

Flüchtige Kontaktnetzwerke erklären widersprüchliche Virusprävalenzwerte in Wildbienen

Adam Reichold, Martin Lange, Hans-Herman Thulke

Helmholtz Zentrum für Umweltforschung, Deutschland; adam.reichold@ufz.de

Verglichen mit Nutztierkrankheiten steckt unser epidemiologisches Verständnis für Wirt-Erreger-Gemeinschaften in Populationen von wilden Bestäuberinsekten noch in seinen Kinderschuhen. Dieses System ist charakterisiert durch vielfältige Interaktionen zwischen mehreren Insekten-, Pflanzen- und Virus-Arten.

Krankheiten bei Wildbienen werden meist indirekt über kontaminierte Blüten übertragen. Außerhalb eines Wirts überdauern die Erreger nur kurz, wodurch zeitabhängige Übertragungsnetzwerke mit geringer Kontaktloyalität entstehen.

Viele Bestäuber nutzen die breite Vielfalt der Pflanzen einer Landschaft zur Nahrungsaufnahme (Generalist, z.B. Honigbiene). Andere Insektenarten derselben Gemeinschaft sind spezialisiert auf bestimmte Nahrungspflanzen (Spezialist, z.B. Mauerbiene). Aus Sicht der Krankheitserreger überlappen also die Übertragungsnetze zwischen den Arten nicht vollständig.

Wir werden zeigen, welchen unerwarteten Effekt diese Spezialisierung auf das Netzwerk der Übertragungswege hat und wie sich dadurch die (artspezifische) Virusprävalenz innerhalb der Gemeinschaft verändert.

Wir haben ein zeitlich hochauflösendes, räumlich-explizites, individuen-basiertes Modell der Virusübertragung unter ca. 10.000 Bestäuberinsekten entwickelt. Die Kontakte zwischen Insekten und Blüten ergeben sich während der Simulation aus der Nektarproduktion der Pflanzen, dem Suchverhalten der Insekten und ihren spezifischen Präferenzen. Die Ansteckung ergibt sich stochastisch durch Viruskontamination einzelner Blüten und die mögliche Infektion der Insekten die anschließend diese Blüte besuchen.

Der individuen-basierte Ansatz des Modells ermöglicht es dabei, detailliert nachzuverfolgen wie sich einzelne Insekten infizieren, auf welcher Pflanze dies stattfindet und durch welche Insekten diese zuvor kontaminiert wurde. Spezialisierung lässt sich in diesem Modell erfassen, indem ausgewählte Insektenarten alle Blüten der nicht-präferierten Pflanzenarten ignorieren, d.h. an ihnen vorbeifliegen.

Spezialist und Generalist tauschen ihre Rollen als Treiber der Krankheitsausbreitung; und zwar abhängig von der Nektarverfügbarkeit in der Landschaft. Die Prävalenz innerhalb der Spezialisten ist hoch, wenn ausreichend Nektar in der Landschaft auffindbar ist. Dem gegenüber wird die Prävalenz innerhalb der Spezialisten klein (und damit die Generalisten zu Treibern der Infektion), wenn Nektar nur begrenzt verfügbar ist.

Mittels Kontaktanalyse zeigen wir die Ursache auf. Bei ausreichendem Nektarvorkommen hat der Spezialist mehr Blütenkontakte, weil die gleiche Anzahl von Insekten auf weniger Blüten sammelt, da nicht präferierte Pflanzen ignoriert werden. Derselbe Mechanismus hat bei knappem Nektarvorkommen den gegenteiligen Effekt, da hier die Zeit für die Suche nach dem nächsten Pflanzenpatch das Geschehen dominiert.

Dieses Verständnis zum Zustandekommen von Virusprävalenzen bei Insektengemeinschaften ist relevant, weil die derzeitige Änderung der Landschaftsstruktur durch den Agrarwandel zur Änderung der Ressourcen-Nutzung unter den Bestäuberinsekten führt und so die dominanten Verbreitungswege der Krankheiten verschoben werden.