

Presseinformation

Nummer 33 vom 22. November 2021

Der Mikroben-Schatz im Gerstensamen- neue Ansätze für die Züchtungsforschung?

JKI-Studie weist Effekt des Genotyps auf das Mikrobiom im Gerstenkorn nach. Das könnte neue Ansätze für die Züchtung neuer Sorten mit höherer Widerstandskraft gegen Krankheiten und verringertem Düngebedarf liefern.

(Braunschweig) Das Mikrobiom des Gerstensamens hängt in seiner Zusammensetzung und Diversität stark vom Genotyp der Gerste ab. Das zeigt eine Studie des JKI und der Universität Kopenhagen, die das Samenmikrobiom von sieben verschiedenen Gerste-Genotypen unter die Lupe genommen hat. Neben den genannten Unterschieden konnte darüber hinaus auch ein Genotyp-übergreifendes „Kernmikrobiom“ der Gerste identifiziert werden.

„Die in der Studie aufgezeigte genetische Kopplung von Mikrobiomdiversität und Pflanzengenotyp stellt einen Anreiz für die Züchtungsforschung dar, Genotypen mit einer hohen Diversität und Abundanz eines nützlichen Samenmikrobioms genauer zu betrachten“, erklärt Nina Bziuk vom Julius Kühn-Institut (JKI), Erstautorin der Publikation. In ferne Zukunft gedacht könnten so möglicherweise Pflanzenschutzmittel oder Mineraldünger eingespart werden, da einzelne Organismen des Mikrobioms das Pflanzenwachstum stimulieren und mit dem Immunsystem der Pflanze interagieren können. Sie stärken so die Widerstandsfähigkeit gegenüber Krankheitserregern. Auch die Nutzung einzelner Organismen als Biostimulanzien wäre denkbar.

Im Rahmen der Studie wurde aus einem Bestand von 200 Gerstengenotypen sieben Genotypen ausgewählt, welche die genetische Diversität der Gerste bestmöglich repräsentieren. Die bakterielle Gemeinschaft im Samen dieser sieben Genotypen wurde mit Hilfe kultivierungsunabhängiger DNA-basierter Methoden und traditioneller Kultivierungsverfahren anschließend genauer betrachtet. „*Enterobacteriaceae* stellten hierbei die am stärksten vertretene Klasse im Samenmikrobiom dar,“ so Bziuk, „andere häufige Gattungen des Kernmikrobioms waren *Curtobacterium*, *Paenibacillus*, *Pantoea*, *Sanguibacter* und *Saccharibacillus*.“

Darüber hinaus gelang es den Forschenden bakterielle Isolate der Endophyten aus den sterilisierten Gerstensamen zu kultivieren. Die taxonomische Einordnung der isolierten Endophyten erfolgte über ihre 16S rRNA Gen-Sequenz, deren Vergleich die bevorzugte molekularbiologische Methode zur Identifizierung von Bakterien in ihrer Gattungsebene herausgestellt.

Unter Laborbedingungen produzieren viele dieser Isolate Metabolite, die das Potenzial besitzen, Pflanzenwachstum oder Resistenzen gegenüber biotischen und abiotischen Stressoren, vor allem in frühen Phasen der Pflanzenentwicklung, zu steigern. „Dies trifft nicht nur auf Samenmikroben,

sondern auch auf Organismengemeinschaften im Wurzelbereich der Pflanze zu, wie wir aus vergangenen Studien¹ bereits wissen“, ergänzt Professor Dr. Kornelia Smalla, Leiterin der Arbeitsgruppe molekulare mikrobielle Ökologie am JKI-Fachinstitut für Epidemiologie und Pathodiagnostik. „Auch für das Wurzelmikrobiom konnten wir in dieser Studie einen Genotyp-induzierten Effekt auf die Zusammensetzung der Mikroorganismen in der Rhizosphäre beschreiben“, so Smalla. „Häufigkeit und Vorkommen der Mikroben-Gattungen in der Rhizosphäre und im Samenkorn eines Genotyps unterscheiden sich jedoch maßgeblich.“

Auch wenn die Forschenden anhand von Single Nucleotid Polymorphismen in dieser Studie keine genetische Korrelation zwischen den sieben Gerstengenotypen und dem jeweiligen Mikrobiom herstellen konnten, sehen Sie dennoch großes Potential in der genaueren Betrachtung der Kausalkette von Genotyp, Mikrobiomzusammensetzung und Resistenz- bzw. Widerstandsfähigkeit. Diese bietet möglicherweise züchterische Ansatzpunkte um Kulturpflanzen besser gegen Schaderreger oder sich ändernde Umweltfaktoren zu wappnen und zukünftige Herausforderungen zu begegnen.

Publikation

Bziuk et al. (2021): The treasure inside barley seeds: microbial diversity and plant beneficial bacteria, *Environmental Microbiome*. DOI: <https://doi.org/10.1186/s40793-021-00389-8>

Bereits erschienen

Bziuk et al. (2021): Tillage shapes the soil and rhizosphere microbiome of barley—but not its susceptibility towards *Blumeria graminis* f. sp. *Hordei*, *FEMS Microbiology Ecology*. DOI: <https://doi.org/10.1093/femsec/fiab018>

Wissenschaftliche Ansprechpartnerin

Nina Bziuk

Tel: 0531 299 3837

oder Prof. Dr. Kornelia Smalla

Tel: 0531 299 3814

kornelia.smalla@julius-kuehn.de

Julius Kühn-Institut (JKI), Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Institut für Epidemiologie und Pathodiagnostik, Messeweg 11/12, 38104 Braunschweig

Herausgeber

Julius Kühn-Institut (JKI), Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Pressestelle

Autorin: Gesa Leefken, Telefon: 03946 47-106, pressestelle@julius-kuehn.de

www.julius-kuehn.de/presse/, Twitterkanal: https://twitter.com/jki_bund

¹ Elsayed et al. (2021): Potato plant spheres and to a lesser extent the soil type influence the proportion and diversity of bacterial isolates with in vitro antagonistic activity towards *Ralstonia solanacearum* DOI: [10.1093/femsec/fiab038](https://doi.org/10.1093/femsec/fiab038)