
Poster

Bodenbearbeitung/Fruchtfolge

015 - Erfassung des fruchtfolgebestimmten Mikrobioms im Boden eines Energiefruchtfolgeversuchs

Determination of crop rotation specific soil microbiomes in an energy crop rotation trial

Messan N'ditsi, Mark Winter, Kornelia Smalla², Andreas von Tiedemann

Georg-August-Universität Göttingen, Allgemeine Pflanzenpathologie und Pflanzenschutz, Department für Nutzpflanzenwissenschaften, Grisebachstrasse 6, 37077 Göttingen, Deutschland

²Julius Kühn-Institut, Institut für Epidemiologie und Pathogendiagnostik

Ackerkulturen bestimmen nachhaltig die Zusammensetzung des Mikrobioms im Boden. Dabei ist nicht bekannt, welche Auswirkungen Fruchtfolgen mit wichtigen Kulturen wie Weizen, Mais und Raps in unterschiedlicher Dichte auf das Bodenleben haben. Erkenntnisse über den Einfluss pflanzenbaulicher Faktoren wie Düngung, Kulturarten, Pflanzenschutzregime oder Bodenbearbeitung auf die Lebensgemeinschaft im Boden wurden in den letzten Jahren vermehrt publiziert (Ulrich & Becker 2006, Sun et al. 2004 Mach et al. 2001, Lukow et al. 2000). Dagegen liegen nur wenige Studien über den Einfluss von Fruchtfolgen auf die mikrobielle Gemeinschaft im Boden heutiger Anbausysteme, unter besonderer Berücksichtigung der phytosanitären Auswirkungen vor. Daher wurde die bakterielle und pilzliche Gemeinschaft in vier verschiedenen Getreidefruchtfolgen mit unterschiedlichen Dichten an Weizen, Raps und Mais nach 7-jähriger Laufzeit mittels denaturierender Gradientengelelektrophorese (DGGE) analysiert. Die Trennung bakterieller bzw. pilzlicher Gruppen basierte auf einer Vervielfältigung ribosomaler DNA (16S) bzw. der internal transcribed spacer Region (ITS). Die Bodenproben wurden im Frühjahr (Anfang Mai) in den Weizenparzellen gezogen. In jeder Parzelle wurden 10 Einstiche mit dem Bohrstock (2 cm Durchmesser, 30 cm Länge) in den Ap-Horizont vorgenommen.

Die Ergebnisse zeigten sowohl für die pilzliche als auch für die bakterielle Gemeinschaft signifikante Unterschiede zwischen einer Maismonokultur (Fruchtfolge 1) und einer Raps-Weizen-Folge (Fruchtfolge 2), sowie zwischen der letztgenannten und einer Fruchtfolge bestehend aus Raps-Mais-Weizen (Fruchtfolge 3). Der Vergleich zwischen der Fruchtfolge 3 mit Mais als Vorfrucht vor Weizen und der Fruchtfolge 2 mit Raps als Vorfrucht vor Weizen zeigte einen hoch signifikanten Unterschied in der mikrobiellen Gemeinschaft im Weizen. Den stärksten Unterschied wiesen die pilzlichen Gemeinschaften der Fruchtfolgen 1 und 3 auf, wobei der D-Wert (Differenz zwischen den Mittelwerten der Proben) 35 betrug. Trotz des signifikanten Unterschieds zwischen den Fruchtfolgen zeigten die Cluster-Analysen mit über 75% einen hohen Ähnlichkeitsgrad der mikrobiellen Gemeinschaft der einzelnen Fruchtfolgen. Das lässt die Vermutung zu, dass die Unterschiede zwischen den Fruchtfolgen auf einzelne wenige Vertreter der mikrobiellen Gemeinschaft zurückzuführen sind, die in ihrer Abundanz entweder zu- oder abnehmen. Um welche Vertreter es sich hierbei genau handelt und welche phytopathologische Bedeutung ihr Vorkommen in den verschiedenen Fruchtfolgen hat, soll in weiteren Untersuchungen durch Next Generation Sequencing analysiert werden.

Literatur

LUKOW, T., DUNFIELD, P.F., LIESACK, W., 2000: Use of the T-RFLP technique to assess spatial and temporal changes in the bacterial community structure within an agricultural soil planted with transgenic and non-transgenic potato plants. *FEMS Microbiol. Ecol.* **32**, 241-247.

MACH, R. L., KULLNIG, C. M., FARNLEITNER, A., REISCHER, G., ADLER, A., KUBICEK, C.P., 2001: Detektion unterschiedlicher **Fusarium** Spezies der Sektionen *Discolor* and *Sporotrichiella* mittels DGGE (Denaturierende Gradienten Gel Elektrophorese) und ARMS PCR (Amplification Refractory Mutation System). Arbeitsgemeinschaft landwirtschaftlicher Versuchsanstalten Jahrestagung 2001 in Wolfpassing.

SUN, H.Y., DENG, S.P., RAUN, W.R., 2004: Bacterial Community Structure and Diversity in a Century-Old Manure-Treated Agroecosystem. *Appl. Environ. Microb.* **70**, 5868-5874.

ULRICH, A., BECKER, R. (2006): Soil parent material is a key determinant of the bacterial community structure in arable soils. *FEMS Microbiol. Ecol.* **56**, 430-443.

015a - Modellversuche zum Einfluss des Vorfruchtsubstrates (Zuckerrübe, Mais, Weizen, Ölerrettich) auf die Inokulumbildung von *Fusarium* spp.

In vitro studies on the impact of different pre-crop substrates (sugar beet, maize, wheat and oil raddish) on the inoculum production of *Fusarium* spp.

Sebastian Streit, Mark Winter, Andreas von Tiedemann

Georg-August-Universität Göttingen, Abteilung für Allgemeine Pflanzenpathologie und Pflanzenschutz, Department für Nutzpflanzenwissenschaften, Grisebachstr. 6, 37077 Göttingen, Deutschland

Pilzliche Schaderrger aus der Gattung *Fusarium* führen durch Ährenbefall an Weizen in nahezu allen Getreideanbaugebieten der Welt zu Ertrags- und Qualitätsverlusten. Die Überdauerung des Pathogens erfolgt auf Ernterückständen, welche im Folgejahr als Inokulumquelle dienen. Es ist bekannt, dass mit unterschiedlich starken Inokulumkonzentrationen in Abhängigkeit von der Vorfrucht zu rechnen ist, wobei Mais als besonders geeignetes Inokulumsubstrat angesehen wird.

In dieser Arbeit sollte daher unter *in vitro*-Bedingungen geprüft werden, wie sich verschiedene Kulturpflanzen als Substrat für die Inokulumbildung von *Fusarium* spp. (*F. graminearum*, *F. culmorum*, *F. avenaceum*, *F. poae*, *F. equiseti* und *F. tricinctum*) eignen. Hierzu wurden Medien aus Pflanzenmaterial von Mais, Zuckerrübe, Ölerrettich (als Rapsäquivalent) und Weizen *in vitro* hergestellt und anschließend inokuliert. Dabei wurden sowohl das radiale Wachstum auf den jeweiligen Festmedien, als auch die Biomassebildung und Konidienanzahl im Flüssigmedium untersucht. Um zu prüfen, ob ein Zusammenhang zwischen den Inhaltsstoffen der Vorfruchtsubstrate und dem Wachstum bzw. der Sporulation des Pilzes existiert, erfolgte eine Quantifizierung der stofflichen Zusammensetzung aller vier Vorfruchtsubstrate hinsichtlich ihres Gehaltes an organischem Kohlenstoff mittels TOC (Total Organic Carbon)-Analyse.

Entgegen vielen Untersuchungen, die die Vorfrucht Mais in Bezug auf die Inokulumbildung als besonders präferiert betrachten, erwies sich Mais in diesem Ansatz nicht als das beste Substrat für das Wachstum von *Fusarium* spp. Hinsichtlich des Myzelwachstums zeigte sich die Zuckerrübe (Rübenkörper) als das vorzüglichste Substrat, wo der Pilz sowohl das größte radiale Wachstum als auch die höchste Biomasse im Flüssigmedium aufwies. Es folgten in signifikant absteigender Reihenfolge die Substrate aus Ölerrettich, Mais und Weizen. Bezüglich der Konidienanzahl zeigte sich, dass das Substrat aus Ölerrettich die höchste Konidienzahl aufwies. Die Konidienzahlen auf den Medien aus Mais, Weizen und Zuckerrübe waren signifikant geringer. Mit der TOC-Analyse konnte nachgewiesen werden, dass der Anteil organischen Kohlenstoffs im Substrat mit der Biomassebildung des Pilzes hoch korreliert ist ($R^2 = 0,77$). An Hand der gewonnenen Ergebnisse wurde deutlich, dass neben Maisrückständen auch Ernterückstände der Zuckerrübe als vorzügliches Substrat für die Bildung von Inokulum von *Fusarium* spp. dienen können. Die Bewertung einzelner Vorfrüchte hinsichtlich ihres Inokulumpotentials für *Fusarium* spp. scheint nicht zwingend alleine von der Kulturart abzuhängen, sondern auch von der Menge an anfallenden Pflanzenrückständen an der Bodenoberfläche.