

Vergleich von Methoden zur Ermittlung der mikrobiellen Diversität in Böden des DOK-Versuches

Frank Rasche, Franco Widmer, Paul Mäder, Andreas Gättinger, Andreas Fließbach

Problemstellung/Ziele: Die Zusammensetzung mikrobieller Gemeinschaften und deren Funktionen im Boden kann mit Hilfe moderner Techniken beschrieben werden. Diese beruhen u.a. auf der Untersuchung der genetischen Eigenschaften mittels DNA-Analysen, molekularen Markern der Zellmembran oder physiologischer Eigenschaften der Organismen. Die Frage, ob die daraus ableitbare strukturelle und funktionelle Vielfalt von mikrobiellen Gemeinschaften ein Kriterium für Bodenqualität sein kann, ist Gegenstand wissenschaftlicher Diskussion. Der Nachweis eines Zusammenhangs von mikrobieller Diversität und wichtigen ökologischen Funktionen des Bodens, die auf mikrobiellen Prozessen basieren, steht noch aus. Das Ziel der vorliegenden Untersuchung war, drei Ansätze zur Beschreibung der mikrobiellen Diversität im Boden zu vergleichen und Beziehungen zu Parametern der Bodenqualität herzuleiten um diese zur Beurteilung von Veränderungen durch landwirtschaftliche Bewirtschaftung verwenden zu können.

Hypothesen: (I) Die langfristige biologische Bewirtschaftung von Böden verändert die strukturelle und funktionelle Vielfalt ihrer mikrobiellen Gemeinschaft im Vergleich zu konventionellen. (II) Die Diversität der mikrobiellen Gemeinschaft steht in engem Zusammenhang mit der Bodenqualität.

Methoden: Der DOK-Langzeitfeldversuch in Therwil (CH) vergleicht seit 1978 die Anbausysteme biodynamisch (D), bioorganisch (O) und konventionell (K) in drei identischen, aber zeitlich versetzten Fruchtfolgen. Böden aus den Anbausystemen des DOK-Versuches wurden im März 2000 unter Winterweizen und dem zweiten Jahr einer Kleegraskultur beprobt. Die Böden wurden auf mikrobielle Biomasse (CFE) und Basalatmung sowie auf Substratnutzungsmuster (CLSU), genetische fingerprints mittels terminalen Restriktionsfragmentlängenpolymorphismen (T-RFLP) untersucht. Phospholipid Fettsäure- und Etherlipidmuster (PLFA, PLEL) wurden in den Böden unter Winterweizen untersucht.

Ergebnisse/Diskussion: In erster Linie war die langfristige Wirkung der Anbausysteme auf die mikrobielle Biomasse und die Basalatmung des Bodens zu verzeichnen. Die durch die angebaute Feldfrucht bedingten kurzfristigen Effekte, hatten auf diese Parameter einen geringeren Einfluss. Gesamt-DNA und -PLFA waren eng mit der mikrobiellen Biomasse korreliert. Die Vielfalt der Substrate, welche von mikrobiellen Gemeinschaften genutzt werden kann, wurde hingegen in erster Linie durch die Feldfrucht und nachfolgend erst durch die Anbausysteme beeinflusst. Die aktive und kultivierbare Teilpopulation der Bakterien, die mit dieser Methode erfasst werden kann ist offensichtlich stark von der angebauten Feldfrucht abhängig. Der überwiegende Teil der Bodenbakterien ist aber nicht kultivierbar. Mit genetischen Analysen kann prinzipiell die gesamte bakterielle Bodengemeinschaft untersucht werden, ohne dass die Bakterien kultiviert werden müssen. Mit dieser Technik konnten in erster Linie die Anbausysteme unterschieden werden, während die angebaute Kultur einen geringeren Einfluss hatte. Auch die PLFA-Muster deuteten auf unterschiedliche Mikroorganismengemeinschaften in den untersuchten Anbau-

Bodenfruchtbarkeit

systemen hin. Ausserdem konnte anhand spezifischer Phospholipide in den Böden des biodynamischen Verfahrens ein hohes Methanoxidationspotential festgestellt werden, was Untersuchungen der Spurengasflüsse in diesen Böden nahe legt. Allen Methoden gemeinsam war, dass die Verfahren mit organischer Düngung sich deutlich von denen ohne Düngung oder mit mineralischer Düngung unterschieden, während die Unterschiede zwischen den organisch gedüngten Verfahren geringer ausfielen.

Die Nutzung der meisten Substrate waren eng mit der Basalatmung und der mikrobiellen Biomasse korreliert, während die genetischen Marker häufig von bodenphysikalischen und –chemischen Grössen bestimmt wurden.

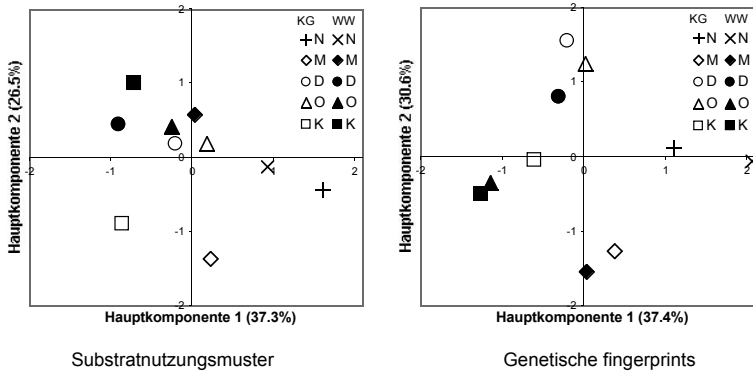


Abbildung 1. Hauptkomponentenanalyse der Substratnutzungsmuster und der genetischen fingerprints aus T-RFLP N: ungedüngt; M: konventionell mineralisch gedüngt; D: biodynamisch; O: bioorganisch; K: konventionell; KG: Klee gras; WW: Winterweizen.

Fazit: Die angewendeten Methoden erwiesen sich als geeignet, um die mikrobiellen Gemeinschaften und deren physiologische Eigenschaften in den Böden der Anbausysteme des DOK-Versuches zu untersuchen. Sämtliche Parameter konnten Veränderungen der physiologischen Eigenschaften und taxonomischen Zusammensetzung beschreiben, die hauptsächlich auf die unterschiedlichen Anbausysteme und Kulturen zurückzuführen sind. Es stellte sich zudem heraus, dass die Veränderungen besonders durch die Art der Düngung (organisch vs. mineralisch) hervorgerufen wurden. Die Untersuchung hat gezeigt, dass eine verknüpfende Betrachtung der Ergebnisse der hier angeführten Analysemethoden sinnvoll ist, um zukünftig verbesserte Aussagen über Bodenqualität und -fruchtbarkeit in Agrarökosystemen treffen zu können.

Literaturangaben:

Widmer, F., Fließbach, A., Laczko, E., Schulze-Aurich, J. u. J. Zeyer (2001): Assessing soil biological characteristics: a comparison of bulk soil community DNA-, PLFA-, and BiologTM-Analyses. Soil Biol. Biochem. 33, 1029-1036.

Fließbach, A. u. P. Mäder (1997): Carbon source utilization by microbial communities in soils under organic and conventional farming practice. In Microbial Communities – Functional versus Structural Approaches, Hrsg. H. Insam u. A. Rangger. S 109-120. Springer, Berlin.