



Bundesanstalt für
Landwirtschaft und Ernährung

Mikroorganismen und Wirbellose – entscheidende Dienstleister für Landwirtschaft und Ernährung

Tagungsband eines Symposiums am 26./27. November 2015 in Berlin

Agrobiodiversität | Band 39

Schriftenreihe des Informations- und Koordinationszentrums
für Biologische Vielfalt



Agrobiodiversität

Schriftenreihe des Informations- und Koordinationszentrums
für Biologische Vielfalt

Band 39

Mikroorganismen und Wirbellose – entscheidende Dienstleister für Landwirtschaft und Ernährung

Tagungsband eines Symposiums am 26./27. November 2015 in Berlin

Herausgeber dieses Bandes

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung
Referat 321 – Informations- und Koordinationszentrum für Biologische Vielfalt

Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft
Referat 522 – Biologische Vielfalt und Biopatente

Thünen-Institut für Biodiversität und Senatsarbeitsgruppe „Biodiversität“ des
Senats der Ressortforschungseinrichtungen des BMEL

Inhaltsverzeichnis

Table of contents

- VIII Vorwort der Herausgeber
- XI *Preface of the Editors*
- 1 Begrüßung
Welcome
Dr. Christine Natt
- 6 Begrüßung
Welcome
Prof. Hans-Joachim Weigel
- 9 Grußwort des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft
Welcome address of the Federal Ministry for Food and Agriculture
Bernt Farcke
- 13 Das Nationale Fachprogramm „Erhaltung und nachhaltige Nutzung
genetischer Ressourcen von Mikroorganismen und Invertebraten“
*The National Program on the conservation and sustainable use of genetic
resources of micro-organisms and invertebrates*
Ingeborg Bayer
- 23 Zugang zu genetischen Ressourcen –
was ändert das Nagoya-Protokoll?
Access to genetic resources and the Nagoya-Protocol
Marliese von den Driesch

- 35 Verlust von Wild- und Honigbienen in der Agrarlandschaft:
Ist die Bestäubung von Kulturpflanzen noch gesichert?
*Loss of wild and honey bees in agroecosystems:
is pollination of crops still ensured?*
Prof. Dr. Ingolf Steffan-Dewenter
- 49 Bodenmikroorganismen – Unbekannte Ressourcen, Leistungen und
Potentiale
Soil microorganisms – Unknown resources, services and potentials
Prof. Dr. Christoph Tebbe
- 67 Bodeninvertebraten sind entscheidende ökologische Leistungsträger
Soil invertebrates are important providers of ecosystem services
Prof. Dr. Stefan Schrader
- 81 *Community structure and functions of plant root microbiota*
Dr. Stijn Spaepen
- 94 Traditionelle Lebensmittelherstellung und industrielle Lebensmittelver-
arbeitung –
Welche Zukunft hat die Vielfalt der mikrobiellen Kulturen?
*Traditional food production and industrial food processing – How is the
future of microbial diversity?*
Dr. Lothar Kröckel
- 104 Herausforderungen in der mikrobiellen biochemischen Konversion –
welche Innovationen brauchen wir?
*Challenges for the microbial biochemical conversion – what kind of innova-
tions do we need?*
Dr. Jürgen Pröter *et al.*
- 120 Gesunde Tiere durch die „richtigen“ Mikroorganismen
Healthy animals through the „right“ microorganisms
Dr. Jana Seifert

- 129 Verschwindet die Vielfalt bevor wir sie kennen?
Will biodiversity disappear before we know it?
Dr. Axel Christian
- 143 Perspektive Sammlungen von Mikroorganismen – wohin geht die Reise?
Prospects of collections of microorganisms – where do we go?
Dr. Johannes Sikorski und Prof. Dr. Jörg Overmann
- 154 *Environmental influence on variations in the intestinal microbiota of honey bees*
Dr. Paul D’Alvise *et al.*
- 159 *Endophytic Fungi – Boon or Bane? A short introduction and overview of the project DEFENSE*
Julia König
- 161 *BonaRes Modul A: Projektverbund INPLAMINT*
Prof. Dr. Nicolas Brüggemann *et al.*
- 164 *Phenotyping plant-biotic interactions above- and belowground using non-invasive technologies*
Dr. Robert Koller *et al.*
- 169 Multiple Wirkungen insektenpathogener Pilze in Agrarkultursystemen
Dr. S. Lerche und M. Müller
- 173 Vorteile und limitierende Faktoren der 16S-rRNA-Gensequenzierung zur Identifizierung von Bakterien
M. Naggert
- 177 Ökosysteme: Partner der Landwirtschaft
EU-Projekt Liberation
Sarah Redlich *et al.*

- 183 Microbial Resource Research Infrastructure (MIRRI) – die Infrastruktur für Mikroorganismen und mikrobielle Fragestellungen
Dr. Manuela Schüngel und Erko Stackebrandt
- 184 Postnatale Entwicklung der Darmmikrobiota gesunder und kranker Kälber – prophylaktische und pathogenetische Bedeutung
Dr. Julia Friedl *et al.*
- 188 Biologische Vielfalt erkennen, erfassen und nutzen: Natürliche Gegenspieler schädlicher Insektenarten in Deutschland
Dr. Olaf Zimmermann und Harald Schneller
- 192 Teilnehmerliste
List of participants
- 201 Schriftenreihe „Agrobiodiversität“

Vorwort der Herausgeber

Zum Thema „Mikroorganismen und Wirbellose – entscheidende Dienstleister für Landwirtschaft und Ernährung“ fand am 26./27. November 2015 ein Symposium in Berlin statt. Zu dieser Veranstaltung hatte das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL), die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) und die Arbeitsgruppe Biodiversität des Senats der Ressortforschungseinrichtungen des BMEL eingeladen.

Knapp 100 Experten aus Politik, Verwaltung, Forschung und Wirtschaft nahmen teil. Der vorliegende Band 39 der Schriftenreihe „Agrobiodiversität“ mit dem Titel „Mikroorganismen und Wirbellose – entscheidende Dienstleister für Landwirtschaft und Ernährung“ enthält die Vortragsbeiträge dieses Symposiums.

Inhaltlich spannte sich der Bogen der Beiträge über die Nutzung von Mikroorganismen und Invertebraten bei der Herstellung von Lebensmitteln, im Pflanzenschutz, für die Verwendung in Biogasanlagen oder als Symbionten vor allem bei Wiederkäuern. Ihre Funktionalität und Leistung wurde im Bereich der Bestäubung und als Dienstleister zur Erhaltung der Bodenfruchtbarkeit herausgestellt. Herausforderungen der Erhaltung von Mikroorganismen und Invertebraten wurden am Beispiel von mikrobiologischen Sammlungen aufgezeigt. Die nationalen Aktivitäten im Kontext internationaler Bemühungen um den Erhalt und die nachhaltige Nutzung der Mikroorganismen und Invertebraten in Landwirtschaft und Ernährung schlossen den inhaltlichen Überblick ab.

Mikroorganismen und Wirbellose stellen wichtige ökosystemare Leistungen bereit wie die Erhaltung der Bodenfruchtbarkeit oder Bestäubung und spielen eine wichtige Rolle als genetische Ressource und Zukunftsträger neuer Technologien. Daher plant das BMEL ein nationales Konzept, das notwendige Maßnahmen und Handlungsbedarfe für die Erhaltung und nachhaltige Nutzung der Mikroorganismen und Wirbellosen benennt. Der Entwurf des Konzeptes, der im Rahmen der Veranstaltung der Öffentlichkeit präsentiert wurde, enthält Maßnahmen zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung für die Funktionelle Bodenbiodiversität und Bestäubung, für den Pflanzenbereich mit Pflanzenschutz, -gesundheit und -züchtung, für den Nutztierbereich mit den Sektoren Tierer-

nährung und -gesundheit, sowie den Bereich nachwachsende Rohstoffe und die Lebensmittelproduktion. An der Bandbreite der Themen zeigt sich die breite Verwendung und die große Bedeutung der Mikroorganismen und Wirbellosen. Die weiteren Vorträge des Symposiums beleuchteten jeweils Teilaspekte der im Fachprogramm genannten Themen.

Die Notwendigkeit zur Entwicklung von Konzepten zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung von Mikroorganismen und Wirbellosen auf nationaler Ebene wird auch dadurch gestärkt, dass Mikroorganismen und Wirbellose zunehmend Aufmerksamkeit im internationalen Bereich bekommen. Der von der Konvention zur biologischen Vielfalt und der Ernährungs- und Landwirtschaftsorganisation der Vereinten Nationen (FAO) verwendete ökosystemare Ansatz betont Funktionen und Leistungen von Mikroorganismen und Invertebraten. Aufgrund der Bedeutung der ökosystemaren Leistungen gewinnt auch die Bewertung der Leistungen dieser Lebewesen zusehends an Bedeutung.

Folgt man den Ausführungen der Vortragenden, sind hier allerdings noch viele Wissenslücken zu schließen: bei der Vielzahl der existierenden Mikroorganismen und Wirbellosen zeigt die Kultivierbarkeit zur Zeit noch enge Grenzen der Möglichkeiten auf. Derzeit sind nur ca. 0,001-0,1 % der bekannten Mikroorganismen in Sammlungen kultiviert. Bei den Wirbellosen, wie z.B. den Milben, wird davon ausgegangen, dass ebenfalls viele Arten noch nicht bekannt sind; einer der Gründe hierfür ist der zunehmende Mangel an verfügbaren Taxonomen. Dieser Trend, der nun schon mehrere Jahre anhält, muss daher umgekehrt werden.

Während der Abschlussdiskussion war eine wichtige Forderung der Teilnehmer, Wissen zu den Wechselwirkungen von Mikroorganismen-Gemeinschaften im Kontext Bodenorganismen – Pflanzengesundheit/Mikrobiom Pflanze – Ertrag und Qualität über die gesamte Produktionskette zu generieren sowie bestehendes Wissen zu bündeln. Handlungsoptionen ergeben sich auch mit Blick auf zukünftige Möglichkeiten durch weiteres Ausschöpfen des Innovationspotentials von Mikroorganismen und Wirbellosen. Neuen Herausforderungen und Rahmenbedingungen kreativ zu begegnen erfordert eine inter- und transdisziplinäre Herangehensweise, die gestärkt und vorangetrieben werden soll. Das Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung von Mikroorganismen und

Invertebraten und dessen Umsetzung stellt einen ersten Schritt in die richtige Richtung dar.

Die Veranstalter hoffen, durch das Symposium und den vorliegenden Tagungsband die weitere fachliche Diskussion zu forcieren und die Notwendigkeit für die Erhaltung der Vielfalt von Mikroorganismen und Wirbellosen und der Sicherstellung ihrer nachhaltigen Nutzung zu verdeutlichen.

Ein besonderer Dank gilt den Referenten und Teilnehmern für ihre Mitwirkung durch Vorträge, Poster und Diskussionsbeiträge.

Herausgeber:

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung
Referat 321 – Informations- und Koordinationszentrum für biologische Vielfalt

Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft
Referat 522 – Biopatente und Biologische Vielfalt

Thünen-Institut für Biodiversität und Senatsarbeitsgruppe „Biodiversität“ des
Senats der Ressortforschungseinrichtungen des BMEL

Preface of the Editors

„Micro-organisms and invertebrates – essential service providers for Agriculture and Food“ was the title of a symposium on 26/27th of November 2015 in Berlin. It was organised by the German Federal Ministry for Food and Agriculture (BMEL) together with the Federal Office for Agriculture and Food (BLE) and the Working Group „Biodiversity“ of the public research institutions of BMEL.

The symposium focussed on the use of micro-organisms and invertebrates in food production, in crop protection, in biogas plants or as symbionts especially in ruminants, and their importance for pollination and as service providers to maintain soil-fertility.

The challenges of conservation measures for micro-organisms and invertebrates have been shown by the example of microbiological collections. The national activities in the context of international efforts to conserve and to sustainably use micro-organisms and invertebrates in agriculture and food completed the content overview.

Micro-organisms and invertebrates provide important ecosystem services such as the maintenance of soil fertility or pollination. They play an important role as a genetic resources and may play an essential role in new technologies. Therefore, the German Federal Ministry for Food and Agriculture (BMEL) is planning a National Program for micro-organisms and invertebrates. It identifies necessary measures and actions required for the conservation and sustainable utilization of micro-organisms and invertebrates.

The draft of the program includes measures in the fields of functional soil biodiversity, pollination, plant protection, plant health, plant breeding, animal nutrition and health, renewable resources and food production.

The wide range of applications highlighted the wide use and emphasized the importance of micro-organisms and invertebrates.

Thus, the need for a National Program for the conservation and sustainable use of micro-organisms and invertebrates became clear. Microorganisms and inverte-

brates are increasingly paid attention to on an international level. The ecosystem approach followed by the Convention on Biodiversity (CBD) and by the Food and Agriculture Organization (FAO) leads directly to functions and benefits of microorganisms and invertebrates. Given the importance of ecosystem services, the evaluation of the performance of these organisms gains importance.

Following some of the presentations, there are still knowledge gaps to close: Given the large number of existing microorganisms and invertebrates, cultivability currently is a limiting factor. Today, only about 0.001 to 0.1% of the known microorganisms are cultured in collections. For the invertebrates, such as the mites, it is assumed that many species are not yet known. One of the reason for this is the increasing lack of available taxonomists. This trend, which already lasts for several years, must be stopped.

During the final discussion an important demand of the participants was to increase knowledge on interactions between microbial communities along the entire production chain in the context of soil organisms - phytosanitary/plant microbiome - yield/quality, as well as to bundle existing knowledge. Options for action also arise with view to future possibilities by further exploitation of the innovation potentials of microorganisms and invertebrates.

To meet new challenges will require a creative inter- and transdisciplinary approach, that is to be strengthened and further developed. The National Program for the conservation and sustainable utilization of microorganisms and invertebrates and its implementation is a first step in the right direction.

The organizers hope, that the symposium and the conference proceedings contribute to further discussions and to highlighting the need for maintaining the diversity of microorganisms and invertebrates and ensuring their sustainable use.

A special thanks to the speakers and participants for their presentations, the informative posters and the discussions.

Editors:

Federal Office for Agriculture and Food (BLE)

Dep 321 – Information and Coordination Centre for Biological Diversity (IBV)

Federal Ministry of Food and Agriculture (BMEL)

Dep 522 - Biopatents und Biodiversity

Prof. Dr. Hans-Joachim Weigel

Thünen-Institut for Biodiversity and Working Group on Biodiversity of the research institutions of BMEL

Begrüßung

Welcome

Dr. Christine Natt

Vizepräsidentin der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

Sehr geehrte Damen und Herren,

ich freue mich sehr, Sie im Namen der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung zum Symposium „Mikroorganismen und Wirbellose – entscheidende Dienstleister für Landwirtschaft und Ernährung“ begrüßen zu dürfen.

Das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft, das Thünen-Institut für Biodiversität, die Senatsarbeitsgruppe „Biodiversität“ des Senats der Ressortforschungseinrichtungen des BMEL und die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung mit seinem Informations- und Koordinationszentrum für Biologische Vielfalt haben sich zusammengetan, um gemeinsam diese Tagung zu veranstalten.

2015 ist das Jahr des Bodens, ich sehe diese Veranstaltung auch als wichtigen Beitrag hierzu.

In den nächsten beiden Tagen wollen wir gemeinsam den Blick auf die Mikroorganismen und Wirbellosen richten. Sie sind enorm wichtig für die Landwirtschaft, die Agrarökosysteme und die Ernährung – so wichtig, dass wir sie – Sie sehen es am Titel – für unverzichtbar erachten. Warum?

Unverzichtbar, weil sie z.B. als fleißige Bodenbewohner überhaupt erst dafür sorgen, dass Pflanzen wachsen können.

Unverzichtbar auch, weil sie als Bestäuber für Erträge bei vielen Kulturpflanzen sorgen, und auch für die Erhaltung vieler Wildpflanzen verantwortlich zeichnen,

Unverzichtbar überhaupt in den Agrarökosystemen, weil sie entscheidende Funktionen, wie biologischen Pflanzenschutz, Erosionsschutz, Klimaregulation gewährleisten,

und **unverzichtbar** als genetische Ressourcen für die Herstellung von Futtermitteln und Lebensmitteln wie Käse oder Bier.

Aber trotz dieser immensen Bedeutung fand dieser Teil der biologischen Vielfalt bislang relativ wenig Beachtung.

Im Auftrag des BMEL haben wir als BLE mit dem Informations- und Koordinationszentrum für Biologische Vielfalt, einen Konsultationsprozess eingeleitet.

Fachgespräche mit Experten aus Wissenschaft, Forschung und Praxis hatten das Ziel,

- den Stand des Wissens zu sammeln,
- Handlungsfelder zu benennen und
- den prioritären Handlungsbedarf abzuleiten – immer mit dem Fokus auf die genetischen Ressourcen von Mikroorganismen und Invertebraten.

Acht Themenfelder kristallisierten sich dabei heraus:

- Funktionelle Bodenbiodiversität
- Bestäubung
- Pflanzenschutz und Pflanzengesundheit
- Pflanzenzüchtung
- Nachwachsende Rohstoffe
- Lebensmittel
- Tierernährung
- Tiergesundheit

Die Diskussionen in den Fachgesprächen und die weiteren Abstimmungen haben die Notwendigkeit für die Erarbeitung eines Nationalen Fachprogramms zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung genetischer Ressourcen der Mikroorganismen und Wirbellosen deutlich gemacht.

Ein Entwurf für ein solches Fachprogramm liegt jetzt im BMEL zur Begutachtung und Verabschiedung. Der aktuelle Weg hin zu einem Fachprogramm zu den genetischen Ressourcen der Mikroorganismen und Wirbellosen ist aus unserer Sicht erfreulich und auch notwendig, da es zu den anderen genetischen Ressourcen in der Landwirtschaft und Ernährung, also zu Pflanzen, Nutztieren, Fischen und dem Forstbereich schon länger solche Fachprogramme gibt.

Es ist auch ein guter Zeitpunkt dafür, da auf internationaler Ebene die Kommission für genetische Ressourcen in der Ernährung und der Landwirtschaft bei der FAO ebenfalls sein Mandat auf die Mikroorganismen und Wirbellosen ausgedehnt hat.

Ich bin sehr gespannt, was wir im Laufe der Veranstaltung insbesondere über die Innovationspotenziale dieser genetischen Ressourcen erfahren werden. Die Bioökonomie gewinnt an Bedeutung, viele Verfahren werden zukünftig diese biologische Vielfalt als Ressource benötigen. Ich denke, wir können getrost sagen, dass zukünftig die Mikroorganismen und Wirbellosen immer mehr an Bedeutung gewinnen für eine nachhaltige Land- und Ernährungswirtschaft.

Für die BLE ist die Förderung und Sicherung einer nachhaltigen Landwirtschaft ein zentrales Anliegen. Das zeigt sich auch in den Aufgabenfeldern der BLE: Forschung und Innovation für eine nachhaltige Zukunft umfassen beispielsweise die Organisation und Projekträgerschaft vom

- Bundesprogramm Ökologischer Landbau und andere Formen nachhaltiger Landwirtschaft
- Die Umsetzung der Eiweißpflanzenstrategie des BMEL zur Förderung des heimischen Leguminosenanbaus
- der Nationale Aktionsplan Pflanzenschutz
- der Nationale Aktionsplan für gesunde Ernährung und mehr Bewegung (IN FORM)

- das Informations- und Koordinationszentrum für Biologische Vielfalt (IBV) mit seinen Geschäftsstellen- und Koordinationsaufgaben.

Hinzu kommen die Aufgaben zur Sicherung der Wertschöpfungskette zu denen auch die Kontrolle der Holzeinfuhr – nur aus legalem Holzeinschlag – gehört.

Die Stabilität für gemeinsame Märkte und die ländlichen Regionen ist ein weiterer wichtiger Aufgabenschwerpunkt: Die in der BLE angesiedelte Deutsche Vernetzungsstelle Ländliche Räume (DVS) unterstützt Kommunen dabei, die Attraktivität der ländlichen Räume zu erhalten und zu fördern. Das Kompetenzzentrum Ländliche Entwicklung in der BLE unterstützt die Umsetzung des Bundesprogramms zur Ländlichen Entwicklung, das BM Schmidt kürzlich gestartet hat.

Welche Aktivitäten/Projekte hat die BLE konkret in den letzten Jahren mit Bezug zu Mikroorganismen und Wirbellosen in Landwirtschaft und Ernährung gefördert?

Viele Projekte könnten hier genannt werden, so dass ich an dieser Stelle nur einige ausgewählte Beispiele nennen kann:

Aus dem Bereich des Bodens wurde im Rahmen des Ökologischen Landbau z.B. der Einfluss von Bewirtschaftungsmaßnahmen auf die Struktur und Funktion der Bodenmikroflora untersucht.

Aus dem Bereich der Bestäuber wurde kürzlich das Verbundprojekt FIT BEE zur Honigbiene abgeschlossen. Dabei ging es darum, die komplexen Wechselwirkungen zwischen Einzelbienen, Bienenvolk, Bienenkrankheiten und Umweltparametern besser zu verstehen.

Nennen möchte ich hier auch noch das „Deutsche Bienenmonitoring“ und ganz aktuell das Verbundprojekt zur genomischen Selektion zur Verbesserung von Krankheitsresistenz, Leistung und Verhalten bei Honigbienen.

Verehrte Gäste, in den nächsten beiden Tagen erwarten uns spannende Beiträge.

Mein Dank gilt jetzt schon dem BMEL für die finanzielle Ausstattung der Veranstaltung und der Bereitstellung der Tagungsräumlichkeiten.

Den Referenten und Referentinnen sowie den Moderatoren und Moderatorinnen gilt ebenso mein Dank, genauso wie denjenigen unter Ihnen, die sich bereits im Vorfeld dieser Veranstaltung am Konsultationsprozess zur Erarbeitung des Fachprogramms beteiligt haben.

Ein herzliches Dankeschön an Frau Bayer, Hr. Prof. Weigel und Hr. Schröder für die inhaltlichen Planungen. Und nicht zuletzt danke ich dem KTM-Team für die tolle Organisation.

Begrüßung

Welcome

Prof. Dr. Hans-Joachim Weigel

Sprecher der Senatsarbeitsgruppe „Biodiversität“ des Senats der Bundesforschungsanstalten des BMEL und Leiter des Thünen-Instituts für Biodiversität

Meine sehr verehrten Damen und Herren,

zum heutigen Symposium „Mikroorganismen und Wirbellose – entscheidende Dienstleister für Landwirtschaft und Ernährung“ begrüße ich Sie ebenfalls herzlich. Diese Begrüßung erlaube ich mir in doppelter Funktion: einerseits als Sprecher der Senatsarbeitsgruppe (SAG) „Biodiversität“ des Senats der Bundesforschungsanstalten des BMEL und andererseits als Leiter des Instituts für Biodiversität des Thünen-Instituts in Braunschweig. Beide Einrichtungen haben an der Gestaltung des heutigen Symposiums mitgewirkt und das Informationszentrum Biologische Vielfalt der BLE bei dieser Aktivität unterstützt. Das Zusammenwirken dieser drei Akteure geschah in konstruktiver Atmosphäre und hat ausgesprochen gut funktioniert und - wie ich hoffe - zu einem attraktiven Tagungsprogramm geführt.

Die SAG ´en des BMEL sind ein Instrument für die Forschungsplanung bzw. die Abstimmung von Forschungsfragen zwischen den Einrichtungen. Aufgabe der SAG ´en ist es, gegenseitig fachspezifische Informationen auszutauschen, Kompetenzen zu bündeln und Informationen für den Senat selbst, das Ministerium, die Fachwelt oder die Öffentlichkeit verfügbar machen. Dies geschah z.B. in Form von aktuellen Übersichten zu laufenden Forschungsarbeiten der beteiligten Einrichtungen, sowie Workshops oder Symposien - ähnlich der heutigen Veranstaltung. Zwischenzeitlich sind die SAG ´en des BMEL allerdings formell aufgelöst worden, auch die hier relevante SAG „Biodiversität“. Die Gruppen können ihre begonnenen Arbeiten zwar zunächst noch in Eigenregie fortsetzen, die

Wiedereinführung eines vergleichbaren Instrumentes zur Forschungsordination ist derzeit aber offen. Im Hinblick auf das enorm breite Thema Biodiversität und die Fülle der dazu relevanten Forschungsaktivitäten innerhalb des BMEL Forschungsbereiches und darüber hinaus, ist das Auslaufen der SAG „Biodiversität“ zu bedauern, da hier unmittelbar auf der Arbeitsebene der aktiven Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler ein jeweils aktueller Informationsaustausch stattfand.

Die SAG „Biodiversität“ hat sich im Laufe ihrer Arbeit sowohl damit befasst, die einzelnen Forschungsaktivitäten in den BMEL Einrichtungen jeweils aktuell zusammenfassend darzustellen als auch disziplinübergreifende Querschnittsthemen zu identifizieren, die in Form einer wissenschaftlichen Veranstaltung vorgestellt wurden. Aus dieser Vorgehensweise heraus entstand die Idee, die in fast allen BMEL Forschungseinrichtungen laufenden aktuellen Arbeiten zur Rolle von Mikroorganismen und Wirbellosen in der Agrar- und Ernährungswirtschaft zusammenfassend im Rahmen einer wissenschaftlichen Veranstaltung darzustellen. Diese Überlegungen haben sich mit den gleichzeitigen Aktivitäten der BLE für ein „Nationales Fachprogramm zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung genetischer Ressourcen von Mikroorganismen und Invertebraten“ überschneiden bzw. getroffen. Die beiden Aktivitäten sind dann letztlich in die Ausrichtung der heutigen Veranstaltung übergegangen, wobei Mitglieder der SAG „Biodiversität“ dazu auch Vortragsbeiträge leisten.

Die Rolle des Thünen-Instituts für Biodiversität als weiterer Mitveranstalter der heutigen Veranstaltung ergibt sich daraus, dass sich das Institut in seinen Arbeitsbereichen insbesondere auch mit der Rolle von Bodenorganismen für das Funktionieren von Agrarökosystemen befasst. Zwei Wissenschaftler des dazu relevanten Arbeitsbereichs Bodenbiologie aus dem Institut sind anerkannte Spezialisten in den Disziplinen Bodenzoologie und Bodenmikrobiologie und werden heute dazu Übersichtsvorträge im Themenblock „Dienstleister in Agrarökosystemen“ halten.

Im Hinblick auf biologische Vielfalt (Biodiversität) in der Land-, Forst-, Fischerei- und Ernährungswirtschaft ist die Nutzung von Elementen der Biodiversität, die für die Ökosystemfunktionen der Produktionssysteme von Bedeutung sind und insbesondere die Biodiversität in Form der genetischen Ressourcen

für Landwirtschaft und Ernährung von besonderem Interesse. Hierbei stehen überwiegend die Organismen im Blickfeld, die „offensichtlich“ sind, wie z.B. Arten, Sorten bzw. Rassen von Nutzpflanzen, Nutztieren und Nutzfischen. Die kaum wahrnehmbare Vielfalt der Mikroorganismen und sonstigen Wirbellosen, die in den land- und forstwirtschaftlichen Produktionssystemen sowie bei der Verarbeitung von Lebensmitteln und landwirtschaftlichen Rohstoffen eine unverzichtbare Rolle spielt, ist bisher in ihrer wissenschaftlichen und gesellschaftlichen Bedeutung wenig thematisiert worden. Diese Lücke will die heutige Veranstaltung zumindest zum Teil schließen und dazu in ausgewählten Themenbereichen den Stand des Wissens der Bedeutung und der Funktionen der Mikroorganismen und Wirbellosen darstellen und den Bedarf für weitere Maßnahmen zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung dieses Teils der biologischen Vielfalt diskutieren und ableiten.

Allen beteiligten Kolleginnen und Kollegen sowohl des Informationszentrums Biologische Vielfalt der BLE - und hier insbesondere dem Team um Frau Bayer und Herrn Dr. Schröder – als auch der SAG „Biodiversität“ danke ich für ihre konstruktive Mitarbeit. Besonderer Dank gebührt auch den Damen und Herren, die als Vortragende und Moderatoren die Veranstaltung mit Inhalt und Atmosphäre ausgestalten.

Grußwort des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft

Welcome address of the Federal Ministry for Food and Agriculture

Bernt Farcke

Unterabteilungsleiter „Nachhaltigkeit, Nachwachsende Rohstoffe“ im Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft

Vielen Dank, liebe Frau Dr. Natt und lieber Herr Prof. Weigel für Ihre freundliche Einführung. Ich begrüße Sie alle recht herzlich am Berliner Dienstsitz des BMEL. Gerne überbringe ich Ihnen die Grüße von Herrn Bundesminister Schmidt und Herrn Parlamentarischen Staatssekretär Bleser, der entgegen seiner ursprünglichen Absicht einer anderen Verpflichtung folgen muss.

Warum sind Mikroorganismen und Wirbellose für Landwirtschaft und Ernährung wichtig? Sind diese Organismen, wie z.B. Wespen einfach nur lästig, wenn sie sich auf unser Frühstücksbrötchen setzen oder auch wichtige Bestäuber und deshalb in Ernährung und Landwirtschaft sehr bedeutend? Hier lohnt es sich durchaus, genauer hinzusehen und sich mit diesem Bereich der Biologischen Vielfalt und dessen Funktionen intensiv zu beschäftigen.

Deutschland ist als eine der führenden Industrienationen in besonderer Verantwortung, mit seiner Land-, Forst- und Fischereiwirtschaft sowie dem Gartenbau neue Wege zu gehen, um die Erfordernisse von Ökonomie und Ökologie wirksam und nachahmenswert zu vereinen. Es ist mehr denn je erforderlich, Synergien zu entwickeln, um Anliegen von Naturschutz, Ökonomie in der Agrarwirtschaft und Wohlfahrt zusammen zu führen und verantwortungsvoll Kompromisse auszuloten.

In der internationalen und deutschen Biodiversitätspolitik fand in den vergangenen Jahren ein Paradigmenwechsel statt: Es hat sich die Erkenntnis durchgesetzt, „dass die Biodiversität – einschließlich Mikroorganismen und Wirbellose – ein Naturkapital für den wirtschaftlichen Erfolg in der Agrarwirtschaft darstellt“ – so eine Verlautbarung der EU-KOM in ihrer Biodiversitätsstrategie 2011 – 2020.

Auch die Welternährungsorganisation (FAO) hat ihre Aktivitäten in Bezug auf Mikroorganismen und Wirbellose ausgeweitet. Im Weltzustandsbericht zur Biodiversität in Ernährung und Landwirtschaft der FAO, der sich gerade in der Erarbeitung befindet, sind ökosystemare Leistungen und die sogenannte „assoziierte Biodiversität“ wichtige Themen. Wir sind froh, heute hier einen Vertreter der FAO begrüßen zu dürfen, der uns hierzu Aktuelles berichten kann.

Die biologische Vielfalt ist ein unschätzbare Reichtum und existenzielle Grundlage für Mensch und Wirtschaft. Pflanzen, Tiere, Pilze und Mikroorganismen reinigen z.B. Wasser und Luft, dienen als Nahrung und Arzneimittel oder sorgen für fruchtbare Böden sowie angenehmes Klima.

Über die Hälfte der Fläche Deutschlands wird landwirtschaftlich genutzt. Viele der heute schützenswerten Biotope und Strukturen der Kulturlandschaft sind über viele Jahrzehnte durch landwirtschaftliche Nutzung entstanden und bieten neben einer Vielzahl von Tier- und Pflanzenarten auch den Kleinstlebewesen Lebensraum. Aufgrund ökonomischer, gesellschaftlicher und technischer Entwicklungen ist die Biodiversität in der Landwirtschaft insgesamt leider rückläufig.

Über Agrarumwelt- und Klimamaßnahmen und die Einführung des „Greening“ im Rahmen der Gemeinsamen Agrarpolitik (GAP) sollen Rahmenbedingungen geschaffen werden, die helfen können, die Biodiversität wieder zu erhöhen und gleichzeitig die hohe Produktivität der heimischen Landwirtschaft zu erhalten und zu sichern. Dazu ist es auch wichtig, einen Blick auf eben diese Kleinlebewesen zu werfen, die eine wichtige Rolle für die Produktivität mit übernehmen.

Die vielfältigen Funktionen der Mikroorganismen und Wirbellosen in den Agrarökosystemen sind unbestritten, wenn auch noch nicht umfassend geklärt. So

wissen wir alle z.B. um die Bedeutung der Wild- und Honigbienen als Bestäuber in unserer Agrarlandschaft oder der Bodenorganismen als Zersetzer organischen Materials. Wissenslücken bestehen jedoch noch in etlichen Bereichen z.B. hinsichtlich der Wirkmechanismen bestimmter Mikroorganismen, die die Pflanzen in ihrer Abwehr gegen Schadorganismen stärken können. Hier könnten z.B. durch die Erforschung dieser Mechanismen wesentliche Beiträge zur Gesunderhaltung der Pflanzen sowie für die Züchtungsarbeit an Kulturpflanzen geleistet werden.

Ein wichtiger Bereich, in dem Mikroorganismen und Wirbellose ebenfalls eine große Rolle spielen, ist der Boden. Die Generalversammlung der Vereinten Nationen hat das Jahr 2015 zum Internationalen Jahr des Bodens erklärt. Damit soll die Bedeutung der Böden für die Ernährungssicherung in der Welt und für den Wohlstand unserer Gesellschaft verdeutlicht werden.

Böden dienen u.a. zur Produktion von Nahrungs- und Futtermitteln sowie nachwachsenden Rohstoffen und können ihre Funktionen nur mit Hilfe der auf und im Boden lebenden Organismen erfüllen. Der Boden und seine Lebewesen sind also ein wichtiger Faktor für Fruchtbarkeit und Ernährungssicherung – ihr Schutz ist lebensnotwendig.

Auch hier bestehen noch Wissenslücken, die es zu schließen gilt.

Um die Nutzung der Böden durch die Land- und Forstwirtschaft nachhaltig zu gestalten, engagiert sich Deutschland national und international für den Bodenschutz auch unter den Bedingungen des Klimawandels.

Es freut mich sehr, dass in unseren Ressortforschungseinrichtungen seit vielen Jahren wichtige und sehr vielfältige Arbeit in Bezug auf die Biologische Vielfalt der Mikroorganismen und Wirbellosen geleistet wird. Danken will ich auch allen Mitgliedern der Senatsarbeitsgruppe Biodiversität für ihre Aktivitäten und ihren Einsatz, die dem BMEL und der Biologischen Vielfalt seit langem zu Gute kommen.

Einblicke hierzu werden Sie im Laufe dieses Symposiums über die interessanten Fachvorträge erhalten können.

Danken will ich auch dem „Informations- und Koordinationszentrum Biologische Vielfalt“ in der BLE für sein langjähriges geleistetes Engagement für die Biologische Vielfalt. Insbesondere danke ich für den Entwurf des „Nationalen Fachprogramms zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung genetischer Ressourcen von Mikroorganismen und Invertebraten“.

Dieses Fachprogramm wird eine wichtige Ergänzung zu den bereits vorliegenden Nationalen Fachprogrammen für genetische Ressourcen in den Bereichen „Pflanzen, Tiere, Forst und Aquatik“ darstellen.

Viele der hier Anwesenden haben dazu wertvolle Beiträge geleistet – dafür möchte ich Ihnen ausdrücklich danken.

Ich freue mich, dass wir uns in der Landwirtschaft und Ernährung intensiv mit Mikroorganismen und Wirbellosen sowie deren Funktionen und Leistungen auseinandersetzen. Mit diesem Symposium zeigen wir, dass uns das Thema am Herzen liegt.

Ich wünsche Ihnen an den beiden Tagen hier anregende Vorträge, interessante Diskussionen und Kontakte sowie darüber hinaus Erfolge bei Ihren weiteren Aktivitäten in der Forschung oder Umsetzung neuer Erkenntnisse im Interesse der deutschen Agrar- und Ernährungswirtschaft.

Und jetzt wünsche ich uns viel Vergnügen mit dem nachfolgenden Vortrag, mit dem das Symposium startet.

Vielen Dank für Ihre Aufmerksamkeit!

Das Nationale Fachprogramm „Erhaltung und nachhaltige Nutzung genetischer Ressourcen von Mikroorganismen und Invertebraten“

The National Program on the conservation and sustainable use of genetic resources of microorganisms and invertebrates

Ingeborg Bayer, Bundesanstalt für Ernährung und Landwirtschaft (BLE), Informations- und Koordinationszentrum für Biologische Vielfalt (IBV)

E-Mail: Ingeborg.Bayer@ble.de

Zusammenfassung

Mikroorganismen und Invertebraten sind unverzichtbare Dienstleister in der Land- und Ernährungswirtschaft. Der Verlust geeigneter Lebensräume sowie moderne Produktionsmethoden führen zu Biodiversitätsverlusten – auch bei Mikroorganismen und Invertebraten.

EU-Gremien und internationale Vereinigungen wie z.B. die Welternährungsorganisation befassen sich zunehmend mit der Aufklärung der Funktionen dieser Organismen und deren Schutz. Zum Verständnis der Ökosystemleistungen dieser Lebewesen als Voraussetzung für eine verbesserte Berücksichtigung und Nutzung in den Agrarsystemen müssen Wissenslücken geschlossen und geeignete Maßnahmen zur Erhaltung identifiziert werden, um damit eine nachhaltige Nutzung sicher zu stellen.

Dazu wurde das Informations- und Koordinationszentrum Biologische Vielfalt bei der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung von BMEL mit der Erarbeitung eines Nationalen Fachprogramms beauftragt. Zu den Themenbereichen „Funktionelle Bodenbiodiversität, Bestäubung, Pflanzenschutz und Pflanzengesundheit, Pflanzenzüchtung, Nachwachsende Rohstoffe, Lebensmittel, Tierernährung und Tiergesundheit“ wurden themenspezifische Fachgespräche mit relevanten Akteuren geführt und notwendige Handlungsfelder und Maßnahmen identifiziert. Das Fachprogramm befindet sich derzeit in der Abstimmung und soll 2016 veröffentlicht werden. Das Nationale Fachprogramm zur „Erhaltung und nachhaltige Nutzung genetischer Ressourcen von Mikroorganismen und Invertebraten“ ergänzt in sinnvoller Weise die bereits bestehenden Nationalen Fachprogramme zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung genetischer Ressourcen von Pflanzen, Tieren sowie im forstlichen und aquatischen Bereich. Auch für die Mikroorganismen und Invertebraten soll – analog zu den Fachgremien der eben genannten Sektoren, ein Expertengremium etabliert werden, das die Umsetzung des Fachprogramms mit den entsprechenden Maßnahmen voranbringt, unterstützt und begleitet.

Abstract

Microorganisms and invertebrates are essential in providing services for agriculture and for the food industry. The loss of suitable habitats and the use of modern production methods lead to biodiversity loss - even in microorganisms and invertebrates.

EU bodies and international organizations such as the Food and Agriculture Organization deal increasingly with the functions of these organisms and their protection. To understand the ecosystem services of these organisms is a precondition for improved consideration and use in agricultural systems. Thus knowledge gaps must be closed and appropriate measures for the conservation of these organisms should be identified in order to ensure sustainable use.

For this, the German Ministry for Food and Agriculture (BMEL) mandated the Information and Coordination Centre for Biological Diversity (IBV) of the Federal Office for Agriculture and Food (BLE) to draw up a National Programme. For each

of the topics „Functional soil biodiversity, Pollination, Plant protection and plant health, Plant breeding, Renewable resources, Food, Animal nutrition, Animal health“, a technical discussion with relevant stakeholders has been organized, in order to identify necessary areas of action and future measures.

The “National Programme for the conservation and sustainable use of genetic resources of microorganisms and invertebrates“ is currently discussed and will be published in 2016. It will complement the existing sectoral National Programmes for Plant, Animal, Forest and Aquatic genetic resources. The implementation of the National Programme is supported by an expert committee. Also for the microorganisms and invertebrates an expert panel should be established, that advances the implementation of the National Programme with the appropriate measures, support and guidance.

Mikroorganismen und Invertebraten sind unverzichtbare Dienstleister in der Land- und Ernährungswirtschaft. Der Verlust geeigneter Lebensräume sowie moderne Produktionsmethoden führen zu Biodiversitätsverlusten – auch bei Mikroorganismen und Wirbellosen. Damit drohen ihre für den Agrarbereich essenziellen Schlüsselfunktionen ebenfalls verloren zu gehen. Zum Verständnis der Ökosystemleistungen dieser Lebewesen als Voraussetzung für eine verbesserte Berücksichtigung und Nutzung in den Agrarsystemen müssen Wissenslücken geschlossen und geeignete Maßnahmen zur Erhaltung identifiziert werden, um eine nachhaltige Nutzung sicher zu stellen. Das Nationale Fachprogramm zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung genetischer Ressourcen von Mikroorganismen und Invertebraten soll die notwendigen Maßnahmen aufzeigen, die ergriffen werden müssen, um diese Ressourcen nachhaltig nutzen zu können. Dazu wurde das Informations- und Koordinationszentrum Biologische Vielfalt bei der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung von BMEL mit der Erarbeitung eines Nationalen Fachprogramms beauftragt.

Das Nationale Fachprogramm zur „Erhaltung und nachhaltige Nutzung genetischer Ressourcen von Mikroorganismen und Invertebraten“ ergänzt in sinnvoller Weise die bereits bestehenden Nationalen Fachprogramme zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung genetischer Ressourcen von Pflanzen, Tieren sowie im forstlichen und aquatischen Bereich.

Diese Fachprogramme basieren auf dem „Übereinkommen über die Biologische Vielfalt (Convention on Biological Diversity CBD)“ und befinden sich im Kontext der Nationalen Strategie zur Biologischen Vielfalt sowie der Agrobiodiversitätsstrategie des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL). Sie werden vom Informations- und Koordinationszentrum für Biologische Vielfalt (IBV) der BLE fachlich koordiniert. Wichtige Akteure bei der Umsetzung der Fachprogramme sind die jeweiligen Fachgremien, die Forschungsinstitute und Fachreferate des BMEL, die Bundesländer sowie Experten aus wissenschaftlichen Einrichtungen, Verbänden oder Nicht-Regierungsorganisationen. Entsprechend ist auch für die Mikroorganismen und Invertebraten geplant, dass ein Fachgremium die Umsetzung des Fachprogramms mit den entsprechenden Maßnahmen unterstützt und begleitet.

EU-Gremien und internationale Vereinigungen wie z.B. die Welternährungsorganisation befassen sich zunehmend mit der Aufklärung der Schlüsselfunktionen dieser Organismen und deren Schutz.

Mikroorganismen und Invertebraten spielen in vielen Bereichen der Landwirtschaft und Ernährung eine Rolle. Daher wurden zuerst wichtige Themenbereiche identifiziert und Fachgespräche mit relevanten Akteuren durchgeführt, in denen notwendige Handlungsfelder und geeignete Maßnahmen herauszufinden. Diese Themenbereiche finden sich im Nationalen Fachprogramm in folgenden Kapiteln wieder:

- Funktionelle Bodenbiodiversität
- Bestäubung
- Pflanzenschutz und Pflanzengesundheit
- Pflanzenzüchtung
- Nachwachsende Rohstoffe
- Lebensmittel,
- Tierernährung
- Tiergesundheit

Jeder Themenbereich wiederum ist gegliedert in

- Bedeutung, Nutzung und Gefährdung
- Politische und Rechtliche Rahmenbedingungen
- Ausgewählte Erhaltungsmaßnahmen
- Künftige Maßnahmen zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung

Inhalte des Nationalen Fachprogramms

Das Fachprogramm behandelt im Allgemeinen Teil die Themen, die für alle Fachkapitel gelten und führt die allgemeinen Rahmenbedingungen auf, die für die Gefährdung, die Erhaltung und die nachhaltige Nutzung der Mikroorganismen und Invertebraten von Bedeutung sind. Als ausgewählte Erhaltungsmaßnahmen werden Förderprogramme der EU aber auch Aktivitäten internationaler Organisationen aufgezeigt. Die allgemeinen Ziele der Agrobiodiversitätsstrategie zu Mikroorganismen und Invertebraten werden nochmal dargestellt, konkretisiert und ergänzt.

Darüber hinaus werden Leuchtturmprojekte vorgestellt, die das Fachprogramm und dessen Inhalte in der Öffentlichkeit bekannt machen können. Dabei konnten bereits Schwerpunktthemen identifiziert werden, die eine besondere Bedeutung für den Agrarbereich haben und auch von internationalen Organisationen aktuell thematisiert werden. Es handelt es sich um die Themen „Bestäubung“ „Boden mit seiner funktionellen Bodenbiodiversität“ und „Pflanzenschutz“ bzw. die Pflanzengesundheit im Hinblick auf gesundheitsförderliche Organismen, die z.B. die Pflanzenabwehr stärken, Schadorganismen regulieren können oder das Pflanzenwachstum und den Ertrag positiv beeinflussen.

Im Folgenden werden die einzelnen Fachthemen des Fachprogramms kurz vorgestellt:

1. Funktionelle Bodenbiodiversität

Der Boden ist ein Schlüsselfaktor für eine nachhaltige Sicherung der Ernährung. Bodenfunktionen werden in erheblichem Maß von den dort lebenden Mikroorganismen und Invertebraten bzw. deren Aktivitäten beeinflusst (funktionelle Bodenbiodiversität). Die Bodenfruchtbarkeit als Ausdruck der das Pflanzenwachstum beeinflussenden Faktoren wird durch die funktionelle Bodenbiodiversität mit geschaffen und erhalten. Dabei ist die Anzahl der Bodenorganismen immens groß und vielfältig. So kann z.B. 1g Erde mehrere Millionen Mikroorganismen enthalten. Die genetische Diversität der Bodenorganismen ist aufgrund taxonomischer Erschwernisse, selektiv arbeitender molekularer Methoden oder fehlender Konservierungsmethoden im Wesentlichen unerforscht. Es ist eine der wesentlichen Herausforderungen, die Wirkungszusammenhänge der ökosystemaren Leistungen der Bodenorganismen aufzuklären. Wichtig ist u.a. auch die Weiterentwicklung von Bewirtschaftungssystemen im Hinblick auf die Förderung und verbesserte Nutzung ökosystemarer Leistungen für eine nachhaltige Ertragssicherung.

2. Bestäubung

Hier wird die Bedeutung der Bestäuber beschrieben, ihre aktuellen Nutzungsformen sowie das Gefährdungspotential, dem sie ausgesetzt sind. Zu letzterem gehören unbestritten Habitatverluste in der Landschaft, Nahrungsmangel oder Gefahr durch unsachgemäße Pflanzenschutzanwendungen. Die wichtigen Bestäubergruppen und ihre Vertreter werden vorgestellt. Dabei geht es nicht nur um die Honigbiene, sondern auch um Bestäuber, die für eine termingenaue Bestäubung in Zuchten gehalten werden (wie z.B. Hummeln) aber auch um wildlebende Bestäuber, wie Wildbienen, Wespen, Fliegen etc. Alle Arten von Bestäubern tragen gemeinsam zur Erhöhung von Qualität und Quantität der Ernte bei und/oder sichern die Erhaltung der pflanzlichen Vielfalt. Neben der Beschreibung z.B. des „deutschen Bienenmonitorings“ umfassen die identifizierten wichtigen Handlungsfelder u.a. auch Maßnahmen zur „Unterstützung der Imkerei“. Hervorzuheben ist hier die Bedeutung der Bestäuberleistung für die Ernährungssicherung und die Notwendigkeit zur Erhaltung der Bestäubervielfalt durch geeignete Erhaltungsmaßnahmen.

3. Pflanzenschutz und Pflanzengesundheit

Pflanzenschutz und Pflanzengesundheit sind wesentliche Voraussetzungen für den Ertrag. Unsere Kulturpflanzen sind einerseits den biotischen und abiotischen Faktoren an ihren Wuchsorten ausgesetzt, andererseits prägen sie diese auch mit. Die biotischen Faktoren sind dabei wesentlich von Mikroorganismen und Invertebraten geprägt und können entweder positiv oder negativ auf die Gesundheit der Pflanzen einwirken. Schadorganismen können sowohl durch chemische, mechanische oder biologische Pflanzenschutzmaßnahmen bekämpft werden. Biologische und biotechnologische Pflanzenschutzmaßnahmen nutzen natürliche Antagonisten zur Bekämpfung von Krankheiten und Schadorganismen und können in andere Schutzmaßnahmen mit integriert werden. Die Stärkung der Gesundheit der Pflanzen durch Mikroorganismen und Invertebraten erfordert noch weitere Forschung. Wichtige Erfordernisse sind hier die Aufklärung des Mikrobioms Pflanze und deren Funktionen bei den wichtigsten Nutzpflanzen sowie der Interaktionen zwischen Pflanze und Mikrobiom. Diese Erkenntnisse müssen möglichst rasch im Pflanzenbau umgesetzt und genutzt werden.

4. Pflanzenzüchtung

Die Pflanzenzüchtung ist eng mit der Pflanzengesundheit verbunden. Die Züchtung befasst sich vorrangig mit der Entwicklung von krankheitsresistenten Pflanzen, insbesondere, wenn keine Pflanzenschutzmaßnahmen gegen Schadorganismen existieren oder Schadorganismen Resistenzen entwickelt haben. Eine Pflanzenzüchtung zur besserer „Nutzung“ pflanzenförderlicher Mikroorganismen wie z.B. Rhizobien oder Verbesserung der Abwehrmechanismen der Pflanzen ist noch in den Anfängen. Wichtig ist in diesem Bereich, das Potential pflanzenförderlicher Organismen zu erfassen und zu charakterisieren sowie die Interaktionen zwischen Pflanzen und Mikrobiom sowie Schadorganismen aufzuklären und in der Züchtungsarbeit umzusetzen.

5. Nachwachsende Rohstoffe

Dieses Fachkapitel befasst sich mit dem Komplex „Nachwachsende Rohstoffe“ in Bezug zu Mikroorganismen und Invertebraten. Hierunter werden im Rahmen des Fachprogramms land- und forstwirtschaftliche Rohstoffe pflanzlichen und tierischen Ursprungs verstanden, die im Non-Food-Bereich stofflich oder energetisch genutzt werden können. Mikroorganismen werden bei der Umwandlung landwirtschaftlicher Erzeugnisse und Produktion spezifischer Stoffe gezielt eingesetzt. Bei vielen stofflichen Umwandlungsprozessen, wie z.B. bei der Herstellung von Biogas handelt es sich um komplexe und dynamische Organismengemeinschaften, die in wechselseitigen Beziehungen zueinanderstehen und vorrangig durch das Substrat in den Bioreaktor eingebracht werden. Diese Gemeinschaften sind u.a. abhängig von den Substratarten und Produktionsbedingungen in den Bioreaktoren. Das erhebliche Nutzungspotential, das in den geschätzten 10 Millionen Bakterienarten liegt, die an diesen Prozessen beteiligt sein können, ist größtenteils noch unbekannt. Relevante Prozesse sind aber auch z.B. die Herstellung von Ethanol aus Getreide oder spezifischer Erzeugnisse wie Aminosäuren etc. Bei der Herstellung von Biogas oder anderen Erzeugnissen muss auch die Ausbringung der Gärreste und deren Auswirkung auf die Nahrungs- und Futtermittelerzeugung und die damit verbundene Gesundheit von Mensch und Tier beachtet werden. Auch das Bodenleben und die damit verbundene Bodenfruchtbarkeit wird durch die Ausbringung von Gärresten beeinflusst.

Im ERA-NET Bioenergy wird die europäische Forschung zur Verbesserung der Energieproduktion aus Biomasse koordiniert und Synergieeffekte ausgeschöpft. Aufgrund der Fortschritte in der Genomaufschlüsselung und der geringeren Kosten ist eine Aufklärung der Organismengemeinschaften verstärkt möglich, und es ergeben sich hier in den nächsten Jahren voraussichtlich große Entwicklungspotentiale.

6. Lebensmittel

Im Fachkapitel Lebensmittel geht es um die „Menschliche Ernährung“ bzw. um die Lebensmittel, bei deren Herstellung Mikroorganismen und Invertebraten eine Rolle spielen. Hervorzuheben ist in diesem Kapitel der breite Einsatzbereich, der sich über die Getränkeproduktion wie z.B. Wein, Bier oder Limonaden über Milch- und Fleischerzeugnisse bis hin zur mikrobiellen Herstellung von Enzymen erstreckt. Wichtig ist auch die traditionelle und kulturelle Bedeutung des Einsatzes von Mikroorganismen (und Invertebraten) in Lebensmitteln zur Haltbarmachung und für die Förderung der Gesundheit aber auch die Bedeutung des Verbraucherschutzes, die sich u.a. in der Europäischen Behörde für Lebensmittelsicherheit (European Food Safety Authority – EFSA) wieder spiegelt. Durch die zunehmend industriell hergestellten und standardisierten Nahrungsmittel sowie die Konzentration der Lebensmittelherstellung zeigen sich rückläufige Tendenzen hinsichtlich einer „genutzten biologische Vielfalt“. Wachstumsbereich für die Nutzung biologischer Vielfalt ist dagegen z.B. der Bereich „Novel Food“, der hier neuartige Lebensmittel umfasst, die aus Mikroorganismen bestehen oder aus diesen isoliert wurden.

7. Tierernährung

Das Thema Tierernährung befasst sich sowohl mit den für Monogaster und Wiederkäuer gesundheitsförderlichen Organismen im Hinblick auf die Futtermittel, die Herstellung vergorener Futtermittel wie auch mit den Verderberregern sowie den für die Tiergesundheit schädlichen Organismen. Da in diesem Fachprogramm die nachhaltige Nutzung beschrieben wird, sind in diesem Rahmen z.B. tiergesundheitschädliche Organismen oder Vorratsschädlinge im Hinblick auf die Entwicklung von Arzneimitteln oder Mittel zur Bekämpfung von Schädlingen interessant. Ähnlich wie bei der menschlichen Ernährung kommen hier zunehmend die gesundheitsförderlichen Organismen wie z.B. zur Stabilisierung der Darmflora, zur Förderung der Verdaulichkeit oder zur Regulierung des gesamten Mikrobioms des Tieres in den Fokus. Das Kapitel ist eng verbunden mit dem nachfolgenden Kapitel zur Tiergesundheit.

8. Tiergesundheit

Tiergesundheit ist eine wichtige Voraussetzung für den wirtschaftlichen Erfolg landwirtschaftlicher Betriebe. Dieser Bereich umfasst neben den Tierkrankheiten auch die Prävention und Stärkung des Immunsystems der Tiere und schließt damit vorbeugende Maßnahmen mit ein. Bei Tierkrankheiten und Tierseuchen existieren sehr wirksame Maßnahmenpakete in Deutschland und innerhalb der EU. Im Bereich der Prävention und Gesundheitsförderung sowie der Optimierung der Futtermittelverwertung sind bereits zunehmend Probiotika, Präbiotika oder Synbiotika im Einsatz. Mit zunehmender Erforschung der Mikrobiota der Tiere und Wirkungszusammenhänge zwischen Mikrobiota und Tier werden sich weitere Möglichkeiten zur Förderung der Gesundheit der Tiere eröffnen.

Zugang zu genetischen Ressourcen – was ändert das Nagoya-Protokoll?

Access to genetic resources and the Nagoya- Protocol

Marliese von den Driesch, Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE), Informations- und Koordinationszentrum für Biologische Vielfalt (IBV)

E-Mail: Marliese.vondenDriesch@ble.de

Zusammenfassung

Das Nagoya-Protokoll ist ein internationales Abkommen, das seit Oktober 2014 rechtsgültig ist. Es schreibt vor, dass der Zugang zu genetischen Ressourcen über Ländergrenzen hinweg zum Zweck der Forschung, Entwicklung bzw. Vermarktung entwickelter Produkte nur mit dem Einverständnis des Ursprungslandes erfolgen darf. Die Bedingungen der Nutzung müssen einvernehmlich mit dem Bereitstellerland der Ressource vereinbart werden. Damit sollen eine Gewinnbeteiligung der Ursprungsländer ermöglicht und positive Anreize zur Erhaltung der biologischen Vielfalt gesetzt werden.

Die Vertragsstaaten haben sich unter anderem verpflichtet, dafür Sorge zu tragen, dass die genetischen Ressourcen aus anderen Ländern, die in ihrem Hoheitsgebiet genutzt werden, unter Einhaltung der geltenden Gesetze des Bereitstellerlandes zum Zugang und Vorteilsausgleich beschafft wurden. Diese Kontrollverpflichtung wird in Europa durch die EU-Verordnung 511/2014 einheitlich umgesetzt. Für Nutzer genetischer Ressourcen in Europa ergeben sich aus dieser Verordnung sogenannte Sorgfaltspflichten, deren Einhaltung von nationalen Vollzugsbehörden überwacht wird. Designierte zuständige Behörde

für den Vollzug der Verordnung in Deutschland ist das Bundesamt für Naturschutz (BfN). Bei genetischen Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft ist die Einbeziehung der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung durch das BfN vorgesehen.

Abstract

The Nagoya Protocol entered into force on 12 October 2014. It is an international agreement regulating access to genetic resources and the fair and equitable sharing of benefits arising out of their use.

Members of the Protocol are obliged to take appropriate measures to provide that genetic resources utilized within their jurisdiction have been accessed in accordance with the domestic access legislation of the providing country. Across the European Union this compliance obligation is implemented through Regulation (EU) 511/2014. Due diligence obligations for users of genetic resources in Europe arising from the regulation have to be checked by competent national authorities. In Germany, the designated competent national authority is the Federal Agency for Nature Conservation. As far as genetic resources for food and agriculture are concerned an involvement of the Federal Office for Agriculture and Food is foreseen.

1. Einleitung

Die biologische Vielfalt und somit auch die vom Menschen nutzbaren genetischen Ressourcen von Pflanzen, Tieren und anderen Lebewesen sind über Jahrtausende als das gemeinsame Erbe der Menschheit betrachtet worden. Sie wurden seit jeher weltweit ausgetauscht und bildeten eine wesentliche Grundlage für die Entwicklung von Produkten für Ernährung und Landwirtschaft, aber auch in der Medizin und Kosmetik.

Seit Verabschiedung des Übereinkommens über die Biologische Vielfalt (engl. Convention on Biological Diversity, CBD) im Jahr 1992 unterliegt der Zugang zu genetischen Ressourcen dem souveränen Recht der Staaten, aus deren Hoheitsgebiet die Ressourcen stammen. Das heißt, der Zugang zu genetischen Ressourcen

cen ist von dem vorherigen Einverständnis des Bereitstellerlandes abhängig und muss zu einvernehmlich festgelegten Bedingungen stattfinden. Die Ergebnisse der Forschung und die aus der Nutzung resultierenden Vorteile müssen entsprechend der festgelegten Bedingungen mit dem Bereitstellerland ausgewogen und gerecht geteilt werden (CBD, Artikel 15).

2. Internationaler Rahmen zum Zugang zu genetischen Ressourcen und gerechten Vorteilsausgleich

Die Vertragsstaaten der CBD verabschiedeten 2010 im japanischen Nagoya ein rechtlich bindendes Zusatzprotokoll, das am 12. Oktober 2014 in Kraft trat. Das als Nagoya-Protokoll bezeichnete Abkommen konkretisiert das in der CBD verankerte Prinzip des Zugangs und Vorteilsausgleichs (abgekürzt ABS nach dem englischen „Access and Benefit-Sharing“). Es bezieht sich nicht nur auf genetische Ressourcen sondern auch auf das zugehörige traditionelle Wissen über die genetischen Ressourcen.

Das Nagoya-Protokoll (NP) legt unter anderem folgendes fest:

- Der Zugang zu genetischen Ressourcen und zugehörigem traditionellen Wissen bedarf der „auf Kenntnis der Sachlage gegründeten vorherigen Zustimmung“ des Bereitstellerlandes.
- Zugang und gerechter Vorteilsausgleich müssen zu „einvernehmlich festgelegten Bedingungen“ erfolgen.
- Die Vertragsstaaten sind verpflichtet, entsprechende Gesetzgebungs-, Verwaltungs- oder politische Maßnahmen zu ergreifen und diese transparent zu machen (Art. 6 und 7 NP).
- Jede Vertragspartei ist verpflichtet, mindestens eine nationale Kontrollstelle (checkpoint) einzurichten. Die Herkunft der in ihrem Hoheitsbereich genutzten genetischen Ressourcen soll an diesen Kontrollstellen vom Nutzer offengelegt werden.

Ein Spezialabkommen zu ABS ist der seit 2004 rechtsverbindliche Internationale Vertrag für pflanzengenetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft (auch „Internationaler Saatgutvertrag“ oder „International Treaty“ genannt). Alle genetischen Ressourcen, die unter diesen Vertrag fallen, sind von den Verpflichtungen aus dem Nagoya-Protokoll ausgenommen. Der Vertrag regelt ABS für die Nutzungsrichtungen „Forschung, Züchtung und Ausbildung für Ernährung und Landwirtschaft“ in einem multilateralen System (MLS). In diesem System wird der Zugang zu 60 weltweit wichtigen Nutzpflanzenarten erleichtert, indem die Staaten eine virtuelle globale Genbank als öffentlichen Genpool geschaffen haben, aus dem Material zu Standardbedingungen abgegeben wird. Der hierfür entwickelte Standardvertrag, das „Standard Material Transfer Agreement (SMTA)“ legt die Bedingungen zu Nutzung und Vorteilsausgleich fest.

3. ABS nach dem Nagoya-Protokoll

3.1. Verhandlung von „PIC“ und „MAT“

Ein Forscher oder Produktentwickler, der Zugang zu genetischen Ressourcen aus einem anderen Land erhalten möchte, kann auf der vom CBD-Sekretariat eingerichteten Internetplattform „ABS-Clearinghouse“ (<https://absch.cbd.int>) recherchieren, ob dieses Land Regelungen nach dem Nagoya-Protokoll erlassen hat und an welche Ansprechperson (National Focal Point) er sich in diesem Fall in dem betreffenden Land wenden muss. Diese Person schreibt er an und beantragt für sein Forschungsvorhaben den Prior Informed Consent (PIC). Das ist die „auf Grundlage von Informationen erteilte Zustimmung“ des Ursprungslandes, also die Erlaubnis, dass er für sein Forschungsvorhaben bestimmte genetische Ressourcen aus dem Land nutzen darf.

The screenshot shows the ABSCH website interface. At the top, there is a navigation bar with links for 'The Convention', 'Cartagena Protocol', 'Nagoya Protocol', 'Programmes', 'Information', and 'Secretariat'. Below this is the ABSCH logo and the tagline 'THE ACCESS AND BENEFIT-SHARING CLEARING-HOUSE'. A main banner states: 'The Access and Benefit-sharing Clearing-house (ABSC) is a platform for exchanging information on ABS and a key tool for facilitating the implementation of the Nagoya Protocol.'

The 'ABSC Record Overview' section displays the following statistics:

64 PARTIES TO THE NAGOYA PROTOCOL	170 COUNTRIES SEE DASHBOARD 130 ABS NATIONAL POINTS	17 COUNTRIES SEE DASHBOARD 27 COMPETENT NATIONAL AUTHORITIES	39 COUNTRIES SEE DASHBOARD 111 LEGISLATIVE ADMINISTRATIVE OR POLICY MEASURES	4 COUNTRIES SEE DASHBOARD 6 CHECKPOINTS	1 COUNTRIES SEE DASHBOARD 1 INTERNATIONALLY RECOGNISED CERTIFICATE OF COMPLIANCE	0 COUNTRIES SEE DASHBOARD 0 CHECKPOINT COMMODITIES	9 COUNTRIES SEE DASHBOARD 11 NATIONAL REGISTERS OR DATASETS	57 VIRTUAL LIBRARY RESOURCES	MODEL CLAU CONTR BET AGRE
--	---	--	---	--	--	--	---	---	---------------------------------------

The 'Latest Notifications' section includes:

- 02 NOV 2015 REMINDER: Nominations to an Expert Meeting on Article 10 of the Nagoya Protocol on Access and Benefit-sharing
- 01 SEP 2015 Nominations to an Expert Meeting on Article 10 of the Nagoya Protocol on Access and Benefit-sharing
- 10 JUL 2015 Change of venue of the COP 13 to the Convention on Biological Diversity, COP-MOP 8 to the Cartagena Protocol on Biosafety
- 06 JUN 2015 Composition of the first meeting of the Informal Advisory Committee on Capacity-building for the Implementation of the N.
- 27 MAY 2015 REMINDER: Nominations for the Informal Advisory Committee on Capacity-building for the Implementation of the Nagoya Prot...

The 'Upcoming Meetings' section includes:

- 01 FEB 2016 – 03 FEB 2016 Expert Meeting on Article 10 of the Nagoya Protocol on Access and Benefit-sharing
- 06 APR 2016 – 08 APR 2016 First meeting of the Compliance Committee under the Nagoya Protocol on Access and Benefit-sharing
- 10 JUN 2016 – 17 JUN 2016 Second meeting of the Informal Advisory Committee to the Access and Benefit-sharing Clearing-House
- 27 JUN 2016 – 09 JUN 2016 Informal Advisory Committee on Capacity-building for the Implementation of the Nagoya Protocol
- 04 DEC 2016 – 17 DEC 2016 Second meeting of the Conference of the Parties serving as the meeting of the Parties to the Nagoya Protocol on Access a...

The 'Latest News' section includes:

- 10 NOV 2015 UN grants \$12.5m to bolster biodiversity in Vietnam
- 20 OCT 2015 India allows UK researcher to study medicinal knowledge of ethnic group in Odisha
- 05 OCT 2015 Cuba Signs Nagoya Protocol
- 26 SEP 2015 Resource exploitation
- 26 AUG 2015 Namibia: Need for Benefit-Sharing On Genetic Resources - Shites
- 16 AUG 2015 Business adds value to indigenous medicine

Abb. 1: Internetseite des ABS-Clearinghouse, der zentralen Internetplattform zum Informationsaustausch über und zur Umsetzung des Nagoya-Protokolls (Stand November 2015)

Wurde diese Zustimmung (PIC) von der zuständigen Behörde des Ursprungslandes gewährt, wird die Behörde gleichzeitig mitteilen, ob einvernehmlich festzulegende Bedingungen, die sogenannten „Mutually Agreed Terms“ (MAT) verhandelt werden müssen. Bei MAT handelt es sich um einen privatrechtlichen Vertrag zwischen Nutzer und Ursprungsland, in dem zum Beispiel vereinbart wird, zu welchen Bedingungen die genetische Ressource genutzt oder weitergegeben werden darf. Die Bedingungen können zum Beispiel den an das Ursprungsland zu zahlenden Gewinnanteil benennen oder auch nicht-monetäre Vereinbarungen beinhalten.

3.2. Das internationale Konformitätszertifikat

Wurden PIC und MAT erfolgreich verhandelt, so trägt die zuständige Behörde des Ursprungslandes diese Informationen (Für welche genetische Ressource wurde PIC erteilt? Wurden MAT verhandelt?) in ein Formular auf der oben genannten ABS-Clearinghouse- Internetplattform (ABS-CH) ein.

Mit Veröffentlichung dieses ausgefüllten Formulars auf der ABS-CH-Seite - wird das Ganze zu einem Konformitätszertifikat, dem „Internationally Recognised Certificate of Compliance“ (IRCC). Dieses Konformitätszertifikat muss der Nutzer der genetischen Ressource seiner nationalen Kontrollbehörde vorlegen (s. Kap. 4).

4. Umsetzung des Nagoya-Protokolls in Deutschland

Über die Zugangsbedingungen zu seinen genetischen Ressourcen kann jeder EU-Mitgliedsstaat selbst entscheiden. Er kann, muss aber nicht den Zugang gemäß Nagoya-Protokoll regeln. Im Gegensatz dazu werden die Kontrollverpflichtungen aus dem Nagoya-Protokoll EU-weit einheitlich durch die EU-Verordnung 511/2014 umgesetzt.

Die EU-Verordnung ist seit Oktober 2014 in Kraft und gilt seitdem unmittelbar in den Mitgliedsstaaten. Das im November 2015 vom Bundesrat beschlossene deutsche Umsetzungsgesetz hierzu tritt am 1. Juli 2016 in Kraft.

Als zuständige Behörde für die Umsetzung des Nagoya-Protokolls und den Vollzug der EU-Verordnung wurde das Bundesamt für Naturschutz (BfN) benannt. Ausführliche Informationen zum Nagoya-Protokoll und der nationalen Umsetzung finden sich auf der deutschen ABS-Webseite www.abs.bfn.de.

4.1. Zugang zu genetischen Ressourcen in Deutschland

Deutschland macht den Zugang zu genetischen Ressourcen nicht von PIC und MAT abhängig. Das heißt, wenn ein Nutzer genetische Ressourcen aus Deutschland nutzen möchte, muss er zwar generell geltende Gesetze (z.B. Naturschutzrecht, Privatrecht und/oder ggf. Rechte zu geistigem Eigentum) einhalten. Er braucht aber nicht zusätzlich die ABS-Behörde um Erlaubnis zu fragen (nähere Informationen hierzu erteilt das BfN, siehe auch deutsche ABS-Webseite des BfN).

Pflanzengenetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft stellt Deutschland über die öffentlichen Genbanken im Multilateralen System des Internationalen Saatgutvertrags zur Verfügung (s. Kap. 2 und www.genres.de).

4.2. Vollzug der Kontrollverpflichtungen in Deutschland

Die EU-Verordnung 511/2014 findet Anwendung bei genetischen Ressourcen (GR),

- zu denen der Zugang nach Inkrafttreten des NP (ab 12. Oktober 2014) stattfand
- die souveränen Hoheitsrechten eines Staates unterliegen
- die aus einem Land stammen, das Nagoya-Protokoll-Vertragsstaat ist und Zugangsregelungen nach dem Nagoya-Protokoll getroffen hat

Die Verordnung überträgt dem Nutzer sogenannte Sorgfaltspflichten (Artikel 4 und 7 der Verordnung). Demnach muss der Nutzer sicherstellen, dass er nur genetisches Material nutzt, das er gemäß Nagoya-Protokoll rechtmäßig erworben hat. Wenn er sich dessen nicht sicher ist, hat er die Verpflichtung, die Nutzung zu beenden.

Gemäß der Verordnung gibt es zwei Kontrollzeitpunkte, zu denen ein Nutzer gegenüber der nationalen Vollzugsbehörde die Herkunft des genutzten Materials offenlegen muss:

1. Wenn er Forschungsmittel für die Forschung an genetischen Ressourcen erhält
2. Kurz vor Vermarktung eines Produktes, das aus der Nutzung einer genetischen Ressource resultiert.

Die Details zu den Pflichten von Nutzern genetischer Ressourcen und den abzugebenden Sorgfaltserklärungen finden sich auf der deutschen ABS-Webseite beim BfN.

4.3 Was müssen Ex-situ-Sammlungen beachten?

Das Sammeln und Weitergeben von genetischen Ressourcen stellt per se keine Nutzung genetischer Ressourcen im Sinne des Nagoya-Protokolls dar. Dennoch sind Ex-situ-Sammlungen vom Nagoya-Protokoll betroffen, wenn sie genetisches Material aus Nagoya-Vertragsstaaten in ihre Sammlung aufnehmen möchten. In diesem Fall müssen sie das in Kapitel 3.1 beschriebene Procedere von PIC und MAT durchlaufen, falls das jeweilige Bereitstellerland dies verlangt. An die jeweils mit dem Herkunftsstaat ausgehandelten Bedingungen zur Nutzung und Weitergabe des Materials ist die Sammlung gebunden.

Ex-situ-Sammlungen aus der Europäischen Union können sich bei der EU-Kommission registrieren lassen, wenn hinsichtlich des Informationsmanagements und der Weitergabe von Material gewisse Kriterien erfüllt werden:

- es wird nur Material abgegeben, das „rechtmäßig“ im Sinne des NP in die Sammlung aufgenommen wurde und dies dokumentiert ist
- Dokumentation aller Abgaben von Material
- Etablierung von „Unique identifiers“ (eindeutigen Kennungen) für die genetischen Ressourcen

Ein Vorteil für Nutzer von genetischen Ressourcen aus einer registrierten Sammlung besteht darin, dass seine Sorgfaltspflicht nach Artikel 4.3 der Verordnung 511/2014 (Einholung der geforderten Informationen zum rechtmäßigen Zugang) als erfüllt gilt.

4.4 Was müssen Nutzer genetischer Ressourcen in Deutschland beachten?

Grundsätzlich müssen beim Zugang zu genetischen Ressourcen aus anderen Ländern die jeweiligen Zugangsbedingungen des Bereitstellerlandes eingehalten werden.

Zunächst muss der Nutzer prüfen, ob die beabsichtigte Nutzung einer genetischen Ressource überhaupt unter die EU-Verordnung 511/2014 fällt. Dies ist der Fall, wenn folgende drei Punkte gleichzeitig zutreffen:

1. Die Nutzung fällt unter die Definition aus dem Nagoya-Protokoll (Artikel 2): „Durchführen von Forschungs- und Entwicklungstätigkeiten an der genetischen und/oder biochemischen Zusammensetzung genetischer Ressourcen, einschließlich durch die Anwendung von Biotechnologie im Sinne des Artikels 2 der CBD“;
2. der Zugang zu der genetischen Ressource nach dem 12. Oktober 2014 erfolgte oder erfolgen soll
3. die genetische Ressource aus einem Land stammt, welches das Nagoya-Protokoll ratifiziert und Zugangsregelungen in Kraft gesetzt hat

Falls einer der drei Punkte nicht zutrifft, fällt die Nutzung nicht unter die EU-Verordnung und wird nicht von der Kontrollbehörde überwacht. Der Nutzer muss somit auch keine Sorgfaltserklärung an das BfN abgeben.

Falls die drei Punkte zutreffen, muss der Nutzer die Sorgfaltspflichten nach Artikel 4 und 7 der EU-Verordnung erfüllen, d.h. er muss die notwendigen Informationen einholen, die belegen, dass die Zustimmung des Ursprungslandes zum Zugang und zur Nutzung der jeweiligen genetischen Ressource vorliegt und gegebenenfalls Bedingungen zum Vorteilsausgleich vereinbart wurden (Artikel 4, Absatz 1-4 der Verordnung). Im Zweifelsfall, d.h. wenn Unsicherheiten bezüglich der Rechtmäßigkeit von genetischen Ressourcen bestehen, muss der Nutzer solche Informationen vom Bereitstellerland einholen oder die Nutzung der Ressource einstellen.

Alle relevanten Dokumente müssen vom Nutzer aufbewahrt und bei Weitergabe der genetischen Ressource an einen nachfolgenden Nutzer zusammen mit der Ressource weitergegeben werden.

Gemäß Artikel 7 der EU-Verordnung ist vorgesehen, dass der Nutzer zu bestimmten Zeitpunkten eine Erklärung über die Einhaltung der Sorgfaltspflichten an die zuständige Behörde abgibt: (1) Bei Erhalt von Forschungsmitteln für die Forschung mit der genetischen Ressource und/oder (2) kurz vor der Kommerzialisierung eines Produktes, das aus der Nutzung einer genetischen Ressource resultiert. In der Durchführungsverordnung (EU) 2015/1866 der Kommission werden die Zeitpunkte und die Inhalte der Sorgfaltserklärungen näher definiert.

5. Spezielle Herausforderungen bei Mikroorganismen und Wirbellosen

Die Anwendung des Nagoya-Protokolls und der EU-Verordnung 511/2014 trifft bei der Forschung und Entwicklung mit Mikroorganismen und wirbellosen Tieren auf spezielle Herausforderungen. Davon sollen hier einige genannt werden, ohne Anspruch auf Vollständigkeit:

- Mikroorganismen kommen überall auf der Welt vor, sind aber noch längst nicht vollständig erforscht. Das heißt, man hat keinen Überblick darüber, welche Mikroorganismen in welchen Ländern vorkommen und/oder für bestimmte Länder einzigartig sind.
- Sie sind nicht mit dem bloßen Auge erkennbar: Mikroorganismen und in manchen Fällen auch Larven oder Eier von Insekten oder anderen wirbellosen Tieren können in oder auf anderen Lebewesen (genetischen Ressourcen) zu finden sein und sind somit nicht selten unbemerkte „Mitreisende“ beim Austausch von Pflanzen oder Tieren über Landesgrenzen hinweg.
- Es können auf kleinstem Raum sehr viele verschiedene Mikroorganismen und andere Kleinstlebewesen vorkommen, die sich nicht immer getrennt voneinander isolieren, kultivieren und/oder einzeln identifizieren lassen.

- Bei der Kultur von Mikroorganismen kann es (gewollt oder ungewollt) zu genetischen Veränderungen der Organismen kommen
- Es gibt Forschungsbereiche, in denen mithilfe von Mikroorganismen/Wirbellosen an anderen genetischen Ressourcen geforscht wird (Beispiel Resistenzzüchtung bei Pflanzen). Hier wäre z.B. die Frage, ob die als Hilfsmittel eingesetzten genetischen Ressourcen, die selbst nicht Gegenstand der Untersuchung sind, unter das Nagoya-Protokoll fallen können
- Genetische Ressourcen, mit denen geforscht wird (Beispiel Honigbiene) befinden sich nicht selten in privater Hand und werden über einen Kaufvertrag erworben, nicht über öffentliche Sammlungen

Die hier genannten und viele weitere Besonderheiten von Mikroorganismen und Wirbellosen machen es erforderlich, spezielle Lösungen bei der Umsetzung des Nagoya-Protokolls und der EU-Verordnung zu entwickeln.

Ausblick

Das Nagoya-Protokoll sieht vor, dass auf internationaler Ebene auch sektorspezifische Spezialabkommen zum Zugang und Vorteilsausgleich abgeschlossen werden können, sofern sie den Zielen des Protokolls nicht zuwiderlaufen. Ein schon existierendes Beispiel hierfür ist der in Kapitel 3 genannte Internationale Vertrag für pflanzengenetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft. Daher ist auch zukünftig denkbar, dass Spezialabkommen für verschiedene Nutzungssektoren verabschiedet werden.

Des Weiteren sieht das Nagoya-Protokoll vor, Best Practice-Verfahren oder Musterverträge für einzelne Sektoren zu erarbeiten.

Für die landwirtschaftlichen Sektoren eruiert die Kommission für Genetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft der Welternährungsorganisation die Möglichkeiten für sektorale Lösungen bei genetischen Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft.

Von der EU-Kommission wurde zudem die Erarbeitung von sektoralen Leitlinien zur Umsetzung der EU-Verordnung 511/2014 in Auftrag gegeben. In diesem

Rahmen sollen im Jahr 2016 Expertenworkshops durchgeführt werden. Auch die Verordnung selbst bietet die Möglichkeit, dass Vereinigungen von Nutzern Best Practice-Verfahren entwickeln und sich diese von der EU-Kommission anerkennen lassen.

Verlust von Wild- und Honigbienen in der Agrarlandschaft: Ist die Bestäubung von Kulturpflanzen noch gesichert?

Loss of wild and honey bees in agroecosystems: is pollination of crops still ensured?

Prof. Dr. Ingolf Steffan-Dewenter,
Lehrstuhl Tierökologie und Tropenbiologie, Biozentrum, Universität Würzburg,

Email: ingolf.steffan@uni-wuerzburg.de

Zusammenfassung

Weltweit benötigen dreiviertel der wichtigsten Kulturpflanzenarten Insekten als Bestäuber, um hohe und gleichmäßige Erträge zu erzielen. In den letzten Jahrzehnten hat der Anteil Insekten-bestäubter Kulturpflanzen deutlich zugenommen. Der Verlust geeigneter Lebensräume sowie der Einsatz von Pestiziden haben in mitteleuropäischen Agrarlandschaften jedoch zu einem deutlichen Rückgang wildlebender Bestäuber geführt. Auch die Haltung von Honigbienen ist in vielen Regionen rückläufig. Fallstudien sowie überregionale Auswertung zeigen, dass die Erträge wichtiger Kulturpflanzen in intensiv genutzten Agrarlandschaften durch eine zu geringe Artenvielfalt oder Anzahl von Bestäubern begrenzt sind. Aktuelle Agrarumweltmaßnahmen fördern Bestäuber primär durch ein verbessertes Blütenangebot, während die Verbesserung von Nistmöglichkeiten unberücksichtigt bleibt. Das Konzept der ökologischen Intensivierung kann die Ertragsmenge und -qualität landwirtschaftlicher Kulturen durch die Nutzbarmachung ökologischer Leistungen wie Bestäubung und Biologischer Schädlingsbekämpfung steigern und stellt damit eine umweltschonende Alternative zu einer weiteren konventionellen Intensivierung der Landwirtschaft dar.

Abstract

Globally, three quarters of the most important crops rely on insect pollination to reach high and stable yields. During the last decades the proportion of insect-pollinated crops has significantly increased, whereas wild pollinators declined in agroecosystems due to the loss of suitable habitats and pesticide use. In parallel, the number of honey bee colonies declined in central Europe. As a consequence, yields of important crops can be limited by low pollinator diversity in intensively managed agricultural regions. Current agri-environmental schemes benefit pollinators primarily through improved floral resources, but do not consider the management of nesting sites. Ecological intensification could improve crop yield quantity and quality by optimising ecosystem services such as pollination and biological pest control as an environmentally friendly alternative to conventional intensification.

Welternährung und Ökosystemdienstleistungen

Die Sicherung der Welternährung in Anbetracht einer weiter wachsenden Weltbevölkerung und veränderter Ernährungsgewohnheiten erfordert nach aktuellen Schätzungen eine Verdoppelung der Nahrungsmittelproduktion bis 2050 (Tilman et al. 2011 PNAS). Schreibt man die Trends der Vergangenheit fort, kann dies nur durch eine Ausdehnung der Ackerflächen und eine weitere Steigerung des Einsatzes von Energie, Dünger und Pestiziden erreicht werden. In Anbetracht des fortschreitenden Verlustes an Ackerflächen durch Urbanisierung, Bodenerosion und konkurrierende Nutzung für die Produktion von Bioenergie, sowie der negativen Folgen einer intensiven landwirtschaftlichen Nutzung für die Artenvielfalt und ökologische Funktionen in Agrarökosystemen (Kleijn et al. 2009, Proc Roy Soc B), sind alternative Konzepte zur langfristigen Sicherung der Nahrungsmittelproduktion dringend erforderlich. Zunächst entspricht die postulierte Knappheit von Nahrungsmitteln nicht ganz den Tatsachen, da gegenwärtig in Europa und Nordamerika ca. 50% der produzierten Nahrungsmittel nach der Ernte weggeworfen werden, global sind es schätzungsweise 30-40% (Godfray et al. 2010 Science). Ein verändertes Verhalten von verarbeitender Industrie, Handel und Verbrauchern könnte die potentielle Knappheit von Nahrungsmitteln sowie den Intensivierungsdruck in der Landwirtschaft wesentlich verringern.

Aber auch während der Produktion von Nahrungsmitteln geht in der konventionellen Landwirtschaft trotz Pestizideinsatz schätzungsweise ein Drittel der potentiellen Erträge durch Schädlinge und Krankheiten verloren (Pimentel et al. 2005, Oerke 2005). Weitere Ertragslücken können durch einen niedrigen Humusgehalt im Boden oder eine mangelhafte Bestäubung entstehen. Das Konzept der ökologischen Intensivierung als Alternative zur konventionellen Intensivierung strebt eine Ertragssicherung oder -steigerung durch das gezielte Management ökologischer Dienstleistungen wie Biologischer Schädlingskontrolle, Bestäubung und Bodenfruchtbarkeit an (Abb. 1).

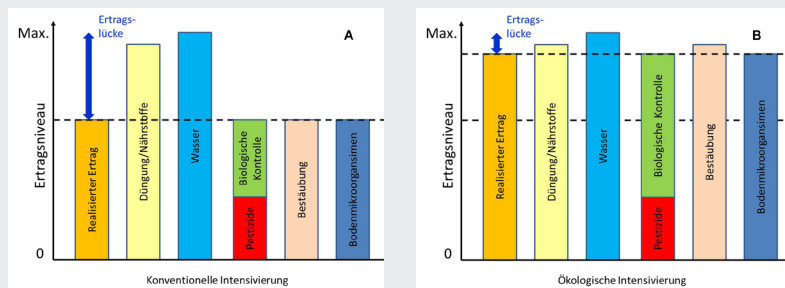


Abb. 1: Das Konzept der ökologischen Intensivierung.

- (A) Konventionelle Intensivierung führt zu keiner weiteren Ertragssteigerung. (B) Das verbesserte Management von biologischer Schädlingskontrolle, Bestäubung und Bodenfruchtbarkeit durch ökologische Intensivierung erhöht das Ertragsniveau. Verändert, nach Bommarco et al. (2012) TREE.

Fig. 1: The concept of ecological intensification.

- (A) Conventional intensification leads to no further yield increase. (B) Optimised management of biological pest control, pollination and soil fertility through ecological intensification leads to increased crop yields.

Die Grundidee ist, dass externe Produktionsmittel wie Energie, Dünger und Pestizide zumindest teilweise durch Ökosystemdienstleistungen ersetzt werden können bzw. eine zusätzliche Ertragssteigerung ermöglichen (Bommarco et al. (2013) TREE). Im Folgenden wird dieses Konzept am Beispiel der Bestäubungsleistungen genauer ausgeführt, wobei berücksichtigt werden muss, dass nur ein umfassendes Management multipler Ökosystemdienstleistungen langfristigen Erfolg verspricht. Konkret werden in diesem Beitrag (i) die Bedeutung von Bestäubern für den Fruchtansatz von Kulturpflanzen, (ii) die Belege für eine Begrenzung von Erträgen durch fehlende Bestäuber und (iii) mögliche Konzepte zur Verbesserung von Bestäubungsleistungen ausgeführt.

Beitrag von Bestäubern zur Ertragssicherung und – steigerung

Weltweit liefert eine relativ geringe Anzahl von ca. 135 Kulturpflanzenarten den größten Teil der Nahrungsmittel. Von diesen sind ca. 70% auf Bestäubung durch Tiere angewiesen, wobei die Ertragssteigerung sehr unterschiedlich ausfällt. Einige Arten wie Kakao, Kiwi, Kürbis, Maracuja, Melonen und Vanille sind vollständig auf Bestäuber angewiesen, während viele Arten wie Stein- und Kernobst, Erdbeeren, Tomaten, Sonnenblumen, und Raps eine je nach Sorte unterschiedliche Ertragssteigerung erzielen (Klein et al. 2007). Der globale Wert der Insektenbestäubung beträgt ca. 153 Milliarden € pro Jahr (Gallai et al. 2009 Ecol Econ). Noch stärker als Kulturpflanzen sind die ca. 350.000 Wildpflanzenarten auf Tierbestäubung angewiesen.

Diesen „Nutzern“ stehen ca. 25.000 Bienenarten sowie diverse weitere blütenbesuchende Insektengruppen gegenüber. In Anbetracht der Relationen verwundert es nicht, dass nur ca. 12 % der in einer Region vorkommenden Bienenarten zur Bestäubung von vergleichsweise wenigen Kulturpflanzenarten beitragen und der Erhalt der Kulturpflanzenbestäubung andere Maßnahmen erfordert als der Schutz gefährdeter Wildbienenarten in naturnahen Lebensräumen (Kleijn et al. 2015 Nat Comm). Dennoch gibt es vielfältige Hinweise, dass eine hohe Bestäuberdiversität in Kulturpflanzen wesentlich zu hohen und stabilen Ernten beiträgt und Risiken abpuffert, die durch klimatische Extreme oder Populationschwankungen einzelner Arten entstehen können (Garibaldi et al. 2013, Brittain et al. 2014).

Ursachen für den Rückgang von Bestäubern

In Europa besonders wichtig ist die staatenbildende Honigbiene (*Apis mellifera*), die in Mitteleuropa nur durch imkerliche Betreuung in einer relativ hohen Populationsdichte vorkommt, sowie zahlreiche sogenannte Wildbienen, zu denen auch die Hummeln zählen. Honig- und Wildbienen sind in den letzten Jahrzehnten stark zurückgegangen, wobei hier vielfältige Ursachen in unterschiedlicher Konstellation zusammenkommen. Der Rückgang der Honigbienenhaltung

in Deutschland in den letzten Jahrzehnten von mehr als einer Millionen Bienenvölkern auf aktuell knapp 700.000 wird durch die Einschleppung der Varroamilbe und sozioökonomische Faktoren, aber auch fehlende Nahrungsquellen und den Einsatz von Insektiziden erklärt. In Mitteleuropa sind die Völkerzahlen von 1985-2005 um ca. 25% zurückgegangen (Potts et al. 2010, *J Api Res*). Für den Rückgang vieler Wildbienenarten ist der Verlust geeigneter naturnaher Lebensräume, die Nistplätze und kontinuierliche Blühressourcen bieten, eine wichtige Ursache, aber auch Neonicotinoide und andere bienengefährliche Pestizide wirken sich negativ auf Wildbienenpopulationen und deren Bestäubungsleistung aus (Rundlöf et al. 2015, *Nature*, Stanley et al. 2015, *Nature*). Insgesamt ist die Datenlage zu langfristigen Trends wildlebender Bestäuberpopulationen unzureichend, da gut strukturierte und quantitative Erfassungsdaten über längere Zeiträume für Deutschland nicht verfügbar sind.

Fehlen Bestäuber in der Agrarlandschaft?

Angesichts dieser Entwicklung stellt sich die Frage, ob Bestäuber noch in einer ausreichenden Vielfalt und Anzahl in Agrarlandschaften vorkommen, um die Erträge insektenbestäubter Kulturpflanzen zu gewährleisten. Zur Beantwortung dieser Frage können Daten (i) zur Verteilung von Bienen in Agrarlandschaften, (ii) zu den Ertragstrends Insekten- versus Wind-bestäubter Kulturpflanzen sowie (iii) experimentelle Untersuchungen zur Bestäuberlimitierung des Fruchtansatzes herangezogen.

(i) Für ein- und mehrjährige Kulturpflanzenarten konnte in einer globalen Metaanalyse (d.h. der statistischen Auswertung zahlreicher Einzelstudien) gezeigt werden, dass die Bestäuberdiversität in Agrarlandschaften stark vom Vorkommen geeigneter, naturnaher Bestäuberhabitate abhängt. Bereits in einer Entfernung von ca. 650m zu derartigen Flächen, z.B. Halbtrockenrasen oder Streuobstwiesen, kam es zu einer Halbierung der Blütenbesucherraten bei diversen insektenbestäubten Kulturpflanzen (Ricketts et al. 2008, *Ecol Lett*). Ähnliche Ergebnisse wurden auch in Studien erzielt, die nicht die Distanz, sondern die Fläche geeigneter Bestäuberhabitate in einem Landschaftsausschnitt betrachteten. In Landschaften, die durch einen geringen Flächenanteil naturnaher, mehrjähriger Lebensräume und intensive ackerbauliche Nutzung charakteri-

siert sind, kommen weniger Bienenarten in geringeren Dichten vor (Steffan-Dewenter et al. 2002, Ecology).

(ii) Der zeitliche Rückgang von Bestäubern und ihre ungleiche Verteilung in der Fläche kontrastiert mit einem Trend, der den Mangel an Bestäubern noch verstärken dürfte: In den letzten 50 Jahren hat sich der Flächenanteil von Kulturpflanzen, die auf Insektenbestäubung angewiesen sind, um 60% erhöht (Aizen et al. 2008, Curr Biol), in Deutschland insbesondere durch den Anbau von Raps als Energiepflanze. Die Ausdehnung der Anbaufläche von Raps führt zu einer zusätzlichen Verdünnung wildlebender Bestäuber, da deren Populationen nicht auf das kurzzeitige Massenangebot an Blüten reagieren können (Riedinger et al. 2015, Ecology), und erhöht so das Risiko einer unzureichenden Bestäubung von Kulturpflanzen, aber auch von Wildpflanzen, die um die verbleibenden Bestäuber konkurrieren (Holzschuh et al. 2011, Proc R Soc L). Theoretisch könnten mobile Honigbienenvölker diese Bestäuberlücke füllen, aber eine Gegenüberstellung der vorhandenen Anbauflächen und Völkerdichten mit den notwendigen Bestäuberdichten zeigt, dass in Deutschland weniger als die Hälfte der erforderlichen Völkerzahlen gehalten werden (Breez et al. 2013, Plos One), die sich zusätzlich in Siedlungsgebieten konzentrieren. Eine großflächige Ertragsanalyse in Frankreich - für Deutschland fehlen vergleichbare Auswertungen zur Zeit - belegt, dass die niedrigen Bestäuberdichten nicht ohne Folgen für die Ertrags-sicherheit bleiben. Während die Erträge von windbestäubten Feldkulturen wie Getreide durch landwirtschaftliche Intensivierung deutlich gesteigert werden konnten, stagnierten die Erträge insektenbestäubter Kulturpflanzen trotz intensiver Anbauverfahren (Deguine et al. 2014, Front Ecol Environ).

(iii) Einen direkten Beweis für die Begrenzung von Erträgen durch Bestäubermangel liefern experimentelle Untersuchungen, die im Rahmen einer Europäischen Forschungskooperation in dem EU-Projekt Alarm durchgeführt wurden. Für vier wichtige Kulturpflanzen, Raps, Ackerbohnen, Buchweizen und Erdbeeren wurde untersucht, wie stark der Ausschluss von Bestäubern die Erträge vermindert (Abb. 2).



Abb. 2: Fruchtausbildung von Erdbeeren, deren Blüten (a) von Insekten, (b) Wind oder (c) nicht bestäubt wurden (Beispielfrüchte von links nach rechts. Foto: Kristin Krewenka).

Fig. 2: *Fruit development of strawberries after (a) pollination by insects, (b) wind or (c) autogamous self-pollination (fruit shape examples shown from left to right. Photo by Kristin Krewenka).*

Es zeigte sich, dass die Erträge der offen abgeblühten Pflanzen höher lagen und mit der Blütenbesucherrate anstiegen. In intensiv bewirtschafteten Agrarlandschaften war die Ertragsdifferenz zwischen Bestäuberausschluss und offener Kontrolle deutlich geringer als in strukturreichen Landschaften. Dies ist ein deutlicher Beleg für eine Ertragslücke in ausgeräumten Agrarlandschaften, die durch einen Mangel an Bestäubern verursacht wird (Abb. 3, Bartomeus et al. 2014 PeerJ). Fallstudien an Erdbeeren zeigen, dass dies zu Ertragsverlusten von bis zu 750 Euro/ha führen kann. Wichtig ist in diesem Zusammenhang, dass Bestäuber nicht nur zu einer quantitativen sondern auch zu einer qualitativen Ertragsteigerung beitragen (Bommarco et al. 2012, Oecologia).

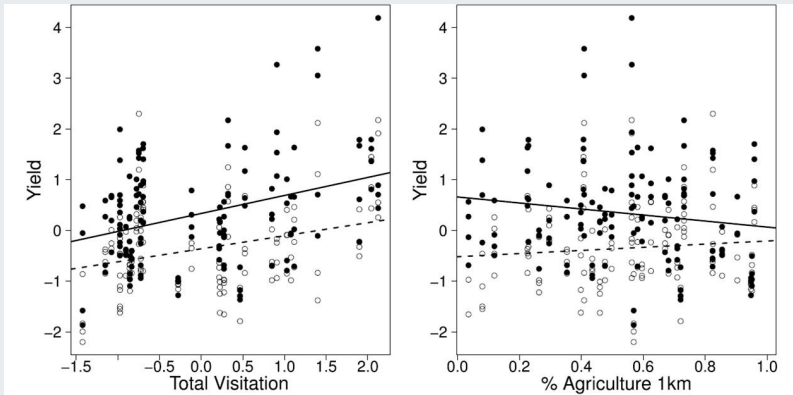


Abb 3. Einfluss der Blütenbesucherrate (links) und des Anteils landwirtschaftlicher Fläche in 1km Radius (rechts) auf die Erträge von Raps, Erdbeeren, Ackerbohnen und Buchweizen für offen abgeblühte Pflanzen (schwarze Kreise) und Pflanzen, in denen nur Windbestäubung möglich war (offene Kreise). Aus Bartomeus et al. 2014, PeerJ.

Fig. 3: Effects of total flower visitation rate (left) and percent area of agriculture in a 1 km radius (right) on crop yields of oilseed rape, strawberries, field beans and buckwheat for insect-pollinated plants (black dots) and for only wind-pollinated plants (open circles). From Bartomeus et al. 2014, PeerJ.

Bestäuberdiversität erhöht Fruchtansatz

Ein zentrales Thema ökologischer Forschung in den letzten zwanzig Jahren ist die Frage nach der funktionellen Bedeutung von Biodiversität. Für die Bestäubung von Kulturpflanzen bedeutet dies konkreter, „Kann eine einzelne, dominante Bienenart die Bestäubung für alle wichtigen Kulturpflanzen gewährleisten, oder ist eine größere Vielfalt an Bestäubern erforderlich?“. In Europa ist unter den gegenwärtigen Bedingungen die Westliche Honigbiene, *Apis mellifera* sicherlich die mit Abstand wichtigste Bestäuberart für viele Kulturpflanzen. Dennoch gibt es eine Reihe von Studien, die den Wert einer höheren Bestäuberdiversität unterstreichen. So hat die Auswertung eines globalen Datensatzes zu Bestäubervielfalt, Blütenbesucherraten und Fruchtansatz für 41 Kulturpflanzen auf 600 Flächen ergeben, dass (i) der Blütenbesuch durch Wildbienen einen stärkeren Effekt auf den Fruchtansatz hat als der durch Honigbienen und (ii) ein positiver Zusammenhang zwischen der Vielfalt an Bestäubern und der Anzahl an Bestäubern besteht (Garibaldi et al. 2013, Science).

Es gibt mehrere wichtige Gründe für den positiven Effekt diverser Bestäubergemeinschaften auf den Fruchtansatz von Kulturpflanzen: (i) Mehrere Bestäuberarten ergänzen sich bei der Bestäubungsleistung, d.h. sie sind komplementär, weil sie Blüten einer Kulturpflanze zu verschiedenen Tageszeiten besuchen, unterschiedliche Bereiche der Pflanze präferieren (Klein et al. 2003, Höhn et al. 2008, Proc. R. Soc. B), oder für bestimmte Kulturpflanzen besonders gut geeignet sind (Klein et al. 2007, Proc. R. Soc. B. (ii) Artenreiche Bestäubergemeinschaften sind eine Rückversicherung gegenüber Extremereignissen. So können Populationschwankungen einzelner Arten, z.B. Jahre mit extremen Überwinterungsverlusten bei Honigbienenvölkern, durch andere Bienenarten ausgeglichen werden. Wenig beachtet wird zudem der Wert der Artenvielfalt bei klimatischen Extremereignissen während der Blüte. In einer solchen Situation können Wildbienen- und Fliegenarten, die niedrigere Temperaturen oder höhere Windgeschwindigkeiten als Honigbienen tolerieren, wesentlich zur Bestäubung beitragen (Brittain et al. 2014, Global Change Biol.)

Effektivität von Agrarumweltmaßnahmen und Förderung der Bestäuberdiversität

Der Wert artenreicher Bestäubergemeinschaften und die Ertragslücken in Agrarlandschaften werfen die Frage auf, wie erfolgreich bisherige Agrarumweltmaßnahmen sind und welche Schritte zu einer flächendeckenden Förderung der Bestäuberdiversität erforderlich sind. Es gibt eine Fülle von Einzeluntersuchungen, die den Wert von Agrarumweltmaßnahmen für die Artenvielfalt von Pflanzen, Insekten und Vertebraten untersuchen. Eine zusammenfassende Auswertung für Bestäuber zeigt, dass im Ackerland die Anlage von Blühstreifen, die zeitweise Flächenstilllegung mit Selbstbegrünung und die Umstellung von konventionellem auf ökologischen Anbau signifikant positive Effekte auf die Artenvielfalt und Häufigkeit von Bienen, Schwebfliegen und Schmetterlingen hat. Im Grünland waren die Effekte der Extensivierung geringer, aber ebenfalls signifikant. Wesentlich für die Effektivität der Agrarumweltmaßnahmen waren die zusätzlichen Blütenressourcen und eine höhere Pflanzenvielfalt (Scheper et al. 2013, Ecol. Lett.).

Die Wirksamkeit lokaler Agrarumweltmaßnahmen hängt stark von der umgebenden Landschaft und den dort verfügbaren Lebensräumen, Bestäuberpopulationen und Ressourcen ab. Interessanterweise sind Agrarumweltmaßnahmen, die auf eine Erhöhung der Blütenressourcen setzen, in ausgeräumten Agrarlandschaften weniger wirksam. Dies ist ein Hinweis auf andere limitierende Faktoren und zeigt die Notwendigkeit für Bestäuber- und Landschafts-spezifische Agrarumweltprogramme. Ein wichtiger Faktor sind Nistmöglichkeiten im Boden oder oberirdischen Hohlräumen für Wildbienen. Eine mehrjährige Studie zeigt, dass durch die Bereitstellung von Nisthilfen auf Streuobstwiesen die Populationsgröße einer Wildbienenart um das 35fache gesteigert werden kann (Steffan-Dewenter & Schiele 2008, Ecology). Dennoch fehlen Förderprogramme für die Schaffung von Nistmöglichkeiten für Bestäuber vollständig, und wissenschaftliche Untersuchungen zu dieser Thematik weitgehend.

Schlussfolgerungen

Der Verlust naturnaher Lebensräume, der Mangel an Blühressourcen und der Einsatz von Pestiziden haben in den letzten Jahrzehnten zum Rückgang von Bestäubern in intensiv genutzten Agrarlandschaften geführt. Auf der anderen Seite nimmt die Abhängigkeit der Landwirtschaft von Bestäubern zu, da die Anbaufläche Insekten-bestäubter Kulturpflanzen ausgedehnt wurde. Es gibt deutliche Belege für eine zu geringe Bestäuberdichte, eine zu niedrige Bestäuberdiversität und verminderte Erträge in diesen Landschaftsbereichen. Die derzeitigen Agrarumweltprogramme können Bestäuberdiversität fördern, sie sind aber in den intensiv bewirtschafteten Landschaftsbereichen mit den größten Bestäuberdefiziten weniger wirksam. Diese Entwicklung erfordert intensive Anstrengungen zur Förderung von Bestäubern in Agrarlandschaften mit dem Ziel der Ertragssicherung bei Insekten-bestäubten Kulturpflanzen.

Mehrere Aspekte erscheinen hier besonders wichtig: Zum einen die Schaffung artenreicher Blütenressourcen, die während der gesamten Vegetationsperiode verfügbar sind und so die Reproduktion und Überwinterung sozialer Arten (Hummeln, Honigbiene) sicherstellen. Ein viel zu wenig beachteter Aspekt ist die Etablierung von Nistmöglichkeiten. Für Wildbienen sind oberirdische Nisthilfen ein sehr geeignetes System, aber auch die Schaffung offener und besonn-

ter Bodenflächen, die als Nistplatz von Wildbienen genutzt werden, sollte als geeignete Managementmaßnahme mit geringem Flächenverbrauch etabliert werden. Für Imker ist die Aufstellung von Bienenvölkern in der Agrarlandschaft oft durch fehlende Stellplätze erschwert. Die Förderung von dauerhaften Stellplätzen mit geeignetem Kleinklima, lokalem Blütenangebot und Zugänglichkeit könnte zu einer gleichmäßigeren Verteilung von Bienenvölkern in der Agrarlandschaft und höheren Bienendichten in Massentrachten wie Raps beitragen. Es muss betont werden, dass derartige Agrarumweltmaßnahmen zur Förderung der Kulturpflanzenbestäubung nicht deckungsgleich mit Naturschutzprogrammen zum Schutz gefährdeter Bienenarten sind (Kleijn et al. 2015, Nature Comm.). Gefährdete Arten finden in den heutigen Agrarlandschaften überwiegend keinen Lebensraum, sondern sind auf Kalkmagerrasen, Streuobstwiesen, Sandrasen und andere naturnahe Lebensräume angewiesen. Einen Beitrag zum Schutz dieser Lebensräume mit ihrer faszinierenden Bienendiversität könnten Agrarumweltmaßnahmen dennoch leisten: Die Einrichtung von Extensivierungszonen in der umgebenden Agrarlandschaft mit vermindertem Pestizidaufwendungen und verbessertem Blütenangebot könnte negative Randeffekte auf naturnahe Lebensräume und eine mögliche Ressourcenkonkurrenz mit generalistischen Bestäubern vermindern.

Das Management von Bestäubungsleistungen ist nur ein, wenn auch wichtiger, Aspekt in dem Konzept der Ökologischen Intensivierung. Um die Abhängigkeit der Landwirtschaft von externen Betriebsmitteln wie Dünger, Pestiziden und Energie zu reduzieren, müssen möglichst viele weitere ökologische Leistungen wie Biologische Schädlingskontrolle oder Bodenfruchtbarkeit gleichzeitig verbessert werden. Dies bedeutet, dass zukunftsweisende Agrarumweltmaßnahmen die spezifischen Erfordernisse der jeweiligen Ökosystemdienstleistungen sowie mögliche Zielkonflikte berücksichtigen sollten. Da viele funktionell wichtige Artengruppen nicht auf einen lokalen Acker beschränkt sind, sondern über größere Entfernungen Nahrung suchen oder verschiedene Habitatalemente in der Agrarlandschaft nutzen, sollten Agrarumweltmaßnahmen künftig auf der Landschaftsebene koordiniert werden.

Zusammenfassend bietet das Konzept der Ökologischen Intensivierung ein großes Potential für eine Verbesserung der Ertragssicherheit und Nachhaltigkeit in der Landwirtschaft bei einer gleichzeitigen Verringerung negativer Umwelt-

wirkungen. Die Umsetzung erfordert innovative agrarökologische Forschung, die Entwicklung und Überprüfung neuer Konzepte in der Praxis, veränderte agrarpolitische Rahmenbedingungen und den engen Austausch zwischen Wissenschaft, Politik und Landnutzern.

Literatur

Ausgewählte Referenzen (eine vollständige Liste ist per Anfrage beim Autor erhältlich)

Bartomeus, I., Potts, S.G., Steffan-Dewenter, I., Vaissière, B.E., Woyciechowski, M., Krewenka, K.M., Tscheulin, T., Roberts, SPM, Szentgyorgyi, H, Westphal, C, Bommarco, R. (2014). Contribution of insect pollinators to crop yield and quality varies with agricultural intensification. *PeerJ*, 2, e328.

Bommarco, R., Kleijn D., Potts S.G. (2013). Ecological intensification: harnessing ecosystem services for food security. *Trends In Ecology & Evolution*, 28: 230-238.

Deguines, N., Jono, C., Baude, M., Henry, M., Julliard, R. & Fontaine, C. (2014). Large-scale trade-off between agricultural intensification and crop pollination services. *Front. Ecol. Environ.*, 12, 212–217

Garibaldi LA, Steffan-Dewenter I, Winfree R, Aizen MA, Bommarco R, Cunningham SA, Kremen, C, Carvalheiro LG, Harder LD, Afik O, Bartomeus I, Benjamin F, Boreux V, Cariveau D, Chacoff NP, Dudenhöffer JH, Freitas BM, Ghazoul J, Greenleaf S, Hipólito J, Holzschuh A, Howlett B, Isaacs R, Javorek SK, Kennedy CM, Krewenka K, Krishnan S, Mandelik Y, Mayfield MM, Motzke I, Munyuli T, Nault BA, Otieno M, Petersen J, Pisanty G, Potts SG, Rader R, Ricketts TH, Rundlöf M, Seymour CL, Schüepp C, Szentgyörgyi H, Taki H, Tschardtke T, Vergara CH, Viana BF, Wanger TC, Westphal C, Williams N, Klein AM (2013) Wild Pollinators Enhance Fruit Set of Crops Regardless of Honey Bee Abundance. *Science* 339: 1608-1611

Holzschuh A, Dormann CF, Tschardt T, Steffan-Dewenter I (2011) Expansion of mass-flowering crops leads to transient pollinator dilution and reduced wild plant pollination. *Proceedings of the Royal Society B* 278: 3444-3451.

Kleijn D, Winfree R, Bartomeus I, Carvalheiro LG, Henry M, Isaacs R, Klein A-M, Kremen C, M'Gonigle LK, Rader R, Ricketts TH, Williams NM, Adamson NL, Ascher JS, Báldi A, Batáry P, Benjamin F, Biesmeijer JC, Blitzer EJ, Bommarco R, Brand MR, Bretagnolle V, Button L, Cariveau DP, Chifflet R, Colville JF, Danforth BN, Elle E, Garratt MPD, Herzog F, Holzschuh A, Howlett BG, Jauker F, Jha S, Knop E, Krewenka KM, Le Féon V, Mandelik Y, May EA, Park MG, Pisanty G, Reemer M, Riedinger V, Rollin O, Rundlöf M, Sardinias HS, Scheper J, Sciligo AR, Smith HG, Steffan-Dewenter I, Thorp R, Tschardt T, Verhulst J, Viana BF, Vaissière BE, Veldtman R, Westphal C, Potts SG (2015) Delivery of crop pollination services is an insufficient argument for wild pollinator conservation. *Nature Communications* 36: 7414.

Klein A-M, Vaissière BE, Cane JH, Steffan-Dewenter I, Cunningham SA, Kremen C, Tschardt T (2007) Importance of pollinators in changing landscapes for world crops. *Proceedings of the Royal Society B* 274, 303-313.

Ricketts TH, Regetz J, Steffan-Dewenter I, Cunningham SA, Kremen C, Bogdanski A, Gemmill-Herren B, Greenleaf SS, Klein A-M, Mayfield MM, Morandin LA, Ochieng A, Potts SG, Viana BF (2008) Landscape effects on crop pollination services: are there general patterns? *Ecology Letters* 11: 499-515

Riedinger V, Mitesser O, Hovestadt T, Steffan-Dewenter I, Holzschuh A (2015): Annual dynamics of wild bee densities: attractiveness and productivity effects of oilseed rape. *Ecology* 96: 1351-1360.

Rundlöf, M., Andersson, G.K.S., Bommarco, R., Fries, I., Hederström, V., Herbertsson, L., Jonsson, O., Klatt, B.K., Pedersen, T.R., Yourstone, J., Smith H.G. (2015) Seed coating with a neonicotinoid insecticide negatively affects wild bees. *Nature* 521: 77-80.

Scheper J, Bommarco R, Holzschuh A, Potts SG, Riedinger V, Roberts SPM, Rundlöf M, Smith HG, Steffan Dewenter I, Wickens JB, Wickens VJ, Kleijn D

(2015) Local and landscape level floral resources explain effects of wildflower strips on wild bees across four European countries. *Journal of Applied Ecology* 52: 1165-1175.

Steffan-Dewenter I, Schiele S (2008) Do resources or natural enemies drive bee population dynamics in fragmented habitats? *Ecology* 89: 1375-1387

Bodenmikroorganismen – Unbekannte Ressourcen, Leistungen und Potentiale

Soil microorganisms – Unknown resources, services and potentials

Prof. Dr. Christoph Tebbe

Thünen Institut für Biodiversität, Bundesforschungsinstitut für Ländliche Räume, Wald und Fischerei, Braunschweig

Email: christoph.tebbe@thuenen.de

Zusammenfassung

Mikroorganismen, d.h. Bakterien, Archaeen, Pilze und Protozoen garantieren mit ihrer Stoffwechselaktivität direkt und indirekt wichtige Ökosystemleistungen von Böden. Ihre Diversität, Leistungen und Potentiale lassen sich nicht durch klassische mikrobiologische Techniken erfassen. Die meisten Mikroorganismen aus Böden sind bis heute nicht im Labor kultivierbar und damit auch nicht taxonomisch und physiologisch charakterisiert. Neue Methoden der Analysen von direkt aus Boden extrahierter DNA und RNA bieten die Möglichkeit, unter Nutzung von stabilen Isotopen und den Werkzeugen der Bioinformatik die Diversität und Aktivität mikrobieller Lebensgemeinschaften mit Hilfe der Metagenomik und Transkriptomik aufzuklären. Die meisten Bodenmikroorganismen leben in engem Kontakt mit Bodenpartikeln in Bodenaggregaten. Durch die heterogene Struktur von Böden kommt es so zur Koexistenz unterschiedlichster mikrobieller Lebensgemeinschaften und Stofftransformationen auf engstem Raum.

Herkömmliche landwirtschaftliche Bodenbearbeitungen wie Pflügen oder Düngen berücksichtigen bis heute nicht die Wirkungen auf die Funktion der mikrobiellen Lebensgemeinschaften. Bodenstrukturschäden können Winderosionen begünstigen, die erhebliche Auswirkungen auch auf die mikrobiellen Leistungsträger von Ökosystemfunktionen haben könnten. Monokulturen führen zur Anreicherung der gleichen mikrobiellen Gemeinschaften im Wurzelbereich (Rhizosphäre) von Kulturpflanzen, wohingegen Fruchtfolgen eher einen positiven Effekt auf die mikrobielle Vielfalt haben und damit vermutlich mikrobiell getragene Ökosystemfunktionen stabilisieren. Rhizosphäre-Mikroorganismen verfügen über hohe Potentiale, das Wachstum von Pflanzen zu fördern. Eine gebündelte Zusammenarbeit zwischen Pflanzenzüchtung und Rhizosphäre-Mikrobiologie (Rhizomikrobiomik) könnte neue Möglichkeiten eröffnen, Sorten mit geringerer Abhängigkeit von Düngern oder Pflanzenschutzmitteln zu entwickeln, die sich durch eine effizientere Nutzung der wachstumsfördernden, natürlichen Potentiale der Wurzel-assoziierten Mikroorganismen auszeichnen.

Abstract

Microorganisms, including bacteria, archaea, fungi and protozoa, provide with their metabolic activities directly or indirectly important soil ecosystem services. Their diversity, services and potentials cannot be detected with classical microbiological techniques. Most microorganisms from soil are yet not cultivable in the laboratory and thereby cannot ultimately be identified for their taxonomy or physiology. New methods for analysing directly extracted DNA or RNA from soils, utilizing stable isotopes and bioinformatics as tools, provide new perspectives for characterizing the diversity and activity of soil microbial communities utilizing metagenomics and transcriptomics. Most microorganisms live in soil closely attached to soil particles clustered together in aggregates. The heterogeneous soil structure allows for co-existence of different microbial communities and substrate transformations within close vicinity.

Current agricultural soil tillage and fertilization managements do not consider their impact on microbial community functions. Damages of soil structure can promote wind erosion which inevitably will lead to a loss of microbial diversity and probably ecosystem functions they provide. Monoculture cropping systems pro-

mote always the same microbial communities in rhizospheres, while crop rotations will stimulate different microbial communities, thus supporting microbial diversity and probably stabilizing ecosystem functions. Many rhizosphere inhabiting microorganisms have the genetic potential to enhance plant growth, but agricultural breeding programs have not yet adequately considered them. Joining forces of plant breeding and rhizosphere microbiology (rhizomicrobiomics) would foster the development of new crops which would be less dependent on fertilizers or pesticides by a higher efficacy to utilize the natural beneficial functions provided by their root-associated microorganisms.

Die mikrobiellen Akteure

Jeder natürliche Boden beherbergt Mikroorganismen, die sich aus Gemeinschaften von Bakterien, Archaeen, Pilze und Protozoen zusammensetzen, und die untereinander sowie mit ihrer Umwelt in enger Beziehung stehen. Bakterien sind in fast allen Böden die zahlenmäßig größte und strukturell vielfältigste Gruppe. In landwirtschaftlich genutzten Böden sind 10 bis 100 Millionen Zellen pro Gramm nicht ungewöhnlich. Die bakterielle Zelloberfläche über die letztendlich der Stoffaustausch mit der Umwelt stattfindet kann dabei im Bereich von 1.000 cm² pro Gramm Boden liegen.

Die Bakterien sind auch funktionell vielfältig: Sie können mit oder ohne Sauerstoff leben, organische Säuren bilden, Kohlenstoff-, Stickstoff oder Schwefelverbindungen reduzieren, organischen Kohlenstoff oder CO₂ nutzen, und ihre Energie aus der Oxidation organischer oder auch anorganischer Verbindungen gewinnen.

Archaeen sind in ihrem Zellaufbau und ihrer Zellgröße den Bakterien ähnlich, gemeinsam bilden sie die Gruppe der Prokaryonten, also der Organismen deren Zellkern nicht von einer Membran umschlossen ist. Molekulare Untersuchungen zeigen, dass die Abundanz der Archaeen etwa im Bereich von 1 % der Bakterienzellen liegen kann (Neumann et al., 2013). Von den im Labor kultivierbaren Archaeen weiß man, dass sie nicht in der Lage sind, mit Sauerstoff zu atmen. Sie sind die einzige Organismengruppe, in der Arten über die Fähigkeit verfügen, Kohlenstoffverbindungen in Methan umzuwandeln, d.h. überall in der Natur

oder auch in biotechnologischen Prozessen bei denen Methan (Biogas) biologisch gebildet wird, sind Archaeen dafür verantwortlich. In wassergesättigten Böden, wie z.B. in der Landwirtschaft beim nassen Reisanbau stellt die Methanogenese eine quantitativ wichtige Kohlenstoffsenke dar. Andere im Boden vorkommende Archaeen verfügen über die Fähigkeit, Ammonium zu oxidieren und so als Energiequelle zu nutzen. Hier stehen sie im Wettbewerb mit nitrifizierenden Bodenbakterien, wobei der Anteil jeder Gruppe an diesem Prozess in Abhängigkeit von den jeweiligen Umweltbedingungen variieren kann (Leininger et al., 2006).

Pilze und Protozoen bilden die Gruppe der eukaryontischen Bodenmikroorganismen. Ihre Zellen sind in der Regel größer und neben einem Zellkern verfügen die Zellen über Organellen (Mitochondrien), in denen ein wichtiger Teil des Energiestoffwechsels stattfindet. Bodenpilze können lange Zellfäden (Myzelien) bilden, mit denen sie Bodenpartikeln vernetzen und organische Substrate besonders effizient abbauen können. Durch Ausscheidung von Enzymen können sie so komplexe organische Verbindungen wie pflanzliche Zellulose oder Pektine aufschließen und deren Bruchstücke gemeinsam mit den anderen Bodenmikroorganismen abbauen. Daneben können Pilze in besonders enger Beziehung zu Pflanzen stehen, in dem sie als Mykorrhiza über Wurzelsymbiose die Pflanzen bei der Nährstoffversorgung unterstützen oder, im Gegenteil, als Pathogene, lebende Pflanzen im Wachstum schädigen (Raaijmakers et al., 2009). Bodenprotozoen schließlich sind vorwiegend einzellige Eukaryonten, die stark von der Wasserphase in Böden abhängig sind und die durch ihre Fraßaktivität ein wichtiges Regulativ für die Abundanz von Bakteriengemeinschaften und organischen Substraten sind (Bonkowski, 2004).

Historische Entwicklung

Bis zum Jahr 1986 waren Untersuchungen zur Vielfalt von Bodenmikroorganismen praktisch nicht möglich, denn die klassischen Verfahren waren davon abhängig, dass die Bodenmikroorganismen unter Laborbedingungen in Nährlösungen oder auf Nährböden (in Petrischalen) wuchsen und z. B. Kolonien bildeten. Erst so war eine ausreichende Zellmenge eines Mikroorganismus vor-

handen, um chemische oder physiologische Tests zu deren Identitätsprüfung zu ermöglichen. Die Revolution kam durch zwei Faktoren:

1. durch die Erfindung der Polymerase-Kettenreaktion (PCR), einer Reagenzglas-Methode, mit der Gene (ohne Kultivierung) fast beliebig und schnell vervielfältigt werden konnten (Mullis et al., 1986), und
2. durch die Identifizierung der rRNA Gene als „Goldstandard“ zur phylogenetisch-taxonomischen Eingruppierung und Identifizierung von Organismen schlechthin (Lane, 1991).

rRNA Gene kommen in allen Organismen vor; sie bilden einen Baustein der Ribosomen, das sind die Proteinfabriken ohne die keine Zelle leben kann. Die Ähnlichkeit dieser Gene zueinander gibt einen direkten Hinweis auf die Verwandtschaft von Organismen, und mit Hilfe der Ähnlichkeit dieser Gene aus allen Organismen lässt sich ein zuverlässiger „Baum des Lebens“ konstruieren (Woese, 2000). Innerhalb der rRNA Gene gibt es kurze Segmente, die sich kaum verändern, d.h. die phylogenetisch hoch konserviert sind. Diese Bereiche dienen als Anfangs und Endpunkt für die PCR-Vermehrung der rRNA Gene, gleichgültig ob man die entsprechende DNA Sequenz aus dem Organismus kennt oder nicht. Zwischen den konservierten Bereichen befinden sich variable oder hypervariable Regionen, die dann zur Einordnung des Organismus in ein phylogenetisch-taxonomisches System genutzt werden können.

Führt man die PCR für rRNA Gene mit DNA Lösungen durch, die man direkt aus Bodenproben extrahiert hat und die somit die Erbsubstanz (fast) aller Mikroorganismen enthält, so ergibt sich ein Gemisch aus PCR Produkten (Amplikons) das aus DNA Molekülen von (etwa) der gleichen Länge besteht, wobei die Produkte jedoch unterschiedliche variable Sequenzen besitzen. Dieses Gemisch lässt sich direkt mit spezifischen elektrophoretischen Methoden wie in einem Fingerabdruck einer mikrobiellen Gemeinschaft darstellen (Smalla et al., 2007). Die Amplikons lassen sich aber auch sequenzieren. Diese Technik war zunächst relativ arbeitsaufwendig und teuer, jedoch hat sich durch die Entwicklung neuer Hochdurchsatzsequenzierungstechniken von DNA heute das Bild völlig verändert.

- Im Jahr 2000 kostete die Sequenzierung von 1 Million Basenpaaren etwa 2.100 €, 2006 waren es noch 8 € und heute, im Jahr 2016 sind es gerade noch 12 Cent.

Diese technische Revolution eröffnet völlig neue Möglichkeiten, die Erbinformation aus Böden zu untersuchen, sowohl im Hinblick auf die Diversität, also die strukturelle Vielfalt wie sie durch rRNA Gene vorgegeben ist, als auch im Hinblick auf die funktionelle Vielfalt, z.B. über die PCR Amplifikation anderer Gene, z.B. für Stickstoff-Fixierung oder Denitrifikation, zu charakterisieren. Ebenso lassen sich die DNA Moleküle jetzt ohne einen PCR-Schritt sequenzieren, wodurch auch unbekannte Funktionen im gesamten Genom der Bodenmikroorganismen, dem sog. Bodenmetagenom, aufgespürt werden können. Die mikrobielle Vielfalt von Böden kann dank dieser neuen Methoden heute sichtbar gemacht werden.

- Der Bekanntschaft mit den bisher Unbekannten steht damit technisch nichts mehr im Wege.

Neue Anforderungen und Kosten ergeben sich jedoch durch die Speicherung und bioinformatische Analyse der vergleichsweise großen Datensätze aus Boden-DNA Sequenzierungsprojekten.

Die unbekannte Ressource

Schon die ersten Ergebnisse aus der Sequenzierung und phylogenetischen Analyse von rRNA Genen aus Umwelt-DNA und aus anderen Umweltproben zeigten, dass die Mehrheit der Mikroorganismen nicht zu den Arten gehörte, die aus der Labormikrobiologie bekannt waren (Rappe and Giovannoni, 2003). Die Sequenzvergleiche verrietten, dass Archaeen, die bis dahin als eigenes Phylum innerhalb der Domäne Bacteria als Archaeobakterien eingruppiert waren, mit Bakterien nicht besonders eng miteinander verwandt waren (Woese et al., 1990). Alle kultivierbaren Archaeen waren als extrem hitze- oder salzliebend, oder als Methan-Produzenten, an speziellen Standorten zu finden, letztere z.B. in anaeroben Sedimenten. Mit Hilfe der kultivierungsunabhängigen rRNA Gen Nachweise zeigte sich jedoch, dass Archaeen, mit offensichtlich anderen, temperaturgemä-

ßigten (mesophilen) Eigenschaften in jedem natürlichen Boden vorkamen. Diese Gruppe der mesophilen Archaea, die sog. Thaumarchaeota, ist heute das dritte Phylum innerhalb der Archaeen, neben den Euryarchaeota und Crenarchaeota (Brochier-Armanet et al., 2008).

Auch bei den Bakterien wurden viele abundante Vertreter gefunden, die zu kaum oder bis dato noch nicht kultivierten Bakterien gehörten. Zu den dominanten Bodenbakterien, die kaum durch kultivierbare Vertreter charakterisiert sind, gehören zum Beispiel die Phyla Acidobacteria, Verrucomicrobia oder auch Gemmatimonadetes (Janssen, 2006). Innerhalb der Phyla Proteobacteria und Firmicutes lassen sich zwar einige Gruppen wie Pseudomonas oder Bacillus Verwandte gut, andere jedoch noch nicht kultivieren. Mit Hilfe von Metagenom Analysen oder vergleichenden Analysen von mikrobiellen Genomen lassen sich zunehmend auch Leistungen der bis dahin nicht kultivierten Vertreter aufspüren oder vermuten (Handelsman, 2004; Huson et al., 2011). Zum Beispiel konnte so nachgewiesen werden, dass Acidobacteria Exopolysaccharide bilden und das Potential zur Bildung von neuen Antibiotika besitzen (Ward et al., 2009). Bis heute fördert praktisch jede umfassende Untersuchung zur Vielfalt der Bodenbakterien mit Hilfe kultivierungsunabhängiger Nachweise, wie hier beschrieben, rRNA Gene aus bisher nicht bekannten Bakterien, Archaeen oder auch Pilzen zu tage.

Von genetischen Potentialen zu mikrobiologischen Leistungen – Der molekulare Weg

Die direkte Extraktion von Nucleinsäuren aus Böden eröffnet nicht nur die Möglichkeit, Mikroorganismen unabhängig von ihrer Kultivierbarkeit im Labor nachzuweisen, sondern auch Information über ihre Aktivität zu gewinnen. Nucleinsäuren können als DNA oder RNA vorliegen. Die DNA von Böden, das Metagenom, bildet den Speicher der Erbinformation. Bei der RNA lassen sich drei Typen unterscheiden, die ribosomale RNA (rRNA), die einen Bestandteil der Ribosomen bildet (s.o.), die messenger RNA (mRNA), die das erste Produkt bei der Expression, also dem Anschalten von Genen bildet, und die transfer RNA (tRNA), die für den, nach dem Plan der genetischen Information, richtigen

Einbau von Aminosäuren in Proteine verantwortlich ist. Die tRNA spielt im Gegensatz zur rRNA und mRNA bei der heutigen Untersuchung mikrobieller Gemeinschaften keine Rolle. Sowohl aus DNA als auch aus rRNA lassen sich nach einem PCR Schritt rRNA Sequenzen bestimmen, wobei für rRNA zunächst mit dem Enzym reverse Transkriptase (RT) eine in vitro Umkopierung in DNA erfolgen muss (Abb. 1.).

- Aufgrund der Hypothese, dass aktive Zellen mehr Proteine bilden als ruhende und damit auch über mehr Ribosomen pro Zelle verfügen, geht man davon aus, dass im Vergleich zur DNA die rRNA stärker den aktiven Teil der mikrobiellen Gemeinschaft widerspiegelt (Angel et al., 2013).
- Noch spezifischer lassen sich aufgrund ihrer kurzen Lebensdauer und der gespeicherten genetischen Information aktive Mikroorganismen ohne Kultivierung spezifisch über die mRNA, also durch die Untersuchung des Transkriptoms nachweisen (Tveit et al., 2014) (Abb. 1).

Bei der Nukleinsäure-basierten SIP Technik (stable isotope probing), nutzt man die Möglichkeit, Nukleinsäuren von aktiv wachsenden Mikroorganismen physikalisch, auf Grund ihres Gewichts, von der inaktiven DNA des gesamten Metagenoms (oder des rRNA Pools) zu trennen (Abb. 1). Dazu benötigt man Kohlenstoff-Quellen, die aus ^{13}C statt aus ^{12}C aufgebaut sind. Werden diese ^{13}C -Verbindungen verstoffwechselt, wird die DNA bzw. rRNA schwerer und lässt sich über Dichtegradienten-Zentrifugationen von der ^{12}C -DNA (oder rRNA) abtrennen (Neufeld et al., 2007a). Mit dieser Technik ließen sich zum Beispiel Bakterien und Pilze, die für den Abbau von Phenol und 2,4 Dichlorphenol in Böden ohne Kultivierung identifizieren (Neumann et al., 2014). Auch für Untersuchungen zum Stickstoff-Stoffwechsel ist mit ^{15}N die Nutzung von SIP vorstellbar (Neufeld et al., 2007b).

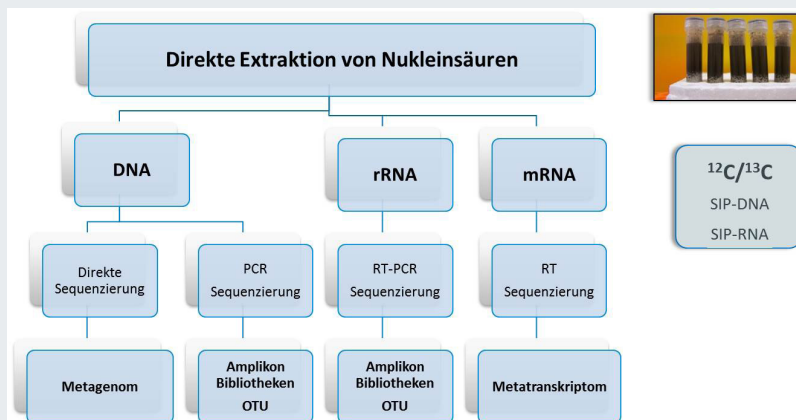


Abb. 1: Übersicht über die Methoden zur Nukleinsäure-basierten, kultivierungsunabhängigen qualitativen Charakterisierung mikrobieller Gemeinschaften

Fig. 1: Overview on nucleic-acid based, cultivation-independent methods for the qualitative analyses of microbial communities

Die Ergebnisse aus den Amplikon-Bibliotheken und Metagenom Analysen reflektieren zu einem gewissen Grad auch die quantitativen Verhältnisse der mikrobiellen Gemeinschaften (vgl. Abb. 1). Darüber hinaus lassen sich quantitative Ergebnisse auch über real-time PCR Systeme erzielen, bei denen über die Zunahmeraten der PCR Produkte während der Durchführung einer PCR auf die Ausgangsmenge der amplifizierten Genabschnitte geschlossen werden kann.

Mit Hilfe der quantitativen PCR kann man dann die Populationsgrößen von Bakterien, Archaeen oder Pilzen, oder von spezifischen Taxa bzw. funktioneller Gene innerhalb dieser Gruppen, aus Bodenproben bestimmen (Meyer et al., 2013; Neumann et al., 2013).

Leistungen

Im Zusammenspiel unterschiedlicher mikrobieller Akteure, getrieben durch die Energie insbesondere aus der enzymatischen Zersetzung von pflanzlichen organischen Substraten, finden in Böden die biogeochemischen Stofftransformationen statt, die nicht nur die Basis für die nachhaltige Nutzbarkeit von Böden

für die Landwirtschaft liefern, sondern auch eine fundamentale Bedeutung für andere ökosystemare Dienstleistungen haben, wie z.B. die Filtration von Oberflächenwasser, die Regulation unseres Klimas oder auch die strukturelle Stabilisierung des Bodens als Lebensraumfunktion für Pflanzen und Tiere (Powlson et al., 2011). Für die nachhaltige Nutzung von Böden sorgen Bodenmikroorganismen nicht nur dafür, dass pflanzliche Reste verschwinden, sondern auch dass überflüssiger Stickstoff-Dünger als unschädliches N_2 entweicht oder ungenutzte Pflanzenschutzmittel (Herbizide, Fungizide, Insektizide) abgebaut werden und deshalb nicht in unser Trinkwasser gelangen. Andererseits können mikrobielle Aktivitäten auch für unerwünschte Ergebnisse verantwortlich sein: Treibhausgase wie Stickoxide oder Methan können aus landwirtschaftlichen Böden entweichen und Pflanzenschutzmittel können beim Abbau zu Zwischenprodukten mit einem höheren Risikopotential umgewandelt werden.

- Die Förderung erwünschter und die Hemmung unerwünschter mikrobieller Aktivitäten sind direkt von den jeweiligen physikochemischen Bedingungen in den Böden abhängig. Diese Bedingungen lassen sich wiederum durch Bodenmanagement, d.h. landwirtschaftliche Bodenbearbeitung beeinflussen.

Pflügen, zum Beispiel, fördert den mikrobiellen Abbau von Pflanzenresten und führt zu einer verstärkten Freisetzung von CO_2 , wobei dieses nicht nur aus dem Pflanzenmaterial sondern auch aus dem organischen Kohlenstoff-Speicher der Böden stammen kann. Der Verlust von derartigem Bodenkohlenstoff destabilisiert Bodenaggregate und verursacht damit den Verlust mikrobieller Mikrohabitate. Im Zusammenspiel mit Veränderungen auf Landschaftsebene (Wegfall von Windschutz Hecken) führt dies wiederum zur Bodenerosion.

Bedeutung der strukturellen Heterogenität von Böden

Im Vergleich zu aquatischen Ökosystemen sind Böden besonders durch ihre hohe Heterogenität auf engstem Raum charakterisiert. Die primären organisch-mineralischen Bodenpartikel, die sich nach ihrer Größe in Ton, Schluff und Sand differenzieren lassen, bilden als Bausteine in Wechselwirkung mit partikulärer organischer Substanz eine Vielzahl von Bodenaggregaten. Diese Aggre-

gate sind mit Bakterien und Archaeen besiedelt, über Pilzhyphen miteinander verbunden. In den Wasserfilmen, die sich auf den Oberflächen der Aggregate und Hyphen befinden und die Protozoen und bewegliche Bakterien enthalten, finden in erster Linie die biogeochemischen Stoffaustauschprozesse und Stofftransformationen statt.

- Mikrobielle Aktivität entsteht vor allem dort, wo Wasser und gelöster organischer Kohlenstoff auf mikrobielle Zellen treffen.
- Diese Konstellationen sind räumlich und zeitlich variabel, wie durch das Konzept der „hot spots“ und „hot moments“ zum Ausdruck gebracht wird (Kuz'yakov and Blagodatskaya, 2015).

Bodenaggregate sind die Basis für eine stabile Bodenstruktur, wie sie in fruchtbaren Ackerböden typisch ist. Polymere Substrate, wie Proteine und insbesondere Polysaccharide, wie sie durch Bodenmikroorganismen gebildet und in die Bodenmatrix abgegeben werden, sind eine wichtige Voraussetzung, dass überhaupt stabile Aggregate entstehen können. Ohne mikrobielle Aktivität und extrazelluläre Polymere, im Wechselspiel mit variierenden Wassergehalten und Frost- und Tauzyklen, wären die landwirtschaftlichen Böden in unserer Klimazone wie Beton, undurchlässig für Wasser und andere Stoffe, praktisch ohne Stoffaustausch und würden deshalb ihre Ökosystemleistungen nicht mehr erbringen können.

Die Bodenaggregate selber, insbesondere die Mikroaggregate, strukturieren den unmittelbaren Lebensraum für Mikroorganismen, insbesondere für Bakterien und Archaeen. So entstehen auf engstem Raum strukturell unterschiedliche, biologisch aktive Einheiten, die sich auch in ihren metabolischen Aktivitäten unterscheiden können, und so die Koexistenz verschiedener Stofftransformationen ermöglichen. Wie unterschiedlich tatsächlich solche benachbarten Aggregate sind und wie sie miteinander in Beziehung stehen, um letztendlich mikrobieller Stofftransformationen in Böden zu ermöglichen, ist wissenschaftlich noch nicht aufgeklärt.

- Neue Untersuchungen zeigen, dass die Oberflächen der primären Bodenpartikel, aufgrund ihrer mineralogischen Unterschiede, mit strukturell und funktionell unterschiedlichen mikrobiellen Gemeinschaften assoziiert sind (Neumann et al., 2013; Hemkemeyer et al., 2015).

Daraus folgt, dass zum Beispiel die Winderosion, die in Deutschland und darüber hinaus einen erheblichen Beitrag zum Verlust fruchtbarer Böden leistet, auch zum Verlust mikrobieller struktureller und funktioneller Vielfalt führt. Einen erodierten Boden zurück in den ursprünglichen, fruchtbaren Zustand zu überführen, ist praktisch unmöglich. Es ist daher wahrscheinlich, dass durch den Entzug von Partikel-assoziierten Mikroorganismen unwiderruflich mikrobiell getragene Ökosystemleistungen geschwächt oder sogar vollständig verloren gehen.

Das Rhizomikrobiom von Kulturpflanzen

Rhizosphären bilden die Grenzfläche zwischen Pflanzenwurzeln und dem Boden. Pflanzen geben über ihre Wurzeln photosynthetisch gewonnene Kohlenstoffverbindungen in den Boden und fördern so das Wachstum von Mikroorganismen, insbesondere von Bakterien und Pilzen (Kuzyakov and Domanski, 2000). Die erhöhte mikrobielle Abundanz in diesem Bodenkompartment hat auch Vorteile für die Pflanze, denn die Gemeinschaft aus Bakterien und Pilzen, die das Rhizomikrobiom bilden, verfügt über das Potential, Nährstoffe, insbesondere Stickstoffverbindungen und Phosphat, für die Pflanze zu mobilisieren oder auch das Pflanzenwachstum über die Produktion von Phytohormonen und die Abwehr von pathogenen Mikroorganismen zu fördern (Mendes et al., 2013).

- Über die charakteristisch zusammengesetzten Wurzelexudate und spezifische Wurzelarchitektur ergibt sich für jede Pflanzenart ein unterschiedlich strukturiertes Rhizomikrobiom (Dennis et al., 2010).

Daraus folgt, dass ein Ackerbau mit Monokulturen dazu führt, dass immer die gleichen mikrobiellen Gemeinschaften im Boden gefördert werden und damit im Vergleich zum Anbau mit Fruchtfolgen die mikrobiologische Vielfalt von Böden eher negativ beeinflusst wird.

Die strukturelle Vielfalt der mikrobiellen Gemeinschaft reagiert so empfindlich auf Veränderungen in der Rhizosphäre, dass sich sogar Unterschiede bei Pflanzensorten der gleichen Art nachweisen lassen, oder auch Veränderungen in Abhängigkeit vom Wachstumsstadium (Schmalenberger and Tebbe, 2002). Die gleichen Kulturpflanzen weisen außerdem an unterschiedlichen Standorten auf Grund der Bodeneigenschaften und anderer lokaler Unterschiede verschieden strukturierte Rhizomikrobiome auf (Ulrich and Becker, 2006), jedoch enthalten diese Gemeinschaften einen bestimmten Anteil, der unabhängig von der jeweiligen Umwelt ist und damit zu einem genetisch definierten Teil der jeweiligen Pflanzenart gehört. Wie groß und stabil dieser Anteil ist, ist Gegenstand aktueller wissenschaftlicher Untersuchungen.

- Dank der Metagenomik ist es heute möglich geworden, die Zusammensetzung der Rhizomikrobiome (fast) vollständig zu beschreiben, um so genauere Erkenntnisse zu gewinnen, welche Mikroorganismen für Kulturpflanzen von besonderer Bedeutung sind.

Bisher hat die Pflanzenzüchtung die wachstumsfördernden Potentiale des Rhizomikrobioms außer Acht gelassen. Fast alle Kulturpflanzen haben z.B. das Potential zur Mykorrhiza-Symbiose. Schaut man jedoch in die strukturelle Vielfalt der Rhizomikrobiome herkömmlich kultivierter Mais- oder Kartoffelpflanzen, finden sich keine Hinweise, dass diese potentiell wichtigen Phosphat-Versorger vorhanden sind (Tebbe 2016, AMIGA EU Projekt, <http://www.amigaproject.eu/>, bisher unveröffentlichte Ergebnisse). Berücksichtigt man die Kriterien (Marker) nach denen Pflanzenzüchtung erfolgt, die in der Regel auf hohen Ertrag bei hohem Einsatz von Ressourcen (Düngern, Pflanzenschutzmitteln) ausgelegt sind, ist es nicht verwunderlich, dass die heutigen Sorten unabhängig von den pflanzenwachstumsfördernden Eigenschaften der Rhizosphäre-Mikroorganismen sind. Eine innovative Verbindung von Rhizomikrobiom- und Pflanzenzüchtungsforschung könnte den Weg freimachen, diese Interaktionen gezielt nutzbar zu machen. Durch die neuen analytischen Verfahren kann heute nicht nur über Metagenomik das genetische Potential der Rhizomikrobiome beschrieben werden, sondern durch Transkriptomik, Proteomik und Metabolomik bieten sich Möglichkeiten zu einem systemökologischen Ansatz, um Konzepte für eine ökologische Intensivierung von Kulturpflanzen zu entwickeln und zu erproben.

Fazit

- Die wichtigsten Ökosystemleistungen von Böden sind direkt oder indirekt von der Stoffwechselaktivität der Boden bewohnenden Mikroorganismen (Bakterien, Archaeen, Pilze und Protozoen) abhängig
- Der Großteil der Diversität, Leistungen und Potentiale von Bodenmikroorganismen kann nicht durch klassische mikrobiologische Techniken erfasst werden
- Die meisten Bodenmikroorganismen sind bis heute nicht im Labor kultivierbar und damit nicht eindeutig taxonomisch und funktionell charakterisiert
- Neue Methoden der Analysen von direkt aus Boden extrahierter DNA und RNA bieten die Möglichkeit unter Nutzung von stabilen Isotopen und den Werkzeugen der Bioinformatik, die Struktur und Funktion mikrobieller Lebensgemeinschaften in Böden aufzuklären
- Die meisten Bodenmikroorganismen leben assoziiert mit organo-mineralischen Bodenpartikeln in Bodenaggregaten – so kann es zur Koexistenz unterschiedlichster mikrobieller Lebensgemeinschaften und verschiedener Stofftransformationen auf engstem Raum kommen
- Landwirtschaftliche Bodenbearbeitungen berücksichtigen bis heute nicht die Wirkungen auf die mikrobiellen Lebensgemeinschaften in Böden
- Winderosionen zerstören nicht nur die Bodenstruktur, sondern führen auch zur Schwächung oder letztendlich zum vollständigen Verlust mikrobieller Leistungsträger von Ökosystemfunktionen
- Monokulturen führen zur Anreicherung der gleichen mikrobiellen Gemeinschaften im Wurzelbereich (Rhizosphäre) von Kulturpflanzen – Fruchtfolgen hingegen stimulieren mikrobielle Vielfalt und haben damit potentiell einen positiven Einfluss auf mikrobiell getragene Ökosystemfunktionen
- Die Gemeinschaft der Rhizosphäre-Mikroorganismen verfügt über hohe Potentiale, das Wachstum von Pflanzen zu fördern. Eine innovative Verbindung von Rhizomikrobiom- und Pflanzenzüchtungsforschung könnte den Weg freimachen, diese bisher nicht beachteten Interaktionen gezielt nutzbar zu machen

Literatur

Angel, R., Z. Pasternak, M.I.M. Soares, R. Conrad & O. Gillor (2013): Active and total prokaryotic communities in dryland soils. *FEMS Microbiology Ecology* 86, 130-138.

Bonkowski, M. (2004): Protozoa and plant growth: the microbial loop in soil revisited. *New Phytologist* 162, 617-631.

Brochier-Armanet, C., B. Boussau, S. Gribaldo & P. Forterre (2008): Mesophilic crenarchaeota: proposal for a third archaeal phylum, the Thaumarchaeota. *Nature Reviews Microbiology* 6, 245-252.

Dennis, P.G., A.J. Miller & P.R. Hirsch (2010): Are root exudates more important than other sources of rhizodeposits in structuring rhizosphere bacterial communities? *FEMS Microbiology Ecology* 72, 313-327.

Handelsman, J. (2004): Metagenomics: Application of genomics to uncultured microorganisms. *Microbiology and Molecular Biology Reviews* 68, 669-685.

Hemkemeyer, M., B.T. Christensen, R. Martens & C.C. Tebbe (2015): Soil particle size fractions harbour distinct microbial communities and differ in potential for microbial mineralisation of organic pollutants. *Soil Biology & Biochemistry* 90, 255-265.

Huson, D.H., S. Mitra, H.J. Ruscheweyh, N. Weber & S.C. Schuster (2011): Integrative analysis of environmental sequences using MEGAN4. *Genome Research* 21, 1552-1560.

Janssen, P.H. (2006) Identifying the dominant soil bacterial taxa in libraries of 16S rRNA and 16S rRNA genes. *Applied and Environmental Microbiology* 72, 1719-1728.

Kuzyakov, Y. & E. Blagodatskaya (2015): Microbial hotspots and hot moments in soil: Concept & review. *Soil Biology & Biochemistry* 83, 184-199.

Kuzyakov, Y. & G. Domanski (2000): Carbon input by plants into the soil. Review. *Journal of Plant Nutrition and Soil Science-Zeitschrift für Pflanzenernahrung und Bodenkunde* 163, 421-431.

Lane, D.J. (1991): 16S/23S rRNA sequencing, In: Stackebrandt, E., Goodfellow, M. (Eds.), *Nucleic acid techniques in bacterial systematics*. John Wiley & Sons, Chichester, 115-175.

Leininger S, T. Urich, M. Schlöter, L. Schwark, J. Qi, G.W. Nicol, J.I. Prosser, S.C. Schuster & C. Schleper (2006): Archaea predominate among ammonia-oxidizing prokaryotes in soils. *Nature* 442, 806-809.

Mendes, R., P. Garbeva & J.M. Raaijmakers (2013). The rhizosphere microbiome: Significance of plant beneficial, plant pathogenic, and human pathogenic microorganisms. *FEMS Microbiology Reviews* 37, 634-663.

Meyer, A., A. Focks, V. Radl, D. Keil, G. Welzl, I. Schoning, S. Boch, S. Marhan, E. Kandeler & M. Schlöter (2013): Different land use intensities in grassland ecosystems drive ecology of microbial communities involved in nitrogen turnover in soil. *Plos One* 8 (9) e73536.

Mullis, K., F. Faloona, S. Scharf, R. Saiki, G. Horn & H. Erlich (1986): Specific enzymatic amplification of DNA in vitro - The polymerase chain-reaction. *Cold Spring Harbor Symposia on Quantitative Biology* 51, 263-273.

Neufeld, J.D., M.G. Dumont, J. Vohra & J.C. Murrell: (2007a): Methodological considerations for the use of stable isotope probing in microbial ecology. *Microbial Ecology* 53, 435-442.

Neufeld, J.D., J. Vohra, M.G. Dumont, T. Lueders, M. Manefield, M.W. Friedrich & J.C. Murrell (2007b.) DNA stable-isotope probing. *Nature Protocols* 2, 860-866.

Neumann, D., A. Heuer, M. Hemkemeyer, R. Martens & C.C. Tebbe (2013): Response of microbial communities to long-term fertilization depends on their microhabitat. *FEMS Microbiology Ecology* 86, 71-84.

Neumann, D., A. Heuer, M. Hemkemeyer, R. Martens & C.C. Tebbe (2014): Importance of soil organic matter for the diversity of microorganisms involved in the degradation of organic pollutants. *ISME Journal* 8, 1289-1300.

Powlson, D.S., P.J. Gregory, W.R. Whalley, J.N. Quinton, D.W. Hopkins, A.P. Whitmore, P.R. Hirsch & K.W.T. Goulding (2011): Soil management in relation to sustainable agriculture and ecosystem services. *Food Policy* 36, S72-S87.

Raaijmakers, J.M., T.C. Paulitz, C. Steinberg, C. Alabouvette, C. & Y. Moenne-Lozcz (2009): The rhizosphere: a playground and battlefield for soilborne pathogens and beneficial microorganisms. *Plant and Soil* 321, 341-361.

Rappe, M.S. & S.J. Giovannoni (2003): The uncultured microbial majority. *Annual Review of Microbiology* 57, 369-394.

Schmalenberger, A. & C.C. Tebbe (2002): Bacterial community composition in the rhizosphere of a transgenic, herbicide-resistant maize (*Zea mays*) and comparison to its non-transgenic cultivar Bosphore. *FEMS Microbiology Ecology* 40, 29-37.

Smalla, K., M. Oros-Sichler, A. Milling, H. Heuer, S. Baumgarte, R. Becker, G. Neuber, S. Kropf, A. Ulrich & C.C. Tebbe (2007): Bacterial diversity of soils assessed by DGGE, T-RFLP and SSCP fingerprints of PCR-amplified 16S rRNA gene fragments: Do the different methods provide similar results? *Journal of Microbiological Methods* 69, 470-479.

Tveit, A.T., T. Urich & M.M. Svenning (2014): Metatranscriptomic analysis of arctic peat soil microbiota. *Applied and Environmental Microbiology* 80, 5761-5772.

Ulrich, A. & R. Becker (2006): Soil parent material is a key determinant of the bacterial community structure in arable soils. *FEMS Microbiology Ecology* 56, 430-443.

Ward, N.L., J.F. Challacombe, P.H. Janssen, B. Henrissat, P.M. Coutinho, M. Wu, G. Xie, D.H. Haft, M. Sait, J. Badger, R.D. Barabote, B. Bradley, T.S. Brettin, L.M. Brinkac, D. Bruce, T. Creasy, S.C. Daugherty, T.M. Davidsen, R.T. DeBoy, J.C. Detter, R.J. Dodson, A.S. Durkin, A. Ganapathy, M. Gwinn-Giglio, C.S. Han, H. Khouri, H. Kiss, S.P. Kothari, R. Madupu, K.E. Nelson, W.C. Nelson, I. Paulsen, K. Penn, Q. Ren, M.J. Rosovitz, J.D. Selengut, S. Shrivastava, S.A. Sullivan, R. Tapia, L.S. Thompson, K.L. Watkins, Q. Yang, C. Yu, N. Zafar, L. Zhou & C.R. Kuske (2009): Three genomes from the phylum Acidobacteria provide insight into the lifestyles of these microorganisms in soils. *Applied and Environmental Microbiology* 75, 2046-2056.

Woese, C.R. (2000): Interpreting the universal phylogenetic tree. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 97, 8392-8396.

Woese, C.R., O. Kandler, M.L. Wheelis (1990): Towards a natural system of organisms - Proposal for the domains Archaea, Bacteria, and Eucarya. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 87, 4576-4579.

Bodeninvertebraten sind entscheidende ökologische Leistungsträger

Soil invertebrates are important providers of ecosystem services

Prof. Dr. Stefan Schrader

Johann Heinrich von Thünen-Institut, Bundesforschungsinstitut für Ländliche
Räume, Wald und Fischerei, Institut für Biodiversität, Braunschweig

E-Mail: stefan.schrader@thuenen.de

Zusammenfassung

Bodeninvertebraten weisen eine große strukturelle Vielfalt mit einer immensen Anzahl an Arten auf, die auf unterschiedliche Weise viele Prozessabläufe in Böden steuern. Deswegen charakterisiert Bodeninvertebraten auch eine große funktionelle Vielfalt. Bezogen auf landwirtschaftlich genutzte Böden sind besonders Prozesse der Bildung von Makroporen und Bodenaggregaten zu nennen sowie Wasserinfiltration und -speicherung, Zersetzung von Ernterückständen, Fraß mikrobieller Schadorganismen und Abbau von Schadstoffen. Landwirtschaftliche Maßnahmen üben einen großen Einfluss auf die strukturelle und funktionelle Vielfalt der Bodeninvertebraten aus. Bodenschonendes nachhaltiges Management kann die Vielfalt der Bodeninvertebraten und ihre Leistungen fördern. Exemplarisch werden ökologische Dienstleistungen, die Bodeninvertebraten erbringen, vorgestellt: Verbesserung der Bodenstruktur, Steigerung des Wasserangebots, Steuerung der Nährstoffkreisläufe, Unterdrückung bodenbürtiger Schadpilze und Förderung der Bodengesundheit. Damit haben Bodeninvertebraten mit ihren ökologischen Dienstleistungen im Biodiversi-

tätspool landwirtschaftlicher Nutzflächen einen entscheidenden Anteil an den Selbstregelungsmechanismen im Boden. Abschließend werden aktuelle Ansätze hervorgehoben, die einem Wissenstransfer zu Schutz, Förderung und Nutzung funktioneller Boden-Biodiversität in die zukünftige landwirtschaftliche Praxis und politische Entscheidungsfindung dienen können.

Abstract

Soil invertebrates show a high structural diversity with a huge number of species, which control many soil processes in different ways. For this reason, soil invertebrates are also characterized by a high functional diversity. Regarding arable soils important processes are macropore and aggregate formation as well as water infiltration and retention, decomposition of crop residues, feeding on pest organisms and degradation of pollutants. Agricultural measures highly impact the structural and functional diversity of soil invertebrates. Soil conserving sustainable management may promote the diversity of soil invertebrates and their services. Exemplarily, ecosystem services provided by soil invertebrates are presented: improvement of soil structure and water supply, control of nutrient cycles, repression of soil-borne fungal pests and promotion of soil health. Within the soil biodiversity pool of arable land the delivery of ecosystem services by soil invertebrates is a pivotal contribution to the self-organizing mechanisms in soil. Finally, current approaches are highlighted which may foster knowledge transfer for conservation, promotion and use of functional soil biodiversity to future land management and political decision-making.

Vielfalt unter unseren Füßen

Die Anzahl der Organismenarten im Boden wird auf mindestens so hoch wie im tropischen Regenwald geschätzt, weshalb Usher et al. (1979) den Boden auch plakativ als „the poor man’s tropical rainforest“ bezeichnen. In einer Handvoll Boden leben mehr Organismen als es Menschen auf der Erde gibt. Hohberg und Xylander (2004) schätzen, dass wir auf die Fläche bezogen mit beiden Füßen durchschnittlich auf ungefähr 10^{13} Bakterien, 10^{10} Pilzen, 10^7 Algen, 10^7 Einzellern, 5×10^5 Nematoden, 5×10^3 Collembolen und Milben, 2×10^3 Enchytraeiden,

10 Tausendfüßern und Asseln sowie 5 Regenwürmern stehen. Die ersten vier genannten Gruppen werden als Bodenmikroorganismen und die folgenden als Bodeninvertebraten (wirbellose Bodentiere) zusammengefasst. Häufigkeit und Vielfalt der Bodenorganismen hängen eng mit Art und Intensität der Bodennutzung zusammen. Auf Bodeninvertebraten bezogen sind Häufigkeit und Vielfalt in Forstsystemen in der Regel am höchsten dicht gefolgt von Grünlandssystemen und sinken deutlich ab in Agrarsystemen (Abb. 1). Ertragreiche Grünlandstandorte können allerdings eine reichere Vielfalt an Bodeninvertebraten mit höheren Individuendichten als verarmte Forststandorte aufweisen.

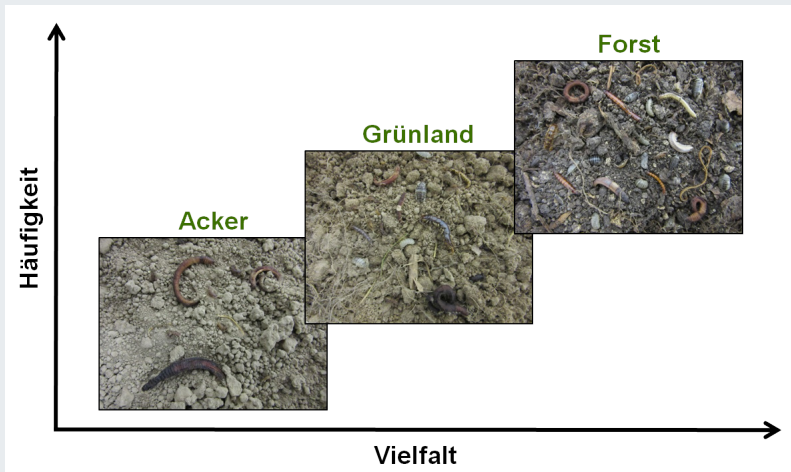


Abb. 1: Relative Beziehung zwischen Häufigkeit und Vielfalt von Bodeninvertebraten in verschiedenen Landnutzungssystemen (Acker, Grünland und Forst)

Fig. 1: Relative relationship between abundance and diversity of soil invertebrates in different land use systems (arable land, grassland and woodland)

Laut einer europaweiten Expertenbefragung stellt intensive landwirtschaftliche Bodennutzung potentiell die höchste Bedrohung für die Vielfalt der Bodeninvertebraten und ihre Funktionen dar (Orgiazzi et al. 2016). Vorrangig gefährden chemische Belastung durch Einsatz von Pflanzenschutzmitteln (Pelosi et al. 2014) sowie mechanische Belastung durch Befahrung (Gefahr der Schadverdichtung) (Beylich et al. 2010) und Bodenbearbeitung (van Capelle et al. 2012a) Viel-

falt, Häufigkeit und Funktion der Bodeninvertebraten. Intensität und Zeitpunkt der Managementmaßnahmen sowie standörtliche Bodenbeschaffenheit und regionale klimatische Bedingungen entscheiden darüber, ob es tatsächlich zu einer Abnahme der Häufigkeit und Vielfalt an Bodeninvertebraten kommt. Eine auf 150 Quellen aus dem Zeitraum von 1950 bis 2010 basierenden Literaturstudie zu Felduntersuchungen in Deutschland (van Capelle et al. 2012a und b) zeigt die unterschiedliche Wirkung der Bodenbearbeitungssysteme konventionell, konservierend und Direktsaat auf verschiedene Taxa an Bodeninvertebraten (Tabelle 1). Danach erreichen Regenwürmer ihre höchste Abundanz unter Direktsaat. Im Gegensatz dazu profitieren Milben und Collembolen offenbar von einem umfangreichen Poren- und Hohlraumsystem, wie es durch das Pflügen bei konventioneller Bodenbearbeitung geschaffen wird, weshalb hier für beide Tiergruppen die höchsten Dichten festzustellen sind. Eine mittlere Stellung nehmen Enchytraeiden und Nematoden ein, die von einer Reduktion der Bearbeitungstiefe und einem Verzicht auf die wendende Bodenbearbeitung grundsätzlich profitieren, dabei allerdings auf ein Mindestmaß an Bodenlockerung durch z.B. Grubbern angewiesen sind. Deshalb sind sie unter konservierender Bodenbearbeitung am häufigsten vertreten.

Tab. 1: Häufigkeit ausgewählter Bodeninvertebraten unter konventioneller Bodenbearbeitung, konservierender Bodenbearbeitung und Direktsaat. Der für eine Organismengruppe jeweils höchste Wert ist fett hervorgehoben (nach van Capelle et al. 2012b)

Tab. 1: Abundance of selected soil invertebrates under conventional tillage, conservation tillage and direct seeding. The highest value for each group of organisms is presented bold (according to van Capelle et al. 2012b)

	Konv. Bodenbearb.	Kons. Bodenbearb.	Direktsaat
Regenwürmer [Ind. m ⁻²]	35,4	56,1	125,4
Enchytraeiden [Ind. 10 ³ m ⁻²]	5658,7	6797,2	1050,0
Nematoden [Ind. 10 ³ 100g TS ⁻¹]	1,8	2,3	2,1
Milben [Ind. 10 ³ m ⁻²]	16,4	11,2	0,9
Collembolen [Ind. 10 ³ m ⁻²]	13,1	11,2	5,6

Bodeninvertebraten als Leistungsträger

Entsprechend ihrer Rolle im Prozessgeschehen des Bodens lassen sich Bodeninvertebraten in unterschiedliche funktionelle Gruppen einteilen. Ein heute allgemein verbreitetes System nach Turbé et al. (2010) unterscheidet in die vorwiegend chemisch wirkende Gruppe der chemical engineers, die biologisch regulierende Gruppe der biological regulators und die physikalisch agierende Gruppe der ecosystem engineers (Tabelle 2). Auf der Ebene einzelner Taxa (z.B. Nematoden, Collembolen) können spezielle Einteilungssysteme gebräuchlich sein; oder ein Taxon kann gleichzeitig in jeder der drei Gruppen vertreten sein (z.B. Regenwürmer).

Bodeninvertebraten steuern eine Vielzahl ökologischer Prozesse, denen sich direkt ökologische Dienstleistungen in genutzten Böden zuordnen lassen (Beispiele in Tabelle 2). Das Ausmaß ihrer Leistungen beruht neben der Intensität der Bodennutzung auf komplexen Wechselwirkungen untereinander, mit Bodenmikroorganismen, mit den Kulturpflanzen (Wurzelraum, Bestandsabfall) und mit den standörtlichen Bodenbedingungen (insbesondere Korngrößenverteilung, Lagerungsdichte, organischer Gehalt, pH-Wert, Feuchtebedingungen). Die funktionelle Vielfalt der Bodeninvertebraten erbringt ökologische Dienstleistungen, die Bodenfruchtbarkeit verbessern, Bodenbildung fördern und Transportprozesse steuern. Bodeninvertebraten haben wesentlichen Anteil am Abbau toter organischer Substanz (Ernterückstände, Bestandsabfall) und lenken dadurch Nährstoffkreisläufe. Sie mindern den Befallsdruck bodenbürtiger Schaderreger und tragen zum Abbau von Toxinen bei. Damit leisten sie einen wesentlichen Beitrag für die Bodengesundheit. Und sie unterstützen Regenerationsprozesse (schad)verdichteter Böden, wodurch die Bodenqualität verbessert wird. Dieses große Leistungsspektrum hilft Fruchtbarkeit und Produktivität landwirtschaftlich genutzter Böden zu gewährleisten und zu steigern. Ökologischen Dienstleistungen von Bodeninvertebraten wird ein hoher ökonomischer Wert beigemessen, der ein indirekter und daher schwierig abzuschätzender Wert ist (Decaëns et al. 2006). An allen in Tabelle 2 aufgeführten ökologischen Dienstleistungen haben Regenwürmer einen wesentlichen Anteil (Bertrand et al. 2015).

Tab. 2: Zuordnung der Bodeninvertebraten zu funktionellen Gruppen, ökologischen Prozessen, die sie steuern, und ökologischen Dienstleistungen, die sie dadurch erbringen (nach Lavelle et al. 2006, Barrios 2007, Turbé et al. 2010)

Tab. 2: *Assigning soil invertebrates to functional groups, ecological processes they control and ecosystem services they deliver (according to Lavelle et al. 2006, Barrios 2007, Turbé et al. 2010)*

Funktionelle Gruppen	Ökologische Prozesse	Ökologische Dienstleistungen
Chemical engineers	Abbau toter organischer Substanz	Steuerung der Nährstoffkreisläufe
	Abbau von Schadstoffen	Förderung der Bodengesundheit
Biological regulators	Fraß mikrobieller Schadreger	Unterdrückung von Pathogenen
	Transport von Pflanzensamen	Verbreitung von Pflanzensamen
Ecosystem engineers	Bioturbation und Aggregatbildung	Verbesserung der Bodenstruktur
	Infiltration und Wasserspeicherung	Steigerung des Wasserangebots
	Ventilation und Gasaustausch	Regulation des Klimas

Gangsysteme der Regenwürmer sind ein wichtiges biogenes Strukturelement im Boden. Sie erfüllen eine Reihe von Funktionen, die in primäre und sekundäre Funktionen eingeteilt werden können (Tabelle 3). Für den Regenwurm, der sein Gangsystem selbst geschaffen hat, erfüllt es primäre Funktionen als Lebensraum, Schutzzone und Rückzugsort mit im Vergleich zum oberirdischen Lebensraum relativ geringfügig schwankenden Umweltbedingungen. Aus der Perspektive aller anderen Organismen einschließlich des den Boden bewirtschaftenden Menschen erfüllen Gangsysteme der Regenwürmer sekundäre Funktionen. Diese lassen sich grob in unterschiedliche Transport- und Speicherfunktionen sowie Lebensraumfunktionen für andere Bodenorganismen und Pflanzenwurzeln summieren.

Tab. 3: Primäre und sekundäre Funktionen der Gangsysteme von Regenwürmern

Tab. 3: *Primary and secondary functions of earthworm burrow systems*

Primäre Funktionen	Sekundäre Funktionen
Lebensraum der Regenwürmer	Gastransport, Durchlüftung
Schutz vor Feinden	Wassertransport, Infiltration
Schutz vor UV-Strahlung	Transport gelöster Stoffe
Ort der Reproduktion und Entwicklung	Reduktion von Runoff und Erosion
Relativ konstantes Milieu	Verbesserung der Durchwurzelbarkeit
	Verbesserung der Nährstoffverfügbarkeit
	Habitat für andere Bodenorganismen

Die Abb. 2 veranschaulicht verschiedene funktionelle Aspekte bei Regenwurm-
gängen. Sie sind innen mit einer Mischung aus Körperschleim sowie organi-
schem und mineralischem Material der Losung ausgekleidet (Abb. 2 links). Je
nach Lebensweise ist diese Schicht bei einzelnen Regenwurmartenspezies un-
terschiedlich stark ausgeprägt. Zusammen mit der verdichteten Gangwand stabilisiert sie
die Gänge und bestimmt deren Funktionen: Verbesserung der Bodenstruktur
als ökologische Dienstleistung (Tabelle 2). Diese zwischen Gang und umgeben-
der Bodenmatrix vermittelnde Zone wird analog zur Rhizosphäre der Boden-
Wurzel-Grenzfläche als Drilosphäre bezeichnet. Die Analogie gründet sich ins-
besondere auf dem vermehrten Vorkommen von Bodenmikroorganismen in der
Drilosphäre, in der die vom Regenwurm abgesonderten Schleimstoffe eine leicht
verfügbare und damit attraktive Nahrungsquelle darstellen (Abb. 2 rechts).
Durch die einsetzende mikrobielle Aktivität werden pflanzenverfügbare Nähr-
stoffe freigesetzt: Steuerung der Nährstoffkreisläufe als ökologische Dienstlei-
stung (Tabelle 2). Das ist ein Grund, weshalb verlassene Regenwurm-
gänge von Wurzeln bevorzugt angenommen werden. Die Eigenschaften der Drilosphäre
steuern auch den Fluss von Infiltrationswasser. Im ungesättigten Fluss, wie er im
Normalfall bei Niederschlägen in gemäßigten Breiten auftritt, bewegt sich das
Wasser nicht nur vertikal mit dem Gangverlauf sondern infiltriert auch lateral
die Drilosphäre und z.T. die Bodenmatrix (Abb. 2 mitte). Für den Fluss und die
Verteilung des infiltrierenden Wassers spielen Dichte-Heterogenitäten in der
Drilosphäre und Hydrophobie an Grenzflächen eine entscheidende Rolle. Die

Drilosphäre erfüllt damit nicht nur wichtige Funktionen für die Infiltration von Oberflächenwasser sondern auch hinsichtlich der Verteilung und Speicherung pflanzenverfügbaren Wassers: Steigerung des Wasserangebots als ökologische Dienstleistung (Tabelle 2).

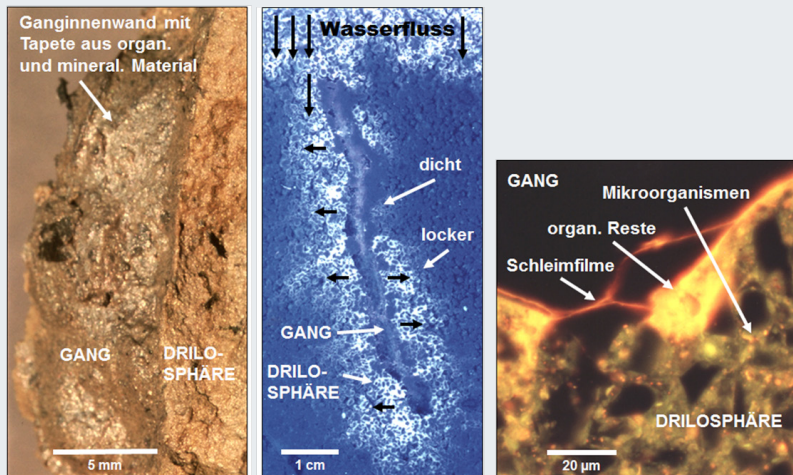


Abb. 2: Funktionelle Details von Regenwurmgingen einschließlich Drilosphäre. Links: Sicht auf Ganginnenseite. Mitte: Infiltrierendes Wasser gefärbt mit Rhodamin B unter UV-Licht. Rechts: Boden-Dünnschliff gefärbt mit Brillantsulfoflavin unter Fluoreszenzlicht (Fotos: Stefan Schrader)

Fig. 2: Functional details of earthworm burrows including drilosphere. Left: View on inner burrow surface. Middle: Infiltrating water dyed with Rhodamin B under UV-light. Right: Soil thin section dyed with Brilliant sulfoflavine under fluorescence light (Photos: Stefan Schrader)

Partnerschaft zwischen Mensch und Bodeninvertebraten

Bodeninvertebraten erbringen auch ökologische Dienstleistungen als Förderer der Bodengesundheit, indem sie mikrobielle Schaderreger fressen und zum Abbau ihrer Schadstoffe beitragen (Tabelle 2). Als Beispiel sei hier die antagonistische Wirkung von Bodeninvertebraten auf bodenbürtige Schadpilze der global verbreiteten Gattung *Fusarium* und ihre Mykotoxine angeführt (zusammenfassender Überblick in Schrader et al. 2013). In Mais und Getreide führt ein

Bestandesbefall zu Symptomen der Ährenfusariose mit dem Krankheitsbild der partiellen Taubährigkeit. Als Folge können Ertragsverluste und qualitative Beeinträchtigungen des Ernteguts durch die für Mensch und Tier potentiell gesundheitsgefährdenden Mykotoxine auftreten. Das höchste Infektionsrisiko besteht bei konservierender Bodenbearbeitung mit Mulchsaat und engen Fruchtfolgen bei hohem Getreide- und Maisanteil.

Regenwürmer entziehen Fusarien das Siedelsubstrat, indem sie Strohrefeste von der Bodenoberfläche in ihr Gangsystem tieferer Bereiche des Oberbodens verlagern und direkt fressen. Darüber hinaus bevorzugen sie Fusarien gegenüber anderen bodenbürtigen Pilzen als Nahrungsquelle und weiden sie von Strohrefesten ab. Auch für pilzfressende Collembolen und Nematoden ist ein signifikanter Abbau von Fusarien durch Abweiden der Strohrefeste nachgewiesen. Das häufigste Mykotoxin der Fusarien ist Deoxynivalenol (DON). Sowohl Regenwürmer als auch pilzfressende Collembolen und Nematoden tragen in Interaktion mit Bodenmikroorganismen signifikant zur Reduktion des DON-Gehalts im Reststroh bei (Wolfarth et al. 2011, 2013). Im Fall der Regenwürmer scheint ein sogenannter priming effect eine wesentliche Rolle zu spielen: Bisherige Ergebnisse lassen vermuten, dass bei der Fortbewegung der Regenwürmer auf dem Stroh abgestreifter Körperschleim eine Wachstumssteigerung antagonistischer Mikroorganismen initiiert, die den DON-Abbau beschleunigen. Pilzfressende Collembolen und Nematoden zeigen eine deutliche Leistungsabhängigkeit von der Bodenart. Die Reduktion der DON-Gehalte ist bei beiden Tiergruppen in Sand- und Schluffböden um ein Mehrfaches höher als in Ton-Böden. Die höchste Toxin-Reduktion von mehr als 90% erfolgt, wenn beide Tiergruppen gemeinsam in einer Wechselbeziehung stehen und die Nahrungsquelle in Sand- oder Schluffböden vorliegt.

Die gute fachliche Praxis leitet den Landwirt zur nachhaltigen Kontrolle eines Fusarienbefalls. Neben dem Anbau weniger anfälliger Sorten, einer weiten Fruchtfolge und nachhaltiger Fungizid-Behandlung bietet die Förderung der Strohrotte eine Maßnahme zur wirksamen Fusarien-Bekämpfung. Hierzu sind möglichst kurze Häcksel anzustreben, die im Vergleich zu längeren Häckseln eine größere Angriffsfläche für Bodeninvertebraten bieten. Eine Förderung der Strohrotte unterstützt somit ökologische Selbstregelungsmechanismen im Boden, wie sie hier beispielhaft vorgestellt wurden. Das Zusammenspiel aus land-

wirtschaftlichen Managementmaßnahmen und der Aktivität der Bodeninvertebraten dient letztlich der Produktionssicherheit für menschliche Nahrung, Futtermittel und nachwachsende Rohstoffe (Abb. 3).

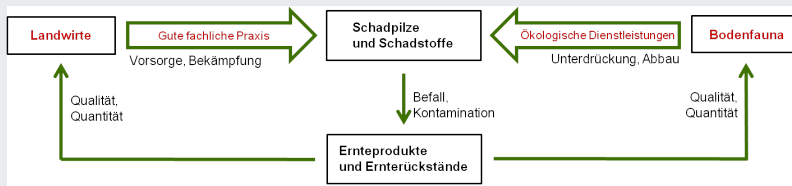


Abb. 3: Synergie-Effekte zwischen Managementmaßnahmen der Landwirte und der Aktivität der Bodeninvertebraten zur Förderung der Bodengesundheit (nach Schrader et al. 2014)

Fig. 3: Synergy effects between management measures of farmers and activity of soil invertebrates to promote soil health (according to Schrader et al. 2014)

Ausblick und Perspektiven

Im Rahmen der internationalen Initiative „Global Biodiversity Information Facility“ (GBIF) entsteht seit 2009 mit Edaphobase das GBIF-Informationssystem Bodenzoologie, welches eine in Europa einmalige Datenbasis zur Verbreitung und Ökologie von Bodeninvertebraten generiert. Es beinhaltet Informationen zu funktionell bedeutsamen Bodeninvertebratengruppen wie Regenwürmer, Enchytraeiden, Collembolen, Nematoden, Milben und Tausendfüßern. In dem Informationssystem werden diese umfangreichen Bodenbiodiversitätsdaten zusammen mit den dazugehörigen Standortfaktoren gesammelt und dokumentiert. Mit Edaphobase steht der Öffentlichkeit ein umfassender Daten-Pool zur Vielfalt der Bodeninvertebraten zur Verfügung, er ist unter <http://portal.edaphobase.org> abrufbar. In der dynamisch wachsenden Datenbank sind für Deutschland bislang rund 240.000 georeferenzierte Datensätze von 13.000 Standorten erfasst (Burkhardt et al. 2014). Edaphobase liefert wichtige Basisdaten für die Entwicklung von Schutzmaßnahmen und nachhaltigen Managementmaßnahmen sowie zur Erarbeitung von Strategien und Handlungsempfehlungen für nachhaltige Bodennutzung.

Die Vielfalt der Arten und ihrer funktionellen Gruppen sowie ihre meist lebenslange Exposition im Boden bei geringer Mobilität qualifizieren Bodeninverte-

braten allgemein als besonders geeignete Bioindikatoren für Umweltveränderungen. Dieses gilt zum Beispiel für die Beurteilung der Bodenfruchtbarkeit. Bodenbiologische Parameter können der Beschreibung der aktuellen Bodenfruchtbarkeit dienen, zur Überwachung von Veränderungen in einem Langzeit-Monitoring beitragen sowie zur Ableitung von Prognosen für zukünftige Entwicklungen der Bodenfruchtbarkeit herangezogen werden.

Im Biodiversitätspool landwirtschaftlicher Nutzflächen haben Bodeninvertebraten mit ihren ökologischen Dienstleistungen einen entscheidenden Anteil an den Selbstregelungsmechanismen im Boden. Das Zusammenspiel aus Leistungen der Bodeninvertebraten und landwirtschaftlichem Management hilft Qualität und Quantität der Erträge sichern (s. Beispiel in Abb. 3). Die Selbstregelungsmechanismen im Boden gilt es bei der Optimierung nachhaltiger Bewirtschaftungsstrategien und Bodennutzungssysteme zu berücksichtigen.

Ein vielversprechendes Konzept, landwirtschaftliche Produktion mit Schutz und nachhaltiger Nutzung der Vielfalt an Bodenorganismen und ihren assoziierten ökologischen Dienstleistungen auf einen gemeinsamen Nenner zu bringen, ist das FAB-Konzept (Functional AgroBiodiversity) des Europäischen Ausbildungsnetzwerks für funktionelle Agrobiodiversität (ELN-FAB 2012). Das FAB-Konzept berücksichtigt Biodiversität und ihre ökologischen Dienstleistungen als Unterstützung nachhaltiger Produktion auf verschiedenen Skalenebenen und verspricht positive Effekte für Umwelt und Gesellschaft (ELN-FAB 2012). Von diesem Konzept ausgehend plädieren Bianchi et al. (2013) für landschaftsbezogene Ansätze, die Synergie-Effekte zwischen unterirdischer und oberirdischer Biodiversität fördern. Dazu bedarf es der Einbindung und koordinierten Abstimmung verschiedener Interessensgruppen, um regionale Anreizsysteme zu schaffen (Bianchi et al. 2013).

Kenntnisse zur funktionellen Diversität der Bodeninvertebraten und zum Potential ihrer ökologischen Dienstleistungen sollten Eingang in die Nachhaltigkeitsbewertung von Landnutzungsentscheidungen und die Politikfolgenabschätzung finden (Helming et al. 2013, Glæsner et al. 2014). Im Zuge der Beratungsleistung ist ein Wissenstransfer zu Schutz, Förderung und Nutzung funktioneller Boden-Biodiversität in die landwirtschaftliche Praxis und die politische Entscheidungsfindung erforderlich.

Literatur

Barrios, E. (2007): Soil biota, ecosystem services and land productivity. *Ecological Economics* 64, 269-285.

Bertrand, M., S. Barot, M. Blouin, J. Whalen, T. de Oliveira & J. Roger-Estrade (2015): Earthworm services for cropping systems. A review. *Agronomy for Sustainable Development* 35, 553-567.

Beylich, A., H.-R. Oberholzer, S. Schrader, H. Höper & B.-M. Wilke (2010): Evaluation of soil compaction effects on soil biota and soil biological processes in soils. *Soil and Tillage Research* 109, 133-143.

Bianchi, F.J.J.A., V. Mikos, L. Brussaard, B. Delbaere & M.M. Pulleman (2013): Opportunities and limitations for functional agrobiodiversity in the European context. *Environmental Science and Policy* 27, 223-231.

Burkhardt, U., D.J. Russell, P. Decker, M. Döhler, H. Höfer, S. Lesch, S. Rick, J. Römbke, C. Trog, J. Vorwald, E. Wurst & W.E.R. Xylander (2014): The Edaphobase project of GBIF-Germany – A new online soil-zoological data warehouse. *Applied Soil Ecology* 83, 3-12.

Decaëns, T., J.J. Jiménez, C. Gioia, G.J. Measey & P. Lavelle (2006): The values of soil animals for conservation biology. *European Journal of Soil Biology* 42, S23-S28.

ELN-FAB (2012): *Functional Agrobiodiversity: Nature Serving Europe's Farmers*. ECNC-European Centre for Nature Conservation, Tilburg, Niederlande. Download verfügbar: http://www.eln-fab.eu/uploads/ELN_FAB_publication_small.pdf

Glæsner, N., K. Helming & W. de Vries (2014): Do current European policies prevent soil threats and support soil functions? *Sustainability* 6, 9538-9563.

Helming, K., K. Diehl, D. Geneletti & H. Wiggering (2013): Mainstreaming ecosystem services in European policy impact assessment. *Environmental Impact Assessment Review* 40, 82–87.

Hohberg, K. & W. Xylander (2004): *Unter unseren Füßen – Lebensraum Boden*. Staatliches Museum für Naturkunde Görlitz.

Lavelle, P., T. Decaëns, M. Aubert, S. Barot, M. Blouin, F. Bureau, P. Margerie, P. Mora & J.-P. Rossi (2006): Soil invertebrates and ecosystem services. *European Journal of Soil Biology* 42, S3-S15.

Orgiazzi, A., P. Panagos, Y. Yigini, M.B. Dunbar, C. Gardi, L. Montanarella & C. Ballabio (2016): A knowledge-based approach to estimating the magnitude and spatial patterns of potential threats to soil biodiversity. *Science of the Total Environment* 545-546, 11-20.

Pelosi, C., S. Barot, Y. Capowiez, M. Hedde & F. Vandenbulcke (2014): Pesticides and earthworms. A review. *Agronomy for Sustainable Development* 34, 199-228.

Schrader, S., F. Wolfarth & E. Oldenburg (2013): Biological control of soil-borne phytopathogenic fungi and their mycotoxins by soil fauna – A review. *Bulletin UASMV-serie Agriculture* 70, 291-298.

Schrader, S., F. Wolfarth, E. Oldenburg & J. Brunotte (2014): *Förderung der Bodengesundheit – Bodentiere dezimieren Schadpilze und ihre Toxine*. ForschungsReport 1-2014, 4-7.

Turbé, A., A. De Toni, P. Benito, P. Lavelle, P. Lavelle, N. Ruiz, W.H. Van der Putten, E. Labouze & S. Mudgal (2010): *Soil Biodiversity: Functions, Threats and Tools for Policy Makers*. Bio Intelligence Service, IRD, and NIOO, Report for European Commission (DG Environment). Download verfügbar: http://ec.europa.eu/environment/archives/soil/pdf/biodiversity_report.pdf

Usher, M.B., P. Davis, J. Harris & B. Longstaff (1979): A profusion of species? Approaches towards understanding the dynamics of the populations of microarthropods in decomposer communities. In: R.M. Anderson, B.D. Turner & L.R.

Taylor (Hrsg.) Population Dynamics. Blackwell Scientific Publications, Oxford. pp. 359-84.

van Capelle, C., S. Schrader & J. Brunotte (2012a): Tillage-induced changes in the functional diversity of soil biota – A review with a focus on German data. *European Journal of Soil Biology* 50, 165-181.

van Capelle, C., S. Schrader & J. Brunotte (2012b): Bodenleben erhalten und fördern – Wie Bodentiere auf unterschiedliche Bearbeitungsverfahren reagieren. *Landwirtschaft ohne Pflug* 1/2-2012, 17-22.

Wolfarth, F., S. Schrader, E. Oldenburg, J. Weinert & J. Brunotte (2011): Earthworms promote the reduction of *Fusarium* biomass and deoxynivalenol content in wheat straw under field conditions. *Soil Biology and Biochemistry* 43, 1858-1865.

Wolfarth, F., S. Schrader, E. Oldenburg & J. Weinert (2013): Nematode-collembolan-interaction promotes the degradation of *Fusarium* biomass and deoxynivalenol according to soil texture. *Soil Biology and Biochemistry* 57, 903-910.

Community structure and functions of plant root microbiota

Dr. Stijn Spaepen

Max Planck Institute for Plant Breeding Research,
Department Plant Microbe Interactions, Köln

Email: spaepen@mpipz.mpg.de

Abstract

Healthy plant organs host a rich diversity of microbes, including bacteria, fungi, oomycetes and viruses. The advent of next generation sequencing technologies allowed deep sequencing of bacterial taxa associated with plants and gained detailed information on the bacterial community structure and establishment. The bacterial community colonizing the root interior is dominated by the bacterial phyla Proteobacteria, Actinobacteria, Bacteroidetes and Firmicutes that are recruited from the soil biome. In addition, the community complexity gradually decreases from soil over rhizosphere to root interior. Many bacteria residing inside or associated with the roots have been studied for their beneficial effects on plants, but mainly in binary bacteria-plant interactions. The studied bacterial mechanisms involved in plant growth promotion and health are involved in nutrient uptake & availability, stimulation of plant growth by influencing the hormonal status and defense against pathogenic organisms (also known as biocontrol). Whether these traits are important for plant communities as a whole is till now unknown and will require integrated research approaches to disentangle the factors involved in community functioning.

Introduction

In nature, healthy plant organs host a rich diversity of microbes, but the role of most of these organisms has only been studied in binary plant-microbe interactions. To understand the plant-associated microbial communities as a whole, the first important step is to unravel the community structure and the factors influencing community establishment. The presence of bacteria in a specific environment has been studied both via culture-dependent and culture-independent approaches, the former allowing to study the community in an unbiased way without the necessity to culture the microorganisms for identification. In most culture-independent approaches, a marker gene, preferentially present in all studied organisms and consisting of non-variable regions (for primer design) and variable regions (for phylogenetic assignment), is PCR-based amplified and analyzed by conventional molecular community profiling methods (such as denaturing gradient gel electrophoresis – DGGE and terminal-restriction fragment length polymorphism – T-RFLP) or sequencing (conventional Sanger sequencing or next generation sequencing – NGS). With the advent of next generation sequencing technologies and corresponding bioinformatics pipelines to analyze large datasets, it became possible to assess the breath of microorganisms associated with different plant organs, including very rare taxa. Unraveling the bacterial community structure by 16S rRNA gene profiling is nowadays a standardized technique for rapid identification of host-associated microbiota.

*Most culture-independent techniques have common first steps: extraction of DNA from an environmental sample and PCR amplification of a marker gene. The most commonly studied bacterial marker gene is the 16S rRNA gene, although also other housekeeping genes like *gyrB* or *rpoD* have been used. The advantage of the 16S rRNA gene lays in the fact, that the gene is present across the whole bacterial community, whereas using a key gene part of a pathway allows insights in a functional subpopulation of the community (e.g. ammonia oxygenase – *amoA* or nitrogenase – *nifH*). After PCR amplification, separation and/or identification of the PCR products allows studying the diversity of a bacterial community.*

With the rise of NGS technologies, it became possible to sequence thousands to millions of amplicons in parallel, owing to use the amplicon sequence as determining factor to resolve community diversity. Amplicon-based profiling using NGS

technology follows in principle the same pipeline as other profiling techniques. A marker gene (mainly 16S rRNA gene) is partially amplified using primers binding to conserved regions within this gene. The obtained amplicons comprising of at least one variable region within this gene are sequenced using one of the currently available technologies (454, Illumina, IonTorrent or Nanopore platform). Multiplexing using barcoded primers allows simultaneous sequencing of several samples, decreasing the sequencing costs. Before massive parallel sequencing, PCR amplicons are prepared in a library preparation step by adding sequencing platform specific DNA adaptors to the amplicons using fused primers, although this step can be combined with the marker gene amplification. For the details on the sequencing strategies of the different platforms I refer to Knief (2014). One important remark is that NGS technologies induce a higher error rate compared to Sanger sequencing and this error rate depends on many factors, such as primer or amplification bias. This needs to be taken into account when interpreting NGS community profiling data since bacterial diversity might be overestimated. After the generation of the sequencing data, the raw data are demultiplexed and subjected to rigorous quality controls and trimming. Next, the remaining sequences are classically clustered based on 97% sequence identity, called an operational taxonomic unit (OTU) or phylotype, which reflects for the 16S rRNA gene sequence a classification at the species/genus level. It has to be noted, that a the variable region used for studying bacterial communities (Stackebandt 1994) can easily affect interpretation of results as well as the fact that species with almost identical 16S rRNA gene sequences can vary considerably on whole genome level. Of the sequence read assigned to one specific OTU typically the most abundant sequence is picked and used for further taxonomy assignment, after removing chimeric and plant sequences. Once an OTU table is built, the relative abundances of OTUs within several samples can easily be calculated after data normalization and further statistical analyses can be initiated. Since the analysis of NGS data is still under development and different groups use various approaches, a standardized pipeline for analysis can not yet be proposed.

Community structure of *Arabidopsis thaliana* and relatives

The community structure of root-associated bacteria has only been studied in a selected number of plant species using high-resolution 16S rRNA gene profiling by NGS. However, the number of studies and studied plant species is steadily increasing. Using 454 pyrosequencing, the structure of the root microbiota of the model plant *Arabidopsis thaliana* was characterized in 2012 (Bulgarelli et al., 2012; Lundberg et al., 2012). Using 4 soil types originating from Europe and USA, the two research groups could independently demonstrate that the bacterial community colonizing the root interior (so called endophytes) is dominated by the bacterial phyla Proteobacteria, Actinobacteria, Bacteroidetes and Firmicutes that are recruited from the soil biome. In addition, the community complexity (species richness) is gradually decreased from soil over rhizosphere to endosphere. The differences in assemblages in the root are mostly explained by differences in soil type (and thus the source inoculum for root colonization and establishment), while plant genotype and age were of less importance. By studying the colonization of wooden stick into the soil, Bulgarelli and coworkers were able to distinguish between bacterial members actively recruited by root exudation and those living on the lignocellulose surface. It was estimated that about 60% of the endophytic bacteria were only found inside roots (and not on the lignocellulose substrate), pointing to the involvement of the living plant host and root exudates (Bulgarelli et al., 2012).

To further unravel the contribution of the host genotype to differences in community structure, the root microbiota of *A. thaliana* (three ecotypes) and three relatives belonging to the Brassicaceae family (*Arabidopsis halleri*, *Arabidopsis lyrata* and *Cardamine hirsuta*) grown in greenhouse or harvested from natural sites was assessed and rigorously compared. Although the plant species diverged more than 35 Mya, only quantitative differences in community structure could be observed and these differences could not be solely explained by the phylogenetic distances between the plant hosts. Across all conditions and plant species, a shared bacterial community was identified consisting of members belonging to the major root-enriched phyla Proteobacteria (order Burkholderiales), Actinobacteria (order Actinomycetales and Bacteroidetes (order Flavobacteriales) (Schlaeppli et al., 2014). The functions of this shared microbiota for plant growth and health are currently unknown.

Community structure in other plant species

The bacterial root microbiota structure has been elucidated from plant species besides *A. thaliana* and relatives, such as barley, maize, rice, grapevine, poplar, cannabis, pea and agave (Peiffer et al., 2013; Shakya et al., 2013; Turner et al., 2013; Winston et al., 2014; Bulgarelli et al., 2015; Edwards et al., 2015; Zarraonaindia et al., 2015; Coleman-Derr et al., 2016). When comparing the community structure from plants (mono- and dicot plants) with the dicot model plant *A. thaliana*, a very similar community structure of the root-associated microbiota can be observed. The rhizosphere and the root endophytic compartment of unrelated plant species is often enriched for bacteria belonging to three main phyla (Proteobacteria, Actinobacteria, and Bacteroidetes). In contrast, abundant soil bacteria belonging to the phylum Acidobacteria are excluded from the endophytic compartment (Bulgarelli et al., 2013). Compared with the surrounding soil, microbiota members belonging to the phylum Proteobacteria are consistently enriched in the rhizosphere/endosphere compartments of monocotyledonous and dicotyledonous plants, including perennial and annual plants. Since the plant species from the above studies are grown in very different soil types and environmental conditions, the high overlap in taxonomic structure points to the existence of strong selective forces shaping the root microbiota that are robust against a wide range of environmental conditions. Microbiota profiling studies have nowadays also extended to other kingdoms such as fungi and oomycetes but a general consensus on the taxonomic structure and the importance of edaphic factors is still missing (Shakya et al., 2013; Coleman-Derr et al., 2016).

To put the root-associated bacterial community structure in a broader phylogenetic framework, a meta-analysis of multiple large-scale 16S rRNA gene survey studies, from host-associated communities such as the human and mammalian gut, fish gut and plant roots was performed (Hacquard et al., 2015). Analysis of the community structure revealed that the bacterial assemblages cluster according to host species with samples originating from the gut and root/rhizosphere clustering in two distinct clusters. This separate clustering can be explained by the increased abundance of the Bacteroidetes phylum in the mammalian gut samples and the enrichment *Pseudomonadaceae*, *Streptomycetaceae*, and *Comamonadaceae* families in the rhizosphere and root samples. The bacterial communities of the fish gut are

clustering between the two large clusters of the gut and root/rhizosphere samples, mostly due to an increased abundance of Proteobacteria.

A phylogentic comparison of the abundant bacterial community members across mammalian and plant hosts revealed virtually no overlap even at high taxonomic levels between gut and root/rhizosphere samples. Mammalian guts are dominated by bacteria belonging to the orders Bacteroidales and Clostridiales, while these bacteria are almost completely missing in the root and rhizosphere samples. These differences in community composition are striking since both organs are dedicated to nutrient uptake, but might be explained by differences in oxygen levels, pH, and organic carbon availability due to the host and environmental conditions.

Functions of plant-associated bacteria

The functions of the root-associated microbiota for plant growth and health are difficult to assess at the community level. In this context, it has been proven that the root microbial community as a whole can protect the host against soil-borne stresses (Mendes et al., 2011) and increase plant fitness by impacting flowering plasticity (Panke-Buisse et al., 2015; Wagner et al., 2014). Metagenomics and metatranscriptomics studies of root-associated bacterial communities demonstrate that enriched functional categories include those related to chemotaxis and motility, transport and secretion systems, nitrogen metabolism and iron transport and metabolism. However, in all studies for a majority of the annotated genes no function can be assigned, hampering an in depth analysis of the functionality of the root microbiome (Sessitsch et al., 2012; Mendes et al., 2014; Ofek-Lalzar et al., 2014).

Both bacteria residing inside the roots (also called endophytes), associated with the root surface (also called rhizoplane) and in the rhizosphere have been studied for their beneficial effects on plants. It must be noted that these effects have mainly been studied in binary interactions, i.e. the interaction of a single bacterial strain with a single host plant. However, for many isolated bacteria a beneficial effect could be observed under the tested conditions and in general these functions can be divided into direct and indirect effects. The direct effects are directed towards nutrient uptake & availability and stimulation of plant growth by influencing the

hormonal status, while the indirect mechanisms focus on plant defense against pathogenic organisms.

From a historical point-of-view, the process of biological nitrogen fixation (BNF) has intensively been studied especially in symbiotic interactions. This bacterial process catalyzed by the nitrogenase complex leads to the reduction of dinitrogen into ammonium, providing the host with a readily available nitrogen source. However in the context of mutualistic non-symbiotic interactions, the contribution of BNF to plant growth is very minor, except for a few documented cases, questioning the general importance of this mechanism in plant growth promotion (Herridge et al., 2008).

As mentioned above, many soil and plant-associated bacteria are involved in nutrient availability and uptake. BNF is one example of how bacteria interfere in biogeochemical cycling, converting dinitrogen into a valuable nitrogen source. Also in other steps of the nitrogen cycle bacteria are involved and these conversions might influence specific nitrogen pools influencing plant growth such as the balance of nitrate – ammonium levels or the production of NO, a potent molecule with hormonal-like activity (Lamattina et al., 2003).

Also for other elements, plant-associated bacteria are important for the conversion of a non-available or immobilized form of this element into bio-available forms. In this respect, phosphorus mobilization by bacteria is one prominent example often studied. Less than 5% of the total phosphorus in the soil resides in the plant available form. Many soil and plant-associated bacteria are able to solubilize immobilized phosphorus by the production of organic acids or by enzymatic phosphatase activity. These activities are frequently observed under laboratory conditions and for some bacterial strains inoculation studies under low phosphate input have demonstrated the potential of phosphorus mobilization for plant growth promotion (Rodriguez et al., 2006).

Also for other elements like sulfur and iron, the amount of bio-available form is limited and bacterial mechanisms to increase this availability have been studied. For sulfur mobilization, the mechanisms are similar to those of phosphorus mobilization, while for iron the production of organic acids and low-molecular-weight compounds chelating iron (named siderophores) are shown to be involved in increasing

the bioavailability. Therefore one can conclude that strategies to improve nutrient availability may provide important tools to boost plant growth (Marschner et al., 2011).

A second important direct mechanism to promote plant growth is the production and/or interference of/with plant hormones. Since these molecules are potent compounds influencing plant growth, such mechanisms might drastically influence plant growth (in a concentration-dependent manner). Several plant hormones have been identified in the supernatant of culture medium of many plant-associated bacteria, although firm evidence to demonstrate the degree of involvement of these mechanisms is mostly missing (Spaepen, 2015). The best documented case is the bacterial production of auxin, which has been studied in depth in several bacterial species. Using knock-out mutants, it has been demonstrated that bacterial auxin biosynthesis alters root morphology leading to enhanced plant growth, especially under sub-optimal nitrogen levels, possibly due to an increased root surface and thus enhanced nutrient uptake (Dobbelaere et al., 1999; Patten & Glick, 2002). Another strategy employed by bacteria is lowering plant ethylene levels that are induced under stress conditions. In this strategy, bacteria express *acdS* encoding for an 1-aminocyclopropane-1-carboxylate (ACC) deaminase, which degrades the direct ethylene precursor ACC into α -ketobutyrate and ammonia. The *acdS* gene is wide-spread in both pathogenic and beneficial plant-associated bacteria. By reducing ethylene biosynthesis under stress conditions, bacteria are able to alleviate the growth inhibition induced by high ethylene levels, as demonstrated by the use of *acdS* knock-out and overexpression mutants. In addition, transgenic plants, expressing bacterial *acdS* genes, show more tolerance towards different stresses (Glick et al., 2007).

The indirect effects of plant-associated bacteria are related to plant protection and health and are also referred to as biocontrol activity. Due to the limited number of places for root colonization and limited nutrient availability, beneficial plant-associated bacteria may outcompete and exclude pathogenic microorganisms and restrict their growth to sufficient numbers for plant infection (known as niche and nutrient competition). However, direct evidence for these hypotheses is lacking. Many secondary metabolites produced by plant-associated bacteria have broad-spectrum antimicrobial activities restricting the growth of both bacteria and fungi. 2,4-diacetylphloroglucinol, phenazine and hydrogen cyanide are examples of

well-characterized compounds identified in bacteria such as Pseudomonas, Burkholderia and Streptomyces. Besides secondary metabolites, peptide- and protein-derived molecules, such as microcins and bacteriocins, and (cyclic) lipopeptides (synthesized by nonribosomal peptide synthetases) with antimicrobial activity are produced by some plant-associated bacteria (Berg, 2009; Ghequire and De Mot, 2014). For many of these compounds the biosynthesis and regulatory pathways has been deciphered, although the mode of action for pathogen inhibition is mostly unknown. The production of antimicrobial compounds by plant-associated bacteria has been associated with the suppression of plant pathogens, although in view of the current knowledge on the plant root community, these antagonistic interactions might be an important factor in shaping the community structure.

One important indirect mechanism for plant protection is induced systemic resistance (ISR), which is the priming of the plant for enhanced resistance against pathogens by plant-associated bacteria and fungi by a faster and/or stronger activation of defense responses (Shoresh et al., 2010; Zamioudis & Pieterse, 2012).

The above described mechanisms and traits involved in plant growth promotion and health have mainly been studied in binary bacteria-plant interactions and lack extrapolation to the community level. To what extent these traits are important in plant communities is till now unknown and are subject of current and future research lines. To address these research topics, large-scale isolation efforts and establishment of reference culture collections are a prerequisite. This will allow testing specific hypotheses by inoculating reconstituted synthetic communities in gnotobiotic plant growing systems disentangling the factors and functions involved in community establishment and functioning.

Acknowledgements

Work in the author's research group is supported by the Max Planck Society and a European Research Council advanced grant (ROOTMICROBIOTA to P. Schulze-Lefert). The author was supported by a postdoctoral grant from the Research Foundation – Flanders (FWO-Vlaanderen).

References

Berg G. 2009. *Plant-microbe interactions promoting plant growth and health: perspectives for controlled use of microorganisms in agriculture*. *Applied Microbiology Biotechnology* 84, 11–18.

Bulgarelli D, Rott M, Schlaeppi K, Ver Loren van Themaat E, Ahmadinejad N, As-senza F, Rauf P, Huettel B, Reinhardt R, Schmelzer E, et al. 2012. *Revealing structure and assembly cues for Arabidopsis root-inhabiting bacterial microbiota*. *Nature* 488, 91–95.

Bulgarelli D, Schlaeppi K, Spaepen S, Ver Loren van Themaat E, Schulze-Lefert P. 2013. *Structure and functions of the bacterial microbiota of plants*. *Annual Review of Plant Biology* 64, 807–838.

Bulgarelli D, Garrido-Oter R, Münch PC, Weiman A, Dröge J, Pan Y, McHardy AC, Schulze-Lefert P. 2015. *Structure and function of root microbiota in wild and domesticated barley*. *Cell Host & Microbe* 17, 392–403.

Dobbelaere S, Croonenborghs A, Thys A, Vande Broek A, Vanderleyden J. 1999. *Phytostimulatory effect of Azospirillum brasilense wild type and mutant strains altered in IAA production on wheat*. *Plant and Soil* 212, 153–162.

Edwards J, Johnson C, Santos-Medellín C, Lurie E, Podishetty NK, Bhatnagar S, Eisen JA, Sundaresan V. 2015. *Structure, variation, and assembly of the root-associated microbiomes of rice*. *Proceeding of the National Academy of Sciences USA* 112, E911–E920.

Ghequire MGK, De Mot R. 2014. *Ribosomally encoded antibacterial proteins and peptides from Pseudomonas*. *FEMS Microbiology Reviews* 38, 523–568.

Glick BR, Todorovic B, Czarny J, Cheng ZY, Duan J, McConkey B. 2007. *Promotion of plant growth by bacterial ACC deaminase*. *Critical Reviews in Plant Science* 26, 227–242.

Hacquard S, Garrido-Oter R, Gonzalez A, Spaepen S, Ackermann G, Lebeis S, McHardy AC, Dangl JL, Knight R, Ley R, Schulze-Lefert P. 2015. Microbiota and host nutrition across plant and animal kingdoms. *Cell Host & Microbe* 17, 603-616.

Herridge DF, Peoples MB, Boddey RM. 2008. Global inputs of biological nitrogen fixation in agricultural systems. *Plant and Soil* 311, 1-18.

Knief C (2014) Analysis of plant microbe interactions in the era of next generation sequencing technologies. *Frontiers in Plant Science* 5: 216.

Lamattina L, Garcia-Mata C, Graziano M, Pagnussat G. 2003. Nitric oxide: the versatility of an extensive signal molecule. *Annual Review in Plant Biology* 54, 109-136.

Lundberg DS, Lebeis SL, Paredes SH, Yourstone S, Gehring J, Malfatti S, Tremblay J, Engelbrekton A, Kunin V, del Rio TG et al. 2012. Defining the core *Arabidopsis thaliana* root microbiome. *Nature* 488, 86-90.

Marschner P, Crowley D, Rengel Z. 2011. Rhizosphere interactions between microorganisms and plants govern iron and phosphorus acquisition along the root axis—model and research methods. *Soil Biology and Biochemistry* 43, 883-894.

Mendes R, Kruijt M, de Bruijn I, Dekkers E, van der Voort M, Schneider JH, Piceno YM, DeSantis TZ, Andersen GL, Bakker PAHM, Raaijmakers JM. 2011. Deciphering the rhizosphere microbiome for disease-suppressive bacteria. *Science* 332, 1097-1100.

Mendes LW, Kuramae EE, Navarrete AA, van Veen JA, Tsai SM. 2014. Taxonomical and functional microbial community selection in soybean rhizosphere. *ISME Journal* 8, 1577-1587.

Ofek-Lalzar M, Sela N, Goldman-Voronov M, Green SJ, Hadar Y, Minz D. 2014. Niche and host-associated functional signatures of the root surface microbiome. *Nature Communications* 5, 4950.

Panke-Buisse K, Poole AC, Goodrich JK, Ley RE, Kao-Kniffin J. 2015. Selection on soil microbiomes reveals reproducible impacts on plant function. *ISME Journal* 9, 980–989.

Patten CL, Glick BR. 2002. Role of *Pseudomonas putida* indoleacetic acid in development of the host plant root system. *Applied and Environmental Microbiology* 68: 3795–3801.

Peiffer JA, Spor A, Koren O, Jin Z, Tringe SG, Dangl JL, Buckler ES, Ley RE. 2013. Diversity and heritability of the maize rhizosphere microbiome under field conditions. *Proceeding of the National Academy of Sciences USA* 110, 6548–6553.

Rodriguez H, Fraga R, Gonzalez T, Bashan Y. 2006. Genetics of phosphate solubilization and its potential applications for improving plant growth-promoting bacteria. *Plant and Soil* 287, 15–21.

Schlaeppli K, Dombrowski N, Oter RG, Themaat EVL van, Schulze-Lefert P. 2014. Quantitative divergence of the bacterial root microbiota in *Arabidopsis thaliana* relatives. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA* 111, 585–592.

Sessitsch A, Hardoim P, Döring J, Weilharter A, Krause A, Woyke T, Mitter B, Hauberg-Lotte L, Friedrich F, Rahalkar M. et al. 2012. Functional characteristics of an endophyte community colonizing rice roots as revealed by metagenomic analysis. *Molecular Plant-Microbe Interactions* 25, 28–36.

Shoresh M, Harman GE, Mastouri F. 2010. Induced systemic resistance and plant responses to fungal biocontrol agents. *Annual Review in Phytopathology* 48, 21–43.

Spaepen S. 2015. Plant hormones produced by microbes. In: *Principles of Plant-Microbe Interactions* (ed. Lugtenberg B.), pp. 247–256.

Turner TR, Ramakrishnan K, Walshaw J, Heavens D, Alston M, Swarbreck D, Osbourn A, Grant A, Poole PS. 2013. Comparative metatranscriptomics reveals kingdom level changes in the rhizosphere microbiome of plants. *The ISME Journal* 7, 2248–2258.

Wagner MR, Lundberg DS, Coleman-Derr D, Tringe SG, Dangl JL, Mitchell-Olds T. 2014. Natural soil microbes alter flowering phenology and the intensity of selection on flowering time in a wild *Arabidopsis* relative. *Ecology Letters* 17, 717–726.

Winston ME, Hampton-Marcell J, Zarronaindia I, Owens SM, Moreau CS, Gilbert JA, Hartsel J, Kennedy SJ, Gibbons SM. 2014. Understanding cultivar-specificity and soil determinants of the *Cannabis* microbiome. *PLoS One* 9, e99641.

Zamioudis C, Pieterse CMJ. 2012. Modulation of host immunity by beneficial microbes. *Molecular Plant-Microbe Interactions* 25, 139–150.

Zarraonaindia I, Owens SM, Weisenhorn P, West K, Hampton-Marcell J, Lax S, Bokulich NA, Mills DA, Martin G, Taghavi S et al. 2015. The soil microbiome influences grapevine-associated microbiota. *MBio* 6, e02527–e14.

Traditionelle Lebensmittelherstellung und industrielle Lebensmittelverarbeitung – Welche Zukunft hat die Vielfalt der mikrobiellen Kulturen?

Traditional food production and industrial food processing – How is the future of microbial diversity?

Dr. Lothar Kröckel

Max Rubner-Institut, Institut für Sicherheit und Qualität bei Fleisch, Kulmbach

Email: lothar.kroeckel@mri.bund.de

Zusammenfassung

Fermentierte Lebensmittel haben eine lange Tradition. Sie sind das Ergebnis nachhaltiger Konservierungsprozesse unter Beteiligung erwünschter Mikroorganismen, die landwirtschaftliche Primärprodukte in wertvolle, lagerfähige Produkte transformieren. Die Herstellung haltbarer, sicherer und sensorisch ansprechender Produkte galt lange als eine Kunst und verlangte viel handwerkliches Gespür und Geschick. Das zunehmende Verständnis der mikrobiologischen und physikochemischen Vorgänge und Interaktionen während der Fermentations- und Reifungsprozesse erlaubt heute die industrielle Produktion weitgehend standardisierter, sicherer und qualitativ hochwertiger Erzeugnisse. Der gezielte Einsatz ausgewählter mikrobieller Kulturen spielt dabei eine herausragende Rolle. Aufgrund der Vielfalt der Herstellungsmethoden, Produktarten,

Verbraucherpräferenzen sowie gesundheitlicher Aspekte besteht ein kontinuierlicher Bedarf an technologisch geeigneten, sicheren Starter- und Schutzkulturen und Probiotika. Die Vielfalt dieser Kulturen wird daher vermutlich eher zu- als abnehmen. Am Beispiel Fleisch werden die Entwicklung und die Zukunft der mikrobiellen Kulturen aufgezeigt.

Abstract

Fermented foods have a long tradition. They result from sustainable preservation processes involving desirable microorganisms by which agricultural primary products are transformed into valuable shelf-stable products. The production of safe and sensory appealing foods with an extended shelf life was long regarded as an art and required a lot of sense of craftsmanship and skill. The increased understanding of the microbiological and physico-chemical processes and interactions during the fermentation and maturation processes enables today the industrial production of largely standardized, safe and high-quality products. Thereby, the targeted use of carefully selected microbial cultures plays a prominent role. Because of the variety of production methods, product types, consumer preferences and health aspects, there is a continuous need for suitable safe starter and protective cultures and probiotics. The diversity of these cultures will therefore probably increase rather than decrease. With meat as an example, the development and future of microbial cultures is discussed.

Einleitung

Viele Lebensmittel gäbe es nicht ohne die Mitwirkung von Mikroorganismen. Sauerkraut, Brot, Joghurt, Käse und Salami gehören wohl zu den bekannteren Beispielen. Während die traditionelle Herstellung ohne mikrobielle Kulturen auskam, sind diese für die industrielle Produktion von Lebensmitteln von großer Bedeutung. Sie spielen eine unverzichtbare Rolle für die Herstellung, Aroma und Textur sowie die mikrobiologische Sicherheit von fermentierten Produkten aus landwirtschaftlichen Rohwaren, insbesondere aus Milch und Fleisch. In neuerer Zeit werden zunehmend auch gesundheitsfördernde Aspekte solcher

Mikroorganismen diskutiert, u.a. ihre stimulierende Wirkung auf das menschliche Immunsystem.

Im Folgenden wird ein Überblick über die Rolle der Mikroorganismen bei der Herstellung fermentierter Fleischerzeugnisse, die aktuell verwendeten Starter- und Schutzkulturen sowie auf aktuelle und künftige Entwicklungen gegeben.

Traditionelle Lebensmittelherstellung

Der Ursprung fermentierter Fleischerzeugnisse verliert sich im Dunkel der Menschheitsgeschichte. Die Herstellung fermentierter Würste hat ihre Wurzeln vermutlich in Südeuropa. Die bekanntesten gepökelten und fermentierten Würste sind nur etwa 270 Jahre alt und wurden wahrscheinlich zuerst in Italien hergestellt. Die Ungarische Salami und die ersten Deutschen Rohwürste sind kaum älter als 170 Jahre. Europäische Emigranten etablierten die Rohwurstherstellung schließlich nahezu weltweit.

Im Prinzip kann ausgezeichnete Salami völlig ohne Starterkulturen hergestellt werden. In solchen Erzeugnissen wächst während der Reifung eine spontane Mikroflora heran, welche die erwünschten Veränderungen des Fleisches bewirkt. Regionale Spezialitäten, wie die bei niedrigen Temperaturen langsam gereifte Nordhessische ‚Ahle Worscht‘, kommen nach wie vor ohne Kulturenzusatz aus. Traditionell wurde das zerkleinerte Fleisch vorgesalzen, um die Entwicklung der Milchsäurebakterien zu fördern, oder man beimpfte mit Brät von einer bereits gelungenen Charge. Viele ursprünglich eingesetzte Salzarten waren nicht einfach reines Kochsalz, sondern enthielten unterschiedliche Mengen an Kalium- oder Natriumnitrat. Das Nitrat wurde während der Fermentation zu Nitrit reduziert und half so bei der Erhaltung der rosa Fleischfarbe und bei der Steuerung des Pökelvorgangs. Die ursprünglich lokale Entwicklung in Kleinbetrieben resultierte durch die Verwendung vieler verschiedener Herstellungstechnologien in einer variablen Mikroflora.

Klimatische Gegebenheiten haben die Fähigkeit des Menschen zur Herstellung getrockneter und fermentierter Fleischerzeugnisse natürlich beeinflusst. Niedrige relative Luftfeuchten, wie in den Bergregionen Italiens, Spaniens und

der Ardennen, waren immer eine Grundvoraussetzung für die Trocknung und Reifung. Man wusste sehr gut, dass in einigen Tälern und anderen humiden Orten die Herstellung fermentierter Fleischerzeugnisse ohne mechanische Kühlungs- und Trocknungsvorrichtungen unmöglich war. Die jahreszeitlichen Klimaschwankungen haben in einigen Ländern selbst die Namen der Rohwürste beeinflusst. Die Ungarische Salami ist eine sogenannte „Winter-Salami“. Sie hat ihren Ursprung im nördlichen Italien, wo das durch niedrige Temperaturen und Luftfeuchten bestimmte Klima weit günstigere Voraussetzungen aufweist. In Ungarn gelang die Herstellung von Salami zunächst am besten in den Wintermonaten. Ebenso erfolgte die Herstellung der ‚summer sausage‘ in Amerika vor allem während der Sommermonate.

Die heutigen Rohwürste entsprechen in vieler Hinsicht ihren historischen Vorbildern. Heute wie damals wird ein Gemenge aus zerkleinertem Fleisch mit Salz und Gewürzen gemischt, in Wursthüllen gestopft, gereift und getrocknet. Die Wurstoberfläche kann zusätzlich mit Rauch oder Schimmelpilzen modifiziert sein. Eine derart einfache Beschreibung der Rohwurstherstellung trifft weltweit auf fermentierte Würste zu, obgleich es eine Vielzahl unterschiedlichster Produkte gibt. Nationale oder regionale Unterschiede entstehen durch unterschiedliche Rezepturen, Gewürze, Starterkulturen, Zerkleinerungsgrad des Fleisches, Kaliber, Fermentations- und Reifebedingungen sowie Oberflächenbehandlung. Südeuropäische Sorten sind häufig stark gewürzt, während der nördliche Typ weniger gewürzt, stark geräuchert und etwas salziger ist. Obwohl regionale, handwerklich hergestellte Erzeugnisse nach wie vor ihre Abnehmer finden, haben sich die Ansprüche der Verbraucher mehrheitlich hin zu kostengünstigeren und standardisierten Qualitäten verändert.

Industrielle Lebensmittelverarbeitung

Spontane Fermentationen sind aber auch mit einer Reihe von Risiken verbunden, die von Fehlprodukten bis zur Gesundheitsgefährdung der Verbraucher führen können. Die moderne großindustrielle Produktion benötigt einheitliche und beschleunigte Prozessabläufe. Die industrielle Entwicklung in der zweiten Hälfte des 19. Jahrhunderts führte schließlich zur heute weit verbreiteten Anwendung mikrobieller Starterkulturen.

Kulturen der Gattung *Lactobacillus* wurden zwar zunächst erfolgreich eingesetzt, konnten aber noch nicht mit garantierten Aktivitäten hergestellt und vertrieben werden. Die erste kommerziell erhältliche Starterkultur wurde 1957 in den USA angeboten. Die Einstammkultur des Milchsäurebakteriums *Pediococcus cerevisiae* (heute: *P. acidilactici*) half bei der Herstellung bestimmter US-Erzeugnisse (summer sausage, cervelat, thuringer). Die erste europäische Starterkultur ‚Bactoferment 61‘, eingeführt 1961, war eine Einstammkultur von *Micrococcus* Stamm M53 (heute: *Staphylococcus carnosus*). Der Grund für die Auswahl so wenig miteinander verwandter Bakterien wie *Pediococcus* und *Staphylococcus* war der Unterschied in der Wursttechnologie beider Kontinente. Hauptziel in den USA war die Beschleunigung der Reifung im Zuge einer schnellen Säuerung. Die Rohwurstfermentationen erfolgen dort außerdem bei Temperaturen von 30-40 °C. Da *Pediokokken* zugesetztes Nitrat nicht zu Nitrit reduzieren können, wurde Nitrit als Pökelfstoff zusammen mit der Starterkultur eingesetzt. So erreichte man eine Reduktion der gesamten Herstellungszeit von sechs Tagen auf zwei. In Europa werden Rohwürste bei Umgebungstemperatur (18-23 °C) hergestellt. Die niedrigere Fermentationstemperatur hat dabei eine positive Wirkung auf Farb- und Aromaentwicklung. Daher waren in Europa die „Mikrokokken“ die Bakterien der Wahl. Sie reduzieren aktiv Nitrat und fermentieren Kohlenhydrate langsam.

Die durch den Einsatz mikrobieller Kulturen erzielten Erfolge stimulierten deren Weiterentwicklung und bald standen auch Kombikulturen aus Milchsäurebakterien und Staphylokokken zur Verfügung. Eine in Deutschland weit verbreitete Kultur war seit Mitte der 1960er Jahre ‚Duploferment TD 66‘ mit *Lactobacillus plantarum* und *Staphylococcus carnosus*. Noch bis 1971 galt die Herstellung fermentierter Würste als eine Kunst. Nach einem bescheidenen Anfang Ende der 1950er Jahre des letzten Jahrhunderts stieg der Markt für Starterkulturen für Fleischerzeugnisse seit 1980 beträchtlich an. Heute sind sie eine selbstverständliche Komponente von Rohwürsten aus industrieller Fertigung. Die angebotenen Ein- und Mehrstammkulturen decken unterschiedliche Aktivitäten und Wachstumstoleranzen ab. Die wichtigsten Mikroorganismen gehören zu den Gattungen *Lactobacillus*, *Pediococcus*, *Staphylococcus*, *Micrococcus*, *Debaryomyces* und *Penicillium*.

In Europa hat sich hauptsächlich der Einsatz einer Kombination aus Milchsäurebakterien mit Staphylokokken durchgesetzt. Beide Bakteriengruppen haben bestimmte Aufgaben bei der Reifung fermentierter Fleischerzeugnisse. Am wichtigsten ist die pH-Wert-Absenkung durch Milchsäurebakterien und die Nitratreduktion durch Staphylokokken. Außer bei Salami kann auch bei streichfähiger Rohwurst und frischer Mettwurst die sensorische Gesamtqualität durch Starterkulturen verbessert und das Wachstum unerwünschter Mikroorganismen verhindert werden. Manche Produkte weisen eine typische Schimmelpilzflora an der Oberfläche auf, wobei lokale Vorlieben entscheiden ob diese erwünscht sind oder nicht. In Kulmbach wurde anfang der 1970er Jahre ein nicht-toxinogener, für die Fleischreifung geeigneter Stamm von *Penicillium nalgiovense* isoliert. Ab 1972 wurde dieser unter dem Namen „Edelschimmel Kulmbach“ kommerziell vermehrt und eingesetzt.

Aufgrund der Vielfalt der Herstellungsmethoden, Produktarten und Verbraucherpräferenzen besteht ein anhaltender Bedarf an weiteren gesundheitlich unbedenklichen Starterkulturen. Auch für die Herstellung von Rohschinken werden Starterkulturen angeboten. Sie sollen vor allem den Nitrat-/Nitritgehalt vermindern und durch eine leichte Absäuerung der Gefahr von Fehlprodukten („leimige Rohschinken“) entgegenwirken. Darüber hinaus erwünschte Qualitätsverbesserungen betreffen Farbe, Farbhaltung, Zartheit und Aroma. Neuere Aspekte betreffen auch die kompetitive Verdrängung fleischeigener Staphylokokken im Rahmen der Antibiotikaresistenzproblematik.

Die Versorgungslage vieler Verbraucher ist heute durch sogenanntes ‚convenience food‘ geprägt. Anstelle des traditionellen Frischwurst-Aufschnitts wandert verpackte Brühwurst- und Kochschinken-Aufschnittware, die unter Kühlung mit einer Mindesthaltbarkeit von mehreren Wochen angeboten wird, in die Einkaufswagen. Zur Gewährleistung bzw. Unterstützung der mikrobiologischen Sicherheit und Qualität derartiger Produkte stehen u.a. bacteriocinogene Schutzkulturen zu Verfügung, die eine unkontrollierte Vermehrung unerwünschter Mikroorganismen, insbesondere von Listerien verhindern sollen. Bacteriocine sind kleine Eiweißmoleküle, die in der Lage sind Zielorganismen wirksam zu inaktivieren. Alternativ kann hier allerdings auch eine zusätzliche chemische oder physikalische Stabilisierung durch Genusssäuren oder Nachpasteurisierung erfolgen. In Abwesenheit geeigneter Barrieren können sich Listeri-

en auf derartigen Produkten ungehemmt vermehren. Immer wieder kommt es in diesem Zusammenhang zu Listeriose-Erkrankungen bis hin zu Todesfällen bei immungeschwächten Verbrauchern.

Welche Zukunft hat die Vielfalt der mikrobiellen Kulturen?

Durch natürliche Selektion und genetische Manipulation von Starterkulturen wird heute die Elimination unerwünschter Eigenschaften (z.B. Bildung von Mycotoxinen und Antibiotika, Antibiotikaresistenzen, Pathogenitätsfaktoren) und die Verbesserung erwünschter Eigenschaften für die Steuerung der Fermentation (Proteolyse, Lipolyse) und für die Biokonservierung (Bildung für den Menschen unbedenklicher antibakterieller Substanzen) angestrebt. Die Hochdurchsatz-Identifizierung von Mikroorganismen mittels MALDI-TOF-MS-Analytik eröffnet eine völlig neue Dimension bei Studien zur Biodiversität und Dynamik von Starter- und nicht-Starterbakterien in Lebensmitteln.

Gentechnisch veränderte Mikroorganismen werden in naher Zukunft keine Option sein. Die explosionsartige Entwicklung auf dem Gebiet der Genomsequenzierung ermöglicht aber zunehmend die Selektion geeigneter Kulturen durch vergleichende Genomanalysen. Die Entwicklung neuer Starterkulturen erfolgt künftig vorwiegend am Reißbrett, „omics“-Methoden und systembiologische Ansätze werden traditionelle Auswahlmethoden auf der Grundlage von Screening und „Versuch-und-Irrtum“ zunehmend in den Hintergrund treten lassen aber nicht ersetzen. Fortschritte in Genetik und Molekularbiologie haben Möglichkeiten für genomische Studien dieser Organismen und das „engineering“ von Kulturen geschaffen, die auf rationale Verbesserung industriell nützlicher Stämme fokussieren. Verbesserungen wären z.B. eine weitere Verkürzung von Fermentations- und Reifezeiten sowie sicherere und einheitlichere Erzeugnisse. Darüber hinaus sind sensorische Aspekte von großer Bedeutung. Der Trend zu mediterranen Geschmackserlebnissen verlangt nach Kulturen, die eine milde Säuerung mit schneller Reifung und hoher Produktsicherheit verbinden.

In den letzten Jahren ist auch das Interesse an probiotischen Kulturen für Fleischserzeugnisse gestiegen. Milchsäurebakterien der Art *Lactobacillus paracasei* bieten hierfür potenzielle Ansatzpunkte, da sie nicht nur in hoher Keimzahl im fertigen Produkt überleben, sondern auch unmittelbar als Starter eingesetzt werden können. Ihre bessere Konkurrenzfähigkeit gegenüber der „Wildflora“ im Vergleich zu traditionellen *L. plantarum* Startern resultiert in einem angenehmeren, milden Aromaprofil. Auch Kulturen von *Lactobacillus rhamnosus* und *Lactobacillus pentosus* eignen sich als probiotische Kulturen für die Rohwurst.

Die DFG-Senatskommission zur gesundheitlichen Bewertung von Lebensmitteln hat 2010 Empfehlungen zur Risikobewertung und Zulassung mikrobieller Kulturen veröffentlicht. In Schutzkulturen enthaltene Organismen, die keine Anwendung als Starterkulturen haben, bedürfen demnach einer umfassenden Sicherheitsbewertung. Dieser relativ toleranten Haltung steht ein Positionspapier einer Arbeitsgruppe der Gesellschaft Deutscher Chemiker gegenüber, die anti-listerielle Bacteriocine, welche Schutzkulturen auf dem zu schützenden Produkt bilden, als nicht zugelassene Zusatzstoffe ansieht. Vor diesem Hintergrund stehen der US-amerikanische GRAS-Status (GRAS, generally recognized as safe) und der europäische QPS-Status (QPS, qualified presumption of safety) für mikrobielle Kulturen erst am Beginn einer umfassenden Diskussion um die rechtliche Einordnung mikrobieller Kulturen und ihrer Stoffwechselprodukte für Lebensmittel.

Schlussfolgerungen

Das Interesse an der Physiologie und Genetik von fleischassoziierten Milchsäurebakterien sowie anderer für die Zwecke der Biokonservierung bedeutsamer Mikroorganismen hat in großem Umfang zugenommen und spiegelt die wachsende Bedeutung dieser Mikroorganismen als Starter- und Schutzkulturen sowie ihr zunehmendes Potential als Probiotika wider. Milchsäurebakterien besitzen eine unschätzbare Vielfalt erwünschter Eigenschaften, die bei der Herstellung fermentierter Erzeugnisse wie Salamiwürsten wertvoll sein können, und liefern einen Zusatznutzen indem sie die Sicherheit des Endproduktes fördern, sensorische Eigenschaften verbessern und gesundheitsbezogene Aspekte beisteuern.

Das Screening nach geeigneten Mikroorganismen, die möglichst viele erwünschte/nützliche Eigenschaften in sich vereinen, die für eine Starter- und/oder Schutzkultur wünschenswert erscheinen, wird unter anderem Vorzeichen auch in Zukunft von Bedeutung bleiben. Die Abneigung der Verbraucher gegen gentechnisch veränderte Lebensmittel sowie eine Reihe rechtlicher Vorgaben (NovelFood-VO, Freisetzungs-RL, u.a.) macht es geradezu unumgänglich die natürliche Biodiversität der fleischassoziierten Mikroorganismen zu analysieren und wo immer sinnvoll für die Biokonservierung von Lebensmitteln nutzbar zu machen. Die Vielfalt der mikrobiellen Kulturen hat vor diesem Hintergrund eine gute Zukunft.

Literatur

Bourdichon, F., Casaregola, S., Farrokh, C., et al. (2012) Food fermentations: microorganisms with technological beneficial use. *Int J Food Microbiol* 154:87-97.

Forschungskreis der Ernährungsindustrie (2015) Entwicklung von Markern für die Durchsetzungsfähigkeit von Staphylokokken in Rohwurst-Fermentationen.

Projekt „AiF 17897 N“. www.fei-bonn.de/download/aif-17897-n.projekt

Kröckel, L. (1995) Starterkulturen für die Rohwurst. *AID Verbraucherdienst* 40 (7): 147-154.

Kröckel, L. (2003) Nutzbarmachung mikrobiologisch-genetischer Ressourcen zur Biokonservierung von Fleischerzeugnissen In: G. Rahmann und H. Nieberg (Hrsg.) Ressortforschung für den ökologischen Landbau 2002 -Statusseminar Ressortforschung für den ökologischen Landbau - Aktivitäten aus Bund und Ländern im Forum der FAL in Braunschweig am 13. März 2003. *Landbauforschung Völkenrode, Sonderheft*; 259, S. 65-69.

Kröckel, L. (2006) Einsatz probiotischer Bakterien bei Fleischerzeugnissen. *Fleischwirtschaft* 12/2006:109-113.

Kröckel, L. (2010) Mikrobiologisch-genetische Ressourcen bei Fleisch - Biodiversität und nachhaltige Nutzung bei der Herstellung von Fleisch-Erzeugnissen. Forschungsreport 1/2010:24-26.

Kröckel, L. (2015) Starter- und Schutzkulturen für sichere und standardisierte fermentierte Rohwürste. Mitteilungsblatt Fleischforschung Kulmbach 54, Nr. 208: 59-65.

Lücke, F.-K. (2015) Was können Starter- und Schutzkulturen leisten? Mitteilungsblatt Fleischforschung Kulmbach 54, Nr. 208:75-85.

Mikrobielle Kulturen für Lebensmittel (2010) DFG - Senatskommission zur gesundheitlichen Bewertung von Lebensmitteln. Deutsche Forschungsgemeinschaft, http://www.dfg.de/download/pdf/dfg_im_profil/reden_stellungnahmen/2010/sklm_mikrobielle_kulturen_100329.pdf

Schillinger, U. (2003) Potenziell nutzbare Mikroorganismen in Landwirtschaft und Ernährung. In: F. Begemann und S. Schröder (Hrsg.) Produktvielfalt durch Ressourcenvielfalt - Potenziale genetischer Ressourcen - Tagungsband eines Symposiums vom 24.-25. September 2003 im Gustav-Stresemann-Institut in Bonn. Schriften zu Genetischen Ressourcen. Schriftenreihe der Zentralstelle für Agrardokumentation und -information Informationszentrum Biologische Vielfalt (IBV), Band 23:47-54.

Schutzkulturen als Zusatzstoffe ? (2012) Positionspapier der Lebensmittelchemischen Gesellschaft, erarbeitet von der AG Zusatzstoffe. Lebensmittelchemie 66 (3): 63-63.

Herausforderungen in der mikrobiellen biochemischen Konversion – welche Innovationen brauchen wir?

Challenges for the microbial biochemical conversion – what kind of innovations do we need?

Dr. Jürgen Pröter¹, Dr. Helge Lorenz¹, Dr. Heike Sträuber²

¹ Deutsches Biomasseforschungszentrum gemeinnützige GmbH, Leipzig,
Email: juergen.proeter@dbfz.de

² Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung – UFZ, Leipzig

Zusammenfassung

Am Deutschen Biomasseforschungszentrum DBFZ gemeinnützige GmbH wird die biochemische Konversion als biochemische Umwandlung von Biomasse ggf. mit Hilfe von Mikroorganismen zu einem flüssigen (z. B. Bioethanol) oder gasförmigen (z. B. Methan) Energieträger verstanden. Dies kann auf Basis von Reinkulturen, wie bei der Herstellung von Bioethanol, oder komplexen Mischkulturen im Biogasprozess erfolgen. Die Produktion von Biogas ist mit einem Substratdurchsatz von ca. 120 Mio. t einer der größten Stoffwandlungsprozesse in Deutschland. Fast jede der Ende 2014 in Deutschland existierenden ca. 7.800 Biogasanlagen ist ein Unikat. Die Anlagen unterscheiden sich u. a. durch ihren Bautyp, Größe, Verfahren, physikalisch-chemische Bedingungen sowie die Versorgung mit Makro- und Mikroelementen. Als besonders große Einflussfaktoren auf die mikrobiologischen Gemeinschaften werden die verwendeten Substrate,

die Fermentationstemperatur, das ursprüngliche Inokulum der Biogasanlage, die Verweilzeit, der Gehalt an Ammoniumstickstoff und Spurenelementen sowie die Größe der Biogasanlage angesehen.

Neue Herausforderungen an die biochemische Konversion, wie z. B. eine Veränderung des Substratspektrums hin zu mehr Rest- und Abfallstoffen, die ggf. mit neuen Methoden aufgeschlossen werden, der flexible Betrieb von Biogasanlagen oder die Methanisierung von Wasserstoff erfordern den Einsatz neuer Mikroorganismen oder führen zu neuen Mischkulturen. Eine Stammhaltung von komplexen Mischkulturen erscheint z.T. kaum möglich oder sinnvoll und müsste diskutiert und erforscht werden. Für spezifische Substrate und Produkte sowie Hochleistungskonsortien wäre eine Stammhaltung ggf. denkbar. Jedoch ist offen, wie und in welchem Maßstab eine Stammhaltung der komplexen Mischkulturen sowie deren Upscaling erfolgen soll. Denkbar wäre auch die Biogasproduktion mit definierten Mischkulturen für Spezialanwendungen. Ein erster Weg zum Erhalt des Wissens zu Erfolgsmodellen von Biogasanlagen wäre die exakte Definition der Betriebsbedingungen in zeitlicher Reihenfolge.

Abstract

At Deutsches Biomasseforschungszentrum gemeinnützige GmbH (DBFZ) the term biochemical conversion is understood as transformation of biomass by microorganisms for the production of liquid (e.g. bioethanol) or gaseous (e.g. methane) energy carriers. Single cultures or complex mixed cultures (microbioms) can be used as microbial catalysts. With the utilization of about 120 million tons of substrate per year, the anaerobic digestion process is one of the most important conversion processes in Germany. Almost every system of the about 7,800 biogas plants in Germany is unique in its construction, size, process parameters, physical-chemical conditions and the supply of macro- and micronutrients. Substrate, fermentation temperature, inoculum of the biogas plant, retention time, contents of ammonia nitrogen and trace elements as well as the size of biogas reactors substantially influence the development of the microbial communities. New challenges for the biochemical conversion require the application of new microbial cultures or result in new community compositions. These challenges comprise the change of the substrate spectra to a higher share of residues and waste, which might be pre-treated

with novel methods, flexible biogas production or methanization of hydrogen. A collection and maintenance of complex mixed cultures seems not possible or useless and has to be discussed and investigated. It might be useful for specific products or substrates as well as for high performance microbial consortia. However, up to now it is unclear how and in which scale a collection and maintenance of complex cultures can be applied and how these cultures can be scaled up for the process. Biogas production with defined mixed cultures seems possible for specific applications. The exact definition of the operating conditions in a time-resolved manner was a first step for conservation of knowledge and experience achieved with best practice models.

Biochemische Konversion

Am Deutschen Biomasseforschungszentrum gemeinnützige GmbH (DBFZ) wird die biochemische Konversion als biochemische Umwandlung von Biomasse ggf. mit Hilfe von Mikroorganismen zu einem flüssigen (z. B. Bioethanol) oder gasförmigen (z. B. Methan) Energieträger verstanden. Dies kann auf Basis von Reinkulturen, wie bei der Herstellung von Bioethanol, oder komplexen Mischkulturen im Biogasprozess erfolgen. Die Betrachtung der Technologie der Biogaserzeugung und -verwertung ist zentrales Thema des Bereiches Biochemische Konversion am DBFZ und Inhalt des Forschungsschwerpunktes „Anaerobe Verfahren“.

Ziel ist es, für die Verwertung von Biomasse effiziente Verfahren auf Basis mikrobieller Prozesse zu entwickeln, die außerdem den Anforderungen des zukünftigen Energiesystems genügen und durch die Kopplung an Prozesse zur stofflichen Verwertung eine höhere Wertschöpfung erzielen. Dazu werden Werkzeuge zur Prozessüberwachung und -kontrolle sowie Verfahren zur Maximierung des Stoffumsatzes entwickelt und Konzepte für Design und Betrieb flexibler, emissionsarmer Anlagen erstellt.

Es ist vorauszusehen, dass Biogasanlagen in der Zukunft die Bereitstellung von Energie auf Basis von Substraten mit minderer und schwankender Qualität gewährleisten müssen. Zusätzlich wird durch die Anforderungen des Energienetzes mit hohen Anteilen an erneuerbaren Energien ein flexibler Betrieb der An-

lagen notwendig. Diese doppelte Flexibilität – hinsichtlich der Substrate sowie des Energieoutputs soll bei hoher Effizienz und niedrigen Emissionen umgesetzt werden. In dieser Hinsicht werden die folgenden Ansätze verfolgt:

1. Für eine präzisere Regelung von Anlagen werden Methoden zur Prozessüberwachung und -regelung entwickelt. Neben der Etablierung von neuartigen Sensorkonzepten wird die Prozessmodellierung und -regelung mit an den Anwendungsfall angepassten Modellen weiter vorangetrieben.
2. Für Substrate geringerer Qualität werden Methoden zur Bewertung von Vorbehandlungsverfahren entwickelt. Ziel ist es, die Anlagen kompakter und damit kostengünstiger zu gestalten.
3. Für den emissionsarmen Betrieb von Anlagen müssen Design und Betrieb von Anlagen entsprechend abgestimmt sein. Dafür müssen verlässliche Methoden zur Identifizierung und Quantifizierung von potentiellen Emissionsquellen entwickelt und Minderungsmaßnahmen umgesetzt werden.
4. Die Kombination von stofflicher und energetischer Nutzung von Biomasse bietet ein großes Potential von Synergien in Bezug auf die Nutzung von Ressourcen sowie Energieeinsparungen. Durch die Optimierung von Nutzungskaskaden auf Basis anaerober Prozesse sollen diese Potentiale realisiert werden.

Zur Bearbeitung der o. g. Ansätze und den damit verbundenen praktischen Untersuchungen des Biogasprozesses verfügt das DBFZ über ein umfangreich ausgestattetes Biogaslabor. Neben der Bewertung der Substrate auf Basis der Ermittlung des Biogasbildungspotentials und futtermittelanalytischer Methoden existieren über 70 kontinuierlich betriebene Laborbiogasanlagen unterschiedlicher Bauform und Größe (Abb. 1).



Abb. 1: Versuchsstand mit Laborbiogasreaktoren im Biogaslabor des DBFZ. (Foto: DBFZ)

Fig. 1: Test stand with small-scale biogas reactors in the biogas laboratory of the DBFZ.

Eine instrumentelle Analytik (u. a. GC, HPLC) erlaubt die Überwachung des Biogasprozesses. Praxisrelevante Aufgaben können an der Forschungsbiogasanlage des DBFZ untersucht werden (Abb. 2).



Abb. 2: Forschungsbiogasanlage des DBFZ. (Foto: DBFZ)

Fig. 2: *Biogas research plant at the DBFZ.*

In Zusammenarbeit mit dem Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung – UFZ ist es möglich, die Leistungen der biotechnologischen Systeme zusätzlich im Zusammenhang zu ihren mikrobiologischen und biochemischen Grundlagen zu betrachten. Dies verhilft zu einem tiefergehenden Verständnis über Ursachen und Wirkungen von Änderungen der Zusammensetzung und Aktivitäten der komplexen mikrobiellen Gemeinschaften auf verschiedene Prozessparameter. Diese Erkenntnisse über die ökologischen Zusammenhänge in den biotechnologischen Systemen erlaubt zudem eine gezielte und produktorientierte Prozesssteuerung jenseits von „try and error“ vor allem von (Bioraffinerie-) Prozessen, die über die alleinige Biogasproduktion hinausgehen. Dabei kann auf die am UFZ vorhandene wissenschaftliche Expertise und Laborausstattung bezüglich der Erforschung komplexer mikrobieller Systeme in natürlichen und künstlichen Habitaten zurückgegriffen werden.

Die Verfahren der biochemischen Konversion können unterschieden werden in:

- Enzymatische Umwandlungsprozesse (z. B. Aufschluss von Lignozellulose),
- Biochemische Konversionsprozesse mit Hilfe von Reinkulturen (z. B. Herstellung von Bioethanol),
- Biochemische Konversionsprozesse mit Hilfe von komplexen Mischkulturen (z. B. der Biogasprozess).

Vorteile von Reinkulturen sind deren hohe Effizienz, hohe Substratspezifität und hohe Produktausbeuten. Nachteilig ist ein meist kostenintensiver Prozess bedingt u. a. durch sterile Bedingungen bzw. die Gefahr der Kontamination. Komplexe Mischkulturen dagegen sind relativ robust und preiswert. Der Prozess muss nicht steril betrieben werden und zeichnet sich durch eine hohe Flexibilität sowie die Möglichkeit einer kontinuierlichen Betriebsweise aus. Von Nachteil ist die schwierige Steuerbarkeit und normalerweise eine geringere Effizienz. Es wird in diesem Beitrag gezeigt werden, dass die genannten Nachteile für den Biogasprozess jedoch nicht gelten.

Die folgenden Ausführungen beschäftigen sich vorrangig mit dem Biogasprozess als Hauptanwendungsgebiet von komplexen Mischkulturen. Der Grund liegt auch darin, dass es zum Erhalt dieser Mischkulturen so gut wie keine Ausführungen gibt.

Die Produktion von Biogas ist mit einem Substratdurchsatz von ca. 120 Mio. t einer der größten Stoffwandlungsprozesse in Deutschland. Ende 2014 existierten in Deutschland ca. 7.800 Biogasanlagen mit einer installierten Leistung von ca. 4.500 MWel (inkl. Erweiterungen ohne Strommehrertrag (Überbauung)) sowie 179 Biogasaufbereitungsanlagen mit einer Einspeisung von Biomethan ins Gasnetz von rd. 600 Mio. m³ (Abb. 3) (Scheftelowitz et al. 2015).

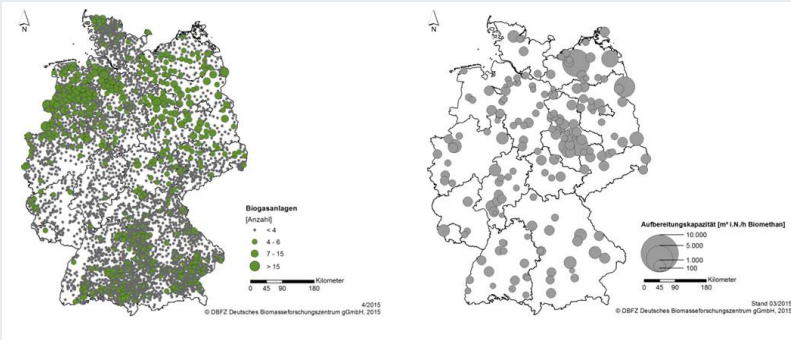


Abb. 3: Übersicht zur Verteilung der Biogas- und Biogasaufbereitungsanlagen in Deutschland (Datenbank DBFZ 2015).

Fig. 3: Overview of the distribution of biogas and biogas upgrading plants in Germany (Database DBFZ 2015).

Der Prozess der natürlichen Biogasbildung erfordert Biomasse, Feuchtigkeit, Mikroorganismen und findet unter Luftabschluss statt. Er lässt sich formell in vier Stufen unterteilen (Abb. 4).

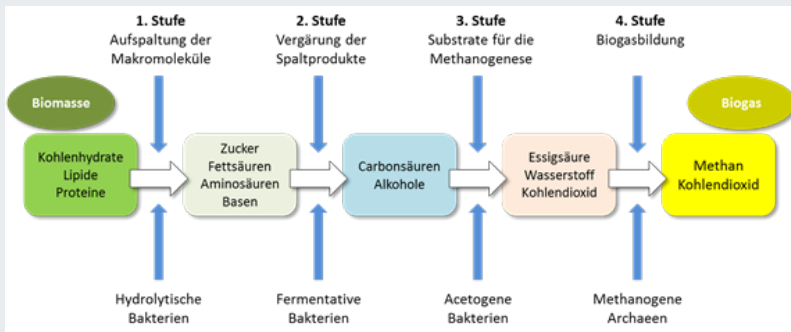


Abb. 4: Stufen des Biogasprozesses.

Fig. 4: Metabolic stages of the anaerobic digestion process.

Biogas besteht in Abhängigkeit der vergorenen Substrate aus 50 bis 75 % Methan (CH_4) und 25 bis 50 % Kohlendioxid (CO_2). Schwefelwasserstoff (H_2S) kann in Konzentrationsbereichen von 100 ppm bis 5.000 ppm enthalten sein und muss in der Regel vor einer Nutzung entfernt werden. Höhere H_2S -Gehalte sind bei

schwefelhaltigen Substraten möglich. Im Biogas kommen ebenfalls noch Spuren von Stickstoff (N_2), Ammoniak (NH_3) und Wasserstoff (H_2) vor (FNR 2013).

Zusammensetzung der komplexen Mischkultur

- Hydrolytische / acidogene Bakterien (fakultativ / obligat anaerob):
Die Diversität der hydrolytischen und fermentierenden Mikroorganismen in den anaeroben Vergärungsprozessen ist sehr hoch. Die bakterielle Gemeinschaft besteht aus mehreren Tausend verschiedenen fakultativ und strikt anaeroben bakteriellen Gattungen der Klassen Clostridia, Bacteroidia, Gammaproteobacteria, Actinobacteria und Bacilli.
- Acetogene Bakterien (obligat anaerob):
Die Diversität der syntroph lebenden acetogenen Bakterien ist viel kleiner als die der Fermentierer. Häufig wurden verschiedene Vertreter von Synergistales, Syntrophobacterales, Clostridiales und Thermoanaerobacterales in Biogassystemen identifiziert.
- Methanogene Archaeen (obligat anaerob):
Es sind sechs verschiedene Ordnungen methanogener Archaeen bekannt: Methanobacterales, Methanococcales, Methanocellales, Methanomicrobiales, Methanosarcinales und Methanopyrales.

Technologie des Biogasprozesses

Der Prozess der anaeroben Vergärung wird seit etwa 100 Jahren zur biologischen Reinigung industrieller Abwässer und zur Klärschlammbehandlung angewendet. Die Energiekrisen des 20. Jahrhunderts rückten wiederholt organische Materialien als Energiequellen in den Mittelpunkt des Interesses. In den 1940er Jahren wurde mit der Erforschung und Umsetzung der Biogasgewinnung aus Gülle begonnen. Zu einer ersten „Biogaswelle“ kam es in den 1950er Jahren. In der Folgezeit ließ jedoch aufgrund günstiger Energiepreise das Interesse an der Biogasgewinnung wieder nach. Die Energiekrise Ende der 1970er Jahre löste einen Innovationsschub für die Biotechnologie und eine weitere Entwicklungswelle von Biogasanlagen aus. In kleineren und mittleren Landwirtschaftsbetrieben konnte ein vermehrter Bau von Biogasanlagen als eine Folge der Ölkrise zu

Beginn der 1980er Jahre verzeichnet werden. Die technischen Grundlagen dieser Anlagen stammen aus dem Bereich der Abwasser- und Klärtechnik. Nach einem zwischenzeitlichen Ölpreisverfall wurde zu Beginn der 1990er Jahre ein wirtschaftlicher Betrieb von Vergärungsanlagen durch das Stromeinspeisungsgesetz ermöglicht. Die großtechnische Biogastechnologie ist somit eine noch relativ junge Technologie. Wie bei jeder neuen Technologie zeichnen sich die Anfangsjahre einer breiten Markteinführung durch eine sehr große Technologievielfalt aus. Die Verfahrensentwicklung und Optimierung ist noch nicht abgeschlossen. Trotz verschiedener Messprogramme kann eine allgemeine best practice nicht definiert werden. Dies hängt auch damit zusammen, dass in Biogasanlagen eine Vielfalt von Substraten zum Einsatz kommt. Dies sind hauptsächlich nachwachsende Rohstoffe, wie verschiedene Silagen, insbesondere Maissilage, tierische Exkrememente (z. B. Gülle, Mist, Hühnertrockenkot), Bioabfälle, Reststoffe aus der Nahrungsmittelproduktion und verschiedenen biotechnologischen Produktionszweigen aber auch im Bereich der Abwassertechnik Klärschlamm. Diese Substrate unterscheiden sich in ihrer Konsistenz (fest bis flüssig) sowie Zusammensetzung was die Gehalte an Kohlenhydraten, Fetten, Proteinen sowie Makro- und Mikronährstoffen betrifft. Entsprechend verschieden sind auch die Substrateinbringsysteme in die Fermenter.

Biogasanlagen werden in verschiedenen Größenordnungen gebaut, wenige hundert bis mehrere tausend Kubikmeter Fermentationsvolumen (Abb. 5). Unterschiedlich sind auch die Vermischungssysteme (Rührwerke in den Fermentern, Abb. 6).



Abb. 5: Einbau eines liegenden Fermenters in die Forschungsbiogasanlage des DBFZ (Foto: DBFZ).

Fig. 5: Installation of a horizontal fermenter at the DBFZ biogas research plant.



Abb. 6: Rührwerk einer Biogasanlage (Foto: DBFZ).

Fig. 6: Stirring unit of a biogas reactor.

Es gibt ein- bis mehrstufige, mit und ohne Rückführung betriebene Fermentersysteme. Biogasanlagen werden kontinuierlich, quasikontinuierlich oder diskontinuierlich (z. B. Garagenfermenter) gefahren. Auch die Prozessbedingungen in den Biogasanlagen unterscheiden sich. In den meisten Anlagen liegt die Temperatur zwischen 37 °C und 42 °C (mesophile Fahrweise). Einige Anlagen werden auch im thermophilen Bereich (50 °C bis 60 °C) betrieben. In Abhängigkeit der verwendeten Substrate stellen sich im stabilen Prozess pH-Werte im Bereich von 7 bis 8 und Ammoniumstickstoffkonzentrationen von 1 g/L bis 5 g/L ein. Eigene Messungen am DBFZ im Rahmen einer Anlagenbegleitung wiesen aber auch einen stabilen Prozess bei einer Ammoniumstickstoffkonzentrationen von 10 g/L nach. Biogasanlagen unterscheiden sich aber auch in der mittleren Verweilzeit der Substrate und ihrer Raumbelastung (täglich der Anlage zugeführte Menge Substrat je Kubikmeter Fermentervolumen). Wird noch berücksichtigt, dass die Biogasanlagen mit unterschiedlichen Inokula in Betrieb genommen werden sowie unterschiedliche Laufzeiten haben, kann folgende Schlussfolgerung bezüglich der Zusammensetzung der mikrobiellen Gemeinschaft gezogen werden:

Fast jede Biogasanlage ist ein Unikat!

Ausführliche Beschreibungen der verschiedenen Technologien und Verfahren zur Biogaserzeugung sind unter anderem im Leitfaden Biogas (FNR 2013) zu finden.

Als besonders große Einflussfaktoren auf die mikrobiellen Gemeinschaften werden die verwendeten Substrate, die Fermentationstemperatur, das ursprüngliche Inokulum der Biogasanlage, die Verweilzeit, die Gehalte an Ammoniumstickstoff und Spurenelementen sowie die Größe der Biogasanlage angesehen.

Beispiele für unterschiedliche Zusammensetzungen von mikrobiellen Biogasgemeinschaften

Für optimale Effizienz und Stabilität von Biogasanlagen ist es notwendig zu wissen, wie sich mikrobielle Gemeinschaften in solchen Systemen verhalten und wie stabil oder dynamisch sie auf Veränderungen reagieren. Dazu wurde die Langzeitstabilität von drei parallelen mesophilen Reaktoren im Praxismaß-

stab, die ausschließlich mit Energiepflanzen als Substrat beschickt wurden, hinsichtlich Prozessparameter und mikrobieller Dynamik analysiert. Sowohl die Prozessparameter als auch die mikrobiellen Gemeinschaften erwiesen sich als bemerkenswert stabil und zeigten kaum signifikante Veränderungen (LUCAS et al. 2015). Interessanterweise wurden keine methanogenen Generalisten wie *Methanosarcina* als dominante Gattungen identifiziert, sondern vor allem Vertreter von hydrogenotrophen und acetoklastischen Gattungen, die eher als Spezialisten einzuordnen sind. Die mikrobiellen Gemeinschaften in den drei voneinander unabhängigen Reaktoren ähnelten sich zudem stark. Dies zeigt, dass identische Umwelt- und Prozessparameter auch in identischen mikrobiellen Gemeinschaften und Dynamiken resultieren können. In der Zukunft wird jedoch eine flexiblere Biogasproduktion erforderlich sein. Dies wird die mikrobiellen Gemeinschaften vor entsprechende Herausforderungen hinsichtlich ihrer Anpassungsfähigkeit z. B. an ungleichmäßige Fütterungsintervalle oder / und sich verändernde Substratqualitäten stellen (Mauky et al. 2015). Theoretisch würde dies die Anzahl der ökologischen Nischen innerhalb eines Reaktors erhöhen, was wiederum mit einer stärkeren Dynamik und größeren funktionellen Redundanzen sowie wahrscheinlich einer höheren mikrobiellen Diversität einhergeht (Lucas et al. 2015).

Wie eine starke mikrobielle Dynamik das Produktspektrum in einem Maisilage-Reaktor zur Produktion von flüchtigen Fettsäuren (Hydrolysestufe) beeinflussen kann, wurde kürzlich von Sträuber et al. (2016) gezeigt. Dabei fluktuierte die bakterielle Kultur zwischen Milchsäuregärern (*Lactobacillus*) und verschiedenen Clostridien (Abb. 7), was sich direkt auf die Menge und Art der entsprechend produzierten Säuren auswirkte.

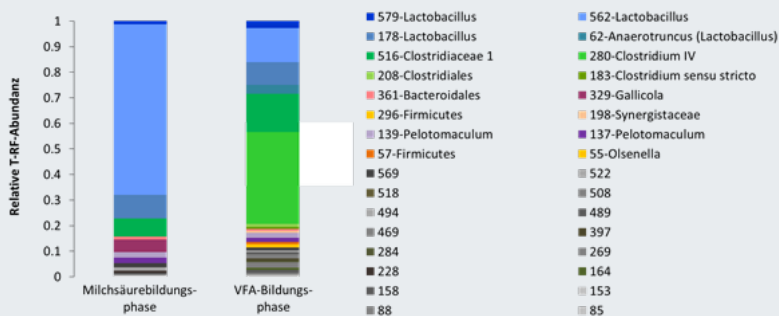


Abb. 7: Typische T-RFLP-Profile von bakteriellen 16S rRNA-Amplikons aus verschiedenen Produktionsphasen eines Maissilagereaktors zur Produktion von organischen Säuren. In der Milchsäurebildungsphase dominierten Lactobacillen, während in der VFA-Bildungsphase vorwiegend kurze und mittelkettige Fettsäuren (VFA = volatile fatty acids) von verschiedenen Clostridien gebildet wurden.

Fig. 7: Typical T-RFLP profiles of bacterial 16S rRNA amplicons from different production phases of a maize silage reactor for the production of organic acids. In the lactic acid production phase different phylotypes of *Lactobacillus* predominated. During the VFA (volatile fatty acid) production phase mainly short and middle chain fatty acids were produced by different clostridia.

In einem weiteren Beispiel wurde der Einfluss einer stetig steigenden Raumbelastung bis zum Prozesszusammenbruch auf die methanogene Mikroorganismengemeinschaft untersucht. Das Verständnis über solche Zusammenhänge ist wichtig für die zukünftige Vorhersage und das Vermeiden von Betriebsausfällen. Als Substrate wurden Filterkuchen und Bagasse als typische Reststoffe der Bioethanolproduktion aus Zuckerrohr eingesetzt. Die Steigerung der Raumbelastung bis auf 4 g/L*d bei noch stabilen Prozessbedingungen ging zunächst mit einer Zunahme von acetoklastischen methanogenen Mikroorganismen einher (Leite et al. 2015). Mit weiter steigender Raumbelastung kam es schließlich zum Zusammenbruch des Biogasprozesses. Die allmähliche Versäuerung war dabei geprägt von einer steigenden Dominanz hydrogenotropher methanogener Mikroorganismen. Vor allem Vertreter von *Methanobacteriales* und *Methanomicrobiales* stiegen an, während die Abundanz von *Methanosarcina* abnahm.

Neben dem Biogas (Methan) als Produkt des Biogasprozesses, welches zur Energiegewinnung zur Verfügung gestellt wird, fallen auch Gärreste zur zumeist landwirtschaftlichen Verwertung an. Die im Biogasprozess gebildeten Gärreste sollten frei von Krankheitserregern sein, so dass keine Beeinträchtigung der

Gesundheit von Mensch oder Tier und keine Schäden an Pflanzen zu erwarten sind. Biogasanlagen können einen wichtigen Beitrag dabei leisten, dass Infektionsketten unterbrochen werden. So erfolgt unter thermophilen Bedingungen ($\geq 50\text{ °C}$, $\geq 24\text{ h}$) bzw. bei der Pasteurisierung ($\geq 70\text{ °C}$, $\geq 1\text{ h}$) eine Inaktivierung vegetativer Bakterien, moderat thermoresistenter Viren und infektiöser Parasitenstadien (LORENZ 2015). Während diese Hygienisierungsparameter bereits gesetzlich klar geregelt sind (u. a. Bioabfallverordnung) ist die Wirksamkeit für alternative Behandlungsmethoden (z. B. hydrolytisch-acidogene Bedingungen) noch nicht ausreichend untersucht worden.

Neben Krankheitserregern können auch Antibiotika von Nutztieren wieder ausgeschieden werden und gelangen über die Gülle und mit Gärresten zusammen mit Antibiotika-resistenten Bakterien in den Boden. Gülle stellt damit potentiell ein Reservoir für Bakterien dar, die transferable Antibiotika-Resistenz-Gene (ARG) tragen. Eine konsequentere Nutzung von Gülle zur Gewinnung von Biogas könnte eine attraktive Mitigationsstrategie darstellen.

Schlussfolgerungen

Eine Stammhaltung von komplexen Mischkulturen erscheint z. T. kaum möglich oder sinnvoll und müsste diskutiert und erforscht werden. Für spezifische Substrate und Produkte sowie Hochleistungskonsortien wäre eine Stammhaltung ggf. denkbar. Jedoch ist offen, wie und in welchem Maßstab eine Stammhaltung der komplexen Mischkulturen sowie deren Upscaling erfolgen soll. Denkbar wäre auch die Biogasproduktion mit definierten Mischkulturen für Spezialanwendungen. Ein erster Weg zum Erhalt des Wissens zu Erfolgsmodellen von Biogasanlagen wäre die exakte Definition der Betriebsbedingungen in zeitlicher Reihenfolge. Zudem müsste der Wissenstransfer von der Forschung in die Praxis weiter intensiviert werden. Dadurch können Erkenntnisse zu Veränderungen von mikrobiellen Gemeinschaften und deren Auswirkungen auf die Prozesse in großtechnischen Anlagen zur Vermeidung von Prozessstörungen und zur Prozessoptimierung angewandt werden. Hinsichtlich der Verwertung von Gärresten besteht zum einen für alternative Hygienisierungsmethoden noch Forschungsbedarf. Zum anderen sollte untersucht werden, wie Biogasanla-

gen einen Beitrag zur Reduktion der Freisetzung von Antibiotika in die Umwelt leisten können.

Literatur

FNR (2013): Leitfaden Biogas. Von der Gewinnung zur Nutzung. Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e. V. (FNR), Gülzow (ISBN 3-00-014333-5)

Leite, A. F.; Janke, L.; Lv, Z.; Harms, H.; Richnow, H. H.; Nikolausz, M. (2015): Improved monitoring of semi-continuous anaerobic digestion of sugarcane waste: effects of increasing organic loading rate on methanogenic community dynamics. In: *International Journal of Molecular Sciences* 16: 23210-23226.

Lorenz, H. (2015): Einfluss des Biogasprozesses auf die hygienische Qualität von Gärresten. In: Tagungsband der Veranstaltung „Pflanzenbauliche Verwertung von Gärrückständen aus Biogasanlagen“ am 10. und 11. März 2015 in Berlin, *Gülzower Fachgespräche* 51: 228-242 (ISBN 978-3-942147-27-9)

Lucas, R.; Kuchenbuch, A.; Fetzer, I.; Harms, H.; Kleinstaub, S. (2015): Long-term monitoring reveals stable and remarkably similar microbial communities in parallel full-scale biogas reactors digesting energy crops. In: *FEMS Microbiology Ecology* 91, doi: 10.1093/femsec/fiv004.

Mauky, E.; Jacobi, H. F.; Liebetrau, J.; Nelles, M. (2015): Flexible biogas production for demand-driven energy supply – feeding strategies and types of substrates. In: *Bioresource Technology* 178: 262-269.

Scheftelowitz, M., Rensberg, N., Denysenko, V., Daniel-Gromke, J., Stinner, W., Hillebrand, K., Naumann, K., Peetz, D., Hennig, C., Thrän, D., Beil, M., Kasten, J., Vogel, L. (2015): Stromerzeugung aus Biomasse (Vorhaben IIa) Zwischenbericht Mai 2015. Deutsches Biomasseforschungszentrum gemeinnützige GmbH.

Sträuber, H.; Lucas, R.; Kleinstaub, S. (2016): Metabolic and microbial community dynamics during the anaerobic digestion of maize silage in a two-phase process. In: *Applied Microbiology and Biotechnology* 100: 479-491.

Gesunde Tiere durch die „richtigen“ Mikroorganismen

Healthy animals through the „right“ microorganisms

Prof. Dr. Jana Seifert, Universität Hohenheim, Institut für Nutztierwissenschaften

Email: seifert.jana@uni-hohenheim.de

Zusammenfassung

Mikrobielle Lebensgemeinschaften (Mikrobiota) im tierischen Verdauungstrakt formen eine einzigartige Symbiose mit dem Wirtstier. Sie agieren als zentrale Einheit zur Aufrechterhaltung der Stoffwechsellistung und des Gesundheitszustandes des Tieres, können aber auch negative Effekte hervorrufen. Die Fütterung der Tiere und die zur Verfügung gestellten Nährstoffe stellen neben der Tiergenetik und anderen externen Faktoren, die wesentlichste Einflussgröße auf die intestinale Mikrobiota dar.

Eine mögliche Veränderung der Mikrobiota hat Auswirkungen auf die Interaktion der Mikroorganismen untereinander, sowie zwischen Mikroorganismen und dem Wirtstier und somit auf die Tiergesundheit. Des Weiteren ist eine mikrobielle Vielfalt wichtig für die effiziente Ausnutzung der vorhandenen Futterressourcen (Stichwort Phosphor) und einer verringerten Bildung unerwünschter Stoffwechselprodukte (Stichwort Methan). Ein verbessertes Verständnis über die Struktur und Funktion der Mikrobiota und deren interne und externe Einflussfaktoren ist somit zwingend erforderlich.

Abstract

Microbial communities (microbiota) inhabiting the gastrointestinal tract building a unique symbiosis with the host animal. They form a core unit to maintain the metabolic activity and balance the health status of the animal. Besides animal genetics and other external factors, animal feeding and the availability of nutrients are one of the most important factors to influence the intestinal microbiota. A shift in the microbial composition influences the interactions among the microorganisms and among the microbiota and the host. Thus, this would affect the animal health. In addition, the microbial diversity is important for an efficient use of the feed components (e.g. phosphorous) and a reduced formation of undesired by-products (e.g. methane). A comprehensive knowledge about the structure and function of the microbiota and about the internal and external factors influencing them is highly required.

Einleitung

Vor dem Hintergrund einer steigenden Weltbevölkerung und einem damit verbundenen erhöhten Bedarf an tierischen Lebensmitteln stellt sich die Frage, wie die Landwirtschaft eine gleichbleibende Qualität tierischer Produkte erzeugen kann. Die effiziente Ausnutzung der Futterressourcen durch das Tier und deren im Verdauungstrakt assoziierten mikrobiellen Lebensgemeinschaft (Mikrobiota) spielt dabei eine wesentliche Rolle. Die Mikrobiota des tierischen Verdauungstraktes formt eine einzigartige Symbiose mit dem Wirtstier. Mikroorganismen agieren als zentrale Einheit zur Aufrechterhaltung der Stoffwechselleistung, des Immunstatus und somit des Gesundheitszustandes des Tieres. Sie nutzen die für den Wirt nicht umsetzbaren Futterbestandteile und generieren Stoffwechselprodukte, welche für den Energiestoffwechsel des Tieres essentiell sind (z.B. kurzkettige Fettsäuren). Des Weiteren sind sie wichtig für die Bereitstellung von Vitaminen. Kommensale Mikroorganismen dienen auch der Abwehr von pathogenen Mikroorganismen in dem sie potentielle Ansiedlungspunkte besetzen und einen Abwehrmechanismus entwickeln. Die Mikroorganismen profitieren wiederum vom kontinuierlichen Nahrungsangebot und einem geeigneten Habitat. Die Fütterung der Tiere und die zur Verfügung gestellten Nährstoffe, stellen neben der Tiergenetik und anderen externen Faktoren, die wesentlichste

Einflussgröße auf die intestinale Mikrobiota dar. Eine mögliche Veränderung der Mikrobiota hat Auswirkungen auf die Interaktion der Mikroorganismen untereinander, sowie zwischen Mikroorganismen und dem Wirtstier und somit auf die Tiergesundheit.

Mikrobielle Vielfalt im Verdauungstrakt

Im Verdauungstrakt kommen vorwiegend Bakterien vor, daneben stellen Archaeen, Pilze und Protisten einen geringeren Anteil dar. Die phylogenetische Struktur der bakteriellen Flora wurde in den letzten Jahren verstärkt mittels Hochdurchsatz-Sequenzierverfahren analysiert (Deusch et al., 2015). Die Hauptphyla im Verdauungstrakt sind Bacteroidetes, Firmicutes, Actinobacteria und Proteobacteria. Im Schwein findet man im Dünndarmbereich vorwiegend Firmicutes und Proteobacteria, welche in den hinteren Abschnitten des Verdauungstraktes durch Bacteroidetes etwas verdrängt werden (Looft et al., 2014). Im Pferd findet man ebenso eine Dominanz von Firmicutes und Proteobacteria im vorderen Bereich des Verdauungstraktes, wobei ab dem Caecum die Proteobacteria durch Vertreter der Verrucomicrobia, Spirochaetes und Fibrobacteres verdrängt werden (Costa et al., 2015). Im Geflügel werden der Kropf, die Mägen und die Dünndarmabschnitte von Vertretern der Familie Lactobacillaceae (Firmicutes) dominiert und die mikrobielle Zusammensetzung wird erst ab dem Caecum sehr divers (Videnska et al., 2013). Im Pansen der Wiederkäuer sind verschiedenste prokaryotische (Bakterien, Archaeen) und eukaryotische (Pilze, Ciliaten) Phyla zu finden. Bei den Bakterien sind Bacteroidetes mit bis zu 50% der Gesamtbakterienpopulation dominierend, hierzu gehören vor allem *Prevotella* Spezies (Jami & Mizrahi, 2012, Ross et al., 2012).

Die Mikrobiota des Pansens

Der Pansen ist das zentrale Organ im Verdauungstrakt der Wiederkäuer. Hier wird aufgenommenes Futter durch die mikrobielle Aktivität umgesetzt und in mikrobielle Stoffwechselprodukte zerlegt (Abb. 1). Die Bedingungen im Pansen sind optimal für anaerobe Mikroorganismen und bieten ihnen eine kontinuierliche Zufuhr und Abfuhr von Nahrung bzw. Stoffwechselprodukten. Die Puffe-

Die Fermentation des Pansens durch den Speichelfluss schafft ebenso geeignete pH-Bedingungen für eine mikrobielle Aktivität. Im Pansen befinden sich fibrilytische Bakterien. Diese nutzen die Faserfraktion des Futters und spalten Zellulose, Hemizellulose, Pektine und andere Polysaccharide mit Hilfe extrazellulärer Enzymsysteme. Amylytische und proteolytische Bakterien sind Spezialisten für den Abbau von Stärke bzw. Proteinen. Jede dieser funktionellen Gruppen enthält Bakterien mit hohen Substratspezifitäten und entsprechenden enzymatischen Funktionen. Die Wechselwirkung dieser Bakteriengruppen ermöglicht die Umsetzung des Futters im Wiederkäuer und die Produktion von kurz- und verzweigt-kettigen Fettsäuren, mikrobiellem Protein und NH_3 . Essigsäure, Buttersäure und Propionsäure werden an der Epithelschicht des Pansens resorbiert und dienen sowohl als Energiequelle für den Wiederkäuer als auch als wichtige Ausgangsprodukte für Milchfett und Milchzucker im Euter der Milchkuh. Die oben genannten Fermentationsprozesse gehen immer mit einer Bildung von Wasserstoff einher. Dieser wird entweder durch acetogene oder Sulfat-reduzierende Bakterien verwendet oder, und das ist der energetisch günstigere Weg, für die Bildung von Methan durch methanogene Archaeen verbraucht. Damit bleibt der Wasserstoffpartialdruck im Pansen stabil. Eine vollständige Hemmung der Methanproduktion wäre somit ungünstig für das Gleichgewicht der mikrobiellen Stoffwechselleistung, die Methanbildung kann aber mit bestimmten Fütterungsstrategien verringert werden.

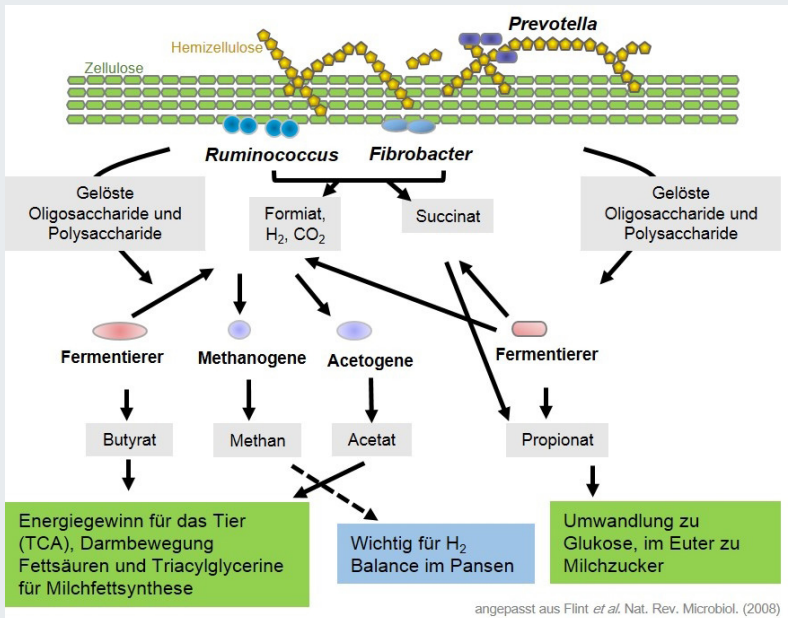


Abb. 1: Zusammenspiel der Mikroorganismen im Pansen hinsichtlich des Abbaus von Polysacchariden, des Umsatzes von Abbauprodukten und der Bildung von Fermentationsprodukten.

Beeinflussung der Mikrobiota durch Futterumstellung

Eine Umstellung des Futters ist im Verlauf der Entwicklungsperioden der Tiere bzw. während besonderer energetischer Leistungsphasen (Legeperiode, Trächtigkeit, Laktation) erforderlich. Hiermit wird auch immer die mikrobielle Lebensgemeinschaft des Verdauungstraktes verändert. Dies führt nicht immer zu den gewünschten positiven Effekten. So wird zu Beginn der Laktationsphase in Milchkühen die Faser-reiche Ration auf einen erhöhten Stärke-reichen Kraftfutteranteil umgestellt. Dies führt zu einer erhöhten Fermentationsleistung und Bildung von kurzkettigen Fettsäuren. Dadurch sinkt der pH-Wert im Pansen auf unter 6,0 und Milchsäure produzierende Bakterien, wie *Streptococcus bovis*,

treten verstärkt auf. Die erhöhte Bildung von Milchsäure und eine ungenügende Pufferung führen wiederum zu einer weiteren Absenkung des pH-Wertes. Bleibt der pH-Wert unter 5,6 für mehrere Stunden am Tag spricht man von einer subakuten Pansenazidose (SARA) (Plaizier et al., 2009). Diese Stoffwechselstörung tritt bei ca. einem Viertel der Tiere in einer Milchkuhherde auf und führt zu Diarrhöe, Lamnitis, Beschädigung der epimuralen Schicht und Abszessen in der Leber. Die Veränderung des mikrobiellen Milieus führt somit zu einer Verschiebung der mikrobiellen Diversität und Störung der mikrobiellen Funktionen. Dies hat Auswirkungen auf die Tiergesundheit und Milchleistung, und ist somit ein wichtiger ökonomischer Faktor. Die subakute Pansenazidose und deren Folgeerscheinung sind bisher recht gut untersucht. Unklar bleibt jedoch, warum nur ein Teil der Tiere betroffen ist und was deren Sensibilität hinsichtlich SARA beeinflusst.

Ausnutzung der Futterressourcen – Beispiel Stickstoff

Des Weiteren ist eine mikrobielle Vielfalt für die effiziente Ausnutzung der vorhandenen Futterressourcen wichtig. Stickstoff wird dem Wiederkäuer in Form von Futterproteinen und Nicht-Protein-Stickstoff Verbindungen (z.B. freie Aminosäuren, Harnstoff, Ammoniumsalze etc.) zur Verfügung gestellt. Beide Formen werden durch mikrobielle Enzymaktivitäten im Pansen umgesetzt. Die Futterproteine werden schrittweise zu Peptiden, Aminosäuren und Ammoniak proteolytisch abgebaut. Des Weiteren entstehen CO_2 und kurzkettige Fettsäuren. Diese Abbauprodukte dienen wiederum als Ausgangsstoffe für die mikrobielle Proteinsynthese und die neu synthetisierten Aminosäuren werden vom Wiederkäuer im Dünndarm resorbiert. Harnstoff wird durch eine bakterielle Urease enzymatisch in Ammoniak und CO_2 gespalten. Ammoniak gelangt in die Leber und wird dort unter hohem Energieaufwand wieder für die Neusynthese von Harnstoff verwendet und somit detoxifiziert. Der so entstandene Harnstoff wird über die Blutbahn entweder im Speichel oder, zum größeren Teil, über das Pansenepithel wieder zur Verfügung gestellt.

Die Umsetzung der Stickstoffverbindungen im Wiederkäuer ist somit sehr komplex. Die Abbaubarkeit des Futterproteins kann zwischen 50 - 100% schwanken und ist abhängig von der Art des Futters und der Vorbehandlung der Futterpro-

teine. Eine ineffiziente Ausnutzung führt zu einer Belastung für das Tier und zu einem erhöhten Eintrag von Stickstoff in die Umwelt. Das Wissen über proteolytische und Urease-bildenden Bakterien im Wiederkäuer ist bislang begrenzt. Zukünftige Forschungsfelder sollten die entsprechenden Bakterien besser charakterisieren, die Orte der Aktivitäten im Pansen lokalisieren und Ideen für eine Modulation der Mikrobiota hinsichtlich einer effizienten Stickstoffausnutzung ableiten.

Ausnutzung der Futterressourcen – Beispiel Phosphor

Phosphor ist ein wichtiges Mengenelement in der Tierernährung und wird unter anderem für den Aufbau von Knochen und Nukleinsäuren, und dem Energiestoffwechsel (ATP) benötigt. Anorganischer Phosphor wird meist als Kalziumphosphat in der Tierernährung eingesetzt, dies ist allerdings einer der begrenzten Rohstoffe weltweit. Phosphor kommt außerdem noch als Inositolhexaphosphat (InsP6) in pflanzlichen Samen und deren Verarbeitungsprodukten vor. Die Ausnutzung dieser Phosphorquelle ist aufgrund fehlender bzw. mangelnder Enzymsysteme im Monogastrier nur unzureichend und wird bislang durch Zugabe von exogenen Phytasen erhöht. Diese Phytasen sind bakteriellen bzw. pilzlichen Ursprungs und können je nach Spezifität InsP6 in verschiedene Isomere abbauen. Der dabei freigesetzte Phosphor kann dann durch das Tier genutzt werden. Endogene mikrobielle Phytasen und deren Produzenten sind bislang nur wenig untersucht. Die Lokalisation Phytase-bildender Bakterien, deren Aktivität und mögliche gezielte Stimulation sollte Gegenstand zukünftiger Forschungsfelder sein.

Ausblick

Die oben genannten Beispiele geben nur einen kleinen Einblick in die Leistung der mikrobiellen Diversität im Verdauungstrakt von Nutztieren. Ein verbessertes Verständnis über die Struktur und Funktion der Mikrobiota und deren interne und externe Einflussfaktoren ist somit unumgänglich. Zukünftige

Forschungsfelder sollten somit nicht nur die Interaktion der Mikroorganismen untereinander, sondern ebenso stark die Interaktion zwischen Mikrobiota und Wirtstier betrachten.

Literatur

Costa MC, Silva G, Ramos RV, Staempfli HR, Arroyo LG, Kim P & Weese JS (2015) Characterization and comparison of the bacterial microbiota in different gastrointestinal tract compartments in horses. *Vet J* 205: 74-80.

Deusch S, Tilocca B, Camarinha-Silva A & Seifert J (2015) News in livestock research - use of Omics-technologies to study the microbiota in the gastrointestinal tract of farm animals. *Comput Struct Biotechnol J* 13: 55-63.

Flint HJ, Bayer EA, Rincon MT, Lamed R & White BA (2008) Polysaccharide utilization by gut bacteria: potential for new insights from genomic analysis. *Nat Rev Microbiol* 6: 121-131.

Jami E & Mizrahi I (2012) Composition and similarity of bovine rumen microbiota across individual animals. *PLoS One* 7: e33306.

Looft T, Allen HK, Cantarel BL, Levine UY, Bayles DO, Alt DP, Henrissat B & Stanton TB (2014) Bacteria, phages and pigs: the effects of in-feed antibiotics on the microbiome at different gut locations. *ISME J* 8: 1566-1576.

Plaizier JC, Krause DO, Gozho GN & McBride BW (2009) Subacute ruminal acidosis in dairy cows: The physiological causes, incidence and consequences. *Vet J* 176: 21-31.

Ross EM, Moate PJ, Bath CR, Davidson SE, Sawbridge TI, Guthridge KM, Cocks BG & Hayes BJ (2012) High throughput whole rumen metagenome profiling using untargeted massively parallel sequencing. *BMC Genet* 13: 53.

Videnska P, Faldynova M, Juricova H, Babak V, Sisak F, Havlickova H & Rychlik I (2013) Chicken faecal microbiota and disturbances induced by single or repeated therapy with tetracycline and streptomycin. *BMC Vet Res* 9: 30.

Verschwindet die Vielfalt bevor wir sie kennen?

Will biodiversity disappear before we know it?

Dr. Axel Christian, Senckenberg Museum für Naturkunde Görlitz

Email: Axel.Christian@senckenberg.de

Zusammenfassung

Die nachhaltige Nutzung der Ressource Boden ist für Landwirtschaft und Ernährung von entscheidender Bedeutung. Sie wird durch die Bodenfruchtbarkeit beeinflusst, die wiederum ganz wesentlich von der Bodenbiodiversität abhängig ist. Die Vielfalt der Bodenorganismen, ihre ökologischen Ansprüche und Funktionen im Lebensraum Boden sind oft noch nicht ausreichend bekannt. Die fehlende taxonomische Expertise wird langfristig die angewandte biologische Forschung erschweren und damit Einfluss auf die nachhaltige Nutzung der Ressource Boden haben. Die Kenntnisse zur Biodiversität sind in vielen Organismengruppen ungenügend, auch in Deutschland. Um Veränderungen im Organismenspektrum eines Bodens feststellen zu können, muss bekannt sein, wo die Arten in Deutschland leben und welche Ansprüche sie an den Lebensraum haben. Nur wenn die Biogeografie von Organismenarten bekannt ist, kann Ausbreitung und Rückgang von Arten erkannt und bewertet werden. Leider sind die Kenntnisse zur Biogeografie vieler Arten der Böden nicht ausreichend bekannt. Auch der DNS-Barcode liegt bisher nur von wenigen Bodentierarten vor. Von allen landwirtschaftlich relevanten Organismengruppen sollten DNS-Sequenz / DNS-Barcode ermittelt werden, um angewandte Forschung zu beschleunigen. Eine schnelle und gleichzeitig sichere Identifikation dieser Kleinlebewesen im Boden ist Grundlage für zukünftige ökologische und angewandte Forschungen aber auch für Empfehlungen über neue Wege der nachhaltigen Nutzung von Böden.

Die Biologische Vielfalt wird verschwinden, bevor wir sie kennen, wenn die Forschung zur Biodiversität, insbesondere die taxonomische Forschung, nicht zeitnah umfassend intensiviert wird!

Abstract

The sustainable use of the resource soil is decisive for agriculture and nutrition. It is influenced by soil fertility, which in turn is very much dependent on soil biodiversity. The diversity of soil organisms, their ecological requirements and their functions in the ecosystem soil are often not sufficiently known. The lack of taxonomic expertise will, in the long term, complicate applied biological research and sustainable use of the resource soil. The knowledge on biodiversity is inadequate in many groups of organisms, even in Germany. In order to determine changes in the spectrum of organisms occurring in soils, where the species occur in Germany and which requirements they have on the habitat must be known. Only if the biogeography of species is known, can the dispersal or decrease of these species be identified and assessed. Unfortunately, knowledge on the biogeography of many species in soils is insufficient. Furthermore, DNA barcodes exist for only a few species of soil organisms. DNA sequences / DNA barcodes should be ascertained for all agriculturally relevant groups of organisms to accelerate applied research. A rapid and reliable identification of small arthropods occurring in soil is the basis for future ecological and applied research as well as for recommendations on new methods of sustainable use of soils.

Biodiversity will disappear before we know it, if research on biodiversity, especially taxonomical research, is not promptly and comprehensively increased!

Einleitung

Die biologische Vielfalt ist für den Menschen eine wichtige Lebensgrundlage, von der wir auf vielfältige Weise abhängen und profitieren. Ihre Erforschung und Erhaltung ist von gesamtgesellschaftlicher Bedeutung. Für die Land-, Forst-, und Fischereiwirtschaft hat die Biodiversität auch eine wirtschaftliche Bedeutung, denn sie ist zum Beispiel entscheidend für die Erhaltung der Bodenfrucht-

barkeit. Obwohl wichtige Ökosystemfunktionen von den Bodenorganismen gewährleistet werden, sind aber oftmals die Arten, ihre ökologischen Ansprüche und ihre Funktion im Lebensraum Boden sowie im Nahrungsnetz noch gar nicht ausreichend bekannt. Teilweise ist es nicht einmal möglich, die Entwicklungsstadien der Arten sicher zu determinieren. Deshalb sollen folgende Fragen diskutiert werden:

Ist in Deutschland die Biodiversität von Milben und Springschwänzen im Lebensraum Boden ausreichend bekannt?

Wenn Sie auf einer Wiese stehen, dann befinden sich im Boden unter ihren Füßen mehr Organismen als es Menschen auf der Erde gibt. Das sind insbesondere Milliarden Bakterien, Strahlenpilze und Pilze, Millionen Algen, Einzeller und Fadenwürmern aber auch ca. 5.000 Milben & Springschwänze, 2.000 Kleine Ringelwürmer, wenige Asseln, Spinnen, Schnecken, Tausendfüßer und Regenwürmer aber nur 0,001 Kleinsäuger.

Im Folgenden wird auf die Biodiversität der Kleinarthropoden, insbesondere der Milben, im Lebensraum Boden eingegangen, welche für die Landwirtschaft eine besondere Bedeutung hat. Im Kreislauf der Natur tragen viele Bodentiere zur Humusbildung bei, denn sie ernähren sich von pflanzlichen und tierischen Zerfallsstoffen. Hornmilben und Springschwänze zerteilen mit Ihren scherenartigen Mundwerkzeugen das Blattgewebe oder saugen an Pilzhyphen. Sie sind entscheidend an der Humusbildung und Erhaltung der Fruchtbarkeit der Böden beteiligt. Es gibt aber auch Räuber in der Streuschicht und im Boden, die im Nahrungsnetz eine wichtige Rolle spielen, unter anderem die Raubmilben aus der Gruppe Gamasina. Durch Spezialisierung der Mundwerkzeuge haben sich Raubmilbenarten an Beutetiere angepasst. Sie können zum Beispiel Kieferscheren (Chelizeren) mit vielen nach hinten gerichteten Zähnen haben, eine Anpassung an wurmförmige Nahrungstiere wie Fadenwürmer (Nematoden) oder kleine Ringelwürmer (Enchytraeiden). Es gibt aber auch Raubmilben, die besonders lange und weit zu öffnende Chelizeren besitzen. Diese Milben ernähren sich von Springschwänzen in der Streuschicht, die sich durch „Fluchtsprung“ schnell

dem Zugriff der Raubmilben entziehen könnten. Dies sind Beispiele wie sich Tierarten im Nahrungsnetz des Bodens angepasst haben und in Gemeinschaften (Synusien) unterschiedliche Bodenlebensräume besiedeln. So konnten Springschwanz- und Raubmilbensynusien in Bergbaufolgelandschaften auf Haldenböden festgestellt werden, die in bestimmten Zeitabschnitten der Rekultivierung mit Gehölzen, insbesondere Pappelhybriden, auftraten (Abb. 1) (Christian 1993, Dunger, 1968).

Solche Lebensgemeinschaften von Tieren gibt es auch in Wiesen- und Ackerböden, nur ist der Kenntnisstand auch hier noch sehr gering. Es wäre dringend erforderlich, für landwirtschaftlich genutzte Böden die Lebensgemeinschaften der Organismen und deren Nahrungsnetze auf der Ebene der Arten intensiver zu untersuchen, um auf der Basis der hier zu gewinnenden Erkenntnisse Empfehlungen für die Bewirtschaftung und die nachhaltige Nutzung geben zu können. Darüber hinaus sind auch Kenntnisse zur bodenfaunistischen Bioindikation zukünftig von wachsender Bedeutung. Hier wurden von der Senckenberg Gesellschaft für Naturforschung schon Langzeituntersuchungen zur Auswirkung von Fruchtfolgen, Herbizidmengen, Stickstoffgaben und mechanischer Bodenbearbeitung auf die Bodenfauna untersucht und sind in Empfehlungen des Sächsische Staatsministeriums für Umwelt und Landwirtschaft für eine umweltgerechte Landbewirtschaftung eingeflossen. (Dunger et al. 2002).

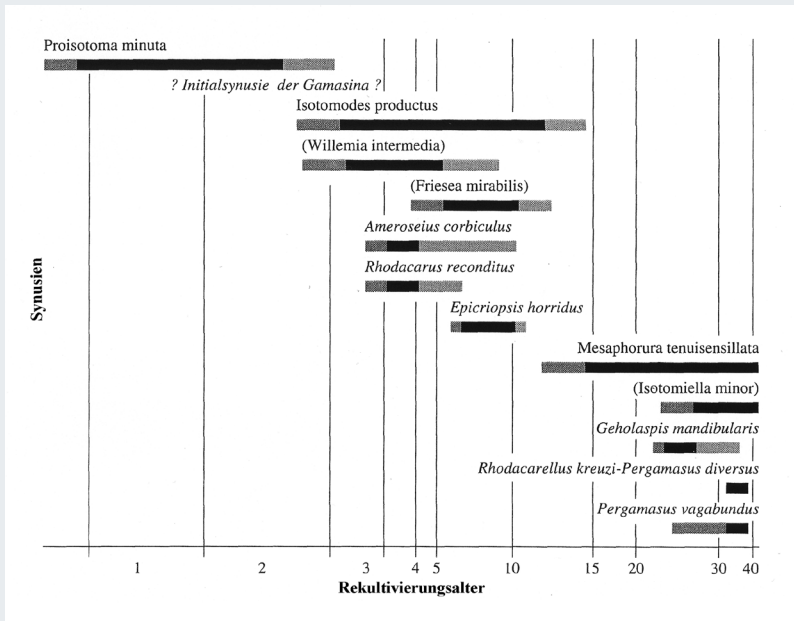


Abb. 1: Vergleich euedaphischer Collembola- und Gamasina-Synusien der Berzdorfer Halden in Abhängigkeit vom Rekultivierungsalter (Raubmilbensynusien kursiv, in Klammern angegebene Collembolensynusien sind Varianten der darüber stehenden Synusie).

Fig.1: Comparison of euedaphic synusiae from Collembola and Gamasina from the place "Berzdorfer Halden" depending on the land restoration age (synusiae of predatory mites in italics), synusiae of Collembola indicated in brackets are variants of the synusiae above.

Die eingangs gestellte Frage „Ist in Deutschland die Biodiversität von Milben und Springschwänzen im Lebensraum Boden ausreichend bekannt?“ kann man eindeutig mit NEIN beantworten.

Empfehlung:

Die Erforschung der Boden-Biodiversität auf der Basis der Arten ist dringend zu intensivieren um ökologische Zusammenhänge besser zu erkennen und daraus in der angewandten Forschung Methoden zur nachhaltigen Nutzung und zum

Schutz der Ressource Boden zu entwickeln. Forschungsergebnisse auf „Gruppenbasis“ sind oft kritisch zu hinterfragen.

Wie ist der weltweite Kenntnisstand zur Biodiversität einzuschätzen?

Die globalen Kenntnisse zur Biodiversität sollen am Beispiel ausgewählter Milbengruppen dargestellt werden. Sie spiegeln sich gut in der Anzahl der bekannten und jährlich neubeschriebenen Arten wider. Bis Mitte der 50iger Jahre kannte man weltweit weniger als 2.000 Raubmilbenarten aus der Ordnung Mesostigmata. Heute sind fast 9.000 Arten bekannt (Abb. 2) und jährlich werden im Mittel etwa 100 neue Arten dieser Milbengruppe beschrieben (Abb. 3), insbesondere aus Asien. Dieser Trend trifft auch auf andere Milbengruppen, wie zum Beispiel Hornmilben (Oribatida) und actinedide Milben (Actinedida) zu. In den letzten Jahrzehnten wurden aber auch einige neue Milbenarten in Deutschland entdeckt und beschrieben (Blaszak & Ehrnsberger 1997, Christian 1990, Christian & Karg 1992, Heddergott 2008, Heddergott & Eckert 2009, Masan 2008, Schwalbe 1995, Weigmann & Wunderle 1990, Weigmann 2001, 2014).

Daraus kann man ersehen, dass Milben nicht nur in tropischen oder borealen Regionen der Erde sondern auch im gut untersuchten Mitteleuropa noch nicht ausreichend bekannt sind. Um die Forschungsarbeit mit einer schnelleren Auffindbarkeit neu beschriebener Arten zu unterstützen, werden in der bibliografischen Schriftenreihe „ACARI - Bibliographia Acarologica“ in jährlich drei Heften die neu beschriebenen Arten, der Aufbewahrungsort der Typen und die allgemeine Literatur des Fachgebietes aufgelistet. Da auch in der heutigen Zeit mit der Möglichkeit der Recherche im Internet viele taxonomische, biogeografische und ökologische Publikationen in sehr unterschiedlichen, teilweise wenig verbreiteten Journalen publiziert sind, ist die Online-Recherche oft lückenhaft und zeitaufwendig. Alle Bibliografien, die älter als ein Jahr sind (Bibliographia Oribatologica seit 1968, Bibliographia Mesostigmatologica seit 1990, Actinedida seit 2002), stehen online zur Verfügung unter <http://www.senckenberg.de/acari> (ISSN 1618-8977).

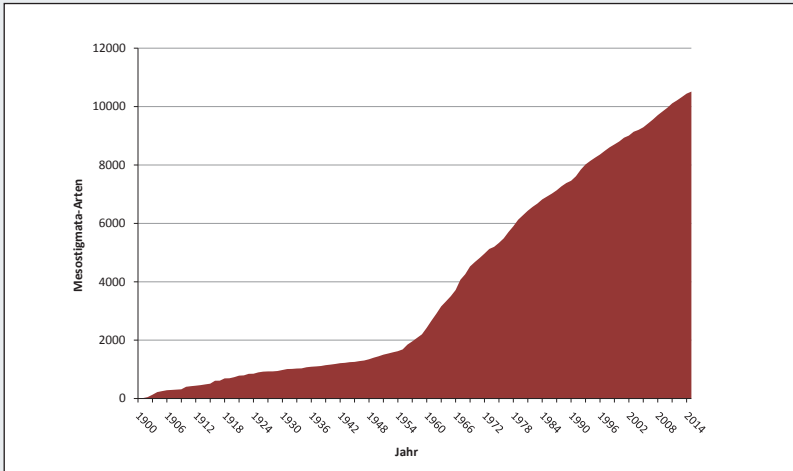


Abb. 2: Die bekannten Raubmilbenarten der Ordnung Mesostigmata im Verlauf von 100 Jahren
 Fig. 2: Number of known predatory mite species of the order Mesostigmata during the last 100 years

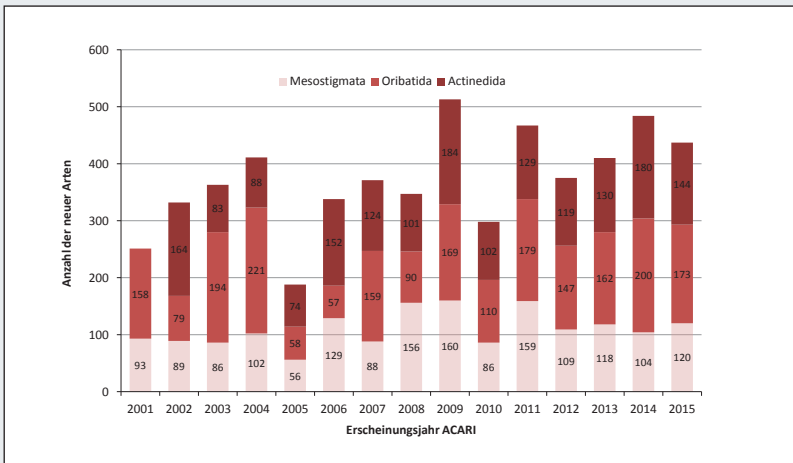


Abb. 3: Anzahl neu beschriebener Arten der Gruppen Mesostigmata (einschließlich Raubmilben), Oribatida (Hornmilben) und Actinedida in den vergangenen 15 Jahren
 Fig. 3: Number of newly described species of the groups Mesostigmata (including predatory mites), Oribatida (oribatid mites) and Actinedida in the past 15 years

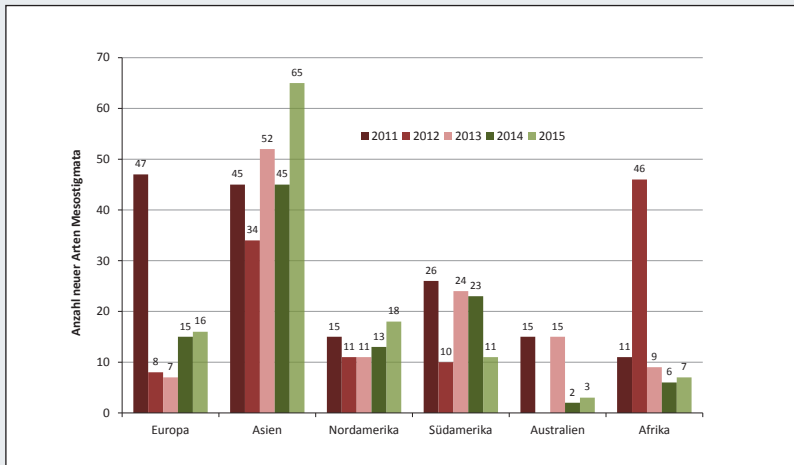


Abb. 4: Anzahl neu beschriebener Arten der Mesostigmata (einschließlich Raubmilben) bezogen auf die Kontinente

Fig. 4: Number of newly described species of Mesostigmata (including predatory mites) based on the continents

Die Frage „Wie ist der weltweite Kenntnisstand zur Biodiversität einzuschätzen?“ kann man für die Unterklasse Acari (Milben) mit >BESONDERS SCHLECHT< beantworten. Diese Einschätzung trifft für die meisten anderen Taxa der Bodenorganismen ebenfalls zu.

Empfehlung:

Da Artenkenntnis die Basis für ökologische und angewandte Forschungen ist, sollte der taxonomischen Expertise zukünftig wieder ein höherer Stellenwert in der Forschung und universitären Ausbildung eingeräumt werden.

Welcher Wissensstand besteht in der Biogeografie von Bodentieren in Deutschland?

Wer in der Literatur und im Internet nach Kenntnissen zur Verbreitung von Bodentierarten sucht, wird nur wenige verlässliche Quellen finden. Deshalb wurde vom Bundesministerium für Bildung und Forschung ein GBIF-Datenbankprojekt zur Bodenzoologie (Global Biodiversity Information Facility) gefördert, das vom Senckenberg Museum für Naturkunde Görlitz koordiniert wird. Dieses Informationssystem für Taxonomie, Literatur und Ökologie von Bodentieren bietet im online-Portal „Edaphobase“ (<http://portal.edaphobase.org/>) bodenzoologische Fundort- und Habitatdaten von Laufkäfern, Spinnen, Regenwürmern, Landasseln, Vielfüßern, Hornmilben, Springschwänzen, Raubmilben, Fadenwürmern und Kleinringelwürmern an, die durch Werkzeuge zur Verknüpfung, Bewertung und Modellierung (Folgenabschätzung) für viele bodenzoologische Fragestellungen angewendet werden können. Damit ist es möglich, Veränderungen der Biodiversität und der ökosystemaren Leistungsfähigkeit schneller zu erkennen. Dies ist von besonderer Bedeutung, da das Artenspektrum und die Individuendichten im Boden unmittelbare Auswirkungen auf die Bodenfruchtbarkeit und die nachhaltige Nutzung des Bodens haben.

Für viele Bodentiere gibt es bisher keine verlässlichen Aussagen zu ihrem Vorkommen in Deutschland. Dies trifft in besonderem Maße für die Milben zu. Deshalb wurde auf der Grundlage umfangreicher Sammlungs- und Literaturauswertungen eine Hornmilbenfauna erstellt, die erstmals das regionale Vorkommen von Hornmilben mit Verbreitungskarten und Biotoppräferenzen vorlegt. In der *Acarofauna Germanica – Oribatida* (www.senckenberg.de/peckiana, ISSN 1618-1735, ISBN 978-3-9815241-1-6) werden Nachweise von 560 Hornmilbenarten aus Deutschland mit Informationen zu taxonomischer Literatur, Lebensweise und Ökologie aufgelistet. Damit wird eine Basis geschaffen, um Veränderungen in der bisher bekannten Oribatidenfauna durch Zunahme der wissenschaftlichen Daten aber auch durch Zuwanderung oder Aussterben von Arten zukünftig besser erkennen und beurteilen zu können (Weigmann et al. 2015).

Für weitere Milbengruppen ist eine Zusammenstellung der bekannten Verbreitungsdaten für Deutschland in Vorbereitung.

Die Frage „Welcher Wissensstand besteht in der Biogeografie von Bodentieren in Deutschland?“ kann nur organismengruppenbezogen beantwortet werden: Der Wissensstand ist in einigen Taxa >GUT< überwiegend aber >UNZUREICHEND<.

Empfehlung:

Für alle relevanten Organismengruppen sollte der Kenntnisstand zur Biogeografie der Arten gesichert vorliegen und regelmäßig überprüft werden.

Sind DNS-Sequenz / DNS-Barcode für Wirbellose mit Relevanz für Landwirtschaft und Ernährung bekannt?

Die Vielzahl der Lebewesen in unseren Böden zu erfassen wird durch die geringe Zahl hierfür qualifizierter Spezialisten eingeschränkt. Das vom Bundesministerium für Bildung und Forschung geförderte „German Barcode of Life“-Projekt -GBOL4 (Görlitz): DNS-barcoding der Bodenfauna- stellt in Zusammenarbeit mit Spezialisten verlässlich zu einem Taxon zugeordnete Gen-Sequenzen in öffentlich zugänglichen DNS-Datenbanken zur Verfügung. Damit soll in der Zukunft eine schnellere Identifikation dieser Kleinlebewesen im Boden unterstützt werden. Von besonderer Bedeutung ist in diesem Projekt, dass die jeweiligen Belegindividuen (Vouchers), aus welchen das genetische Material gewonnen wurde und die alle zur Artdetermination notwendigen Merkmale für spätere Überprüfungen und eventuell erforderliche Neuuzuordnungen besitzen, in der Sammlung hinterlegt werden. Damit wird erreicht, dass die morphologische und genetische Zuordnung der Daten zu einer Art dauerhaft abgesichert ist. Bisher sind ausgewählte Arten der Springschwänze (Collembola), Fadenwürmer (Nematoda), Hornmilben (Oribatida) und Raubmilben (Gamasina) bearbeitet. Eine Weiterführung dieser Forschungsarbeit mit dem Ziel der Inventarisierung der Bodenfauna Deutschlands mit Sammlungsbelegen und deren DNS-Sequenz für DNS-Barcode für alle Arten wäre dringend erforderlich.

Vision: Aufbau von Referenzdatenbanken für die automatisierte Detektion von Arten, sowohl über morphologische Scans als auch über genetische Marker. Diese Datenbanken können zur Identifikation von Organismen und Umweltsignalen genutzt und zum Beispiel zur Optimierung einer nachhaltigen landwirtschaftlichen Produktion eingesetzt werden.

Beispiel: Extrahierte Bodenorganismen werden morphologisch gescannt und / oder die genetischen Marker der Organismen entnommen und zur Auswertung in die Datenbank eingespeist. Das System sucht aus der Datenbank die beste Übereinstimmung und gibt Artnamen und Identifikationswahrscheinlichkeit aus. Bei hinterlegten ökologischen Ansprüchen können Schlussfolgerungen für eine optimale Nahrungsmittelproduktion gewonnen werden. Benötigte Basisdaten: Fotoserien der „Fokusebenen“ von Organismen in mikroskopischen Dauerpräparaten als Referenz für morphologische Merkmale und genetische Marker (DNS-Barcoding).

Die Frage „Sind DNS-Sequenz / DNS-Barcode für Wirbellose mit Relevanz für Landwirtschaft und Ernährung bekannt?“ muss mit >NUR ZU EINEM GERINGEN ANTEIL< beantwortet werden.

Empfehlung:

Für alle Arten landwirtschaftlich relevanter Organismengruppen sollten DNS-Sequenz / DNS-Barcode ermittelt werden, um ökologische und angewandte Forschung beschleunigen zu können.

Sind alle notwendigen Weichen zur wissenschaftlichen Bearbeitung als Basis für die nachhaltige Nutzbarkeit der Ressource Boden richtig gestellt?

Betrachtet man die Anzahl der acarologischen Arbeitsgruppen in Deutschland und die Veränderungen an den Universitäten und Forschungseinrichtungen in den vergangenen 20 Jahren ist festzustellen, dass es erheblich weniger acarologische Arbeitsgruppen gibt und in der universitären Lehre die Vermittlung

von Artenkenntnis drastisch gesunken ist. Das Erkennen von Arten ist aber die Grundlage jeder weiteren ökologischen und angewandten Forschung. Die Abnahme der Anzahl forschender Taxonomen hat dazu geführt, dass die Aussage „Vielfalt verschwindet, bevor wir sie kennen“ immer stärker zur Realität wird. Hier sind in Deutschland Bund und Länder gefordert, die Weichen so zu stellen, dass die Biodiversitätsforschung und die Taxonomie erheblich gestärkt werden, denn fehlende taxonomische Expertise wird langfristig die angewandte biologische Forschung erschweren. Damit die Menschen zukünftig nicht immer öfter hinnehmen müssen, dass Arten aussterben, bevor sie entdeckt und ihre Bedeutung für die Ökosysteme und die menschliche Gesellschaft erkannt sind, müssen auch in Deutschland Änderungen auf den Weg gebracht werden, um zukünftig in der internationalen Wissenschaftsgemeinschaft auf diesem Gebiet wieder führend beteiligt zu sein.

Die Frage „Sind alle notwendigen Weichen zur wissenschaftlichen Bearbeitung als Basis für die nachhaltige Nutzbarkeit der Ressource Boden richtig gestellt?“ muss leider mit >NEIN< beantwortet werden.

Empfehlung:

Die Biodiversitätsforschung, insbesondere die taxonomische Forschung, muss zeitnah intensiviert werden, um die wissenschaftliche Bearbeitung und die nachhaltige Nutzung der Ressource Boden gewährleisten zu können.

Die Titelfrage des Vortrags „Verschwindet die Vielfalt bevor wir sie kennen?“ ist für Landwirtschaft und Ernährung hochrelevant, da es für die Sicherung der Lebensgrundlagen des Menschen essentiell ist, die biologische Vielfalt wissenschaftlich zu erforschen und zu kennen, bevor sie durch Veränderungen in der Biosphäre unerkannt verloren geht. Da das Erkennen von Arten die Grundlage jeder weiteren ökologischen und angewandten Forschung ist, muss gewährleistet werden, dass es genügend Taxonomen gibt, die neue Arten erkennen, festlegen und in die phylogenetische Systematik einordnen können. Um abzusichern, dass die biologische Vielfalt nicht verschwindet, bevor wir sie kennen, muss die Forschung zur Biodiversität, insbesondere die taxonomische Forschung, zeitnah umfassend intensiviert werden. Nur so wird es gelingen, die Vielfalt umfassend

zu kennen und für die nachhaltige Nutzung der Ressource Boden verfügbar zu machen, bevor sie verschwindet.

Literatur

Blaszak, C. & R. Ehrnsberger (1997): *Halolaelaps (Halolaelaps) rafaljanus* sp. nov. eine neue Art von der Nordseeküste Deutschlands (Acari, Gamasida, Halolaelapidae). Genus 8,1: 3-7

Christian, A. (1990): Zur Kenntnis der Raubmilbengattung *Lasioseius* Berlese 1916, Beschreibung einer neuen Art (Acarina, Mesostigmata). Abh. Ber. Naturkundemus. Görlitz 63,11: 31-34

Christian, A. & W. Karg (1992): *Lasioseius mirabilis* n.sp. (Acarina, Mesostigmata), eine neue Raubmilbenart von den Berzdorfer Halden. Abh. Ber. Naturkundemus. Görlitz 66,7: 3-8

Christian, A. (1993): Untersuchungen zur Entwicklung der Raubmilbenfauna (Gamasina) der Halden des Braunkohlentagebaues Berzdorf/OL. - Abh. Ber. Naturkundemus. Görlitz 67, 2: 2-64

Dunger, W. (1968): Die Entwicklung der Bodenfauna auf rekultivierten Kippen und Halden des Braunkohlentagebaues. - Abh. Ber. Naturkundemus. Görlitz 43,2: 1-256

Dunger, W., H.-J. Schulz, K. Hohberg & B. Zimdars (2002): Einfluss einer langjährig umweltschonenden Landbewirtschaftung auf ausgewählte bodenfaunistische Indikatoren. - Schriftenreihe der Sächsischen Landesanstalt für Landwirtschaft 10: 54-67, Anlagen 68-78

Heddergott, M. (2008): *Saprolaelaps muelleri* sp. nov., a new mite species of the genus *Saprolaelaps* (Leitneria, 1946) from the Rhön region of Germany (Acari, Gamasida, Halolaelapidae). Beitr. Naturk. Osthessen 45: 73-76

Heddergott, M. & R. Eckert (2009): A new species of the genus *Saprolaelaps* Leiter, 1946 from the Harz region of Germany (Acari, Gamasina, Halolaelapidae). *Hercynia* N.F. 42: 111-116

Masan, P. (2008): *Pachyseius friedrichi*, spec. nov., a new pachylaelapid mite from Bavarian Prealps Mts., Germany. *Spixiana* 31,2: 177-182

Schwalbe, Th. (1995): *Hypogeoppia dungeri*, a new species of the Oppiellinae (Acari, Oribatida, Oppiidae). - *Abh. Ber. Naturkundemus. Görlitz* 68,8: 25-30

Weigmann, G. (2001): Contribution to the taxonomy of European *Poronota* I. *Oribatella* and *Anachipteria* (Acari, Oribatida). *Spixiana* 24,3: 235-240

Weigmann, G. (2014): New species of oribatid mites from Southern Germany. *Spixiana* 37,1: 81-88

Weigmann, G. & I. Wunderle (1990): Zur Taxonomie der europäischen Schelori-*batidae* (Acari, Oribatei) II. Beschreibung des baumbewohnenden *Scheloribates ascendens* n. sp.. *Andrias* 7: 9-14

Weigmann, G., F. Horak, K. Franke & A. Christian (2015): Verbreitung und Ökologie der Hornmilben (Oribatida) in Deutschland. In: Christian, A. (Hrsg.), *Acarofauna Germanica - Oribatida*. - *Peckiana* 10: 1-171

Perspektive Sammlungen von Mikroorganismen – wohin geht die Reise?

Prospects of collections of microorganisms – where do we go?

Dr. Johannes Sikorski und Prof. Dr. Jörg Overmann

Leibniz-Institut DSMZ - Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH, Braunschweig

Email: Johannes.Sikorski@dsmz.de

Zusammenfassung

Bakterien und Pilze sind unverzichtbare Dienstleister für Landwirtschaft und Ernährung. Bedauerlicherweise ist erst ein kleiner Teil aller in Sammlungen bzw. mikrobiologischen Ressourcen-Zentren (mBRCs) vorhandenen Mikroorganismen auf entsprechendes Potential hin untersucht worden. Tatsächlich konnten sogar bisher nur ein Bruchteil der bekannten mikrobiellen Diversität in Lebendkultur genommen und in mittlerweile hoch-redundanten Sammlungen überführt werden. Daraus ergibt sich, dass (a) die mikroorganismische Diversität in Sammlungen erheblich erweitert und repräsentativer werden muss, und (b) die vorhandenen Sammlungsbestände wesentlich effizienter auf ihr bioökonomisches Potential und ihre Eignung als Dienstleister für Ernährung und Landwirtschaft untersucht werden müssen.

In diesem Artikel werden geeignete Strategie-Entwicklungen für eine repräsentativere Sammlungsaktivität und eine effizientere bioökonomische Verwertbarkeit beschrieben. Insbesondere wird das Konzept einer spezialisierten Pay-to-Li-cense Sammlung erläutert, die das Interesse von Bereitsteller-Ländern erhöhen

soll, Nagoya-konform genetische Ressourcen in Sammlungen zu geben, und die das verstärkte Interesse des privaten Sektors für bioökonomische Nutzbarkeit wecken soll. Sammlungen werden so die Rolle eines objektiven Vermittlers zwischen Bereitstellern und bioökonomischen Nutzern der genetischen Ressourcen darstellen.

Abstract

Microorganisms such as bacteria and fungi are indispensable for agriculture and food production. Unfortunately only a small fraction of microorganisms in microbial collections or microbial resource centers (mBRCs) have been investigated for their bioeconomic potential. Even worse, only a very small fraction of the known microbial biodiversity has been cultivated yet and been deposited in collections. It needs to be concluded that (a) the biodiversity in microbial collections needs to be substantially enlarged and be more representative and (b) the investigation of their bioeconomic potential needs to be enforced.

Here, we describe suitable strategies for improving cultivability for broader microbial biodiversity and for a more efficient identification and awareness rising of their bioeconomic potential. In particular, we introduce the concept of a specialized pay-to-license collection which will be pre-screened by microbial collections in a manner compliant with Nagoya-ABS to provide new input for biotech R&D pipelines and seeking new opportunities. Respective collections would act as an objective broker between depositor and purchaser.

Einleitung

Mikroorganismen wie Prokaryoten (Bacteria und Archaea) und Pilze sind als genetische Ressourcen in der Agrar-, Ernährungs- und Forstwirtschaft in kultivierter Form als Teil der Produktion, z.B. bei der Herstellung von Nahrungsmitteln, unersetzlich (Quelle: Nationales Fachprogramm, Entwurf). Seit Jahrzehnten werden solch wertvolle Mikroorganismen in einer Vielzahl an Sammlungen in Universitäten, Instituten oder auch im Privatsektor vorgehalten. Um jedoch den aktuellen und modernen Entwicklungen in der Biotechnologie und den

Lebenswissenschaften gerecht zu werden, wurde von der Organisation für wirtschaftliche Zusammenarbeit und Entwicklung (OECD) das neue Konzept der sog. Biologischen Ressourcen-Zentren vorgeschlagen (www.oecd.org/sti/bio-tech/38777417.pdf). Solche mikrobiologischen Sammlungen (microbial domain Biological Resource Centers sensu OECD, mBRCs) sind dafür verantwortlich, die kultivierte mikrobielle Vielfalt zu erhalten und der menschlichen Gemeinschaft (Forschung und Industrie) in qualitäts-kontrollierter Weise zur Verfügung zu stellen. Die konkreten Aufgaben von mBRCs sind (1) ex situ Konservierung und (2) Identifizierung von Mikroorganismen, sowie (3) Ausbildung und (4) Beratung.

Ausgangspunkt der „Reise“

Gemäß des Culture Collections Information Worldwide (CCINFO) Systems des World Data Centre for Microorganisms (WDCM 2015) sind gegenwärtig ca. 1,05 Millionen Bakterien, 727.000 Pilze und 380.000 Viren in 692 Sammlungen in 71 Ländern aufbewahrt. Diese beeindruckenden Zahlen relativieren sich jedoch deutlich angesichts der Tatsache, dass nur ein verschwindend kleiner Bruchteil der mikrobiellen Vielfalt bisher in Lebendkultur isoliert wurde, und somit das tatsächliche Potential für Mikroben als Dienstleister für Ernährung und Landwirtschaft nur unzureichend erfasst ist. Aktuelle Schätzungen gehen von 107 bis 109 prokaryotischen Arten aus (Overmann 2015). Gegenwärtig sind der Wissenschaft jedoch nur ca. 10.700 Arten als kultivierte Vertreter bekannt. Kultivierungsunabhängige molekulare Daten lassen vermuten, dass sich die gesamte bakterielle Diversität (wir ignorieren der Einfachheit halber hier zunächst die Archaea) in ca. 90 zusammenfassende Gruppen auf höherer taxonomischer Ebene (sog. Phyla) einordnen lässt. Tatsächlich ist diese Vielfalt in keiner Weise in kultivierter Form repräsentativ abgedeckt. Von ungefähr 40 Phyla konnte noch kein kultivierter Vertreter gewonnen werden, und 20 weitere Phyla sind nur durch sehr wenige kultivierte Arten vertreten. Ein prominentes Beispiel für ein wenig kultiviertes Phylum sind die sog. Acidobacteria, die in landwirtschaftlichen Böden bis zu 50% aller Bakterien ausmachen können. Diese hohe Abundanz lässt auf einen wesentlichen ökologischen Beitrag der Acidobacteria zur Funktionalität der Böden schließen. Sehr konservative Schätzungen auf der Basis molekularer Daten lassen eine Vielfalt von deutlich über 10.000 acidobakteriellen Arten vermuten, tatsächlich konnten aber erst knapp 40 Arten in Kul-

tur genommen werden. Demgegenüber sind nur wenige Phyla (Actinobacteria, Bacteroidetes, Firmicutes und Proteobacteria) schon vergleichsweise umfassend kultiviert worden; diese Isolate repräsentieren somit auch den überwiegenden Anteil aller sich in Sammlungen befindlichen Bakterien. Daraus ergibt sich, dass die Sammlungen hochredundant sind und nur einen Bruchteil (0,1 – 0,001%) der Vielfalt aller Bakterien umfassen. Nur eine Veränderung der Sammlungsstrategie wird die globale Redundanz verringern und die Vielfalt erhöhen.

Von einer Vielzahl von Bakterien ist schon ihr Potential als Dienstleister in Landwirtschaft und Ernährung bekannt. Ein Teil dieser Bakterien ist auch schon in Sammlungen bzw. mBRCs aufgenommen worden. Ein Großteil der in Sammlungen vorliegenden Bakterien ist jedoch noch nicht hinsichtlich eines möglichen Potentials für Landwirtschaft und Ernährung untersucht worden. Hier liegen sicher noch zahlreiche unentdeckte Schätze vor.

Aus dem obig geschilderten Stand der Sachlage („Startpunkt“ der Reise) ergeben sich somit zwei parallel zu erreichende „Reiseziele“ für Sammlungen bzw. mBRCs.

1. Die mBRCs müssen organismisch erheblich repräsentativer und in der konkreten Auswahl aber fokussierter sammeln.
2. Die mBRCs müssen den bioökonomischen Wert ihrer Sammlungen erheblich besser erkennen und transportieren.

Der monetäre Wert einer Bakterienkultur

Welchen monetären Wert hat eine Bakterienkultur? Dies muss aus jeweils unterschiedlichen Gesichtspunkten beurteilt werden.

(1) Die ökosystemaren Dienstleistungen von Bakterien in situ in verschiedensten Habitaten, die durchaus einen hohen monetären Wert ergeben können (Costanza et al., 2014), ergeben sich ausschließlich aus ihrer gemeinschaftlich gebildeten Funktion. Eine bakterielle Population hat in situ keinen monetären Wert. Dies ergibt sich daraus, dass viele ökologische Funktionen redundant vertreten sind, d.h., viele unterschiedliche Bakterien können die gleiche ökologische Dienstleistung erbringen, sind also wahrscheinlich weitgehend austauschbar. Hinzu

kommt, dass keine nennenswerten Endemismen bei Bakterien nachgewiesen wurden. Wie weiter unten noch detaillierter erläutert wird, halten Bakterien sich nicht an geographische Grenzen oder gar an Grenzen von Nationalstaaten.

(2) Bakterienkulturen haben ex situ jedoch einen hohen monetären Wert, der kürzlich auf durchschnittlich 10.744 Euro beziffert wird (Overmann 2015). Dieser Wert ergibt sich aus den Kosten für Isolierung (9.836 Euro, Personal- und Maschinenkosten, Verbrauchsmittel) und Aufnahme (918 Euro, beinhaltet Qualitätskontrolle und Ersterstellung einer lager- und versandfähigen Kultur) in mBRCs wie z.B. dem Leibniz-Institut Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH (DSMZ). Die Kosten für die Isolierung ergeben sich aus Personalkosten, Gerätezeit-Kosten sowie Verbrauchsmittel. Eine Bakterienkultur muss verschiedene Isolierungsschritte durchlaufen, in denen sie immer wieder gereinigt und auf ausreichend taxonomische Verschiedenheit hin geprüft werden, um als neue Art anerkannt werden. Die Kosten für die Konservierung in einem mBRCs ergeben sich aus Laborprozessen für Feststellung der Identität und Qualitätskontrolle mittels verschiedener biochemischer Verfahren. Natürlich können diese Kosten von Land zu Land unterschiedlich sein. Abschätzungen aber ergaben, dass die Kosten für Isolierung und Aufnahme in anderen Sammlungen in z.B. Indien mit ca. 5.000 Euro nicht um Größenordnungen geringer sind. Letztendlich zeigen diese hohen Kosten, dass eine Isolation einer Bakterienkultur nur dann lohnenswert und vor Geldgebern auch rechtfertigbar ist, wenn tatsächlich auch neuartige Bakterien gewonnen werden können.

(3) Der monetäre Wert einer Bakterienkultur bei kostenpflichtiger Abgabe aus einem mBRC an einen Kunden liegt an der DSMZ bei 75 – 150 Euro (an der American Type Culture Collection ca. 350-418 Euro). Dieser Betrag deckt die Personal- und Materialkosten zur Herstellung einer lager- und versandfähigen Probe der Bakterienkultur (in der Regel einer im Hochvakuum gefriergetrockneten Probe in einer doppelwandigen Glasampulle).

(4) Als bioökonomisch vermarktbare Produkt kann eine Bakterienkultur potentiell einen enorm hohen monetären Wert haben. Jedoch ist eine ungerichtete Suche nach neuen Wirkstoffen in neu zu isolierenden Bakterien mit enorm hohen Kosten verbunden und faktisch auch für den privaten Sektor nicht finan-

zierbar. Berechnungen besagen, dass ca. 100.000 Bakterien-Stämme untersucht werden müssen, um einen neuen Wirkstoff zu entdecken. Multipliziert mit dem Wert von ca. 10.000 Euro zur Isolierung eines neuen Bakteriums entstehen schätzungsweise Kosten von ca. 1 Billion Euro. Dies belegt, dass eine Suche nach neuen Wirkstoffen erheblich effizienter durchgeführt werden muss.

Das erste „Reiseziel“: Wie können mBRCs in der Diversität repräsentativer aber dann auch gleichzeitig fokussierter sammeln?

Gegenwärtige Isolierungsstrategien ermöglichen es nicht, gezielt substanzuell neue mikrobiologische Diversität zu kultivieren – oftmals werden nahe Verwandte bisher gut bekannter Bakterien erhalten. Mikrobiologen setzen traditionell Kultivierungsmedien ein, die reichhaltig Nährstoffe enthalten (beispielsweise 5 g Kohlenstoff pro Liter). Diese überschreiten die tatsächliche Konzentration an Nährstoffen in situ um Größenordnungen. So befindet sich im ozeanischen Meerwasser in der Regel weniger als 12 Mikrogramm Kohlenstoff pro Liter. Die meisten Umweltbakterien sind gar nicht in der Lage, die traditionell reichhaltigen Kultivierungsmedien zu verwerten und sind somit nicht kultivierbar. Faktisch gehen bisherige Kultivierungsansätze an den tatsächlichen Lebensbedingungen der meisten Umweltbakterien (Oligotrophie, Gradienten, Interaktionen) vorbei. Dies ist einer der Gründe für den bisherigen sehr einseitigen Kultivierungserfolg der bakteriellen Vielfalt (typischerweise die 4 oben angesprochenen gut kultivierbaren Phyla). Als Konsequenz müssen Mikrobiologen ihre Kultivierungsstrategien dahingehen ändern, dass erheblich besser die wirklichen Lebensbedingungen in Betracht gezogen werden. Dies bedeutet Anpassung an Medien- und Kultivierungsbedingungen durch Optimierung von Ionenkonzentrationen, Stoffzusammensetzung und -konzentration, Inkubationstemperatur, Gas-Zusammensetzung in der Luftphase. Interaktionen zwischen Bakterien können durch Zugabe von Signalstoffen (N-Acyl homoserine-lactone, AHL; zyklisches Adenosin Monophosphat, cAMP) im Labor nachgestellt werden. Etliche Bakterien sind mittels Flagellen beweglich und können durch stoffliche Gradienten gezielt angezogen werden (Chemotaxis). Ebenso kann Biofilm-Bildung auf festen Stoffen wie Sand, Metall, Polypropylen, Polystyren,

und Glas als Selektionsstrategie hinzugezogen werden (Gich et al. 2012). Typischerweise gibt es in jeder Umweltprobe eine Fraktion an schnellwüchsigen Bakterien, die immer in traditionellen Kultivierungsansätzen isoliert werden, da sie alle anderen Bakterien überwuchern. Durch entsprechende Verdünnungen auf eine Inokulationszahl von beispielsweise 10-50 Umweltzellen gelingt es, diese schnellwüchsigen Bakterien von vornherein auszuschließen.

Solche alternativen Isolierungsansätze zeigen Erfolg (Gich et al. 2012). So konnte erst kürzlich der erste Acidobakterien-Vertreter der sog. „subgroup 4“ Untergruppe, *Blastocalla fastidiosus*, isoliert werden (Fösel et al. 2013). Der Grad der taxonomischen Neuheit entspricht ungefähr der Entdeckung des ersten Säugertiers. Weitere Vertreter dieser Gruppe zeigen ökologisch möglicherweise bedeutende Eigenschaften wie z.B. den Abbau hochmolekularer Polymere. Jedoch verdeutlicht gerade dieses Beispiel gut, wie aufwendig die Isolierung neuartiger und hochgradig anspruchsvoller Bakterien ist. Von der Erstentdeckung als lebende Kultur bis zum Erhalt einer gut untersuchten Reinkultur benötigte es aufgrund der hohen Anforderungen 2 Jahre Arbeit. Zum Vergleich, der Erhalt als Reinkultur und der kompletten Bestimmung taxonomisch relevanter Eigenschaften dauert bei einem unkomplizierten und schnell und einfach zu kultivierenden Vertreter der Proteobacteria nur wenige Wochen. Relevante neue kultivierte Bakterienvielfalt lässt sich momentan nur mit einem erheblichen Aufwand erreichen, der im Routinebetrieb für mBRCs in der Regel nicht zu leisten ist und nur durch entsprechendes Drittmittelaufkommen finanzierbar ist.

Viele der geschilderten komplexen Vorgehensweisen zur Isolierung neuartiger Bakterien bedingen einen hohen personellen Einsatz. Dieser könnte erheblich reduziert und die Isolierung neuer Bakterien effizienter gestaltet werden unter Einsatz einer noch zu entwickelnden Hochdurchsatz-Kultivierungs-Robotik, die auf intelligente Weise die komplexen ökologischen Bedingungen in Betracht zieht und widerspiegelt.

Was bedeutet „in der Auswahl fokussierter zu sammeln“?

Wenn die Kultivierbarkeit einer bestimmten bakteriellen Gruppe erschlossen ist, muss zur Vermeidung von Redundanzen darauf geachtet werden, nicht jeden beliebigen Vertreter in einem mBRC zu hinterlegen. Es muss eine entsprechende Auswahl stattfinden können. Dazu wurde das sog. „key-strain“ Konzept entwickelt (Overmann 2015). Dies beinhaltet, dass nur Bakterien aufgenommen werden,

- die sich ausreichend von anderen aufgenommenen Stämmen entscheiden (< 98% Sequenzidentität des 16S rRNA Gens)
- von denen bereits eine Genomsequenz vorliegt (gilt auch für Plasmide und Phagen)
- die relevante und besondere phänotypische Eigenschaften aufweisen bzw. aus ökologisch relevanten Kontexten isoliert wurden
- die Krankheitserreger (Pathogene) sind, und als solche
 - o multiresistent gegen Antibiotika sind
 - o aufkommende und somit sich neu etablierende Pathogene sind
 - o sog. „outbreak strains“ sind, also Verursacher einer Epidemie oder Pandemie

Die genannten Kriterien sind jedoch nicht ausschließlich. So kann durchaus ein zu einem hinterlegten Typstamm hochverwandter Stamm aufgenommen werden, wenn er, im Vergleich zum Typstamm substantiell distinkte und eventuell bioökonomisch relevante Eigenschaften aufweist.

Das zweite „Reiseziel“: Wie können mBRCs das bioökonomische Potential ihrer Sammlung erheblich besser erkennen, erweitern und transportieren?

Bisher ist nur ein Bruchteil der mikrobiellen Biodiversität hoch-redundant in verschiedensten Sammlungen und mBRCs hinterlegt. Der Großteil der abgege-

benen Sammlungsbestände geht in die angewandte und Grundlagenforschung. Aus dieser findet nur ein Bruchteil Eingang in den privaten Sektor zur bioökonomischen Verwertung. Ebenso geht nur ein Bruchteil direkt von den mBRCs in den privaten Sektor. Dies bedeutet, dass das bioökonomische Potential, was sich jetzt schon in den Sammlungen befindet, weder erkannt noch adäquat ausgenutzt ist. Bisher hat der private Sektor oft seine eigenen Stammsammlungen aufgebaut und auf bioökonomisch verwertbare Wirkstoffe untersucht. Diese Tätigkeiten werden jedoch zunehmend verringert, da die ungerichtete Suche, wie oben ausgeführt, zu kostenintensiv ist.

Das bioökonomische Potential einer Sammlung wird durch die Aufnahme neuartiger Bakterien erhöht werden. Wesentlich kann dazu die internationale Forschungsgemeinschaft beitragen, die neuartige Bakterien in mBRCs wie der DSMZ hinterlegen kann. Trotz des Schutzes, den die Umsetzung des Nagoya-Protokolls weltweit den Bereitsteller-Ländern vor einer bioökonomischen Ausnutzung nationaler genetischer Ressourcen bzw. dem darauf bezogenen traditionellen Wissen ohne fairen Vorteilsausgleich bereitstellen soll, können Bereitsteller-Länder Bedenken haben, ihre genetischen Ressourcen in mBRCs zu hinterlegen. Tatsächlich kann es das Bestreben von Bereitsteller-Ländern sein, selbst die bioökonomische Verwertung ihrer mikrobiellen genetischen Ressourcen voranzutreiben. Dieses verständliche Ansinnen kann jedoch durch die fehlende Biogeographie (Endemismus ist faktisch nicht vorhanden) der Mikroorganismen konterkariert werden. So können Sahara-Winde innerhalb von einer Woche große Mengen von an Sand-Stäuben assoziierten Mikroorganismen nach Mittel- und Südamerika transportieren. Der globale Transport von Mikroorganismen ist mehrfach untersucht worden (Griffin 2007). Dies führt dazu, dass nahezu identische Bakterien an vielen Orten auf dem Erdball gleichzeitig isoliert werden können. Da Bakterien global verteilt sind, kann die Entwicklung einer bioökonomischen Verwertung neuer bakterieller Wirkstoffe zu einem zeitlichen Wettbewerb zwischen Bereitsteller-Ländern führen. Länder, die keine effiziente bioökonomische Analyse-Pipeline aufgebaut haben, werden dieses Wettrennen verlieren, trotz wertvoller nationaler genetischer Ressourcen und ABS-Schutz durch das Nagoya-Protokoll.

Ausweg aus dieser komplexen und für alle Parteien (Bereitsteller, mBRC, Privatsektor) wenig zufriedenstellenden Ausgangssituation bietet die Etablierung

einer spezialisierten Pay-to-License Sammlung von Mikroorganismen, mittels derer die mBRCs eine objektive Vermittler-Rolle zwischen Bereitsteller und privatem Sektor einnehmen.

Das Konzept sieht folgendes vor:

1. Bereitsteller-Länder können sich entschließen, potentiell bioökonomisch wertvolle Mikroorganismen in eine spezialisierte Pay-to-License Sammlung eines Netzwerkes von mBRCs zu geben.
2. Das mBRC-Netzwerk verfügt über das noch aufzubauende technologische Potential, um ein pre-screening der spezialisierten Sammlung durchzuführen. Dies kann beinhalten
 - a) Wirkung des Zellextraktes gegen eine Auswahl klinisch relevanter Krankheitserreger
 - b) chemische Suche nach Sekundärmetaboliten (LC-MS/MS, NMR)
 - c) Genomsequenzierung und bioinformatische Detektion und Analyse von Genclustern, die für Sekundärmetabolite kodieren können
 - d) Sektor-spezifische phänotypische oder physiologische Messungen (Enzymaktivitäten, Metabolite, Chemotaxonomie).
3. Ein Teil dieser Informationen ist nach außen sichtbar, so dass unterschiedlichste Vertreter des privaten Sektors sich für eine exklusive Lizenzierung der entsprechenden Mikroorganismen und assoziierten Daten entscheiden können. In diesem Falle sind die entsprechenden genetischen Ressourcen für Dritte nicht mehr verfügbar.
4. Das mBRC-Netzwerk stellt den legalen Rahmen gemäß Nagoya-Protokoll zur Verfügung (PIC, MAT, MTA, trilaterale Verträge zur Gewährleistung eines fairen Vorteilsausgleiches).

Der Vorteil für Bereitsteller-Länder liegt darin, dass das mBRC-Netzwerk den legalen Rahmen gewährleistet und durch die noch aufzubauende Analyse-Technologie ein rasches pre-screening der genetischen Ressourcen auf potentielle bioökonomische Verwertbarkeit garantiert.

Der Vorteil für den privaten Sektor liegt darin, dass Bereitsteller-Länder und mBRCs für einen kontinuierlichen Zuwachs von potentiell bioökonomisch interessanten genetischen Ressourcen sorgen und erste wesentliche Informationen

zu der Biologie der genetischen Ressource bereitstellen. Ein weiterer Vorteil für den privaten Sektor ist die Sicherstellung des legalen Rahmens nach dem Nagoya-Protokoll durch das mBRC-Netzwerk.

Der Vorteil für das mBRC-Netzwerk ist deutlich erhöhte Sichtbarkeit für (a) die Bereitsteller-Länder und (b) den privaten Sektor. Beides wird die Sammlungsbreite sowie die analytische Kapazität des mBRC-Netzwerkes erhöhen.

Referenzen

Costanza, R., de Groot, R., Sutton, P., van der Ploeg, S., Anderson, S.J., Kubiszewski, I. et al. (2014) Changes in the global value of ecosystem services. *Global Environmental Change* 26: 152-158.

Fösel, B.U., Rohde, M., and Overmann, J. (2013) *Blastocatella fastidiosa* gen. nov., sp. nov., isolated from semiarid savanna soil - the first described species of Acidobacteria subdivision 4. *Syst Appl Microbiol* 36: 82-89.

Gich, F., Janys, M.A., König, M., and Overmann, J. (2012) Enrichment of previously uncultured bacteria from natural complex communities by adhesion to solid surfaces. *Environmental Microbiology* 14: 2984-2997.

Griffin, D.W. (2007) Atmospheric movement of microorganisms in clouds of desert dust and implications for human health. *Clinical Microbiology Reviews* 20: 459-477.

Overmann, J. (2015) Significance and future role of microbial resource centers. *Systematic and Applied Microbiology* 38: 258-265.

Environmental influence on variations in the intestinal microbiota of honey bees

Paul D'Alvise¹, Peter Rosenkranz², Martin Hasselmann¹

¹ Livestock Populations Genomics, Institute of Animal Science, University of Hohenheim, www.popgenomik.uni-hohenheim.de

² Apicultural State Institute, University of Hohenheim, www.bienenkunde.uni-hohenheim.de

Background

A balanced and functional microbiota is a paramount factor for the health and well-being of humans and husbandry animals.

*The honey bee *Apis mellifera* is our third most important husbandry animal, since it accounts for a major share of pollination of the agricultural flowering crops. However, during the past decade honey bees have suffered from increased rates of colony losses. Many of these losses are due to infectious diseases and the parasitic mite *Varroa destructor*¹, while some show the symptoms of colony collapse disorder² (CCD), which has not yet been fully elucidated.*

Objectives

This pilot project aims at investigating the composition of the honey bee's intestinal microbiota, as influenced by different environmental conditions. We will decipher whether the microbiota is correlated with the individual or colony health status and varies over time.

Methods

- *Dissection of gastrointestinal tracts (Fig. 1)*
- *Homogenisation and lysis by bead-beating (Fig. 2)*
- *DNA extraction*
- *16S-rRNA gene amplicon generation by PCR*
- *High-throughput sequencing (Illumina platform)*
- *Data analysis:*
 - *Quality control*
 - *OTU-calling by Minimum Entropy Decomposition*
 - *Quantitative analysis by BLAST and QIIME*



Fig. 1: *Dissection of gastrointestinal tracts*

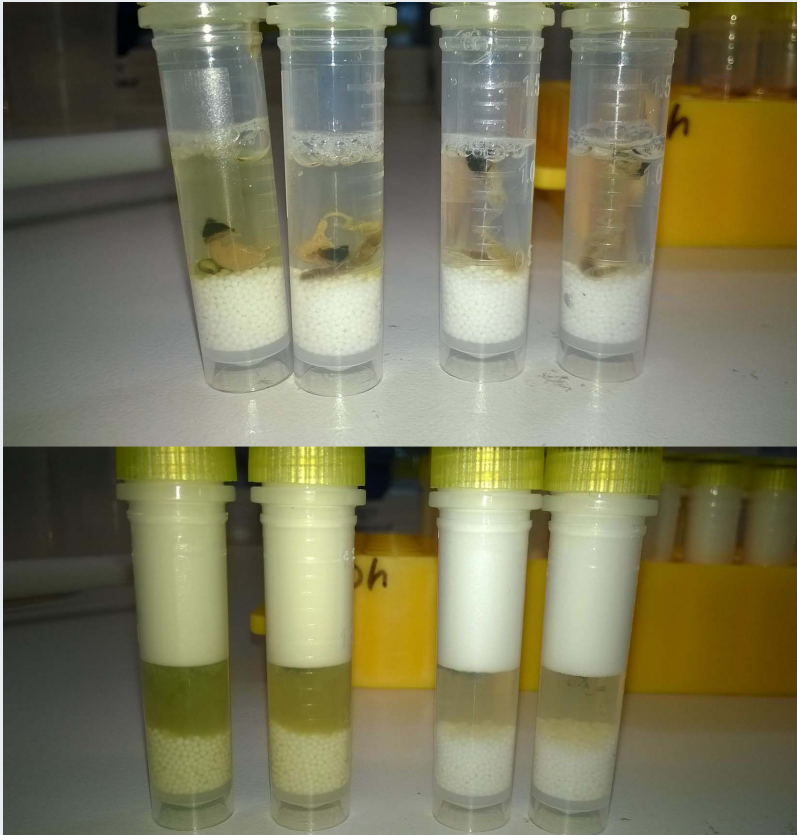


Fig. 2: Homogenisation and lysis by bead-beating

Preliminary results

- The microbial species composition previously described in American honey bees³ was reproduced in 24 samples by obtaining 20 million sequence reads (Fig. 3)
- The main resident microbial species are represented in all individuals, however their fraction percentage is highly variable among single individuals
- The effect of environmental influences (winter feed, pollen diversity, pesticides) is currently being investigated

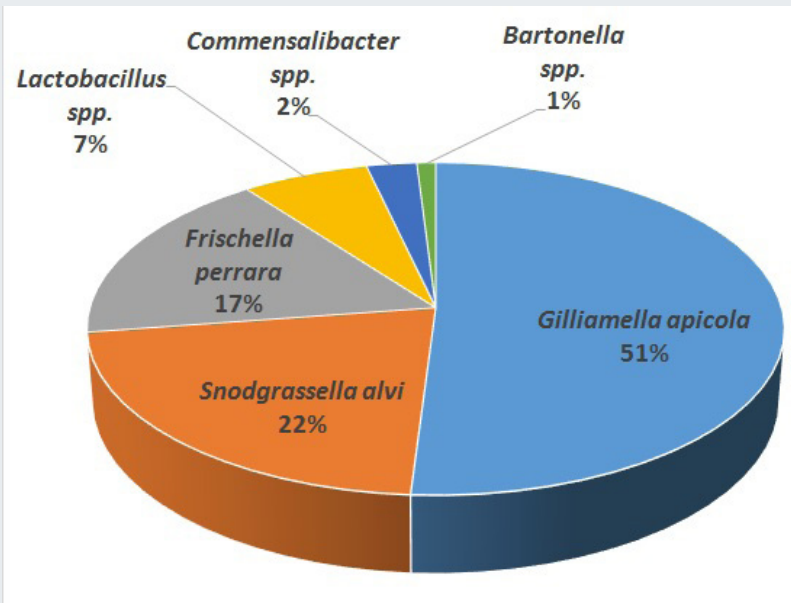


Fig. 3: Average summer community

Outlook

The results of the project will provide insight into the variability of the honey bee gut microbiome under various environmental influences. These insights will be of fundamental importance for a more comprehensive understanding of the dynamics between honey bees and their microbiota. In the long term, we plan to establish a sustainable approach for promoting the bee's health and preventing disease.

References

¹ Genersch E et al. (2010) *Apidologie* 41 332-352

² Cornman SR et al. (2012) *PLoS One* 7(8) e43562

³ Moran NA (2015) *Curr. Op. Insect Sci.* 10 21-28

Funding

*Ministerium für ländlichen Raum und Verbraucherschutz Baden-Württemberg;
MicroBee Project*

Endophytic Fungi – Boon or Bane?

A short introduction and overview of the project DEFENSE

Julia König, Jochen Krauß

Department of Animal Ecology and Tropical Biology, Biocenter, University of Würzburg

Introduction

Endophytic Fungi in Grasses

Grass endophytes are due to their economic importance of high interest. The most prominent endophytic fungi interact with cool season grasses (Poaceae, Pooideae) and belong to the genera *Epichloë* (Clay & Schardl 2002). They colonize internal tissue of areal parts.

The sexual forms of *Epichloë* are parasites of grasses. The asexual forms (formerly *Neo-*



Fig. 2 Defence of endophyte produced alkaloids against herbivores.

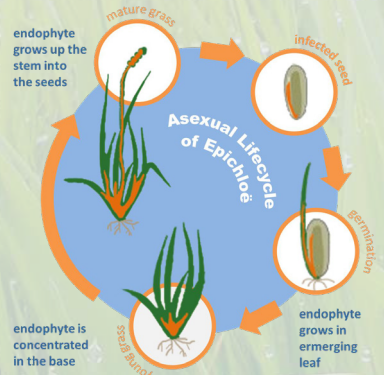


Fig. 1 Life cycle of asexual endophytic fungi in grass. (www.grasslanz.com)

typhodium) cause no visible symptoms and are exclusively transmitted vertically through seeds of the hosts (Schardl et al. 2004; Fig. 1).

For defence against herbivores, the *Epichloë* endophyte produces toxic alkaloids, which are also responsible for the poisoning of grazing animals and domestic livestock (fescue toxicosis, ryegrass stagger, drunken horse syndrome; Bacon et al. 1986).

The alkaloids lolines and peramine are insect toxic, while the ergot alkaloids and lolitrem act mainly as neuro-toxins in vertebrates (Schardl et al. 2004; Fig. 2).

The distribution of grass endophytes in Germany is not well studied and effects of land-use intensity on endophyte occurrence and abundance is unknown.

Julius-Maximilians-

**UNIVERSITÄT
WÜRZBURG**



References:

Clay, K. and Schardl, C. (2002): Evolutionary origins and ecological consequences of endophyte symbiosis with grasses. *Annual Review of Plant Biology*, 53, 589-610.
Schardl, C., Leuchtman, A. and Spiering, M.J. (2004): Symbioses of grasses with seedborne fungal endophytes. *Annual Review of Plant Biology*, 55, 529-550.
Bacon, C.W., Lyons, P.C., Porter, J.K. and Robbins, J.D. (1986): Ergot toxicity from endophyte-infected grasses – a review. *Ag*

Contact: julia.koenig@uni-wuerzburg.de • Project-Webpage: <http://www.grasslanz.com>

DEFENSE

Dependence of Endophytic Fungus-Grass Symbioses on Land-use Intensity

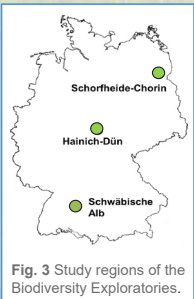


Fig. 3 Study regions of the Biodiversity Exploratories.

Since May 2014, DEFENSE is a project within the large-scale project **Biodiversity Exploratories** within Germany.

Study sites are located in three geographically separated regions, which comprises most of the variation of land use intensity of grasslands (Fig. 3, 4).

Main aims of DEFENSE are the determination of infection frequencies in different grass species and analysing the concentration of the endophyte produced alkaloids.



Fig. 4 Important land use factors on grasslands.

Since 2014, all study sites were visited and sampled three times. Fungi were detected by Immunoblot Assays and microscopic analyses. The alkaloid concentrations were analysed by UHPLC-MS.

Infection frequencies depend on the endophyte-grass symbioses (Tab. 1) and the detected alkaloid concentration did not reach critical toxic levels in *Lolium perenne* (Tab. 2).

Further steps will be analysing the effects of land-use intensity and dependency of agricultural management on infection frequencies of the different endophyte-grass symbioses and alkaloid concentrations.

Infection frequencies

Host grass	ALB	HAI	SCH	TOTAL
<i>Lolium perenne</i>	10,6 %	12,9 %	14,7 %	13,0 %
<i>Festuca pratensis</i>	44,8 %	58,2 %	52,8 %	63,1 %

Tab. 1 Infection frequencies of *Lolium perenne* and *Festuca pratensis* for the years 2014/15. The infection rates between species differ, with higher infections in *F. pratensis*. Intraspecific frequencies are consistent among the different regions.

Peramine

samples [%]	concentration [$\mu\text{g/g}$]
48	0 - 0,5
28	0,5 - 0,9
22	0,9 - 2,0
2	> 2,0
Max.	2,5 $\mu\text{g/g}$

Tab. 2 Concentration ranges of peramine and lolitrem B in *Lolium perenne* samples of 2014. Two samples reach a toxicity level (threshold for peramine 3 $\mu\text{g/g}$ in insects, threshold for lolitrem B 2 $\mu\text{g/g}$ in vertebrates).

Lolitrem B

samples [%]	concentration [$\mu\text{g/g}$]
18	0
57	0 - 0,5
19	0,5 - 0,9
6	0,9 - 2,0
Max.	1,9 $\mu\text{g/g}$

BonaRes Modul A: Projektverbund INPLAMINT

INcreasing agricultural nutrient-use efficiency by optimizing PLAnt-soil-MIcroorganism INTeractions

N. Brüggemann¹, M. Armbruster¹⁰, R. Bol¹, M. Bonkowski², H. Kage³,
S. Kätsch⁵, R. Koller⁴, K. Lemanski², M. Müller-Lindenlauf⁵, I. Pahlmann³,
G. Reinhardt⁶, R. Reichel¹, N. Rettenmaier³, M. Rillig⁷, S. Rothardt³, J. Roy⁷,
P. Schröder⁸, M. Schloter⁸, C. Schmid⁸, V. Temperton⁹, R. van Duijnen⁹

¹ Forschungszentrum Jülich GmbH, IBG-3 Agrosphäre (FZJ); ² Universität zu Köln, Terrestrische Ökologie (UCo); ³ Christian-Albrechts-Universität zu Kiel Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung (UKiel); ⁴ Forschungszentrum Jülich GmbH, IBG-2; ⁵ Hochschule für Wirtschaft und Umwelt Nürtingen-Geislingen (HfWU); ⁶ Institut für Energie- und Umweltforschung Heidelberg (IFEU); ⁷ Freie Universität Berlin, Institut für Biologie (FUB); ⁸ Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt GmbH, Environmental Genomics (HMGU); ⁹ Leuphana Universität Lüneburg, Ecosystem Functions & Services (ULün); ¹⁰ Landwirtschaftliche Untersuchungs- und Forschungsanstalt (LUF) Speyer.

Excessive fertilizer use in agriculture leads to nutrient imbalances and losses leading to surface and groundwater pollution as well as increased greenhouse gas emissions. Agriculture has to find ways to minimize this nutrient inefficiency, while maintaining or even increasing crop productivity and quality. The INPLAMINT project is motivated by the central hypothesis that novel plant cultivation strategies directed towards “engineering” the complex nutrient cycling interactions between plants and soil microorganisms, combined with improved timing of fertilizer and soil amendment applications, are the key to optimizing nutrient use efficiency of crop production.

Central hypothesis

Novel plant cultivation strategies directed towards “engineering” the soil microbial community, combined with targeted fertilizer and soil amendment application schemes, are the key to optimizing nutrient use efficiency of crop production

The overall objective of this project is to elucidate the key processes governing nutrient turnover and fluxes in the plant–soil–microbial system, assess their importance for nutrient-efficient agricultural production, optimize the use and timing of the main nutrients, and derive suitable management options for optimizing nutrient-use efficiency in agricultural production.

The project aims at understanding

Plant- & management-induced microbial biodiversity and activity patterns	Relationship of microbial activity patterns to crop sequences and soil nutrient status
Stoichiometric nutrient demand of microorganisms and plants	Synchrony/asynchrony and competition of plant and microbial nutrient demand
Pathways of nutrient losses under conditions of stoichiometric imbalances	Short-term vs. long-term plant-soil-microbial interactive effects

The project work will be conducted in three different phases of three years each. In this first three-year phase, the basic mechanisms of plant–soil–microorganism interactions as a function of crop rotation, soil type, fertilization and soil amendment regime as well as temperature and moisture will be investigated. The tasks are carried out in laboratory and at three field sites:

- *Speyer (LUFA): long-term nitrogen fertilization with different amendments*
- *RWE open-cast mining site near Jülich: time since soil recultivation*
- *Multi-factorial field experiment with crop sequences with winter oilseed rape (WOSR) & grain legumes combined with winter wheat and winter barley to develop novel management options for buffering excess N after harvest*

Expected results		
<p>Phase I (2015-2017) Basic mechanisms</p> <ul style="list-style-type: none"> • Plant-species effects • Transferability lab–field • Seasonal and interannual variability • Stoichiometric effects • Development of novel management options for increasing N use efficiency • Development of a model for socioeconomic and environmental impact assessment and screening analysis of novel management options 	<p>Phase II (2018-2020) Global change effects</p> <ul style="list-style-type: none"> • Analysis of IOSDV soils along a European climate transect • Investigating climate change effects in lab & field studies • Pesticide effects • Development of novel management options for increasing nutrient use efficiency under different climatic conditions • In depth analysis of socioeconomic and environmental impacts of novel management options 	<p>Phase III (2021-2024) Implementation</p> <ul style="list-style-type: none"> • Implementation of the improved management options at real farms and marginal field sites • Feasibility test • Evaluation of field experiences for socioeconomic and environmental impacts • Final recommendations for alternative management options and crop sequences • Stakeholder guide booklet

The interdisciplinary INPLAMINT team of ten project partners will concentrate on: (1) characterization of the soil microbiome as a function of long-term nitrogen fertilization with different substrates (mineral, farmyard manure, crop residues plus catch crops) and of time since soil recultivation; (2) investigating the effect of different fertilization and soil amendment regimes, varying in amount, timing and substrate stoichiometry, on nutrient dynamics in the plant–soil–microbial system; (3) developing novel management options on the basis of substrate-induced microbial N immobilization for buffering excess N after harvest; (4) assessment of environmental and socioeconomic effects and screening assessment of novel management options. In the second three-year phase of the project, the emphasis will be on global change effects. In the third phase of the project, the new management options developed in phase I and II of the project will be implemented at different farms and at marginal field sites with different soil properties and will be tested under real-world conditions. The ultimate goal of the project is to develop widely applicable novel management options to optimize nutrient-use efficiency by utilizing and manipulating plant–soil–microorganism interactions.

Phenotyping plant-biotic interactions above- and belowground using non-invasive technologies

Robert Koller, Siegfried Jahnke, Dagmar van Dusschoten, Ralf Metzner, Fabio Fiorani, Mark Müller-Linow, Daniel Pflugfelder, Kerstin A. Nagel, Uli Schurr and Michelle Watt

Forschungszentrum Jülich GmbH, Institute of Bio- and Geosciences, IBG-2: Plant Sciences, 52425 Jülich, Germany





Individual plants vary in their capability to respond to environmental changes. The plastic response of a plant determines the ability to mitigate environmental constraints, ensuring growth and reproduction (Chapin et al., 1987) and thus their evolutionary and agricultural success (Fiorani et al., 2012). For instance domestication has led to dramatic morphological and physiological changes in crop species (Koellner et al., 2008; Bellucci et al., 2014; Gioia et al., 2015) which may cause drawbacks under adverse conditions.

Plant phenotyping aims at providing quantitative and novel traits of plants, both above and below ground, which are critical in responding to dynamic changes of the environment and may help to improve our knowledge on plant growth and yield (Dhondt et al., 2013; Fiorani & Schurr, 2014). Identifying plant traits which are beneficial in abiotic and biotic interactions needs measurements of large numbers of plants and plant parameters, because phenotypic responses are continuous and mostly non-linear in space and time (Sultan, 2003; Fiorani & Schurr, 2014; Jansen et al., 2014).

At Forschungszentrum Jülich we develop and provide non-invasive 2D and 3D imaging technologies for a holistic characterization of plant performance (Table 1), helping to select traits and genotypes sensitive for abiotic and biotic interactions. This includes automated cultivation systems, precise environmental monitoring,

and information technology for data management (Fiorani & Schurr, 2014; Krajewski et al., 2015). Overall, non-invasive phenotyping technologies enable investigating plant responses to combined abiotic-biotic interactions and we are convinced that this approach will accelerate crop improvement in a modern crop management.

Table 1: Examples of non-invasive phenotyping platforms for routine and quantitative monitoring of shoot and root structure and function (parameters), target plants and experimental factors (Factors) available at Institute of Bio- and Geosciences, IBG-2: Plant Sciences, Forschungszentrum Jülich

	PLATFORM	PARAMETERS	TARGET PLANTS	FACTORS	REFERENCES
Screen chamber		Shoot phenotyping <ul style="list-style-type: none"> • Leaf area • Shoot geometry • PSII fluorescence 	<ul style="list-style-type: none"> • Arabidopsis • Rosette species 	<ul style="list-style-type: none"> • Reduced water • Nutrients (N, P) • Temperature • CO₂ concentration 	<ul style="list-style-type: none"> • Jansen et al. (2009) • Barboza-Barquero et al. (2015)
GROWSCREEN-Rhizo		Root and shoot phenotyping <ul style="list-style-type: none"> • Leaf area • Root length • Root density • Root geometry 	<ul style="list-style-type: none"> • Monocots • Dicots 	<ul style="list-style-type: none"> • Nutrients (N,P) • Reduced water • Soil compaction 	<ul style="list-style-type: none"> • Nagel et al. (2012) • Pfeifer et al. (2014) • Gioia et al. (2015)
MRI of plants		3D root phenotyping <ul style="list-style-type: none"> • Length • Density • Geometry • Diameter 	<ul style="list-style-type: none"> • Monocots • Dicots 	<ul style="list-style-type: none"> • Nutrients (N,P) • Reduced water • Soil compaction • Pathogen infection 	<ul style="list-style-type: none"> • Jahnke et al. (2009) • Hillnhütter et al. (2012) • Metzner et al. (2015) • Schmittgen et al. (2015) • van Dusschoten et al. (2016)
Field-Lift		3D canopy phenotyping <ul style="list-style-type: none"> • Leaf counting • Leaf area • Leaf geometry • Ear tracking • PSII fluorescence 	<ul style="list-style-type: none"> • Monocots • Dicots 	<ul style="list-style-type: none"> • Nutrients (N,P) 	<ul style="list-style-type: none"> • Müller-Linow et al. (2015) • Rascher et al. (2009)

References

Barboza-Barquero L, Nagel KA, Jansen M, Klases JR, Kastenholz B, Braun S, Bleise B, Brehm T, Koornneef M, Fiorani F. 2015. Phenotype of *Arabidopsis thaliana* semi-dwarfs with deep roots and high growth rates under water-limiting conditions is independent of the GA5 loss-of-function alleles. *Annals of botany*.

Bellucci E, Bitocchi E, Ferrarini A, Benazzo A, Biagetti E, Klie S, Minio A, Rau D, Rodriguez M, Panziera A, et al. 2014. Decreased Nucleotide and Expression Diversity and Modified Coexpression Patterns Characterize Domestication in the Common Bean. *The Plant Cell Online*.

Chapin FS, Bloom AJ, Field CB, Waring RH. 1987. Plant Responses to Multiple Environmental Factors. *Bioscience* 37(1): 49-57.

Dhondt S, Wuyts N, Inzé D. 2013. Cell to whole-plant phenotyping: the best is yet to come. *Trends in plant science* 18(8): 428-439.

Fiorani F, Rascher U, Jahnke S, Schurr U. 2012. Imaging plants dynamics in heterogenic environments. *Current Opinion in Biotechnology* 23(2): 227-235.

Fiorani F, Schurr U. 2014. Future Scenarios for Plant Phenotyping. *Annual Review of Plant Biology*, Vol 64 64: 267-291.

Gioia T, Nagel KA, Beleggia R, Fragasso M, Ficco DBM, Pieruschka R, De Vita P, Fiorani F, Papa R. 2015. Impact of domestication on the phenotypic architecture of durum wheat under contrasting nitrogen fertilization. *Journal of Experimental Botany* 66(18): 5519-5530.

Hillnhütter C, Sikora RA, Oerke E-C, van Dusschoten D. 2012. Nuclear magnetic resonance: a tool for imaging belowground damage caused by *Heterodera schachtii* and *Rhizoctonia solani* on sugar beet. *Journal of Experimental Botany* 63(1): 319-327.

Jahnke S, Menzel MI, van Dusschoten D, Roeb GW, Bühler J, Minwuyelet S, Blümler P, Temperton VM, Hombach T, Streun M, et al. 2009. Combined MRI–PET dissects dynamic changes in plant structures and functions. *The Plant Journal* 59(4): 634–644.

Jansen M, Gilmer F, Biskup B, Nagel KA, Rascher U, Fischbach A, Briem S, Dreisen G, Tittmann S, Braun S, et al. 2009. Simultaneous phenotyping of leaf growth and chlorophyll fluorescence via GROWSCREEN FLUORO allows detection of stress tolerance in *Arabidopsis thaliana* and other rosette plants. *Functional Plant Biology* 36(11): 902–914.

Jansen M, Pinto F, Nagel K, van Dusschoten D, Fiorani F, Rascher U, Schneider H, Walter A, Schurr U. 2014. Non-invasive phenotyping methodologies enable the accurate characterization of growth and performance of shoots and roots. *Genomics of plant genetic resources*: 173 – 206.

Koellner TG, Held M, Lenk C, Hiltbold I, Turlings TCJ, Gershenzon J, Degenhardt J. 2008. A maize (*E*)-beta-caryophyllene synthase implicated in indirect defense responses against herbivores is not expressed in most American maize varieties. *Plant Cell* 20(2): 482–494.

Krajewski P, Chen D, Ćwiek H, van Dijk ADJ, Fiorani F, Kersey P, Klukas C, Lange M, Markiewicz A, Nap JP, et al. 2015. Towards recommendations for meta-data and data handling in plant phenotyping. *Journal of Experimental Botany* 66(18): 5417–5427.

Metzner R, Eggert A, van Dusschoten D, Pflugfelder D, Gerth S, Schurr U, Uhlmann N, Jahnke S. 2015. Direct comparison of MRI and X-ray CT technologies for 3D imaging of root systems in soil: potential and challenges for root trait quantification. *Plant Methods* 11: 11.

Müller-Linow M, Pinto-Espinosa F, Scharr H, Rascher U. 2015. The leaf angle distribution of natural plant populations: assessing the canopy with a novel software tool. *Plant Methods* 11(1): 1–16.

Nagel KA, Putz A, Gilmer F, Heinz K, Fischbach A, Pfeifer J, Faget M, Blossfeld S, Ernst M, Dimaki C, et al. 2012. GROWSCREEN-Rhizo is a novel phenotyping robot enabling simultaneous measurements of root and shoot growth for plants grown in soil-filled rhizotrons. *Functional Plant Biology* 39(11): 891-904.

Pfeifer J, Faget M, Walter A, Blossfeld S, Fiorani F, Schurr U, Nagel KA. 2014. Spring barley shows dynamic compensatory root and shoot growth responses when exposed to localised soil compaction and fertilisation. *Functional Plant Biology* 41(6): 581-597.

Rascher U, Agati G, Alonso L, Cecchi G, Champagne S, Colombo R, Damm A, Daumard F, de Miguel E, Fernandez G, et al. 2009. CEFLES2: the remote sensing component to quantify photosynthetic efficiency from the leaf to the region by measuring sun-induced fluorescence in the oxygen absorption bands. *Biogeosciences* 6(7): 1181-1198.

Schmittgen S, Metzner R, van Dusschoten D, Jansen M, Fiorani F, Jahnke S, Rascher U, Schurr U. 2015. Magnetic resonance imaging of sugar beet taproots in soil reveals growth reduction and morphological changes during foliar *Cercospora beticola* infestation. *Journal of Experimental Botany* 66(18): 5543-5553.

Sultan SE. 2003. Phenotypic plasticity in plants: a case study in ecological development. *Evolution & development* 5(1): 25-33.

van Dusschoten D, Metzner R, Kochs J, Postma JA, Pflugfelder D, Bühler J, Schurr U, Jahnke S. 2016. Quantitative 3D Analysis of Plant Roots Growing in Soil Using Magnetic Resonance Imaging. *Plant Physiology* 170: 1-3.

Multiple Wirkungen insektenpathogener Pilze in Agrarkultursystemen

S. Lerche und M. Müller

Leibniz-Zentrum für Agrarlandschaftsforschung (ZALF) e.V., Institut für Landschaftsbiogeochemie, Müncheberg

Hintergrund

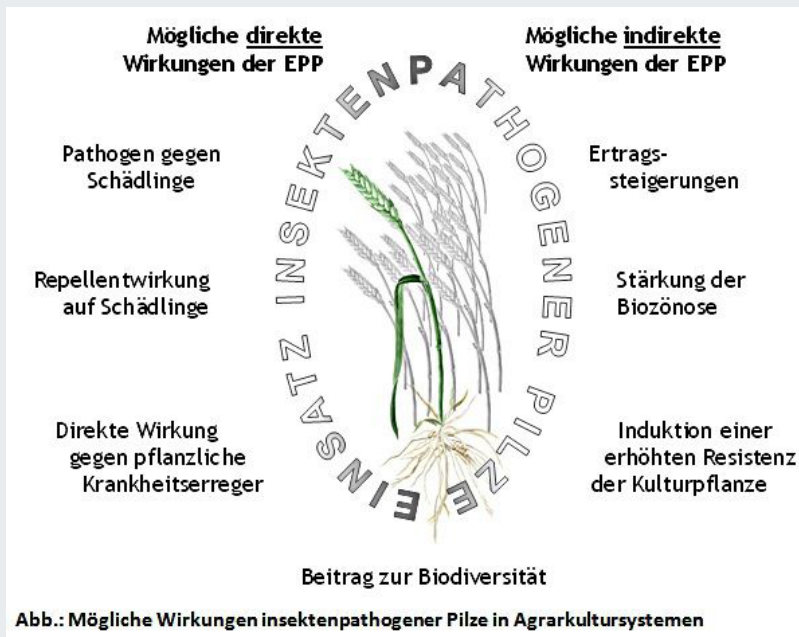
Insektenpathogene = entomopathogene Pilze (EPP) werden weltweit kommerziell produziert und im Rahmen des biologischen Pflanzenschutzes seit Jahrzehnten zur Kontrolle wirtschaftlich bedeutsamer, wirbelloser Gliederfüßer eingesetzt (de Faria & Wraight 2007). Darüber hinaus besitzen diese natürlich vorkommenden Organismen in agrarrelevanten Ökosystemen große Bedeutung. In den vergangenen Jahren sind daher zusätzliche Eigenschaften dieser Pilze in den Fokus der Aufmerksamkeit gerückt, die positiven Einfluss auf die Produktion von Kulturpflanzen – unter Berücksichtigung nichtchemischer Pflanzenschutzmaßnahmen – haben können.

1. Mögliche direkte Wirkungen der EPP

EPP sind in Insektengemeinschaften in der Agrarbiozönose vorhanden. Die Pilze verbreiten sich natürlicherweise und führen durch ihre Pathogenität zu einer Reduktion der Wirtspopulation. Dabei können regelmäßig Epizootien beobachtet werden. Zudem haben EPP einen Repellenteffekt, d. h. Wirtsinsekten meiden Umgebungen, an denen sie infektiösem Pilzmaterial ausgesetzt sind. Direkte Wirkungen sind jedoch nicht nur gegen Wirtsinsekten, sondern auch gegen pflanzenpathogene Pilze nachgewiesen worden (Nielsen & Hajek 2005; Scholte et al. 2005; Kim et al. 2007; Chen et al. 2008; Jackson et al. 2009; Kim et al. 2010; Johne et al., 2012; Rashki & Hirvani 2013).

2. Mögliche indirekte Wirkungen der EPP

Diese indirekten Wirkungen ergeben sich u. a. aus der Fähigkeit einiger EPP, innerhalb der Pflanze, ohne Symptomausprägung, zu wachsen (endopyhtisches Wachstum). Dadurch konnten bei Kulturpflanzen Resistenzinduktion gegen Pflanzenpathogene und Wachstumssteigerungen erzielt werden. Die ersten positiven Ergebnisse aus der Praxisanwendung bestätigen die Bedeutung dieser indirekten Wirkungen (Benhamou 2004; Ownley et al. 2010; Dara 2013).



Mögliche Wirkungen insektenpathogener Pilze in Agrarkultursystemen

Fazit

Der biologische Wert von EPP liegt weit über dem der bloßen Anwendung als biologisches Kontrollmittel gegen Pflanzenschädlinge. Aufgrund dieses besonderen Potentials der EPP werden am ZALF Untersuchungen zur multiplen Interaktion der Pilze in agrarrelevanten Biozönosen und deren Einfluss auf die Kulturpflanze zur Sicherung und Steigerung des Pflanzenertrages und der Qualität des Erntegutes durchgeführt.

Literatur

Benhamou, N. (2004): Potential of the mycoparasite, *Verticillium lecanii*, to protect citrus fruit against *Penicillium digitatum*, the causal agent of green mold: A comparison with the effect of chitosan. *Phytopathology* 94(7): 693–705

Dara, S.K. (2013): Entomopathogenic fungus *Beauveria bassiana* promotes strawberry plant growth and health. eNewsletter on production and pest management practices for strawberries and vegetables: <http://ucanr.edu/blogs/blogcore/postdetail.cfm?postnum=11624>; 27.01.2016

Feng, C.L.; Li, Z.Y.; Feng, M.G. (2007): Occurrence of entomopathogenic fungi in migratory alate aphids in Yunnan Province of China. *BioControl* 53(2): 317–326

Jackson, D. Vandermeer, J.; Perfecto, I. (2009): Spatial and Temporal Dynamics of a Fungal Pathogen Promote Pattern Formation in a Tropical Agroecosystem. *Open Ecol. J.* 2: 62–73

Johny, S.; Kyei-Poku, G.; Gauthier, D.; Frankenhuyzen, K.V. Krell, P.J. (2012): Characterization and virulence of *Beauveria* spp. recovered from emerald ash borer in southwestern Ontario, Canada. *J. Invertebr. Pathol.* 111(1): 41–49

Kim, J. J.; Goettel, M. S.; Gillespie, D. R. (2007): Potential of *Lecanicillium* species for dual microbial control of aphids and the cucumber powdery mildew fungus, *Sphaerotheca fuliginea*. *Biological Control* 40: 327 – 332

Kim, J. J.; Goettel, M. S.; Gillespie, D. R. (2010): Potential of *Lecanicillium* species for dual microbial control of aphids and the cucumber powdery mildew fungus, *Sphaerotheca fuliginea*. *Biological Control* 40: 327 – 332

de Faria, M. R.; Wraight, S. P. (2007): Mycoinsecticides and Mycoacaricides: A comprehensive list with worldwide coverage and international classification of formulation types. *Biological Control* 43: 237 – 256

Nielsen, C.; Hajek, A.E. (2005): Control of Invasive Soybean Aphid, *Aphis glycines* (Hemiptera: Aphididae), Populations by Existing Natural Enemies in New York State, with Emphasis on Entomopathogenic Fungi. *Environ. Entomol.* 34(5): 1036-1047

Ownley, B. H.; Gwinn, K. D.; Vega, F. E. (2010): Endophytic fungal entomopathogens with activity against plant pathogens: ecology and evolution. *BioControl* 55: 113 – 128

Rashki, M.; Hirvani, A.S. (2013): The effect of entomopathogenic fungus, *Beauveria bassiana* on life table parameters and behavioural response of *Aphis gossypii*. *Bul. Insectol.* 66(1): 85-91

Scholte, E.-J.; Knols, B.G.J.; Takken, W. (2005): A study on avoidance and repellency of the African malaria vector *Anopheles gambiae* upon exposure to the entomopathogenic fungus *Metarhizium anisopliae*. *Proc. Neth. Entomol. Soc.* 16: 131-138

Vega, F. E.; Goettel, M. S.; Blackwell, M.; Chandler, D.; Jackson, M. A.; Keller, S.; Koike, M.; Maniania, N. K.; Monzon, A.; Ownley, B. H.; Pell, J. K.; Rangel, D. E. N.; Roy, H. E. (2009): Fungal Entomopathogens: New insights on their ecology. *Fungal Ecology* 2: 149 – 159

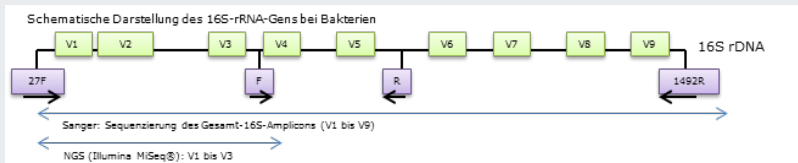
Vorteile und limitierende Faktoren der 16S-rRNA-Gensequenzierung zur Identifizierung von Bakterien

M. Naggert, selekt-ID BIOLABS GmbH

Eine reproduzierbare, schnelle und kostengünstige Methode zur Bestimmung von (pathogenen) Bakterien, Hefen und Pilzen ist ein wichtiger Aspekt in der täglichen diagnostischen Arbeit. Klassische morphologische Methoden haben den Nachteil, dass diese zeitintensiv (>48h) sind, nicht-kultivierbare Stämme können nicht analysiert werden und bei pathogenen Keimen liegt eine (potentielle) Gefährdung der Mitarbeiter vor. Auf der ribosomalen DNA (rDNA) existieren hochvariable Abschnitte, welche durch stark konservierte Bereiche flankiert sind. Daher eignen sich diese optimal, um eine Keimdifferenzierung bis auf Artebene durch Sequenzvergleich durchzuführen.

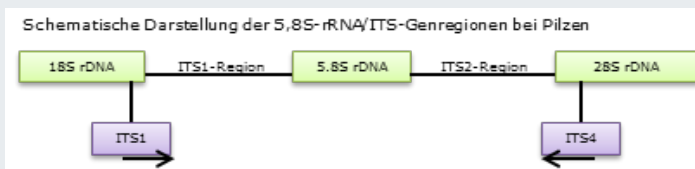
Methodik der 16S-rRNA-Gensequenzierung: Bei Bakterien wird das 16S-rRNA-Gen untersucht, da in den hochkonservierten Randbereichen universelle Primer designt werden konnten, welche die meisten gram-positiven wie auch gram-negativen Bakterien amplifizieren - durch eine Mischung unterschiedlicher PCR-Primer konnte die Effizienz der von selekt-ID optimierten PCR auf ca. 98% gesteigert werden.

Zunächst wird die DNA extrahiert, anschließend wird eine PCR der Targetregion durchgeführt. Die PCR-Produkte werden sequenziert und die Sequenzen mit Datenbanken abgeglichen. Aufgrund der Homologie kann eine Aussage über die Identität getroffen werden. Die von selekt-ID verwendeten Datenbanken basieren auf den Einträgen von NCBI (National Center for Biotechnology Information) und wurden durch interne Analysen und externe Kooperationen validiert.



Reinkulturen: Hier wird die gesamte 16S rDNA (ca. 1450 bp) sequenziert (Sanger)

Mischkulturen: Aufgrund der limitierten Leselänge der Next Generation Sequenzierertechnologie (NGS) können derzeit nur ca. 500 bp große Abschnitte untersucht werden. Wir sequenzieren in der Regel V1 bis V3, in den meisten Publikationen wurde ebenfalls diese Region betrachtet. Alternativ kann auch V3 bis V5 analysiert werden.



Auch Hefen und Pilze können über Sequenzvergleich differenziert werden: Hier wird die 5,8S-rRNA/ITS-Genregion (Internal Transcribed Spacer) betrachtet, welche zwischen den 18S- und 28S- rRNA Genen lokalisiert ist.

Limitierende Faktoren:

- Wie bei jeder Methode, die auf Datenbankabgleich basiert: Die Qualität der Datenbank: Wir nutzen die BLAST (Basic Local Alignment Search Tool)-Funktion von NCBI (National Center of Biotechnology Information). Diese Datenbank wird täglich mit weiteren Datensätzen gefüllt; dies ist sogleich Vorteil (Aktuell) wie Nachteil (Daten oft nicht validiert). Daher nutzten wir weitere intern gewonnene Informationen, aber auch Daten aus externen Kooperationen, um die Ergebnisse des NCBI- Datenbankabgleichs zu validieren.
- Die Unterschiede in der Sequenz: Um die Spezies eindeutig bestimmen zu können, muss sich die spezifische DNA-Sequenz signifikant von anderen

Stämmen unterscheiden. Ist dies nicht der Fall, kann nicht eindeutig bis zur Speziesebene differenziert werden. Stämme, welche sich nicht signifikant voneinander unterscheiden, werden in taxonomischen Gruppen zusammengefasst.

- Wenn das 16S-rRNA-Gen in mehreren unterschiedlichen Kopien vorliegt, kann keine eindeutige Sequenzinformation mit der Sangersequenzierung generiert werden.

Vorteile in der Diagnostik: Im Gegensatz zu klassischen mikrobiologischen Methoden bei der Keimidentifizierung können PCR-basierte Diagnostikverfahren innerhalb kurzer Zeit durchgeführt werden. Eine über Nacht Inkubation der Kultur ist nicht unbedingt nötig, da im ersten Schritt die DNA extrahiert wird und nur eine sehr geringe Menge als Template für die PCR benötigt wird. So können pathogene Keime und auch schwer oder gar nicht kultivierbare Organismen durch 16S/ITS-Diagnostik identifiziert werden. Durch eine robuste PCR sind die Ergebnisse reproduzierbar und durch parallele Bearbeitung im Hochdurchsatz kostengünstig realisierbar.

Fazit: Durch Sequenzvergleich des 16S-rRNA-Gens, bzw. der ITS-Region, kann schnell und zuverlässig eine taxonomische Bestimmung einer unbekanntes Kultur durchgeführt werden. Durch parallele Bearbeitung ist eine Hochdurchsatzanalyse möglich, wodurch die Kosten minimiert werden können. Da nicht bei allen Arten signifikante Unterschiede im zu untersuchenden Gen vorkommen, werden teilweise Keime in taxonomischen Gruppen zusammengefasst. Um eine Differenzierung auf Spezies/Subspeziesebene zu erreichen, muss eine Kombination mit alternativen Methoden erfolgen, welche sich je nach Gattung unterscheidet. Die genaue Kombination ist derzeit Gegenstand der Forschungsarbeiten der selekt-ID BIOLABS GmbH.

Ausblick: Durch die NGS Technologie kann schnell und günstig eine Aussage über die Zusammensetzung von Mischkulturen getroffen werden. So können Mikrobiome genauer analysiert werden, wie die Darmflora. Auch qualitative und semi-quantitative Analysen von Mischproben, bspw. Umweltproben wie Boden- und Futtermittelproben auf mikrobiologische Belastungen sind darstellbar. Die Interaktionen einzelner Keime kann so analysiert werden: Dies ist sowohl bei der Betrachtung der Pathogenität (welche Keime verstärken die Aus-

wirkungen der pathogenen Keime) als auch bei der Betrachtung von inhibierenden Faktoren bei Medikamentengabe eine wichtige Information zur Festlegung der richtigen Antibiose.

Kurzbeschreibung der selekt-ID BIOLABS GmbH:

Die selekt-ID BIOLABS GmbH bietet diverse molekularbiologische Dienstleistungen an und hat sich auf PCR-basierte Nachweisverfahren spezialisiert. Das Portfolio umfasst u.a.:

- Identifikation von Mikroorganismen durch Sequenzvergleich der 16S- bzw. ITS-Region
- Nachweis von Tierarten in Fleischprodukten
- GVO-Analytik

Durch enge Kooperation mit unserem Partnerlabor für Mikrobiologie und Lebensmittelanalysen können wir auch das gesamte Spektrum der mikrobiologischen Methoden, akkreditiert nach ISO17025, anbieten.

Kontakt:

selekt-ID BIOLABS GmbH, Ostendstr. 25, 12459 Berlin
T: +49 30 53010 750, F: +49 30 53010 751, M +49 176 21205712
Michael Naggert, naggert@selekt-ID.de, www.selekt-ID.de

Ökosysteme: Partner der Landwirtschaft

EU-Projekt Liberation

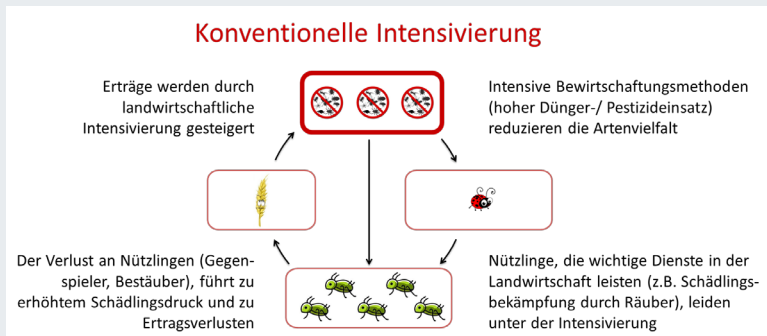
Sarah Redlich, Matteo Dainese, Emily Martin, Audrey St-Martin,
Ingolf Steffan-Dewenter

Julius-Maximilians-Universität Würzburg, Lehrstuhl für Tierökologie und Tropenbiologie, Biozentrum

Ansprechpartnerin: sarah.redlich@uni-wuerzburg.de

Problematik

Weltweit steigt die Nachfrage nach landwirtschaftlichen Erzeugnissen, vor allem Biogasprodukten (z.B. Mais, Raps), um den wachsenden Energie- und Lebensmittelbedarf zu stillen. Eine weitere konventionelle Intensivierung der Landwirtschaft ist ohne gravierende Nachteile für die Umwelt nicht möglich (Abb. 1).



Lösungsansatz

“Ökologische Intensivierung“ = Die Kräfte der Natur nutzen!

Eine Vielzahl an Organismen in der Agrarlandschaft bieten positive ökologische Leistungen wie Schädlingsbekämpfung und Bestäubung von Nutzpflanzen. Diese Nützlinge profitieren von guten Umwelt- und Lebensraumbedingungen.



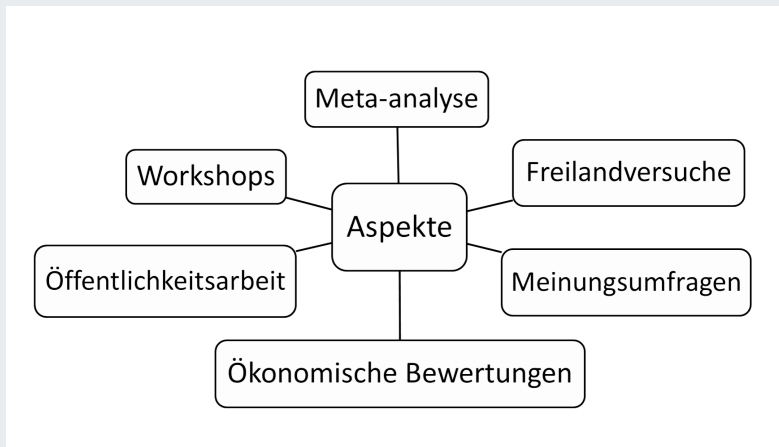
EU-Projekt “Liberation“

Die sieben europäischen Projektpartner untersuchen, ob der Ansatz der ökologischen Intensivierung erfolgreich umgesetzt werden kann.

Fragestellungen

- Welche Bedeutung hat Artenvielfalt für den Erhalt ökologischer Leistungen?
- Steigern Bestäuber und Gegenspieler landwirtschaftliche Erträge?
- Wie hängen Bestäubung, Schädlingskontrolle und Bodengesundheit zusammen?
- Welche sozio-ökonomischen, ökologischen, politischen und unternehmerischen Auswirkungen hat das Konzept der “ökologischen Intensivierung“?
- Welche Landschaftsmerkmale und Umweltmaßnahmen fördern Artenvielfalt?

Aspekte des Projektes



Am Ende des Projekts sollen Empfehlungen für Politik und Landwirtschaft stehen – etwa Aussagen darüber, mit welchen Produktionsmethoden und mit welcher Gestaltung der Agrarlandschaft sich der positive Einfluss der biologischen Artenvielfalt am besten zur Steigerung der Erträge nutzen lässt.

Untersuchungen

Freiland- und Gewächshausversuche in den Projektländern:

Bodengesundheit und Bestäubung (Foto 1)



Biologische Schädlingsbekämpfung (Foto 2)



Ertragsausgleich durch Mischkulturanbau bei Schädlingsbefall (Foto 3)



Großversuch in den sieben beteiligten Projektländern:
Landschaft, Bodengesundheit und Schädlingsbekämpfung (Foto 4)



Das LIBERATION Projekt („Linking farmland Biodiversity to Ecosystem seRvices for effective ecological intensificATIOn“) wird gefördert durch die Europäische Union unter der Fördernummer: 311781 (FP7)

Projektleitung: Prof. Dr. David Kleijn (Niederlande, Gesamtleitung), Prof. Dr. Ingolf Steffan-Dewenter (Deutschland). Website: www.fp7liberation.eu





www.mirri.org
info@mirri.org

Microbial Resource Research Infrastructure (MIRRI) – die Infrastruktur für Mikroorganismen und mikrobielle Fragestellungen

Manuela Schüngel, Erko Stackebrandt, MIRRI c/o Leibniz-Institut DSMZ, Braunschweig

Was ist MIRRI?

Im Rahmen der ESFRI-Initiative stellt MIRRI die europäische Infrastruktur für mikrobielle Ressourcenzentren dar. Die 44 beteiligten Partner arbeiten zurzeit an der Etablierung einer legalen Struktur (MIRRI-ERIC).



Unsere Mission...

MIRRI will

- ein breites Spektrum mikrobieller Biodiversität durch gezielte Sammlungspolitik erhalten
- den Zugriff auf mikrobielle Ressourcen und deren assoziierte Daten erleichtern
- die Interoperabilität von Sammlungs-internen und –externen Datenbanken ermöglichen
- Text- und Datamining in wissenschaftlichen Artikeln fördern
- das in den Sammlungen vorhandene (isolierte) Expertenwissen aktiv in die Wissenschaft einbringen
- einen rechtssicheren Umgang mit Ressourcen (-> Nagoya-Protokoll) ermöglichen
- in Deutschland durch die Bildung eines nationalen Netzwerkes dem Nutzer ein größeres Spektrum an Ressourcen anzubieten

MIRRI Collaborative Work Environment

Durch das MIRRI Collaborative Work Environment (CWE) als virtueller Zugang wird dem Nutzer ein Eintrittsportal zu allen potentiellen mikrobiellen Fragestellungen präsentiert. Über das *Gate to Resources & Data* können Ressourcen erworben werden, es besteht erweiterter Zugriff auf vorhandene Metadaten und von den Sammlungen angebotene Serviceleistungen. Interaktionen mit den Experten-Clustern, z.B. zum Thema Nagoya-Protokoll, können über das *Gate to Collaboration & Experts* initiiert werden. Zahlreiche Angebote zur Fort- und Weiterbildung werden über das *Gate to Training & Education* präsentiert.



Postnatale Entwicklung der Darmmikrobiota gesunder und kranker Kälber - prophylaktische und pathogenetische Bedeutung

Julia Friedl^{1,2}, Johann Bauer¹, Karin Schwaiger^{1,2}

¹Lehrstuhl für Tierhygiene, Technische Universität München, Freising-Weihenstephan

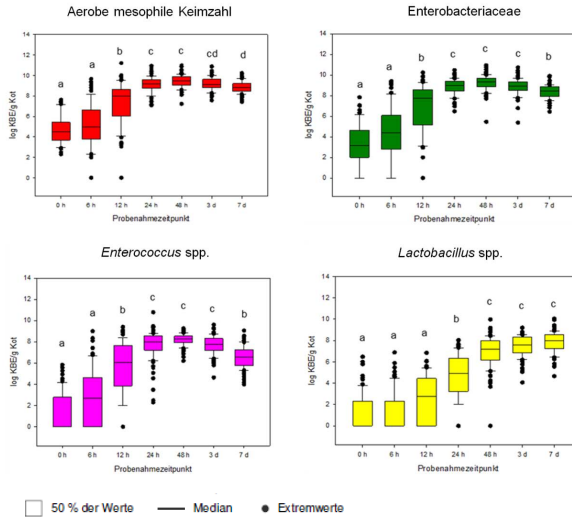
²Lehrstuhl für Lebensmittelsicherheit, Ludwig-Maximilians-Universität München, Oberschleißheim

Hintergrund: Neugeborenenidiarrhö stellt das wichtigste Problem in der Kälberaufzucht dar; etwa 80% aller infektiös bedingten Verluste sind auf Durchfall innerhalb der ersten 14 Lebenstage zurückzuführen. Die frühe bakterielle Kolonisierung ist wegweisend für die spätere intestinale Biodiversität mit erheblichen Auswirkungen auf die Wirtsgesundheit. Die Entwicklung der Darmmikrobiota innerhalb der ersten Lebensstunden ist jedoch bisher weitgehend unbekannt.

Ziele und Methoden: Eine repräsentative Anzahl an Fäzesproben (n = 1.050) neugeborener Kälber wurde unmittelbar (Mekonium) sowie 6h/12h/24h/48h/72h/7d nach der Geburt gewonnen und mittels molekularbiologischer und bakteriologischer Methoden untersucht. Im Anschluss wurden in Durchfallkälbern unterrepräsentierte Bakterienstämme gezielt selektiert, um diese auf ihr probiotisches Potential zu testen. Derart ausgewählte Stämme wurden nach Bestätigung der probiotischen Eignung in einer konsekutiven, placebokontrollierten Studie an 150 Kälber innerhalb der ersten 4 Lebenstage verabreicht, um den durchfallprotektiven Effekt in der Praxis zu überprüfen.

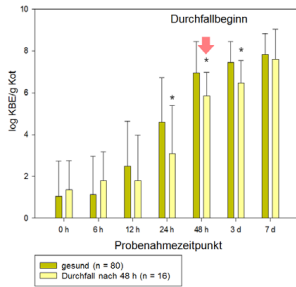
Ergebnisse: Bereits im Mekonium waren Bakterien nachweisbar, was erneut die Frage eines pränatalen Transfers kommensaler Bakterien aufwirft (Mayer et al., 2012). Die aerobe/anaerobe mesophile Gesamtkeimzahl sowie die Zahl der En-

terobacteriaceae und der *Enterococcus* spp. stieg innerhalb der ersten 4 Probenahmezeitpunkte signifikant an. Die meisten Bakterien erreichten nach 48 h ein Plateau; lediglich die Laktobazillenzahl stieg noch bis zum 7. Lebenstag an (Abb. 1). Interessanterweise wichen die bakteriologischen Profile erkrankter Kälber bereits vor dem Auftreten klinischer Symptome signifikant von denjenigen gesunder Kälber ab. Insbesondere bestimmte *Lactobacillus* spp., namentlich *Lactobacillus reuteri*, waren nach 48 h signifikant unterrepräsentiert (Abb. 2). Diese ausgewählten Stämme wurden isoliert, differenziert und auf deren probiotische Eignung (z.B. pH- und Gallosalzstabilität, Antibiotikaresistenz, Zytotoxizität) überprüft. Basierend auf den Ergebnissen wurde eine Laktobazillensuspension entwickelt, die 4 x innerhalb der ersten Lebenstage an neugeborene Kälber verabreicht wurde. Im Vergleich zur Placebogruppe konnte hiermit eine signifikante Reduktion der Durchfallinzidenz von 42% auf 28% erzielt werden (Abb. 3).



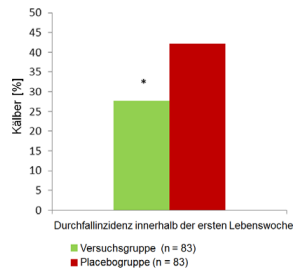
*^{a-d} Unterschiedliche Buchstaben kennzeichnen signifikante Unterschiede zwischen allen Zeitpunkten (p < 0,05; Varianzanalyse und Holm-Sidak-Test)

Abb. 1: Entwicklung der aeroben und anaeroben mesophilen Gesamtkeimzahl sowie der Enterobacteriaceae, Enterococcus spp. und Lactobacillus spp. innerhalb der ersten Lebenswoche in neugeborenen, gesunden Kälbern (n = 80)



*signifikanter Unterschied (p < 0,05, Oneway ANOVA)

Abb.2: Vorkommen von *Lactobacillus* spp. in gesunden Kälbern (n = 80) im Vergleich zu Kälbern mit Durchfall nach 48 Lebensstunden (n = 16)



*signifikanter Unterschied (p < 0,05; Chi Quadrat)

Abb. 3: Durchfallinzidenz bei Kälbern mit (Versuchsgruppe) und ohne (Placebogruppe) Verabreichung selektierter Laktobazillenstämme

Schlussfolgerung: Diese wissenschaftsbasiert selektierten, durchfallprotektiven *Lactobacillus reuteri* Stämme könnten dazu beitragen, lebensbedrohliche Durchfallerkrankungen bei Kälbern innerhalb der kritischen ersten Lebensstage zu vermeiden. Insbesondere die wirtsspezifische Auswahl der Stämme lässt eine besonders gute Wirksamkeit vermuten. Nachdem Durchfall bei weltweit mehr als 1,8 Millionen Kindern pro Jahr zum Tode führt, könnten analoge Studien in der Humanmedizin ebenfalls einen wertvollen Beitrag zur Gesunderhaltung des Menschen leisten.

Literatur: Mayer M, Abenthum A, Matthes JM, Kleeberger D, Ege MJ, Hölzel C, Bauer J, Schwaiger K. 2012: Development and genetic influence of the rectal bacterial flora of newborn calves. *Vet Microbiol.* 161, 179-85.

Biologische Vielfalt erkennen, erfassen und nutzen: Natürliche Gegenspieler schädlicher Insektenarten in Deutschland

Dr. Olaf Zimmermann und Harald Schneller
Landwirtschaftliches Technologiezentrum Augustenberg (LTZ), Karlsruhe
Kontakt: olaf.zimmermann@ltz.bwl.de

Einleitung

Nützliche Insekten wie Marienkäfer und Schlupfwespen, z.B. als Gegenspieler von Blattläusen, sind dem Verbraucher und dem Landwirt ein Begriff. Im Gartenbau und in der Landwirtschaft sind diese ökosystemaren Dienstleistungen durchaus vergleichbar mit der Bestäubungsleistung von Bienen. Der Forschungseinsatz zur Erfassung und Dokumentation dieser Insektengruppe steht aber im Gegensatz zu ihrer Bedeutung. Auf diese Problematik wurde bereits 1991 (LaSalle & Gauld) hingewiesen. Das Expertenwissen bei schwierigen Gruppen wie den parasitoiden Hymenopteren, den sogenannten Schlupfwespen, wird in Deutschland immer geringer. Proben werden in der Regel ins benachbarte Ausland geschickt, da in Wissenschaft und Lehre die klassische Tierbestimmung am Mikroskop als antiquierter Arbeitsbereich angesehen wird. Hier besteht Handlungsbedarf.

Die Erfassung der heimischen Biodiversität ist eine nationale Aufgabe und die Insekten im Agrarbereich, Schädlinge wie auch deren natürliche Gegenspieler, sind von besonderem Interesse. Vor allem die Bereiche biologischer Pflanzenschutz und die Kontrolle und Bekämpfung von Quarantäneschadorganismen verlangen, dass die heimische Agrarbiobiodiversität systematisch auf geeignete nützliche Arten hin untersucht wird und diese Arten in Datenbanken erfasst werden.

Die richtige Artbestimmung hat eine Schlüsselfunktion: Mikroskopie und Barcoding

Eine gezielte Nutzung und Förderung nützlicher Insekten unserer heimischen Biodiversität setzt voraus, dass man die Arten und ihre Wirkung kennt. Untersuchungen am Mikroskop und die molekulare Bestimmung gehen dabei Hand in Hand. Vorhandene DNA-Datenbanken decken nützliche Insekten bisher nur unzureichend ab. Das betrifft auch laufende Projekte zum Barcoding of Life (BOL). Für einen Großteil der Schlupfwespen-Arten müssen abgesicherte DNA-Referenzen erst noch erstellt werden. Dazu müssen sie zuvor eindeutig am Mikroskop bestimmt werden. Diese Aufgabe ist nur durch Kooperation der einzelnen Forschungsinitiativen zu bewältigen, d.h. durch gezielte Vernetzung und Datenaustausch.

Zahlreiche Beispiele belegen die Bedeutung von nützlichen Insekten

Die Biodiversität der Gegenspieler invasiver Arten, ihr Auftreten und ihr Potential sind nicht ausreichend untersucht. Hier besteht ebenfalls Handlungsbedarf. Aktuell werden in Projekten Gegenspieler der Kirschessigfliege erfasst und bewertet. Es werden aber bereits neue Schädlinge wie die Bläulingszikade oder die Asiatische Marmorierete Baumwanze beobachtet, zu denen ebenfalls Bekämpfungsstrategien entwickelt werden müssen (Zimmermann & von Wuthenau 2014). Bei der Bläulingszikade wurde in aktuellen Untersuchungen des LTZ Augustenberg eine mitverschleppte Zikadenwespe als Nützlichling in Deutschland nachgewiesen. Sie war nicht heimisch, ist jedoch seit mehreren Jahren fest etabliert und auf den Schädling spezialisiert, so dass ökologische Risiken sehr unwahrscheinlich sind.



Bläulingszikade. Foto: Schrameyer



Zikadenwespe. Foto: Zimmermann

Auch die Förderung solcher natürlicher Gegenspieler, ergänzend zur heimischen Biodiversität kann eine nachhaltige Lösung bei Pflanzenschutzproblemen sein.

In Baden-Württemberg wurden durch die praxisnahe Forschungsarbeit der Abt. 3 des LTZ Augustenberg (früher Landesanstalt für Pflanzenschutz) und die Kooperation mit Firmen biologische Pflanzenschutzverfahren mit Nützlingen entwickelt (Tab. 1). Viele natürliche Gegenspieler von schädlichen Arten werden erfolgreich im Pflanzenschutz eingesetzt, sowohl im Gewächshaus (Albert et al. 2007), als auch im Freiland, z.B. Trichogramma-Schlupfwespen gegen den Maiszünsler (Zimmermann 2014), und sind Beispiele für den unmittelbaren Nutzen der Biodiversität von Invertebraten im Gartenbau und in der Landwirtschaft.

Tab. 1: Strategien zur Nutzung der Ökosystemdienstleistungen von natürlichen Gegenspielern von schädlichen Insekten im Gartenbau und in der Landwirtschaft

Bekämpfungsstrategien mit Nützlingen	Anwendungsgebiet
Nützlingsschonung und -förderung (integrierbare Pflanzenschutzmittel)	Gewächshaus, Freiland
Regelmäßiger Einsatz heimischer Arten	Gewächshaus, Freiland
Regelmäßiger Einsatz nicht-heimischer Arten	Gewächshaus
Etablierung spezialisierter nicht-heimischer Arten	Freiland (gegen Invasive)
Förderung etablierter nicht-heimischer Arten	Freiland (gegen Invasive)

Literatur

Albert, R.; Allgaier, C.; Schneller, H. & K. Schrameyer (2007): Biologischer Pflanzenschutz im Gewächshaus. Ulmer Verlag Stuttgart, 282 S.

LaSalle, J. & I. D. Gauld: (1991): Parasitic Hymenoptera and the biodiversity crisis. *Redia* 74 (3): 315-334.

Zimmermann, O. & von Wuthenau, M. (2014): Drei neue invasive Insektenarten in Deutschland: Esskastaniengallwespe, Bläulingszikade und Marmorierte Baumwanze. *Landinfo* 3: 5-11.

Zimmermann, O. (2004): Der Einsatz von Trichogramma-Schlupfwespen in Deutschland. *Gesunde Pflanzen*. 56: 157-166.

Teilnehmerliste

List of participants

Andreas Albin	Beuth Hochschule für Technik Berlin Seestraße 64, 13347 Berlin aalbin@beuth-hochschule.de
Prof. Dr. Johannes Bader	Beuth Hochschule für Technik Berlin Seestraße 64, 13347 Berlin bader@beuth-hochschule.de
Andreas Bank	Green Me GmbH Neue Schönhauser Straße 16, 10178 Berlin Andreas.bank@greenme.de
Ingeborg Bayer	Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung Deichmanns Aue 29, 53179 Bonn Ingeborg.bayer@ble.de
Dr. Robert Beck	Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft Lange Point 6, 85354 Freising Robert.beck@lfl.bayern.de
Dr. Frank Begemann	Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung Deichmanns Aue 29, 53179 Bonn frank.begemann@ble.de
Dr. Beatrice Berger	Leibniz Institut für Gemüse und Zierpflanzenbau eV Theodor-Echtermeyer-Weg 1, 14979 Großbeeren bergerb@igzev.de
Natalie Bernau	Green Me GmbH Neue Schönhauser Straße 16, 10178 Berlin lounge@greenme.de
Dr. Andrea Beste	Büro für Bodenschutz und Ökologische Agrarkultur Kurfürstenstraße 23, 55118 Mainz Gesunde-erde@t-online.de

Juditha Brahtz	Humboldt-Universität zu Berlin 12043 Berlin Juditha.brahtz@web.de
Dr. Dr. Wolfgang Büchs	Julius-Kühn-Institut, Institut für Pflanzenbau und Bodenkunde Bundesallee 50, 38116 Braunschweig Wolfgang.buechs@jki.bund.de
Prof. Dr. Carmen Büttner	Humboldt Universität zu Berlin Lentzeallee 55-57, 14195 Berlin phytomedizin@agrar.hu-berlin.de
Dr. Axel Christian	Senckenberg Museum für Naturkunde Görlitz Am Museum 1, 02826 Görlitz axel.christian@senckenberg.de
Prof. Dr. Christiana Cordes	Hochschule Anhalt Strenzfelder Allee 28, 06406 Bernburg c.cordes@bwp.hs-anhalt.de
Prof. Dr. Sven Dänicke	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesallee 50, 38116 Braunschweig Sven.daenicke@fli.bund.de
Prof. Dr. Matthias Ehrmann	Technische Universität München Gregor-Mendel-Str. 4, 85275 Freising M.Ehrmann@wzw.tum.de
Bernt Farcke	Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft Wilhelmstraße 54, 10117 Berlin
Dr. Gerd Finkler	Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit Mauerstraße 39-42, 10117 Berlin gerd.finkler@bvl.bund.de
Dr. Charles Franz	Max Rubner-Institut Institut für Mikrobiologie und Biotechnologie Hermann-Weigmann-Straße 1, 24103 Kiel Charles.Franz@mri.bund.de
Anja Friedemann	Humboldt-Universität zu Berlin 16816 Neuruppin friedemann.anja@googlemail.com

Constantin Gärtner	Humboldt Universität zu Berlin Pfarrer-Theile-Str. 17, 13591 Berlin Gaertner.constantin@gmail.com
Dr. Achim Gathmann	Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit Mauerstr. 39-42, 10117 Berlin Achim.gathmann@bvl.bund.de
Dr. Christoph Ulrich Germeier	Julius Kühn Institut Erwin Baur Str. 27, 06484 Quedlinburg Christoph.germeier@jki.bund.de
Maren Glatter	Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften Professur für Tierernährung Theodor-Lieser-Str. 11, 06120 Halle (Saale) Maren.glatter@landw.uni-halle.de
Romina Gojowy	Humboldt-Universität zu Berlin 12105 Berlin Romina.gojowy@hotmail.de
Paul Götsch	Johann-Friedrich-Blumbach-Inst. f. Zoologie und Anthropologie Universität Göttingen, IMPAC ³ , AG Scheu Berlinerstraße 28, 37073 Göttingen Paul.goetsch@biologie.uni-goettingen.de
Marcel Graf	J. F. Blumenbach Institut Universität Göttingen Berlinerstraße 28, 37073 Göttingen mgraf@gwdg.de
Dr. Martin Hageböck	Versuchs- und Lehranstalt für Brauerei in Berlin e. V. Seestraße 13, 13353 Berlin m.hageboeck@vbl-berlin.org
Prof. Dr. Martin Hasselmann	FG Populationsgenomik bei landwirtschaftlichen Nutztieren Institut für Nutztierwissenschaften, Universität Hohenheim Garbenstraße 17, 70599 Stuttgart Martin.hasselmann@uni-hohenheim.de

Dr. Monika Heiermann	Leibniz-Institut für Agrartechnik Potsdam-Bornim Max-Eyth-Allee 100, 14469 Potsdam mheiermann@atb-potsdam.de
Dr. Martina Henning	Friedrich-Loeffler-Institut Institut für Nutztiergenetik Höltstraße 10, 31535 Neustadt martina.henning@fli.bund.de
Prof. Dr. Johannes Jehle	Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen Institut für Biologischen Pflanzenschutz Heinrichstr. 243, 64287 Darmstadt johannes.jehle@jki.bund.de
Dr. Monika Joschko	ZALF Eberswalder Str. 84, 15374 Münchberg
Dr. Robert Koller	Forschungszentrum Jülich GmbH Institute of Bio-and Geosciences IBG-2: Plant Sciences 52425 Jülich r.koller@fz-juelich.de
Julia König	Biozentrum der Universität Würzburg Am Hubland, 97074 Würzburg julia-koenig@uni-wuerzburg.de
Dr. Barbara Kosak	Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft Rochusstraße 1, 53123 Bonn
Prof. Dr. Werner Rudolf Kratz	Freie Universität Berlin 14129 Berlin kratzw@zedat.fu-berlin.de
PD Dr. Dietmar Krautwurst	Deutsche Forschungsanstalt f. Lebensmittelchemie Lise-Meitner-Straße 34, 85354 Freising Dietmar.krautwurst@lrz.tum.de
Dr. Sandra Kregel	Julius Kühn-Institut Institut für Strategien und Folgenabschätzung Stahnsdorfer Damm 81, 14532 Kleinmachnow sandra.kregel@jki.bund.de
Dr. Lothar Kröckel	Max-Rubner-Institut E.-C-Baumann-Str. 20, 95326 Kulmbach lothar.kroeckel@mri.bund.de

Marina Kulagina	Humboldt Universität zu Berlin Coppistr. 16, 10365 Berlin kulmarinik@gmail.com
Tore Kursch-Metz	AMW Nützlinge GmbH Außerhalb 54 Neuhof, 64319 Pfungstadt kursch-metz@amwnuetzlinge.de
Dr. Martina Langhammer	Leibniz-Institut für Nutztierbiologie (FBN) Wilhelm-Stahl-Allee 2, 18196 Dummerstorf martina.langhammer@fbn-dummerstorf.de
Dr. Sandra Lerche	Leibniz-Zentrum für Agrarlandschaftsforschung (ZALF) e. V. Eberswalder Straße 84, 15374 Müncheberg Sandra.Lerche@zalf.de
Dan Leskien	FAO Kommission für Genetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft (CGRFA) Viale delle Terme di Caracalla 00153 Rom/Italien Dan.leskien@fao.org
Dr. Heike Liesebach	Thünen-Institut für Forstgenetik Sieker Landstraße 2, 22927 Großhansdorf heike.liesebach@thuenen.de
Prof. Dr. André Lipski	Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn Institut für Ernährungs- und Lebensmittelwissenschaften Meckenheimer Allee 168, 53115 Bonn lipski@uni-bonn.de
Dr. Helge Lorenz	Deutsches Biomasseforschungszentrum gGmbH Torgauer Str. 116, 04347 Leipzig helge.lorenz@dbfz.de
Dr. Ulrike Middelhoff	Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit 10117 Berlin ulrike.middelhoff@bvl.bund.de
Evangelia Layla Mpinou	Humboldt Universität zu Berlin 10585 Berlin

Dr. Marina Müller	Leibniz-Zentrum für Agrarlandschaftsforschung Eberswalder Str. 84, 15374 Müncheberg mmueller@zalf.de
Mireen Müller	Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg 06108 Halle
Michael Naggert	selekt-ID BIOLABS GmbH Ostendstr. 25, 12459 Berlin naggert@selekt-id.de
Dr. Christine Natt	Vizepräsidentin der BLE Deichmanns Aue 29, 53179 Bonn christine.natt@ble.de
Dr. Birgit Pfeiffer	IAPN – Institute of Applied Plant Nutrition an der Georg-August-Universität Göttingen Carl-Sprengel Weg 1, 37075 Göttingen bpfeiff@gwdg.de
Dr. Jürgen Proeter	Deutsches Biomasseforschungszentrum Torgauer Str 116, 04347 Leipzig juergen.proeter@dbfz.de
Sarah Redlich	Lehrstuhl für Tierökologie und Tropenbiologie (Arbeits- gruppe Agrarökologie) Biozentrum, Universität Würzburg Am Hubland Süd, 97074 Würzburg sarah.redlich@uni-wuerzburg.de
Prof. Dr. Ricarda Scheiner	Universität Würzburg Lehrstuhl für Verhaltensphysiologie und Soziobiologie (Zoologie II) Am Hubland, Biozentrum, D127, 97074 Würzburg
Ann-Christin Scherwinski	Leibniz-Institut für Gemüse- und Zierpflanzenbau e. V. Theodor-Echtermeyer-Weg 1, 14979 Großbeeren
Dr. Anne Schöler	Helmholtz Zentrum München Ingolstädter Landstraße 1, 85764 Neuherberg anne.schoeler@helmholtz-muenchen.de
Prof. Dr. Stefan Schrader	Thünen-Institut für Biodiversität Bundesallee 50, 38116 Braunschweig stefan.schrader@thuenen.de

Dr. Katrin Schreiber	Versuchs- und Lehranstalt für Brauerei in Berlin (VLB) e. V. Forschungsinstitut für Biotechnologie und Wasser Seestraße 13, 13353 Berlin k.schreiber@vlb-berlin.org
Dr. Stefan Schröder	Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung Deichmanns Aue 29, 53179 Bonn stefan.schroeder@ble.de
Werner Schulze	BFA Entomologie im NABU Samlandweg 15a, 33719 Bielefeld WSchulze@entomon.de
Dr. Manuela Schüngel	Microbial Resource Research Infrastructure Inhoffenstraße 7B, 38124 Braunschweig Manuela.schuengel@dsmz.de
Dr. Karin Schwaiger	Ludwig-Maximilians-Universität München Schönleutnerstr. 8, 85764 Oberschleißheim Karin.Schwaiger@lmu.de
Prof. Jana Seifert	Universität Hohenheim Schloss Hohenheim 1, 70599 Stuttgart jseifert@uni-hohenheim.de
Dr. Martin Senz	VLB Berlin Fachgebiet Bioprozesstechnik und Angewandte Mikro- biologie Seestraße 13, 13353 Berlin m.senz@vlb-berlin.org
Dr. Johannes Sikorski	Leibniz-Institut DSMZ-Deutsche Sammlung von Mikro- organismen und Zellkulturen GmbH Inhoffenstraße 7B, 38124 Braunschweig johannes.sikorski@dsmz.de
Prof. Dr. Kornelia Smalla	JKI Messeweg 11/12, 38104 Braunschweig kornelia.smalla@jki.bund.de
Dr. Stijn Spaepen	Max Planck Institute for Plant Breeding Research Carl-von-Linné-Weg 10, 50829 Köln spaepen@mpipz.mpg.de

Prof. Dr. Ingolf Steffan-Dewenter	Universität Würzburg Biocenter - Am Hubland, 97074 Würzburg ingolf.steffan@uni-wuerzburg.de
Prof. Dr. Christoph Tebbe	Thünen-Institut Bundesallee 50, 38116 Braunschweig christoph.tebbe@thuenen.de
Dr. Susanne Theuerl	Leibniz-Institut für Agrartechnik Potsdam-Bornim e.V. Max-Eyth-Allee 100, 14469 Potsdam stheuerl@atb-potsdam.de
Dr. Anne Toboldt	Bundesinstitut für Risikobewertung, BfR Max-Dohrn-Straße 8-10, 10589 Berlin Anne.Toboldt@bfr.bund.de
Prof. Dr. Andreas Vilcinskas	Justus-Liebig Universität Giessen Institut für Insektenbiotechnologie Heinrich-Buff-Ring 26-32, 35392 Gießen Andreas.Vilcinskas@agrار.uni-giessen.de
Marliese von den Driesch	Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung Deichmanns Aue 29, 53179 Bonn Marliese.vonddenDriesch@ble.de
Prof. Dr. Hans-Joachim Weigel	Thünen Institut Bundesallee 50, 38116 Braunschweig hans.weigel@thuenen.de
Markus Werner	Emiko Mühlgrabenstrasse 13, 53340 Meckenheim m.werner@emiko.de
Dr. Johanna Wider	Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung Deichmanns Aue 29, 53179 Bonn johanna.wider@ble.de
Prof. Dr. Volkmar Wolters	Justus Liebig Universität IFZ - Arbeitsgruppe Tierökologie Heinrich-Buff-Ring 26-32, 35392 Giessen volkmar.wolters@uni-giessen.de
Prof. Dr. Susanne Wurst	Freie Universität Berlin Königin-Luise-Str. 1-3, 14195 Berlin s.wurst@fu-berlin.de

Dr. Olaf Zimmermann

Landwirtschaftliches Technologiezentrum
Augustenberg
Neßlerstraße 25, 76227 Karlsruhe
Olaf.zimmermann@ltz.bwl.de

Schriftenreihe „Agrobiodiversität“

- Band 38** **Nachhaltige Züchtung – Betrachtungen zum Umgang mit Genetische Ressourcen in Nutzungssystemen-Pflanzenbau – Tierproduktion – Forst- und Fischereiwesen**
Hrsg.: Leo Dempfle, Lothar Frese, Hans-Rolf Gregorius, Alwin Janßen, Helmut Wedekind, 2016, e-Paper
- Band 37** **Genetische Ressourcen in der Schweinezucht**
Tagungsband eines Symposiums am 20. November 2014 in Berlin
Hrsg: Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung
Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz, 2016 (kostenlos)
- Band 36** **National Report on the Conservation and Sustainable Use of Forest Genetic Resources in the Federal Republic of Germany**
Hrsg.: Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung
Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz, 2012 (kostenlos)
- Band 35** **Nationaler Bericht über die Erhaltung und nachhaltige Nutzung von forstgenetischen Ressourcen in der Bundesrepublik Deutschland**
Hrsg.: Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung
Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz, 2012 (kostenlos)
- Band 34** **Agrobiodiversität im Grünland nutzen und schützen**
Tagungsband eines Symposiums am 12. und 13. November 2013 in Berlin
Hrsg.: S. Schröder und J. Wider, 16,- €

- Band 33** **Pflanzensammlungen im Fokus der Öffentlichkeit**
Tagungsband eines Symposiums am 11. und 12. November 2012
in Veitshöchheim
Hrsg.: Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung
(kostenlos)
- Band 32** **Agrobiodiversität in Deutschland –
Rückblick, aktueller Stand und Ausblick**
Tagungsband eines Symposiums am 10. und 11. Oktober 2011
in Bonn
Hrsg.: Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung
Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und
Verbraucherschutz, 2012 (kostenlos)
- Band 31** **Neue Wege zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung der
Agrobiodiversität – Effektivität und Perspektiven von
Fördermaßnahmen im Agrarbereich**
Tagungsband eines Symposiums am 09. und 25. November 2010
in Bonn
Hrsg.: F. Begemann, S. Schröder, D. Kießling, C. Neßhöver,
V. Wolters, 2011, 15,- €
- Band 30** **Erhaltung und nachhaltige Nutzung genetischer Ressourcen
von Zierpflanzen – Schritte zum weiteren Ausbau der Deutschen
Genbank Zierpflanzen**
Tagungsband eines Symposiums am 24. und 25. November 2009
in Bonn
Hrsg.: F. Begemann, S. Harrer, S. Schröder, M. Ziegler, 2010, 8,- €
- Band 29** **Pflanzengenetische Ressourcen für Ernährung und Landwirt-
schaft in Deutschland – Zweiter Nationaler Bericht**
Hrsg.: BLE, BMELV, 2008, (kostenlos)
- Band 28** **Plant Genetic Resources for Food and Agriculture in Germany
Second German National Report**
Hrsg.: BLE, BMELV, 2008, (kostenlos)

- Band 27 Monitoring und Indikatoren der Agrobiodiversität**
Tagungsband eines Symposiums am 7. und 8. November 2006
in Königswinter
Hrsg.: F. Begemann, S. Schröder, K.-O. Wenkel, H.-J. Weigel, 2007,
18,- €
- Band 26 European dictionary of domesticated and utilised animals**
A first prototype developed within the European Network for
Biodiversity Information
Hrsg.: T. Gladis, U. Monnerjahn, D. Jiménez-Krause, J. Bremond,
S. Schröder und F. Begemann, 2006, 10,- €

Vorläuferschriftenreihe „Schriften zu Genetischen Ressourcen“

- Band 25 Vermarktungsstrategien für innovative Produkte und
Verfahren auf der Basis genetischer Ressourcen für Ernährung
und Landwirtschaft**
Ergebnisbericht über ein Fachgespräch am 08.06.2004 in Bonn
Hrsg.: J. Efken, 2005, 8,- €
- Band 24 Analyse und Bewertung der genetischen Vielfalt in der
Land-, Forst- und Fischereiwirtschaft zur Ableitung von
Entscheidungskriterien für Erhaltungsmaßnahmen**
Tagungsband eines Symposiums am 27. September 2004
Hrsg.: F. Begemann, S. Schröder und S. Weigend, 2005, 9,- €

- Band 23** **Produktvielfalt durch Ressourcenvielfalt – Potenziale genetischer Ressourcen**
Tagungsband eines Symposiums vom 24.-25. September 2003
Hrsg.: F. Begemann und S. Schröder, 2004, 9,- €
- Band 22** **Rudolf Mansfeld and Plant Genetic Resources**
Tagungsband eines Symposiums vom 8.-9. Oktober 2001
Hrsg.: H. Knüpfner und J. Ochsmann, 2003, 12,- €
- Band 21** **Standortspezifische Sortenentwicklung -eine Studie mit Landsorten der Linse**
Bernd Horneburg, 2003, Dissertation, 9,- €
- Band 20** **Biologische Vielfalt für Ernährung, Land- und Forstwirtschaft**
Tagungsband eines Symposiums am 19. September 2002
Hrsg.: F. Begemann, 9,- €
- Band 19** **Biodiversität der Gattung *Ocimum* L., insbesondere der Kultursippen**
Sabine Eckelmann, 2003, Dissertation, 10,- €
- Band 18** **Wildpflanzen als Genetische Ressourcen**
Julia Forwick-Kreuzer, 2003, Dissertation, 24, €
- Band 17** **Vielfalt auf den Markt**
Tagungsband eines Symposiums vom 5.-6. November 2001
Hrsg.: F. Begemann und Landesschafzuchtverband Niedersachsen e.V., 9,- €
- Band 16** **Nutzung genetischer Ressourcen - ökologischer Wert der Biodiversität**
Hrsg.: K. Hammer und Th. Gladis, 2001, 8,18 €
- Band 15** **Erhaltung und nachhaltige Nutzung genetischer Ressourcen der Zierpflanzen**
Tagungsband eines Symposiums vom 27.-28. September 2000
Hrsg.: F. Begemann und P. Menzel, 2001 (vergriffen, im Internet)

- Band 14** **Regeneration adulter Malus-Unterlagen**
B. Feuerhahn, 2000, Dissertation, 10,22 €
- Band 13** **Erhaltung und Nutzung regionaler landwirtschaftlicher Vielfalt
- von der Verpflichtung zur Umsetzung**
Hrsg.: A. Oetmann-Mennen und F. Stodiek, 2000, 5,11 €
- Band 12** **Dokumentation und Informationssysteme im Bereich
pflanzengenetischer Ressourcen in Deutschland**
Hrsg.: F. Begemann, S. Harrer, J.D. Jiménez Krause, 1999, 8,69 €
- Band 11** **Populationsgenetische Untersuchung von Blei *Abramis brama*,
Güster *Abramis bjoerkna*, Plötze *Rutilus rutilus* und Rotfeder
Scardinius erythrophthalmus aus Gewässern des
nordostdeutschen Tieflandes**
Christian Wolter, 1999, Dissertation, 7,66 €
- Band 10** **Agrobiodiversität und pflanzengenetische Ressourcen
- Herausforderung und Lösungsansatz**
Karl Hammer, 1998, 7,15 €
- Band 9** **Abstammung der Europäischen Hausschafe und Phylogenie der
eurasischen Wildschafe**
Arne Ludwig, 1998, Dissertation, 10,22 €
- Band 8** **Züchterische Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen
- Ergebnisse und Forschungsbedarf**
Tagungsband eines Symposiums vom 29.09.-01.10.1997
in Gatersleben
Hrsg.: F. Begemann, 1998, 7,66 €
- Sonderband** **4.Internationale Technische Konferenz der FAO über
Pflanzengenetische Ressourcen**
Konferenzbericht, Leipziger Deklaration, Globaler Aktionsplan
und Weltzustandsbericht, (kostenlos)

- Band 7** **Bestimmung der optimalen Keimtemperatur für die routinemäßige Keimfähigkeitsbestimmung zahlreicher Arten aus dem Genus *Allium***
L. Carl-Eckhard Specht, 1997, Dissertation, 7,66 €
- Band 6** **Charakterisierung und Evaluierung von Koriander (*Coriandrum sativum* L.) und taxonomische Implikationen**
Axel Diederichsen, 1997, Dissertation, 7,66 €
- Band 5** **Vergleichende Aspekte der Nutzung und Erhaltung pflanzen- und tiergenetischer Ressourcen**
Tagungsband eines Symposiums vom 07.-09. November 1996 in Mariensee
Hrsg.: F. Begemann, C. Ehling und R. Falge, 1996, 7,66 €
- Band 4** **Evolution und Taxonomie von pflanzen genetischen Ressourcen – Festschrift für Peter Hanelt**
Hrsg.: R. Fritsch und K. Hammer, 1996, 7,66 €
- Band 3** **Zugang zu Pflanzengenetischen Ressourcen für die Ernährung und Landwirtschaft - der Diskussionsprozeß in Deutschland**
Hrsg.: F. Begemann, 1996, 7,66 €
- Band 2** ***In-situ*-Erhaltung pflanzen genetischer Ressourcen in der Bundesrepublik Deutschland am natürlichen Standort und on farm**
Tagungsband eines Symposiums vom 11.-13. Oktober 1995 in Bogensee
Hrsg.: F. Begemann und R. Vögel, 1996, 7,66 €
- Band 1** **Erhaltung pflanzen genetischer Ressourcen in der Land- und Forstwirtschaft**
Tagungsband eines Symposiums vom 09.-11. November 1994 in Witzenhausen
Hrsg.: J. Kleinschmit, F. Begemann und K. Hammer, 1995, 7,66 €

- Band 0** **Integration of Conservation Strategies of Plant Genetic Resources in Europe**
Proceedings of an International Symposium on Plant Genetic Resources in Europe
held in Gatersleben, Germany December 6-8, 1993.
Hrsg.: F. Begemann und K. Hammer (1994)
(vergriffen, im Internet)

Alle Publikationen sowie weitere relevante Informationen sind im Internet verfügbar unter:

www.genres.de/service/publikationen-informationsmaterial/

Herausgeberin

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung
Informations- und Koordinationszentrum für Biologische Vielfalt (IBV)
Deichmanns Aue 29
D-53179 Bonn

Bezugsquellen

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung
Informations- und Koordinationszentrum für Biologische Vielfalt (IBV)
Tel. +49 (0)228 99 6845-3237
Fax +49 (0)228 6845-3105
E-Mail: ibv@ble.de
Internet: www.genres.de/service/publikationen-informationsmaterial/schriftenreihe

Gestaltung

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung
Referat 421 – Medienkonzeption und -gestaltung

Copyright, ISSN

© 2016 BLE
ISSN 1863-1347