



www.norsok.no

NORSØK

## Et stort mangfold av mikroorganismer i jordbruksjord avdekket med DNA-analyser

NORSØK FAGINFO | NR 6 | 2023 | VOL 8

Norsk senter for økologisk landbruk

Reidun Pommeresche (NORSØK), Tatiana F. Rittl (NORSØK) og Peter G. Farsund (Bionér)

[reidun.pommeresche@norsok.no](mailto:reidun.pommeresche@norsok.no)

*Mikroorganismer er viktige for nedbryting av organisk materiale i jord, men mange arter bidrar også til plantens næringsforsyning ved å leve fritt i jorda eller sammen med planter. Ved å analysere DNA fra jordprøver fant vi over 600 arter bakterier og 350 arter sopp i jord under eng og potet. Det var tegn til noe høyere andel av nitrogenfikserende bakterier i beite og eng, sammenlignet med i potetjorda. Generelt var det et stort mangfold av arter og liten forskjell i artsantall mellom de ulike systemene, mens den interne sammensetningen av bakterier og sopp var noe mer forskjellig.*

Temperatur, fuktighet, tilgang på næring og fysiske forstyrrelser er viktige faktorer som styrer sammensetningen og aktiviteten til sopp og bakterier i jordbruksjord. Disse jordmikrobene kan ses på som jordas biokjemiske ingeniører, ved at de bryter ned og omdanner organiske materialer til plantenæring og spiller nøkkelroller i biologiske og kjemiske prosesser i jord.

Analyser av miljø-DNA er brukt for å finne ut mer om jordlevende bakterier og sopp i norsk jordbruksjord. NORSØK har samlet inn jord fra eng og permanent beite fra en økologisk melkeproduksjonsgård. Jord ble også samlet inn fra et feltforsøk med konvensjonell tidligpotetproduksjon der noen ruter fikk tilført ulike typer organisk materiale 2 år før prøvetaking og noen ikke.

De fire systemene som ble undersøkt viser en gradient knyttet til "tid siden sist jordarbeiding" og "mengde jordarbeiding", med mest og hyppigst jordarbeiding i potet til ingen jordarbeiding i beiten. Den andre gradienten er

knyttet til «type organisk materiale» og til «mengder organisk gjødsel» som ble tilført.

Bionér har på oppdrag fra NORSØK oppformert og analysert DNA av bakterier og sopp i jordprøvene. Dette samarbeidet er knyttet til prosjektene med kortnavn MerMold og K-BEP og prøvetaking ble gjort i juni/juli 2021.

### Gras- og potetjord ble undersøkt

I prosjektet K-BEP (Karbon og biologisk aktivitet i jord med eng- og potetdyrking) ble jord på ulike skifter med eng og beite på en økologisk melkeproduksjonsgård og fra et konvensjonelt potetforsøk brukt til å teste ulike jordhelsetester og målinger av karbonfraksjoner.

Gården er drevet økologisk med melkeproduksjon i over 30 år (i 2022 var det 20 melkekyr), husdyrgjødsel og mye eng i vekstskiftet. På gården ble det i 2021 tatt ut jordprøver til miljø-DNA i en gradient av skifter fra to skifter med ung eng (2.års eng), en eldre (4.års) kløvereng og et overflatedyrka beite. Engene gjødsels årlig kun med blautgjødsel fra storfe (3-4 t/daa). Gjennomsnittet av alle engprøvene vises som Eng i figurene. Beite beites årlig av ungdyr og det tilføres ikke noe ekstra gjødsel. I 2021 var det 8-10 ungdyr (kviger) som beitet arealet der prøvene ble tatt. På hvert av disse fire skiftene ble det tatt ut jord på 3 steder på samme skifte med minst 50 m avstand. Informasjon om drifta og flere data om jord, avlinger og næringsinnhold fra 1991-2013 finnes hos Ebbesvik mfl. (2014) og fra 1991-2021 hos Båtnes mfl. (2022).

I prosjektet MerMold (2019-2022) jobbet NORSØK og Norsk landbruksrådgiving sammen med konvensjonelle potetbønder i Sunndal kommune for å se om ulike typer tilført organisk materiale og bruk av fangvekst kunne bedre

potetavlingene, sjukdomsbildet (potetsjukdommer) og øke innholdet av karbon i moldfattig sandjord (2,4 % OM),

Miljø-DNA-analyser av sopp og bakterier ble tatt i jord fra ruter med tidligpotet uten fangvekst for å se om det var noen gjenværende positiv ettereffekt på jordhelse ved tilførsel av ulike typer karbonrikt materiale. Etter potethøstingen sommeren 2019 ble ulike ruter tilført biokull (fra bartrær, produsert ved 400°C av StandardBio) dynket i flytende del av råtnere (fra Ecopro), noen fikk fast råtnere/biorest etter biogassproduksjon av ulike typer organisk avfall (Ecopro tørrgjødsel) og noen fikk tilført hestegjødsel med noe flisstrø. Det ble tilført så likt som mulig med karbon i alle rutene, tilsvarende 1,5 tonn C/daa. Hele feltet fikk årlig en grunnkjødsling av NPK, for å være mest mulig representativt for konvensjonell tidligpotetproduksjon. Prøver til DNA-analyser ble tatt i disse 3 ulike behandlingene i 2021 (PotOM), samt fra kontrollruter uten tilført organisk materiale (Pot). PotOM er dermed ettervirkning av tilført organisk materiale (OM). I feltet var det 3 gjentak av hver behandling. Mer om dette finnes hos Rittl mfl. (2023). Feltet ble kunstig vannet frem til potethøstingen var over, ca. 6. juli.



Bilde 1. Jord til miljø-DNA-analyser ble tatt ut ved å ta bort vegetasjon og trykke små plastbegre ned i jorda, slik at de fyltes med jord (0-5 cm) i beite (tv), eng (midten) og potetfelt (th). Foto: R. Pommeresche.

Både jordart og innholdet av organisk materiale (OM) i jorda har betydning for jordlivet. Organisk materiale er en viktig kilde til energi og næringsstoffer for jordmikrobenes. Mengde og type organisk materiale er avgjørende for tilgjengelig energi og næring. Jordas innhold av organisk materiale (0-10 cm) varierte i de undersøkte systemene. Det var i gjennomsnitt 16,7 % OM i jorda på beitet, 7,5 % under eng og 2,4 % i potetjorda før det ble tilført noe OM.

## Miljø-DNA

Metoden vi brukte for å identifisere bakterier og sopp i jordprøvene kalles miljø-DNA (eDNA) metastrekkoding. Kort forklart går metoden ut på å isolere alt DNA i en miljøprøve, f.eks. en jordprøve, mangfoldiggjøre (amplifisere) DNA-kopier fra organismer man er interessert i, f.eks. bakterier, og så registrere DNAet på en sekvenseringsmaskin (Fig.1). Sekvensene er som genetiske

artsspesifikke «fingeravtrykk». DNA-sekvensene må kvalitetssikres, og de kjøres gjennom flere bioinformatiske steg for å filtrere ut sekvenser med lav kvalitet, for eksempel kort lengde, mange antatte feil, osv. Sekvensene vi får ut sammenlignes så med sekvenser fra store internasjonale databaser, og vi innhenter informasjon om hvilke organismer de forskjellige sekvensene kommer fra.



Figur 1. Gangen i Miljø-metastrekkoding fra jordprøvetaking (tv) via oppkopiering og analyser til lister over sekvenser («arter») av bakterier og sopp fra jorda (th).

## Mikrobe-DNA fra jord i gras og tidligpotet

Det ble samlet inn 5 jordprøver (0-5 cm dyp,) innen tre ulike «ruter» på ca. 10 × 10 m på gården i hver av 4 ulike eng/beite og 3 prøver i hver av 4 behandlinger i potetfeltet (Bilde 1). Prøvene ble tatt sommeren 2021 i eng (juni) og etter opptak av tidligpotet (juli) i potetfeltet. Dette gav totalt 96 jordprøver som kunne analyseres for Miljø-DNA. Av disse utgangsprøvene hadde 83 av DNA-resultatene for bakterier og 66 for sopp god nok bioinformatisk kvalitet til å bli tatt med i resultatene. Resultatene er samlet i 4 grupper bestående av jordprøver fra systemene beite (Beite), 3 ulike eng (Eng), 3 ulike OM tilførsler i potet (PotOM) én gang to år tidligere og potet uten tilførsel OM (Pot). Det var lite variasjon i DNA-resultatene av ettervirkningseffekt av ulike typer organisk materiale (OM), disse vises derfor samlet (PotOM). I figurene er det gjengitt hvor mange jordprøver (n) som ligger bak hvert gjennomsnitt av DNA-resultatene for bakterier og for sopp.

Resultatene fra miljø-DNA metastrekkoding er lister over taxon (grupper) av ulike sopp og bakterier og sier noe om mangfoldet av rekker, slekter og arter av mikroorganismer i jorda. Vi har også samlet resultater basert på noen viktige funksjonelle grupper av jordlevende bakterier og sopp.

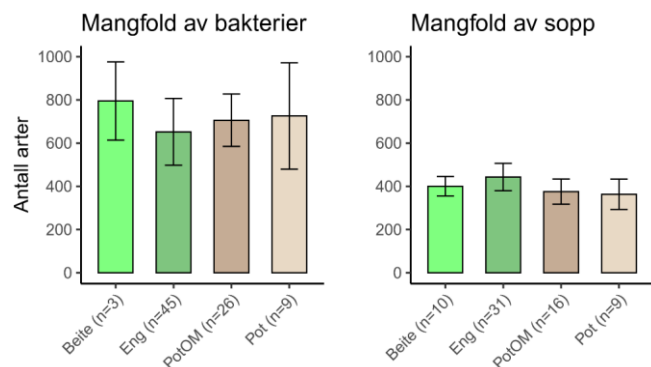
I teorien er det slik at hver enkelt DNA-sekvens kommer fra ett individ. Imidlertid kan forskjellige bakterier og sopper ha ulike antall kopier av genene vi bruker i analysene, og ting kan skje i løpet av analyseprosessen som gir DNA fra enkelte organismer et «fortrinn» i amplifiseringen (oppkopieringen) og sekvenseringen (identifiseringen). Metoden gir dermed ikke et direkte mål på mengde og antall individer og forholdet mellom de ulike organismene, men gir likevel en god pekepinn og indikasjon. Analysene og utarbeidelse av figurene er gjort av Bionér. Resultatene gir viktig innblikk i ulike detaljer rundt samfunn av sopp og bakterier i norsk jordbruksjord. Metoden er en komplisert og kostbar metode og det er spennende å få økt kunnskap

om mengder og arts mangfold, samt hvilke funksjonelle grupper som finnes i vanlig norsk jordbruksjord.

## Mange arter overalt

Dette er nybrottsarbeid og DNA-metoden avdekker et stort mangfold av både sopp og bakterier i jorda på gården og i potetfeltet, med både likheter og forskjeller mellom de to produksjonene og innad mellom hver av de fire ulike systemene.

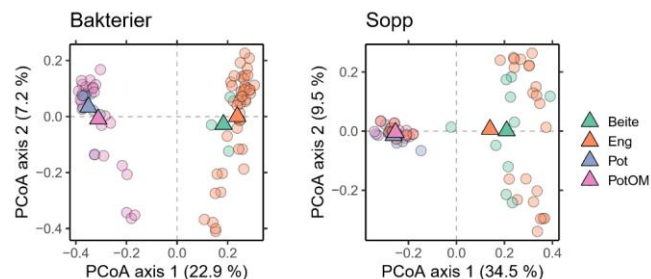
I snitt var det fra 652 til 795 forskjellige bakterier (ulike artssekvenser) og mellom 363 og 433 ulike sopper i jorda fra de fire ulike systemene (Fig. 2). Det var, noe uventet, nesten like mange arter i de fire systemene og ingen klare forskjeller i artsantallet av hverken bakterier eller sopp mellom eng og potetjord, eller innad i de to produksjonene. Det er ofte færre arter i mer intensivt drevne jordbruksystemer enn i mer ekstensive for større organismer som for eksempel planter, meitemark og edderkopper (Kleijn mfl. 2009, Pommeresche 2002, Tsiafouli mfl. 2015). For bakterier og sopp i de systemene vi sammenliknet var det ikke slik.



Figur 2. Antall arter av bakterier og sopp i ulike jordbruks-systemer. Resultatene er gjennomsnitt og delt i 4 grupper; snitt av prøver fra beite (Beite), 3 ulike enger (Eng), 3 typer OM tilførsler i potet (PotOM) og potet uten tilført OM (Pot).

## Ulikt sammensatte mikrobefunn

Selv om antallet arter var nesten likt, var det tydelige forskjeller i sammensetningen av mikrobefunnene. Mikrobefunnene i de ulike innsamlede jordprøvene var mer like innad i potetfeltet og innad i eng/beitesystemet enn mellom de to produksjonene (Fig. 3). Fordelingen av samfunnene (antall individer og arter) er fordelt etter to akser i diagrammene nedenfor. De vannrette aksene forklarer 22,9 % og 34,5 % av variasjonen i datamaterialet (for bakterier og for sopp) og de lodrette aksene 7,2 % og 9,5 %, og gjenspeiler forskjeller, men ingen årsaksforklaring til forskjellene.



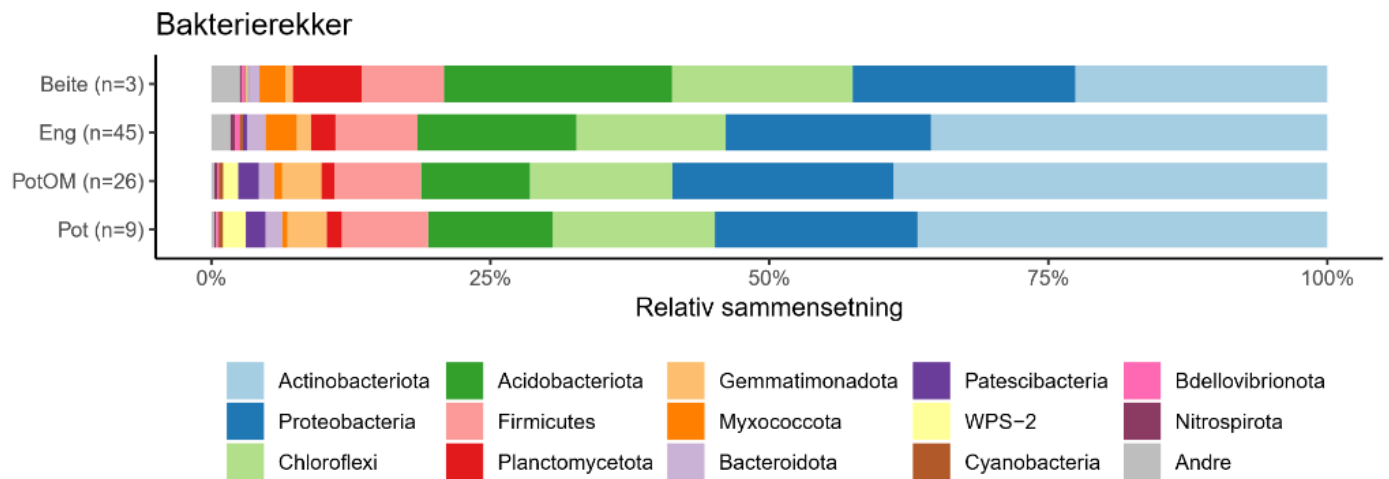
Figur 3. Sammensetningen av bakterier og sopp i de fire systemene. Hvert sirkelpunkt i figurene er fra en jordprøve og viser arter og mengde. Desto nærmere to punkter er hverandre, desto likere er samfunnene i de to prøvene. Trekantene i figurene viser snittet for prøver i hvert system.

DNA-metastrekkoding lar oss studere organismer og økosystem på en måte som ikke har vært mulig før, ved at de identifiserer DNA fra bakterier og sopp som tidligere metoder ikke «fant» blant annet fordi flere jordlevende mikroorganismer ikke lar seg dyrke på kunstig medium eller farges slik at de kan identifiseres. DNA-metoden fanger også opp både aktive og ikke aktive arter i jorda. Det bidrar til at metoden finner et veldig stort mangfold, men også at vi ikke kjenner til alle funksjonene som disse organismene har i jord.

## Ulike grupper bakterier i jordbruksjord

I alle de fire systemer var bakterierekken Actinobacteriota mest tallrik, etterfulgt av Proteobacteria og Chloroflexi. Acidobacteriota var mindre tallrik enn Chloroflexi i alle systemer utenom Beite (Fig. 4). Blant de mindre tallrike gruppene av bakterier var det noen forskjeller mellom de to produksjonene, med noen bakteriegrupper som var felles for Beite og Eng, og andre som var mer dominerende i PotOM og Pot. Myxococcota, en gruppe som potensielt både driver fotosyntese og predasjon på andre mikrober (Li mfl. 2023), var relativt mer tallrik i Beite og Eng. I potetjorda var det en del bakterier fra Patescibacteria og en gruppe kalt WPS-2 som det var veldig lite av i beite og eng.

Den dominerende gruppen Actinobacteriota (Fig. 4) består av aktinobakterier som har en trådformet vekst, som før ble gruppert sammen med sopp, men som nå har navn knyttet til at de er prokaryote bakterier, selv om veksten ligner sopphyfer (Ottow 2011). De er viktige for nedbryting av planterester og halm og er generelt viktige for omdanning av organisk materiale i jord. Bakteriene i denne gruppen er i hovedsak aerobe og trenger O<sub>2</sub> for å vokse og formere seg. *Streptomyces* er et eksempel på en trådformet jordlevende art i denne gruppen, som i tillegg til å ha trådformet vekst har arter som kan produsere antimikrobielle stoffer. Det finnes over 500 arter aktinobakterier og flere av dem kan lage «jordluft», en



Figur 4. Fordeling og relativ mengde (%) av bakterier fra ulike bakterierekker (taxon) i jord fra fire ulike jordbrukssystemer.

organisk forbindelse kalt geosmin og noen lager antibakterielle stoffer. De nitrogenfikserende bakteriene i gruppen Frankia som vanligvis lever sammen med or, pors og buskvegetasjon er også aktinobakterier.

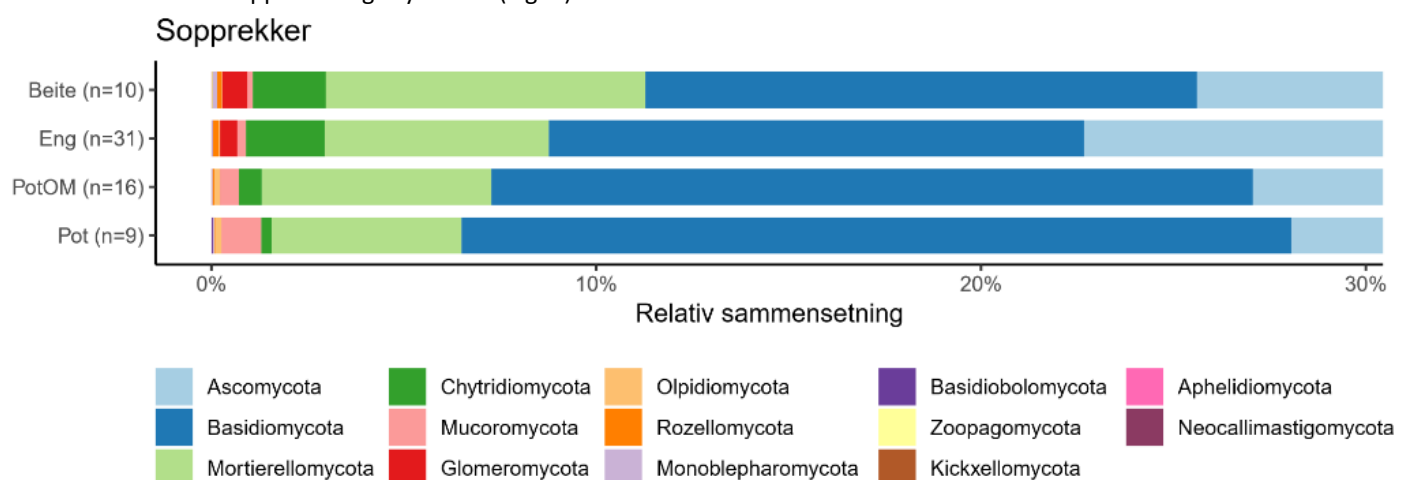
I gruppen Proteobacteria finnes både frittlevende og symbiotiske nitrogenfikserende bakterier, men slike finnes også i andre bakteriegrupper. *Genetisk likhet* henger ikke alltid sammen med *funksjonell likhet* når det kommer til mikroorganismer (Ottow 2011). Proteobakterier er mellom annet bakterier som deltar i ulike deler av nitrogenkretsløpet, i svovelkretsløpet og bakterier som «spiser metan» (metanotrofe). Firmicutes bakterier bidrar i omdanning og nedbryting av organisk materiale. Gruppen har både nedbrytere, mutualistiske og potensielt patogene arter. Mange arter melkesyrebakterier hører til i denne rekken (Ottow 2011, Pommeresche mfl. 2020).

Det er ikke uvanlig at disse to gruppene dominerer blant sopper i jord. Sopper i disse gruppene er særlig viktige i nedbryting av ulike typer organisk materiale og for sirkulering av næringsstoffer i jord. Det er også i disse gruppene vi finner våre populære matsopper i form av soppens fruktlegemer (soppatter).

Chytridiomycota var relativt mer tallrike i Beite og Eng enn i potetsystemene. Dette er sopper som danner zoosporer, de er akvatiske og helt avhengig av vann for å komme seg rundt i jorden. I Beite og Eng var også Glomeromycota, arbuskulær mykorrhiza-sopper, relativt mer tallrike. Glomeromycota inneholder aller flest arter «arbuskulær» mykorrhizasopp (Blaszkowski 2012), de er symbionter med mange ulike kulturveksters og ville veksters røtter, og regnes som positive i jordbruksjord (mutualister). Aller flest sopparter i jord er knyttet til nedbryting av organisk materiale, både lett nedbrytbart og mer cellulose/ligninrikt materiale, samt som symbionter og plantepatogener (Ottow 2011, Pommeresche mfl. 2011).

## Ulike grupper jordlevende sopp

For sopp utgjorde Ascomycota (sekksporesopper) og Basidiomycota (stilksporesopper) til sammen rundt 90 % av DNA-sekvensene for sopp i samtlige systemer (Fig. 5).



Figur 5. Fordeling og relativ mengde (%) sopp fra ulike sopprekker (taxon) i jord fra fire ulike jordbrukssystemer. Merk at aksene er kuttet ved 30 %, og at hele resten av soppsekvensene opp til 100 prosent tilhører Ascomycota.

## Andre funn i norsk jordbruksjord

En annen norsk undersøkelse av bakterier og sopp viser også et høyt artsantall i jordbruksjord (Chen mfl. 2020). Studien av sopp og bakterier fra ulike dyrkingssystemer med ulike andeler eng i vekstskiftet, ulike dyrkingspraksiser og gjødseltyper (fra Apelsvoll ved Mjøsa) viste små forskjeller i mengde og typer mikroorganismer mellom ganske ulike systemer. De brukte andre analysemetoder enn oss. De undersøkte i tillegg til «arter» også noen stoffer knyttet til bakteriene og soppens funksjoner ved å kartlegge ulike enzymer som ble produsert. Det var bare ett, det mest intensive kornsystemet, som hadde noe lavere artsantall av bakterier og sopp enn de andre korn- og engvekstskiftene. De fant også mange av de samme gruppene (rekkene) av mikroorganismene som oss og noen variasjoner mellom systemene. Generelt konkluderte de med at eng i vekstskiftet var positivt for både biomasse og aktiviteten av sopp og bakterier, sammenliknet med ettårige vekster som korn og potet). Systemene som hadde eng og husdyrgjødsel i driftsopplegget hadde også høyere enzymaktivitet enn systemene med bare ettårige vekster.

## Viktige funksjoner til jordbakterier

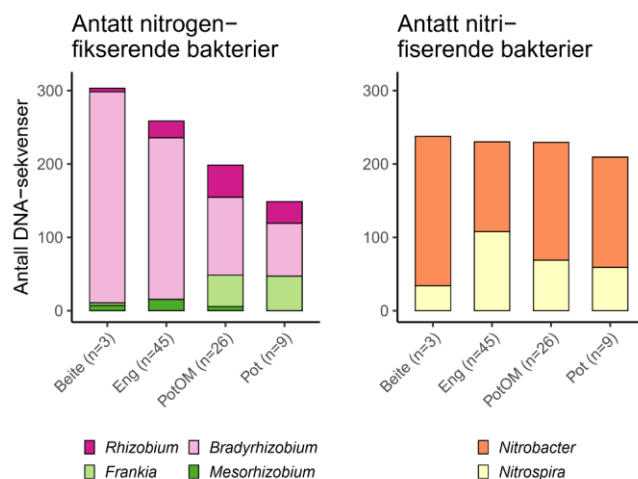
I jord er det en god del funksjonell redundans (overlapp), ved at svært mange mikrober gjør det samme, som eksempelvis bryter ned organisk materiale, samtidig eller vekselvis ettersom miljøet forandrer seg (pH, fuktighet, temperatur m.m.). Det krever mye mikrobiologisk kunnskap for å kunne tolke mindre forskjeller i de mikrobiologiske dataene som vi har samlet inn og mye av dette er nytt for landbruksjord.

En måte å tilnærme seg dette med funksjoner og hva mikrolivet i jorda bidrar med, er å gruppere funnene vi har etter hvilke funksjoner ulike organismer kan utføre. Også her vet vi ikke nok om hva alle de ulike gruppene bidrar med, men vi har gjort et utvalg.

Vi så nærmere på to hovedgrupper av bakterier som er kjent for å ha viktige funksjoner i nitrogenkretsløpet i jorda. Nitrogenfikserende bakterier omdanner nitrogengass ( $N_2$ ) fra jordlufta til plantetilgjengelige nitrogenformer som ammonium og/eller nitrat. Det finnes nitrogenfikserende bakterier som lever hele livet fritt i jorda og en del som lever i samliv med røttene til belgvekster (Ottow 2011, Pommeresche mfl. 2017). Flest frittlevende nitrogenfikserende bakterier finnes i gruppene/slektene *Anabaena*, *Nostoc*, *Azobacter*, *Beijerinckia* and *Clostridium*. Mutualistiske bakterier som lever i samliv med ulike belgvekster er *Rhizobium*, *Frankia* og *Bradyrhizobium*.

Gjennomsnittlig var det flest av nitrogenfikserende bakterier i Beite, etterfulgt av Eng, via potetjord som hadde fått tilført organisk materiale for to år siden (PotOM), til potetjord uten ekstra tilførsel av OM (Pot) (Fig. 6).

Mengdeforskjellen på nitrogenfikserende bakterier var størst mellom Pot og Beite, etterfulgt av Eng.



Figur 6. Fordeling av nitrogenfikserende bakterier (sympiotiske og frittlevende) og nitrifiserende (frittlevende) bakterier i jorda fra beite, eng og potetfelt.

Den andre gruppa som er tatt med er nitrifiserende bakterier. Disse lever fritt i jorda og rundt planterøttene og bidrar i nitrogenkretsløpet, eksempelvis ved å omdanne ammonium ( $NH_4^+$ ) til nitrat ( $NO_3^-$ ), enten direkte eller via mellomformen nitritt ( $NO_2^-$ ).

Av nitrifiserende bakterier er antallet fra slektene *Nitrobacter* og *Nitrospira* med. I motsetning til de nitrogenfikserende bakteriene var det i snitt ingen forskjell mellom mengde DNA fra nitrifiserende bakterier i de fire ulike behandlingene (Fig. 6). Det var noe ulik fordeling av de to gruppene innad i systemene. *Nitrobacter* er viktige for å omdanne nitritt til nitrat og bruker kjemisk energi, som dannes i prosessene, til vekst. *Nitrospira* får sin energi ved å bidra i flere ulike biokjemiske nitrogenreaksjoner i jord.

Den høye andelen av fordelaktige *Bradyrhizobium* er interessant og er funnet i flere jordprøver fra norsk jordbruksjord. Til nå har vi trodd at de vanligste nitrogenfikserende bakteriene i norsk jord kommer fra *Rhizobium*-gruppen, fordi disse danner symbioser med våre norske kløver- og vikkearter, mens *Bradyrhizobium*-arter er mer knyttet til plantearter som vi ikke har så mye av i Norge, slik som soyabønner, peanøtter, alfalfa og lupin. Dette er kanskje under endring med de resultatene vi har her. Det kan også være noe overlappende navnssetting på latinsk her som vi ikke er oppdaterte på, noe som gjør at *Bradyrhizobium* er mer vanlig enn tidligere antatt.

Det var imidlertid veldig interessant at det var såpass mange både grupper og antall symbiotiske nitrogenfikserende bakterier i den relativt intensivt drevne potetjorda. Dette fordi det ikke brukes belgvekster her, men generelt bare potet etter potet uten etterkultur, med enkeltår med korn/gras. Imidlertid virker det som både *Rhizobium* og *Bradyrhizobium* har stadier av frittlevende bevegelige bakterier når de ikke er i samliv med

planterøttene, men de er antatt å bare fikserer nitrogen sammen med plantene.

*Frankia* aktinobakterier er ofte knyttet til mutualisme (symbiose) med trær og busker, der gråor, trollhegg og pors er mest kjent i Norge. Disse finnes i området rundt potetfeltet. Vi vet lite om disse bakterienes funksjoner i jordbruksjord og finner lite som knytter dem til våre kulturplanter eller ugras. Noen kilder viser at *Frankia*-aktinobakterier vokser sammen med pionerarter og ofte i næringsfattig jord, og at noen arter er frittlevende i jord, men vi fant lite som knytter dem til potet, korn, gras eller belgvekster (Chaia m.fl. 2010).

## Jordlevende sopp til nytte og besvær

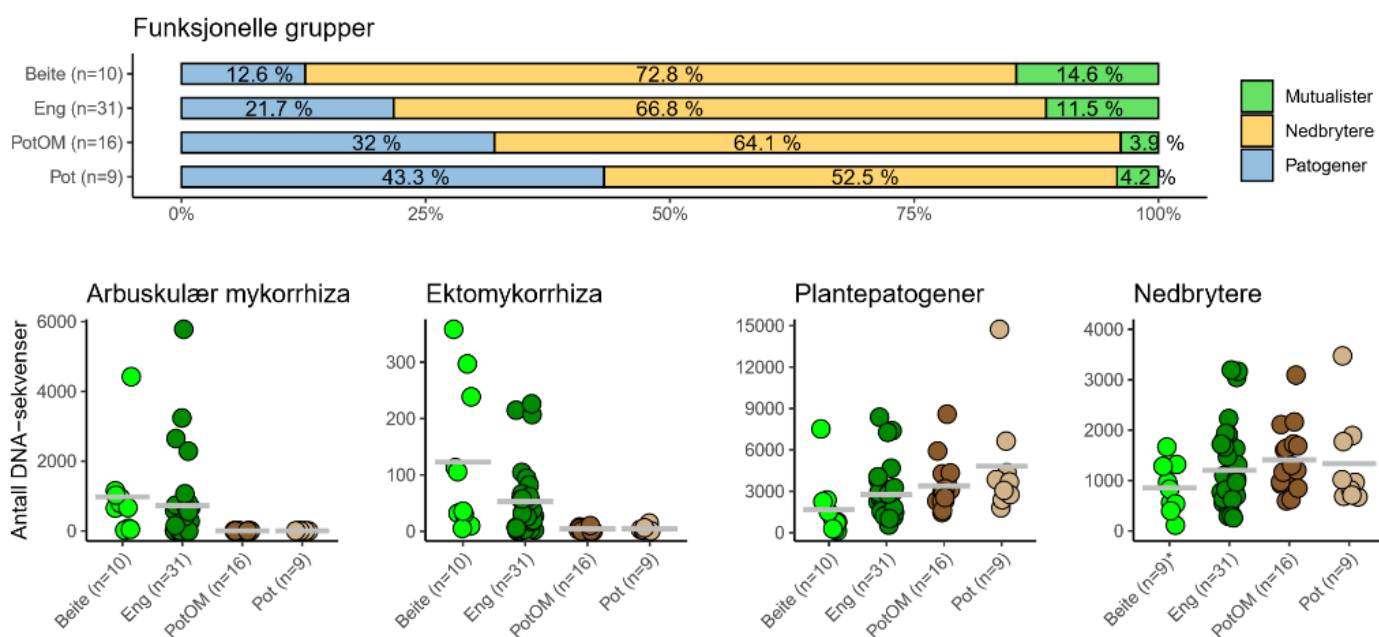
For våre jordlevende soppdata brukte vi verktøyet FUNGuild (Nguyen mfl. 2016) for å tilegne funksjonell informasjon til soppene vi identifiserte. Vi undersøkte videre soppene som ble klassifisert som positive (mutualister), negative (patogene) eller nøytrale (nedbrytere) knyttet til planter i landbrukssammenheng. Mutualisme er en fordel for begge parter, i praksis ofte kalt symbiose. Det er slikt samarbeid som mykorrhizasopper har med både ville planter og de fleste kulturplantene våre.

Plantene får utvidet «rotnett» gjennom hyfene til mykorrhiza-soppene og soppen får mellom annet protein og karbohydrater fra plantene. Nedbrytere går mest på dødt organisk materiale og ikke på levende plantevev, mens det gjør de såkalte patogene (sykdomsbringende) sopper (negative). I praksis er det glidende overganger mellom disse gruppene, samt at alt ikke er kjent enda.

Resultatene viser at det var sopp fra alle de ulike funksjonelle gruppene i de jordprøvene vi samlet inn (Fig. 7). Både relativ andel og absolutt mengde viser samme mønster med flere positive (mutualistiske) sopp i eng/beite i forhold til i potetfeltet, samt en liten overvekt av patogene sopp i potetfeltet sammenliknet med eng og beite. Andelen nedbrytere var noe høyere i gras-systemene, mens absolutt antall var noe høyere i potetfeltet.

Det var ganske tydelig flere mykorrhizasopp av begge typer (arbuskulær og ekto) i eng og beite enn i potetfeltet. Dette var forventet, siden disse soppene trives best i systemer med levende planter og mindre frekvent jordarbeiding.

Resultatene viser at det er en stor andel nedbrytere i jordbruksjord, men også at det er et stort reservoar av sykdomsrelaterte (patogene) sopper i jorda, kanskje større enn forventet i eng og beite. Dermed gir våre resultater spennende funn og nyanserer noe mer hvilket mikroliv som finnes i ulike produksjoner og innen eng og innen potetjord.



Figur 7. Relative mengder av ulike funksjonelle grupper av sopp øverst i figuren, delt i potensielle mutualister, nedbrytere og patogene sopper nederst. Absolutte mengder av arbuskulær/ektomykorrhiza, plantepatogener og nedbrytersopp i de fire systemene i nedre del av figuren. Hvert punkt representerer en jordprøve. De grå linjene i bakgrunnen viser snittet for mengde av ulike funksjonelle grupper sopp.

## Oppsummering og veien videre

Vi fant generelt små variasjoner i antall arter av mikroorganismer i jorda mellom de fire systemene vi undersøkte (Fig. 2). Det høyeste antallet arter ble funnet i beite som også hadde høyest innhold av organisk materiale, men det ble også funnet nesten like mange arter bakterier og sopp i sandjorda under potet med veldig lite organisk materiale. Samfunnsstrukturer av sopp og av bakterier varierte mer mellom gras-systemet og potetsystemet enn innad i de to systemene (Fig 3 – 7). Det var noen forskjeller også innad mellom eng og beite. Ettreffekter av tilsatt organisk materiale på antall arter og sammensetning av bakterier og sopp var små.

Alle de fire systemene bestod av en stor andel ulike nedbryterorganismer av både sopp og bakterier og lite variasjon innad i de to produksjonene eng/beite og potet (Fig. 7). Det var flest nitrogenfikserende bakterier i beite etterfulgt av eng og det var *Bradyrhizobium* som dominerte (Fig. 6). Det var færrest nitrogenfikserende bakterier i potetsystemene og det var større andel actinobakterier (*Frankia*) i potetjord, enn i eng og beite. Det var også mer mykorrhizasopp i eng og beite enn i potet (Fig 7). Den relative andelen med patogene sopper var høyere i potet uten tilført OM, rundt 43 %, og lavest i beite, 13 % (Fig. 7).

Vi fant et rikt mangfold av ulike arter og funksjonelle grupper bakterier og sopp. Det var mindre forskjeller enn vi hadde forventet utfra intensitet/graden av jordarbeiding, gjødsling og variasjon i plantedekke. Jordlevende sopp (eukaryoter) og jordlevende bakterier (prokaryoter) er bygd opp ulikt og fungerer ulikt. Dette gjør at selv om sopp og bakterier kan utføre lignende funksjoner/oppgaver i jorda, så løses dette på ulike måter både mellom sopp og bakterier og innad mellom ulike arter i disse store gruppene av jordlevende organismer. I tillegg kommer at *genetisk likhet* langt fra alltid henger sammen med *funksjonell likhet*, derfor er det komplisert og utfordrende å generalisere funksjonene til de soppene og bakteriegruppene vi fant.

I jordbruksjord er bakterier og sopp knyttet til jord ekstra i søkelyset mht. næringsforsyning, jordhelse og plantehelse. Da spesielt for å omdanne husdyrgjødsel og planterester til plantenæring og jord, men også for å regulere patogene mikrober i jord og påvirke jord- og plantehelse. Det blir spennende å se om DNA og supplerende RNA-undersøkelser av jord og planterøtter kan brukes

til å lære mer om hvor og når mikroorganismene er aktive og hvilke funksjoner de bidrar med. Videre om metodene kan brukes til å si mer om den totale jordhelsen og/eller plantehelsen på et skifte eller en gård.

## Referanser

- Blaszkowski, J. 2012.** Glomeromycota. W. Szafer Institute of Botany, Krakow 2012.
- Båtnes, M. mfl. 2022.** Jord, avlinger og næringsbalanse gjennom 30 år med økologisk drift. NORSØK Rapport 12, 2022.
- Chaia, E.E. mfl. 2010.** Life in soil by the actinorhizal root nodule endophyte *Frankia*. A review. *Symbiosis* **51**, 201–226.
- Chen, X. mfl. 2020.** Long-term effects of agricultural production systems on structure and function of the soil microbial community. *Applied Soil Ecology*, **147**, 1–10.
- Ebbesvik, M. mfl. 2014.** Jord, avlinger og næringsbalanser ved økologisk drift. Bioforsk Rapport 165, 2014.
- Kleijn, D. mfl. 2009.** On the relationship between farmland biodiversity and land use intensity in Europe. *Proc.R.Soc.B* **276**, 903–909.
- Li, L. mfl. 2023.** Globally distributed *Myxococcota* with photosynthesis gene clusters illuminate the origin and evolution of a potentially chimeric lifestyle. *Nat Commun* **14**, 6450.
- Nguyen, N.H. mfl. 2016.** FUNGuild: an open annotation tool for parsing fungal community datasets by ecological guild. *Fungal Ecology* **20**: 241–248.
- Ottow, J.C.G. 2011.** Mikrobiologie von Böden. Biodiversität, Ökophysiologie und Metagenomik. Springer Verlag Berlin.
- Pommeresche, R. 2002.** Spiders (Aranea) in organically managed ley and pasture, Tingvoll Farm, Norway. *Norw.J.Entomol.* **49**, 51–58.
- Pommeresche, R. mfl. 2011.** Jordlevende sopp. Bioforsk Tema nr.18, 2011.
- Pommeresche, R & Hansen, S. 2017.** Sjekk belgvekstenes egen nitrogenproduksjon. FertilCrop Technical note.
- Pommeresche, R. m.fl. 2020.** Bakterier i jord og kompost-flerfunksjonelle samfunn. NORSØK Faginfo 2, 2020.
- Rittl, T.F. mfl. 2023.** Effects of organic amendments and cover crops on soil characteristics and potato yields. *Acta Agriculturae Scandinavica, S B Soil & Plant Science*, **73**, 13–26.
- Tsiafouli, M.A. mfl. 2015.** Intensive agriculture reduces soil biodiversity across Europe. *Global Change Biology* **21**, 973–985.

## Et stort mangfold av mikroorganismer i jordbruksjord avdekket med DNA-analyser

NR 6 | 2023 | VOL 8

### NORSØK FAGINFO

Ansvarlig redaktør: Turid Strøm

Forfattere: Reidun Pommeresche og Tatiana F. Rittl, NORSØK, Peter Farsund, Bionér

Foto forsidebilder: Reidun Pommeresche og Tatiana F. Rittl

ISBN: 978-82-8202-174-6

[www.norsok.no](http://www.norsok.no)

