

Identifizierung und Charakterisierung der krankheitsunterdrückenden Mikroorganismen beim Komposteinsatz

Einleitung

- Bodenbürtige Krankheiten verursachen grosse Schäden und sind schwierig zu kontrollieren.
- Kompost-Zugabe kann Druck durch bodenbürtige Krankheitserreger reduzieren (Abb. 1).
- ABER: Nicht jeder Komposteinsatz ist erfolgreich.
- Möglicher Grund ist die sich während des Kompost-Reifeprozesses laufend ändernde mikrobielle Zusammensetzung.
- Es ist weitgehend noch unbekannt, welche mikrobiellen Konsortien wichtig für die suppressive Wirkung von Komposten sind.

Projektziele

- Identifizierung der mikrobiellen Konsortien, welche für die suppressive Wirkung von Komposten verantwortlich sind.
- Charakterisierung der wichtigsten kultivierbaren Vertreter (Isolate) der mikrobiellen Konsortien.
- Wirkungsprüfung von ausgewählten identifizierten und charakterisierten mikrobiellen Isolat/ Konsortien.

Methoden

- Pflanzen-Pathogen-Systeme unter kontrollierten Bedingungen: (i) Standardsubstrat: Kresse-*Pythium ultimum*, Basilikum-*Rhizoctonia solani* (ii) Feldböden: Erbsen in Böden mit Bodenmüdigkeits-Symptomatik.
- Charakterisierung der Wurzel-, Rhizosphären- und Kompost-Mikrobiota: (i) klassische Isolierung auf Agarmedien (nur kultivierbare Mikroorganismen) mit anschliessender MALDI-TOF Bestimmung (Oberhänsli et al. 2017) (ii) vergleichendes Metabarcoding basierend auf genetischen Markerregionen des ganzen Mikrobioms (Hartmann et al. 2015).
- Ausgewählte Bakterienisolate, welche zur Kompostsuppressivität beitragen: Sequenzierung auf verschiedenen NGS-Plattformen (Illumina, PacBio, Oxford Nanopore) und *de novo* Genomassemblierung zur Identifizierung funktioneller Eigenschaften (Schmid et al., 2018).

Vorläufige Ergebnisse

Stand nach erstem von 3 Projektjahren

- Verschiedene suppressive Komposte identifiziert.
- > 2500 Bakterien aus Rhizosphäre und Wurzeln isoliert.
- Screening-System zur Wirkungsprüfung verschiedener Stämme / Konsortien etabliert.
- Erste "full-genome"-Sequenzierungen (*Aeromonas media*) erfolgreich durchgeführt.
- Erste Metagenom-Sequenzierungen durchgeführt (Auswertung im Gang)

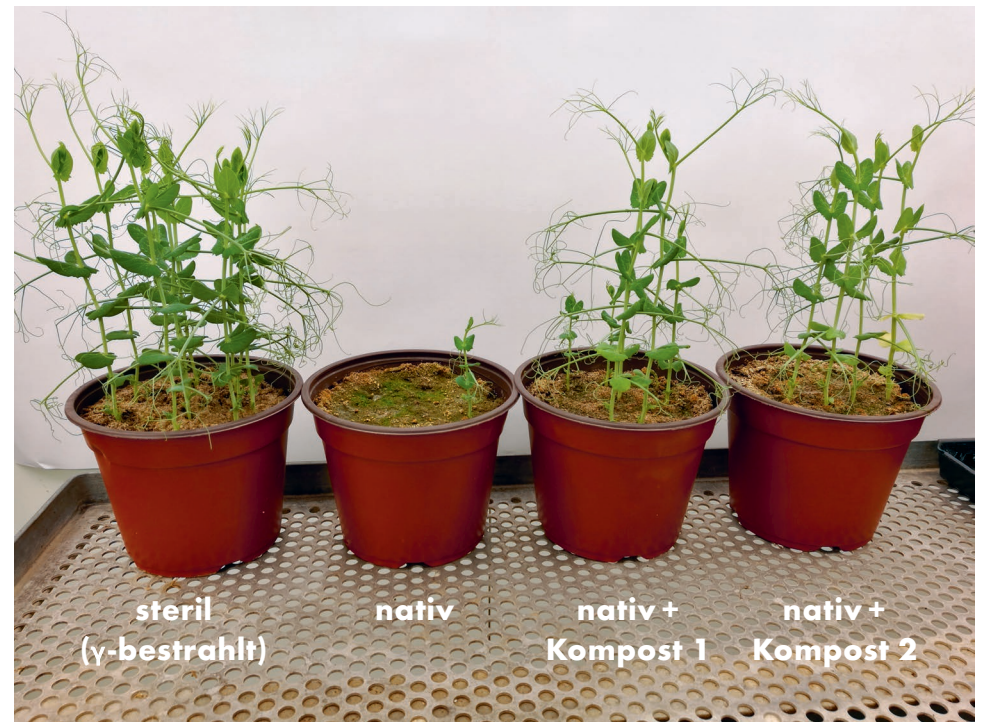


Abb. 1: Erbsen in einem Feldboden mit Bodenmüdigkeitssymptomatik

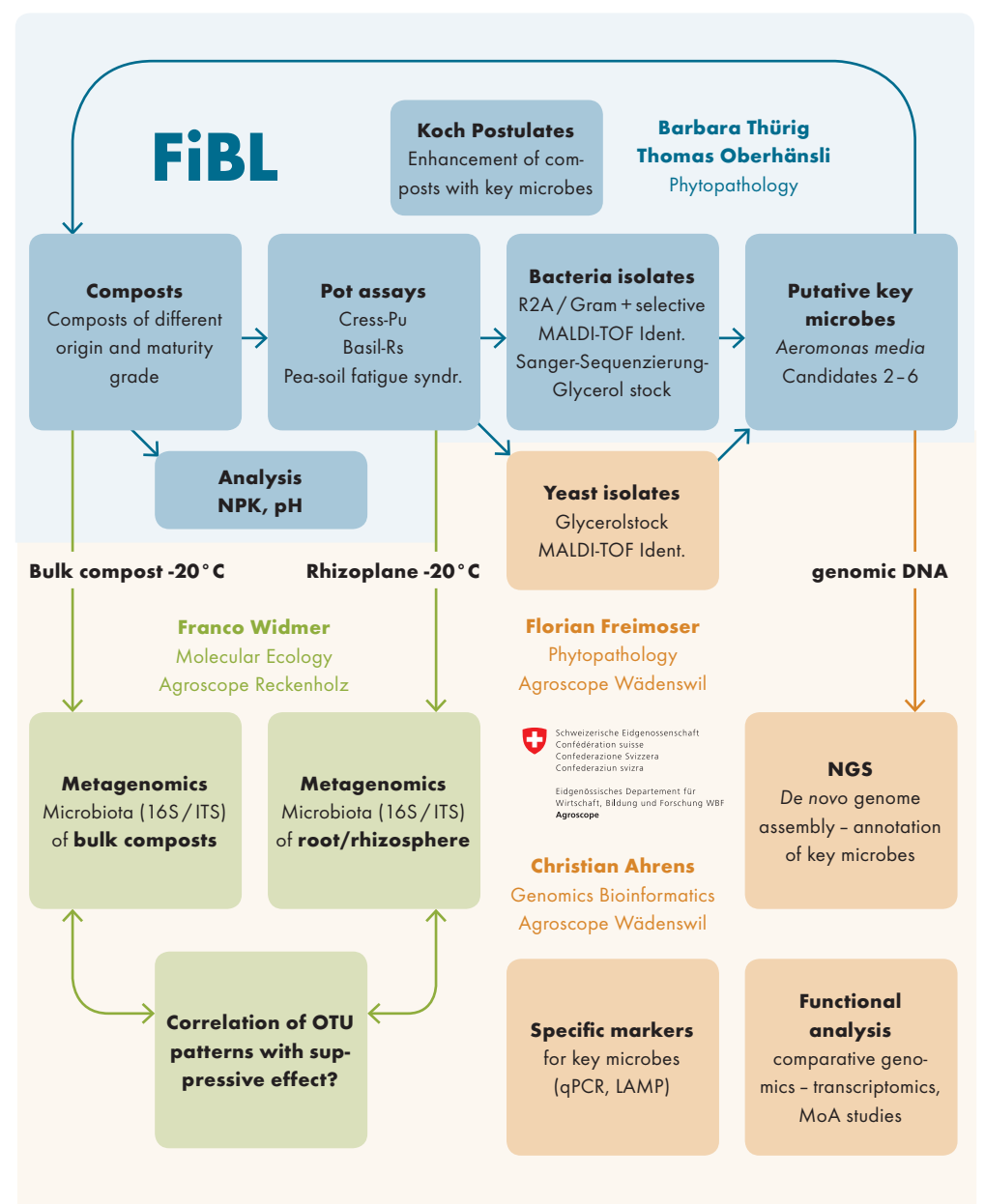


Abb. 2: Projektworkflow und Konsortiumsorganigramm (FiBL und Agroscope)

Literatur

- Oberhänsli, T., V. Hofer, L. Tamm, J.G. Fuchs, M. Koller, J. Herforth-Rahmé, M. Maurhofer, and B. Thuerig (2017) *Aeromonas media* in compost amendments contributes to suppression of *Pythium ultimum* in cress. *III International Symposium on Organic Greenhouse Horticulture* 1164, 353-360
- Hartmann, M., B. Frey, J. Mayer, P. Mäder, and F. Widmer (2015) Distinct soil microbial diversity under long-term organic and conventional farming. *The ISME journal* 9, 1177.
- Schmid, M., D. Frei, A. Patrignani, R. Schlapbach, J.E. Frey, M.N. Remus-Emsermann, and C.H. Ahrens (2018) Pushing the limits of *de novo* genome assembly for complex prokaryotic genomes harboring very long, near identical repeats. *Nucleic Acids Res* 46, 8953-8965.

Verdankung:

Dieses Projekt wird vom BLW unterstützt (Finanzhilfvertrags Nr. 627000840)