

# Charakterisierung der Qualität von Blütenpollen



UNIVERSITÄT HOHENHEIM

Carolin Friedle<sup>1</sup>, Paul D'Alvise<sup>2</sup>, Klaus Wallner<sup>1</sup>, Martin Hasselmann<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Landesanstalt für Bienenkunde, August-von-Hartmann-Str. 13, 70599 Stuttgart

<sup>2</sup>Fg. Populationsgenomik bei Nutztieren, Garbenstraße 17, 70599 Stuttgart

## Hintergrund

Blütenpollen wird durch seine wertvollen Inhaltsstoffe wie Vitamine, Mineralstoffe und essentielle Aminosäuren als Nahrungsergänzungsmittel genutzt. Durch das Projekt "Pollen sammeln in Baden-Württemberg" wird die Verwendbarkeit von Blütenpollen als Lebensmittel durch verschiedene Qualitätsmerkmale wie zum Beispiel Pestizidrückstände, Nährstoffzusammensetzung und mikrobielle Eigenschaften charakterisiert. Anhand eines Lagerungsversuchs werden möglichen Veränderungen der mikrobiellen Zusammensetzung während unterschiedlichen Lagerbedingungen analysiert.

## Methoden

Zur Bewertung der Lagerstabilität wurden frisch gesammelte Pollenproben je 7 Tage unter kalter (4°C / 46%RF), warmer (35°C / 75%RF) und Raumtemperatur (25°C / 47%RF) gelagert.

Es wurden zwei Methoden zur Bestimmung der Mikroorganismen Gemeinschaft durchgeführt:

### Bestimmung wachstumsfähiger Bakterien

- I. Plattierung und Isolierung auf H/T\* und MRS\* Medien unter anaeroben und aeroben Bedingungen
- II. Sanger-Sequenzierung der 16S rRNA

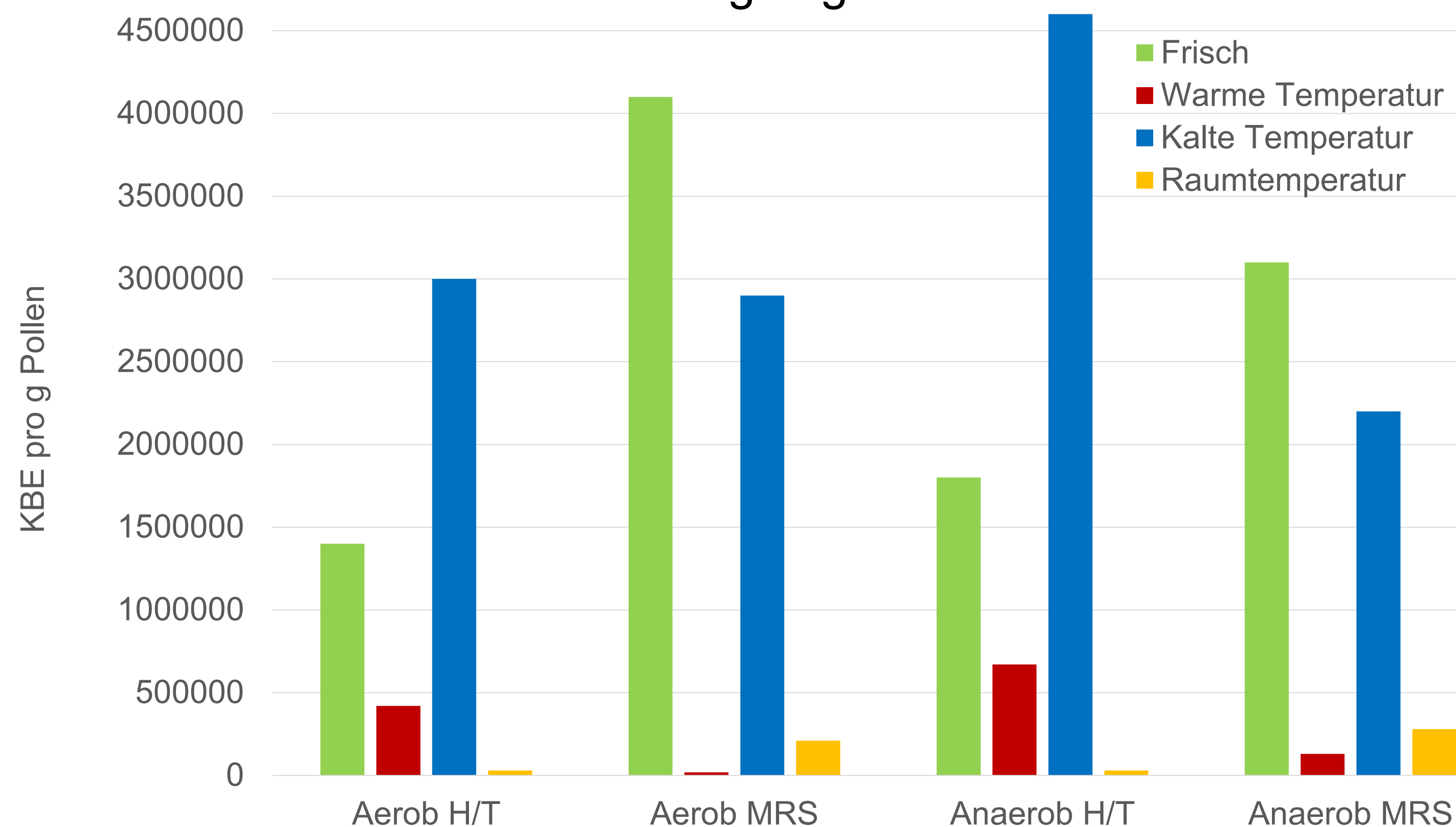
\*H/T (Hefe/Trypton/Zucker); MRS (Lactobacillus-Agar nach de Man, Rogosa und Sharpe)

### Bestimmung Gesamtgemeinschaft der Mikroorganismen

- I. Extraktion der Mikroorganismen DNA
- II. 16S- und 18S-Amplikonsequenzierung zur Erfassung der Gesamtgemeinschaft der Mikroorganismen

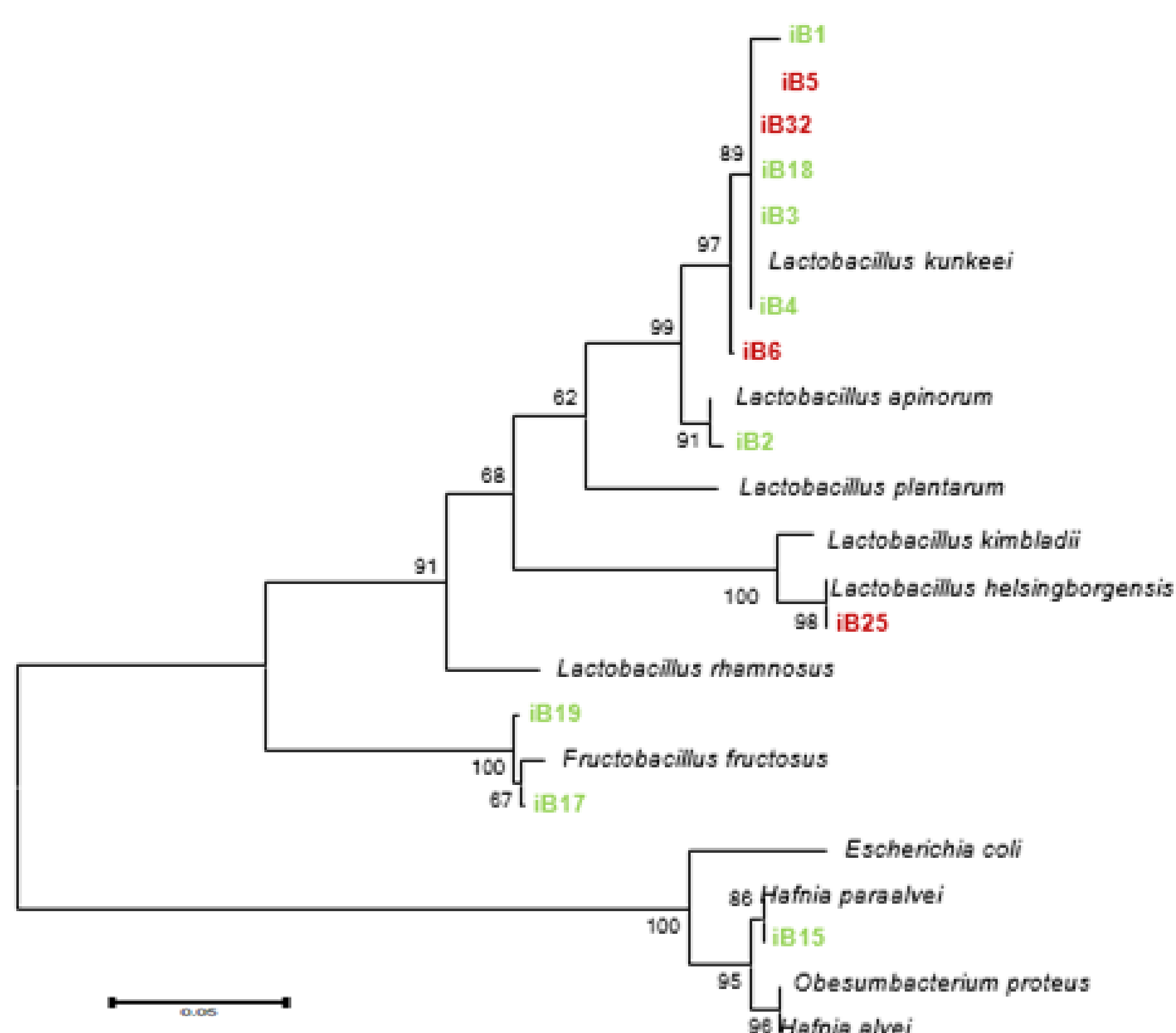
## Ergebnisse

Koloniebildende Einheiten (KBE) pro g Pollen in frischen und gelagerten Proben



Überraschend höhere Werte der KBE pro Gramm Pollen von **frisch** und **kalt** gelagerten Proben, als bei **wärmer** und **Raumtemperatur**

Phylogenetische Einordnung der Isolate (16S Neighbor-Joining Tree) (MEGA 6.0)



Von 35 isolierten Bakterien (iB) konnten 12 mittels 16S-rRNA Sequenzierung verwandten Bakterien zugeordnet werden

Identifizierte Mikroorganismen anhand 16S- und 18S- Amplikonsequenzierung

Milchsäurebakterien	<i>Lactobacillus sp.</i>	<i>Lactobacillus kunkeei</i>	
		<i>Lactobacillus apinorum</i>	
Proteobakterien	<i>Fructobacillus sp.</i>	<i>Fructobacillus fructosus</i>	
	Alpha Proteobakterien		<i>Sphingomonas abaci</i>
			<i>Bombella intestini</i>
			<i>Bartonella apis</i>
	Gamma Proteobakterien		<i>Acinetobacter apis</i>
			<i>Frischella perrara</i>
			<i>Gilliamella apicola</i>
		<i>Pseudomonas</i>	
		Enterobakterien	
Schlauchpilze	<i>Cladosporium sp.</i>		

## Fazit

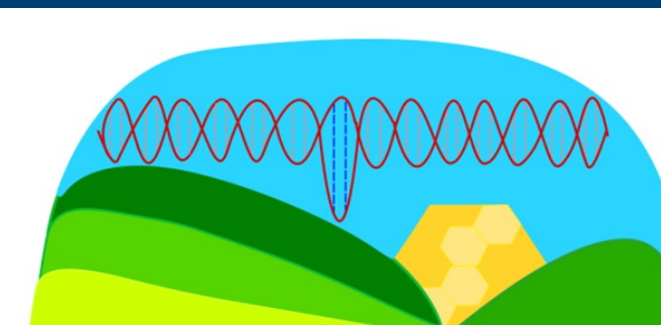
- Beide Methoden zeigen Übereinstimmungen mit den identifizierten Bakterien *Lactobacillus sp.* und *Fructobacillus sp.* in den frischen und gelagerten Pollenproben
- Entgegen der Erwartung gab der Lagerversuch erste Hinweise darauf, dass bei Lagerung unter warmer (35°C) bzw. Raumtemperatur (25°C) die KBE von Bakterien pro Gramm Pollen verringert werden
- Die in der Tabelle aufgeführten Mikroorganismen konnten mittels 16S- und 18S- Amplikonsequenzierung qualitativ identifiziert werden. Eine quantitative Auswertung zur Bestimmung der prozentualen Zusammensetzung der Mikroorganismen in den Pollenproben ist geplant

Gefördert durch:

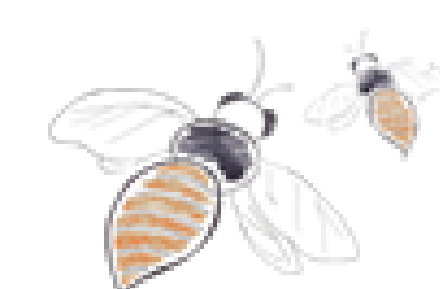


Baden-Württemberg  
MINISTERIUM FÜR LÄNDLICHEN RAUM  
UND VERBRAUCHERSCHUTZ

PollenBW



Fachgebiet Populationsgenomik bei Nutztieren



LANDESANSTALT FÜR  
BIENENKUNDE