnung in Form von Nektar oder Pollen. Jedoch werden dabei oft ein paar kleine Mitspieler übersehen: Mikroorganismen besiedeln nicht nur Blüten und Nektar, sondern kommen auch in den Därmen oder anderen Organen der meisten Bestäuber vor. Sie sind ein wichtiges, aber oft übersehendes Puzzleteil, das die

Bestäubung zu einer Dreiecksbeziehung zwischen Pflanzen, Mikroben und Bestäubern werden lässt (Abb. 1).

In den letzten Jahren hat sich gezeigt, dass Mikroorganismen für viele Ökosystemprozesse im Bereich der Bestäubung eine wichtige Rolle spielen [1]. Nektarbakterien und Hefen können die Bestäubung direkt beeinflussen, indem sie den Duft und die Attraktivität von Nektar beeinflussen oder sogar das Auskeimen der Pollen beschleunigen [2]. Für die meisten bestäubenden Insekten sind Mikroorganismen zudem wichtig für den Erhalt der Gesundheit, denn bestimmte Darmbakterien helfen direkt bei der Verdauung von Pollen oder sind unerlässlich als Schutz vor Parasiten und anderen Krankheitserregern [3]. Mikroorganismen hingegen können wiederum von den Bestäubern von Blüte zu Blüte übertragen werden, sodass Blüten zu Umschlagplätzen für Mikroorganismen werden (Abb. 1, [4]). Aufgrund der Bedeutung von Mikroorganismen für die Bestäubung und Insektengesundheit ist es wichtig, solche komplexen Netzwerke besser zu verstehen.

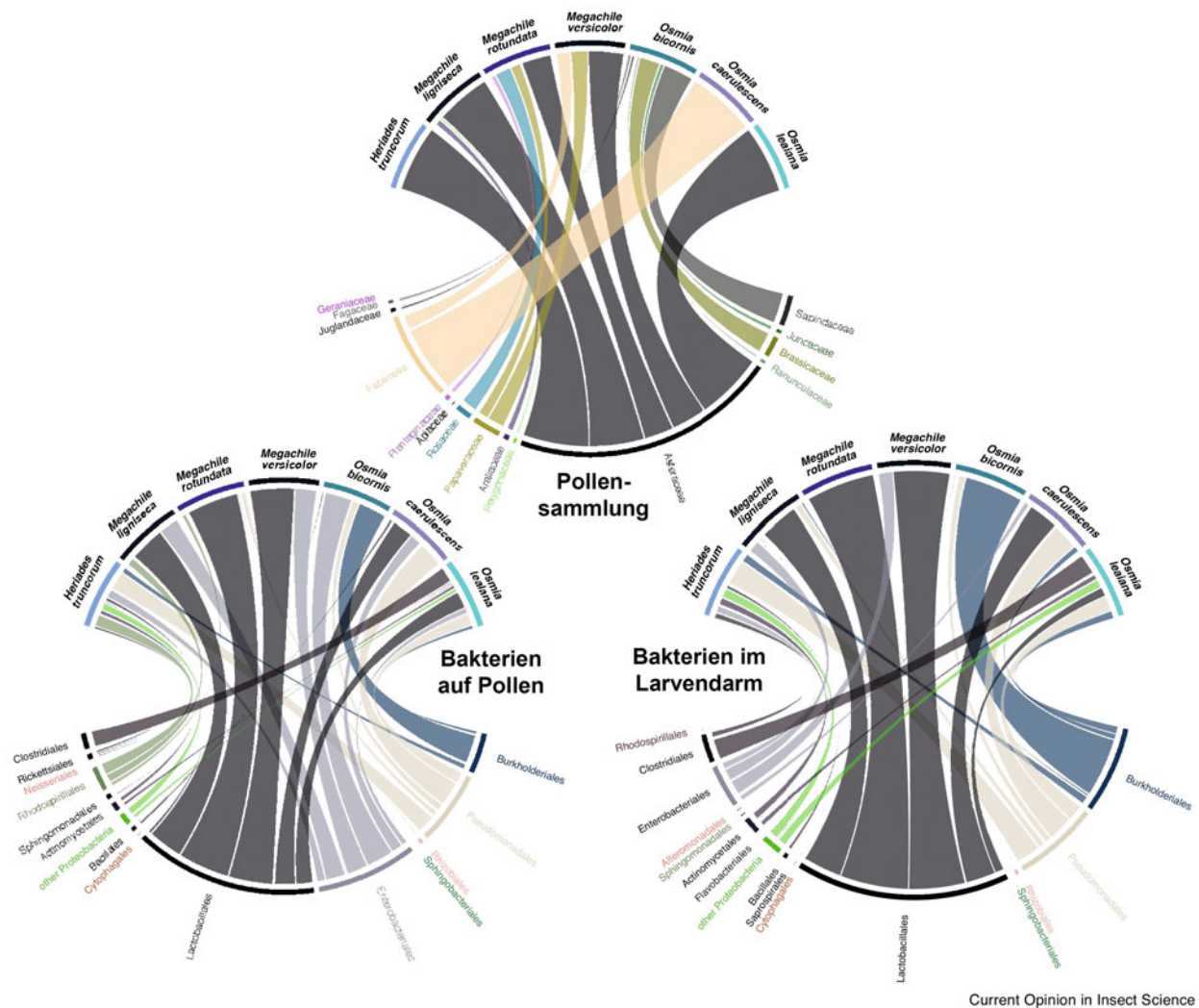


▲ Abb. 1: Die drei Interaktionspartner und ihre gegenseitigen Wechselwirkungen im Pflanzen-Mikroben-Bestäuber-Dreieck. © Arne Weinhold.

Metabarcoding als Kombination molekularer und ökologischer Methoden

Bei der Analyse von Pflanzen-Bestäuber-Mikroben-Netzwerken werden inzwischen oft Methoden aus unterschiedlichen Disziplinen verbunden, sodass Interaktionsökologie mit Hochdurchsatzsequenzierung und bioinformatischer Analyse Hand in Hand gehen. Durch das DNA-Metabarcoding können komplexe Artengemeinschaften analysiert und in ihrer genauen Zusammensetzung bestimmt werden. Dabei wird ein Gemisch verschiedener Arten mit einem genetischen Marker innerhalb derselben Probe sequenziert. Es geht also noch „über“ (Meta) das klassische Barcoding, d. h. der Identifikation einer einzelnen Art mittels DNA-Sequenzierung pro Probe hinaus. Ursprünglich stammt diese Methodik aus dem Bereich der Mikrobiologie, um komplexe Artengemeinschaften von Mikroben zu erfassen, die Mikrobiome. In den letzten Jahren wurde die Methode auch genutzt, um die Interaktionen zwischen Bestäubern und Blüten zu untersuchen. Dementsprechend können Proben hier auch Gemische von Pflanzenpollen sein [5]. Statistische Methoden unterstützen die Datenauswertung und erweitern die molekularen Analysen um computergestützte Modelle.

Solche Netzwerkanalysen zeigen zunächst nur die Interaktion verschiedener Arten (Abb. 2). Dadurch lassen sich z. B. Spezialisierungsmuster von Bestäubern für bestimmte Pflanzenfamilien erkennen. So sammeln nicht alle Bauchsammlerbienen von den gleichen Blüten [4]. Einige spezialisieren sich auf Korbblütler (Asteraceae), wohingegen andere fast nur den Pollen von Schmetterlingsblütlern (Fabaceae) sammeln (Abb. 2). Im nächsten Schritt lassen sich weitere Aspekte mit einbinden, wie die Assoziation bestimmter Bakteriengruppen mit dem gesammelten Pollen oder den Därmen der Bienenlarven. Dabei lassen sich Milchsäurebakterien (Lactobacillales) mit dem Pollen von Korbblütlern aber auch den Därmen bestimmter Bienenarten assoziieren (Abb. 2).



▲ **Abb. 2:** Interaktionsnetzwerke zwischen Bienen, Blüten und Bakterien. Verschiedene Arten von Bauchsammlerbienen (Gattung: *Heriades*, *Megachile* und *Osmia*) zeigen unterschiedliche Präferenzen zu Pollen bestimmter Pflanzenfamilie, z. B. *Megachile* zu Korbblütlern (Asteraceae). Auf dem gesammelten Pollen lassen sich bestimmte Bakteriengruppen nachweisen. Dadurch kann man den Bienenarten bestimmte Bakteriengruppen zuordnen, z. B. zu *Megachile* vorwiegend Milchsäurebakterien (Lactobacillales). Abbildung verändert aus [4].

Das eine „Mikrobiom“ gibt es nicht

Ein Darmmikrobiom ist nicht unbedingt statisch, sondern unterliegt in der Regel einem ständigen Wechsel. Die Zusammensetzung kann sich ändern, je nachdem welche Mikroorganismen aus der Umwelt aufgenommen werden. Das kann über die Nahrung erfolgen, oder über den direkten Austausch zwischen gleichen oder verschiedenen Arten. So hängt der Austausch von Mikroben nicht nur davon ab, welche Nahrung der Wirt bevorzugt, sondern auch vom Bewegungsverhalten und wie intensiv dadurch soziale Kontakte ausfallen [6]. Bei einigen unserer bekanntesten Bestäuber, wie Honigbiene und Erdhummel, spielt der soziale Transfer von Mikroben eine entscheidende Rolle. Dadurch verfügen beide über ein simples, aber hoch spezialisiertes Mikrobiom [7]. Die ausgeprägte Form von Sozialität hat bei diesen Bestäubern dazu geführt, dass nützliche Bakterien wesentlich besser innerhalb der Kolonie übertragen wer-

den können [8]. Dies ermöglicht es, spezifisch angepasste bakterielle Gruppen über viele Generationen zu erhalten, sodass Honigbienen weltweit ein sehr ähnliches Mikrobiom aufweisen [9].

Aber auch bei sozialen Bestäubern wird das Mikrobiom immer noch durch Umweltfaktoren beeinflusst. So verändert sich das Mikrobiom der Erdhummeln in der Zusammensetzung, wenn wir Kolonien aus einer Laborzucht ins Freiland ausbringen [10]. Dabei nimmt vor allem der Anteil an Milchsäurebakterien zu, wobei der Anteil an vorwiegend sozial übertragenen Bakteriengruppen abnimmt. Daher nehmen wir an, dass sich Umweltveränderungen noch stärker auf das Mikrobiom von solitär lebende Wildbestäubern auswirken [11]. Diese verfügen vermutlich nicht über einen sozialen Transfer von Mikroorganismen und sind damit stärker auf den Transfer von Mikroben in Pflanzen-Bestäuber-Netzwerken angewiesen [4].

Viele Wildbestäuber leben solitär und benötigen unseren Schutz

In Deutschland gibt es weit über 500 Wildbienenarten, von denen etwa 90 % zu den Solitärbienen gezählt werden [11]. Hinzu kommen noch unzählige Arten an Schmetterlingen und Schwebfliegen, sodass ein Großteil der bestäubenden Arten Einzelgänger sind (**Abb. 3**). Bekannte Beispiele von Solitärbienen sind die Mauerbienen, die zu den oben genannten Bauchsammlerbienen gehören. Sie besiedeln gerne die Neströhren von Insektenhotels, in denen sie ihren Nachwuchs in einzelnen Brutkammern „einmauern“. Dadurch findet kein direkter Kontakt zwischen den Generationen, aber auch nicht zwischen den verschiedenen Larven innerhalb einer Röhre statt. Die Larven ernähren sich während ihrer Entwicklungszeit nur vom Pollenkuchen, der vom Elterntier unter das Ei mit abgelegt wurde. Dabei spielt die mikrobielle Fermentation der Pol-



▲ **Abb. 3:** Nur ein kleiner Teil der in Deutschland heimischen Bestäuber gehört zu den sozialen Insekten wie der Honigbiene. Etwa 90 % aller Wildbienenarten zählen zu den Solitärbiene [11] (obere Reihe: Seidenbienen, Sandbienen & Kreiselwespen). Hinzu kommen weitere Gruppen an Solitärbestäubern, wie Schmetterlinge (mittlere Reihe: Weißlinge, Dickkopffalter & Bläulinge) und verschiedene Fliegen (untere Reihe: Blasenkopffliege & Schwebfliegen). © Arne Weinhold.

len eine besonders wichtige Rolle für die Larvenentwicklung [1], die das Elterntier nur bedingt beeinflussen kann, falls es Bakterien oder Hefen dort mit ablegt. Mittels Netzwerkanalysen lassen sich Rückschlüsse auf die Pollenzusammensetzung und die potenzielle Herkunft von Bakterien führen (**Abb. 2**). Um zu verstehen, wie Mikroorganismen zwischen Wirten und Blüten verteilt werden, muss also auch das Zusammenspiel von verschiedenen Arten innerhalb des Pflanzen-Bestäuber-Netzwerks betrachtet werden. Gerade hier gibt es noch große Lücken in der Forschung, die mittels DNA-Metabarcoding und Netzwerkanalysen geschlossen werden können. So nimmt der Mensch ungewollt durch intensivere Landnutzung oder Monokulturen in der Landwirtschaft Einfluss auf die mikrobielle Zusammensetzung in den Nestern von Mauerbienen [12], was sich negativ auf das Überleben dieser Wildbienen auswirken könnte.

Die Biodiversitätskrise und das Insektensterben sind gerade deshalb so problematisch, weil immer mehr Komponenten aus diesem fragilen Netzwerk herausbrechen. Viele Arten sind aufeinander angewiesen und können durch das Verschwinden anderer Arten in Mitleidenschaft gezogen werden. Dies kann Ökosystemfunktionen in einer Weise beeinflussen, die wir noch nicht vollständig verstehen. Mauerbienen sind z. B. wichtig für die Bestäubung zahlreicher Nutzpflanzen. Da sie besonders früh im Jahr unterwegs sind und auch bei schlechtem Wetter fliegen, zählen sie zu den wichtigsten

Bestäubern von Kirsch- und Apfelbäumen. Auch wenn viele bei „Rettet die Bienen“ unvermittelt an die Honigbiene denken, sind vor allem die vielen Arten an Wildbestäubern gemeint, die es in unserer Agrarlandschaft zunehmend schwer haben und zum Teil sogar mit der Honigbiene in Konkurrenz stehen. Es geht vielmehr darum, die Landnutzungsintensität zu verringern, um Biodiversität zu erhalten, damit Wildbestäuber nicht nur geeignete diverse Nahrung, sondern auch die richtigen Bakterien finden [12]. Daher ist es wichtig, das Zusammenspiel von Blüten, Bestäubern und ihren Bakterien besser zu verstehen, um geeignete Maßnahmen zum Schutz von Insekten ergreifen zu können und damit ihre Funktion als Bestäuber zu erhalten. ■

Literatur

- [1] Steffan SA, Dharampal PS, Kueneman JG et al. (2024) Microbes, the 'silent third partners' of bee-angiosperm mutualisms. *Trends Ecol Evol* 39: 65–77
- [2] Christensen SM, Munkres I, Vannette RL (2021) Nectar bacteria stimulate pollen germination and bursting to enhance microbial fitness. *Curr Biol* 31: 4373–4380
- [3] Engel P, Kwong WK, McFrederick Q et al. (2016) The Bee Microbiome: Impact on Bee Health and Model for Evolution and Ecology of Host-Microbe Interactions. *MBio* 7: 1–9
- [4] Keller A, McFrederick QS, Dharampal P et al. (2021) (More than) Hitchhikers through the network: The shared microbiome of bees and flowers. *Curr Opin Insect Sci* 44: 8–15
- [5] Sickel W, Ankenbrand MJ, Grimmer G et al. (2015) Increased efficiency in identifying mixed pollen samples by meta-barcoding with a dual-indexing approach. *BMC Ecol* 15: 1–9
- [6] Weinhold A (2022) Bowel Movement: Integrating Host Mobility and Microbial Transmission Across Host Taxa. *Front Microbiol* 13: 1–8
- [7] Martinson VG, Danforth BN, Minckley RL et al. (2011) A simple and distinctive microbiota associated with honey bees and bumble bees. *Mol Ecol* 20: 619–628
- [8] Lombardo MP (2008) Access to mutualistic endosymbiotic microbes: An underappreciated benefit of group living. *Behav Ecol Sociobiol* 62: 479–497
- [9] Kwong WK, Medina LA, Koch H et al. (2017) Dynamic microbiome evolution in social bees. *Sci Adv* 3: 1–17
- [10] Weinhold A, Grüner E, Keller A (2024) Bumble bee microbiota shows temporal succession and increase of lactic acid bacteria when exposed to outdoor environments. *Front Cell Infect Microbiol* 14: 1–14
- [11] Voulgari-Kokota A, McFrederick QS, Steffan-Dewenter I, Keller A (2019) Drivers, Diversity, and Functions of the Solitary-Bee Microbiota. *Trends Microbiol* 27: 1034–1044
- [12] Peters B, Leonhardt SD, Schlöter M, Keller A (2024) Direct and indirect effects of land use on microbiomes of trap-nesting solitary bee larvae and nests. *Front Microbiol* 15: 1–13

Funding note: Open Access funding enabled and organized by Projekt DEAL.
Open Access: Dieser Artikel wird unter der Creative Commons Namensnennung 4.0 International Lizenz veröffentlicht, welche die Nutzung, Vervielfältigung, Bearbeitung, Verbreitung und Wiedergabe in jeglichem Medium und Format erlaubt, sofern Sie den/ die ursprünglichen Autor(en) und die Quelle ordnungsgemäß nennen, einen Link zur Creative Commons Lizenz beifügen und angeben, ob Änderungen vorgenommen wurden. Die in diesem Artikel enthaltenen Bilder und sonstiges Drittmaterial unterliegen ebenfalls der genannten Creative Commons Lizenz, sofern sich aus der Abbildungslegende nichts anderes ergibt. Sofern das betreffende Material nicht unter der genannten Creative Commons Lizenz steht und die betreffende Handlung nicht nach gesetzlichen Vorschriften erlaubt ist, ist für die oben aufgeführten Weiterverwendungen des Materials die Einwilligung des jeweiligen Rechteinhabers einzuholen. Weitere Details zur Lizenz entnehmen Sie bitte der Lizenzinformation auf <http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/deed.de>.

Korrespondenzadresse:

Dr. Arne Weinhold
 Zelluläre und organismische Netzwerke
 Biozentrum LMU München
 Großhaderner Straße 2-4
 D-82152 Planegg-Martinsried
arne.weinhold@bio.lmu.de

AUTOREN



Arne Weinhold

2001–2007 Studium der Biologie an der Universität Marburg. 2009–2016 Promotion und PostDoc am Max-Planck-Institut für Chemische Ökologie in Jena mit mehreren Forschungsaufenthalten in den USA. 2017–2020 PostDoc im Sonderforschungsbereich SFB 973 an der FU Berlin. Seit 2021 PostDoc und Gruppenleiter an der LMU München.



Alexander Keller

2001–2007 Studium der Biologie an den Universitäten Karlsruhe und Würzburg. 2007–2010 Promotion an der Universität Würzburg. 2011–2017 Akademischer Rat auf Zeit an der Universität Würzburg. 2017–2021 Akademischer Oberrat auf Zeit an der Universität Würzburg. Seit 2021 Professor an der LMU München.