

## Investigation on the soil microbiome and its relevance to agricultural practices

Eine wachsende Weltbevölkerung und damit steigende Anforderungen an die globale Lebensmittelproduktion erfordern eine nachhaltige Intensivierung agrarischer Produktionssysteme, ohne zusätzliche negative Einflüsse auf die Umwelt. Biologische Prozesse im Boden stehen in direktem Zusammenhang mit der Produktivität agrarischer Anbausysteme und werden hauptsächlich durch das Bodenmikrobiom beeinflusst. Ein weitreichendes Verständnis des Bodenmikrobioms und seiner Funktionen zu erlangen, ist von großem wissenschaftlichem, ökonomischen, aber auch besonders, ökologischem Interesse. Die Zielsetzung der Studie besteht in der Ermittlung der strukturellen Zusammensetzung des Bodenmikrobioms von Schleswig-Holstein (Norddeutschland). Untersucht wurde die strukturelle Zusammensetzung des Bodenmikrobioms durch Marker-Sequenzierung an insgesamt 40 Standorten, welche charakterisiert sind durch unterschiedliche Anbausysteme (Ackerland; Grünland), landwirtschaftlicher Verfahren und Landschaftsräume. Wir konnten feststellen, dass das bakterielle Bodenmikrobiom vorrangig durch das Auftreten von Mitgliedern der Proteobacteria, Actinobacteria, Acidobacteria, Gemmatimonadetes und Bacteroidetes beschrieben werden kann, während das pilzliche durch Ascomycota, Mortierellomycota, Basidiomycota, Zoopagomycota und Chytridiomycota dominiert wird. Es zeigt sich auch, dass pilzliche Gemeinschaften unabhängig des Anbausystems weniger anfällig in der Aufrechterhaltung ihrer Diversität sind. Wie auch schon bei den Anbausystemen, konnte nur eine sich veränderte Alpha-Diversität in Abhängigkeit der geografischen Verteilung für bakterielle Gemeinschaften gezeigt werden. Damit konnte zum ersten Mal die geografische Verteilung des Bodenmikrobioms in Schleswig-Holstein (Norddeutschland) in Verbindung verschiedener Anbausysteme und Landschaftsräume festgestellt und aufgezeigt werden. Außerdem wurde ein weiterer Versuch zur Ermittlung der Zusammensetzung des Boden- und Rhizosphärenmikrobioms in Abhängigkeit einer Weizen-Selbstfolge (beginnende Monokultur) in einem Freilandversuch, welcher an drei aufeinanderfolgenden Jahren beprobt wurde, durchgeführt. Erneut steigende Erträge bei fortwährender Monokultur, assoziiert mit dem Rückgang des Bodenpathogens *Gaeumannomyces graminis* (Schwarzbeinigkeit), wird als „decline-effect“ bezeichnet. Wir konnten zeigen, dass die Alpha-Diversität weder für bakterielle noch für pilzliche Organismen durch den wiederholten Anbau von Weizen beeinflusst wird. Eine sich nicht ändernde Diversität innerhalb einer Probe (Alpha-Diversität) verweist zu einem höheren Maß auf eine generelle, strukturelle Verschiebung in dem zugrundeliegenden Mikrobiom und stützt damit die vorher aufgestellte Hypothese. Ein verbessertes Verständnis für die Auswirkung auf die Kulturpflanze, wird dazu beitragen landwirtschaftliche Verfahren weiterentwickeln und optimieren zu können. Darüber hinaus zeigt diese Arbeit die Wichtigkeit bioinformatische Analysen in aktueller Forschung durchführen und auswerten zu können. Eine große Herausforderung besteht weiterhin darin die Lücke zwischen dem natürlich vorkommenden Mikrobiom und dem, welches *in silico* beschrieben werden kann, zu verkleinern. Die Kombination von NGS Technologien und ständig weiterwachsenden Datenbanken wird im großen Maße dazu beitragen, detaillierte Einsichten in Pflanze-Mikrobiom Wechselwirkungen zu erlangen. Die Ausschöpfung des natürlich vorhandenen Potentials einer landwirtschaftlich genutzten Fläche repräsentiert den ersten Schritt zur Reduktion der in die Umwelt ausgebrachten Stoffe hin zu einer beständigeren Landwirtschaft.