

Gefördert durch:



Bundesministerium
für Forschung, Technologie
und Raumfahrt

Zuwendungsempfänger

Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen (JKI), Erwin-Baur-Str. 27, 06484 Quedlinburg, Standort 38104 Braunschweig, Messeweg 11-12, Institut für Epidemiologie und Pathogendiagnostik

Titel der Förderung

DiControl – Auswirkungen des pflanzenbaulichen Managements sowie der Anwendung mikrobieller Biokontrollstämme auf Bodengesundheit und Suppressivität gegenüber Pathogenen

Verantwortliche Autoren

Dr. Doreen Babin

In Zusammenarbeit mit

Leibniz-Institut für Gemüse- und Zierpflanzenbau (IGZ) e.V., System Pflanze-Mikroorganismen, Theodor-Echtermeyer-Weg 1, 14979 Großbeeren

Hochschule Anhalt (HSA), Bernburger Str. 55, 06366 Köthen, Standort 06406 Bernburg, Strenzfelder Allee 28, AG IBAS (Institute of Bioanalytical Sciences)

Universität Hohenheim (UH), Institut für Kulturpflanzenwissenschaften, Schloss Hohenheim 1, 70599 Stuttgart

Förderkennzeichen

031B1068C

„Das diesem Bericht zugrundeliegende Vorhaben wurde mit Mitteln des Bundesministeriums für Forschung, Technologie und Raumfahrt unter dem Förderkennzeichen 031B1068C gefördert. Die Verantwortung für den Inhalt dieser Veröffentlichung liegt bei der Autorin.“



BONARES



DiControl

Sachbericht zum Verwendungsnachweis Teil I

I. Kurzbericht

I.1. Aufgabenstellung und wissenschaftlich-technischer Stand vor Vorhabenbeginn

Mikroorganismen sind in nahezu alle Prozesse im Boden involviert und damit wesentlich für Bodengesundheit/-fruchtbarkeit, doch finden sie wenig Berücksichtigung in der gegenwärtigen landwirtschaftlichen Praxis. Ein wesentliches Ziel des Projektes ist daher zu untersuchen, wie landwirtschaftliche Anbaumaßnahmen (Bodenbearbeitung, Düngungsregime, Fruchtfolge, Applikation von nützlichen Mikroorganismen) die mikrobielle Gemeinschaft im Boden und insbesondere in der Rhizosphäre im Feld unter Berücksichtigung von Charakteristika der Pflanze beeinflussen. Die Rhizosphären-Mikrobiota steht in enger Interaktion mit der Pflanze, die über Wurzelexsudation Einfluss auf deren Struktur und Funktion ausübt. So können in der Rhizosphäre sowohl bestimmte Wurzelexsudate als auch Mikroorganismen einen direkten/indirekten positiven/negativen Einfluss auf Pflanzenpathogene ausüben. Daher war neben der Analyse der Mikrobiota die Zusammensetzung von Wurzelexsudat-Profilen mittels non-invasiver Probeentnahmemethoden unter Feldbedingungen ein weiterer wichtiger Teil des Projektes.

Zahlreiche Studien belegen die positiven Wirkungen von applizierten nützlichen Mikroorganismen (BM) für Pflanzengesundheit und Krankheitsunterdrückung. Doch fehlen Kenntnisse zum Einfluss von landwirtschaftlichen Maßnahmen auf die Wirkung von BM auf die Pflanze in Abhängigkeit von der Vegetationsperiode und gegenüber biotischem Stress unter Feldbedingungen. Geprüft wurde dies anhand bereits im Feld erprobter BM (*Pseudomonas* sp. RU47, *Bacillus atrophaeus* ABI03 und *Trichoderma harzianum* OMG16), die als Konsortium (BM-Konsortium) an der Modellpflanze Mais in drei Vegetationsperioden in einem Langzeitversuch (LTE) angewendet wurden. Die krankheitsunterdrückende Wirkung des BM-Konsortiums in Kombination mit Zwischenfrüchten gegenüber *Fusarium* spp. wurde auf einem weiteren Standort untersucht.

Ein weiterer Schwerpunkt der 3. Projektphase war die zusammenhängende Auswertung der während der Projektphasen generierten Datensätze mittels verschiedener statistischer Verfahren mit dem Ziel der Identifikation von mikrobiellen Indikatoren (Taxa, Funktionen), die für Boden- und Pflanzengesundheit von Bedeutung sind.

I.2. Ablauf des Vorhabens

Die drei Arbeitspakete des Vorhabens (APs, siehe Punkt I.3.) wurden in enger Zusammenarbeit mit den Partnern bearbeitet. Im LTE der HSA in Bernburg-Strenzfeld wurde die Modellpflanze Mais in der Variante mit reduzierter Bodenbearbeitung (CT) und N-Düngungsintensität (Ext) mit dem BM-Konsortium behandelt, um einen Vergleich der Wirkung des BM-Konsortiums auf die Pflanze und die Struktur und Funktion der Rhizosphären-Mikrobiota in Abhängigkeit vom Anbaujahr (2020, 2021, 2022) auf dem gleichen Standort vornehmen zu können. Aufgrund der positiven Wirkung von Zwischenfrüchten auf die mikrobielle Diversität im Boden sowie die Bodengesundheit wurde auf dem Versuchsstandort des IGZ die krankheitsunterdrückende Wirkung des BM-Konsortiums in Kombination mit dem Anbau von Zwischenfrüchten aus 12-Pflanzenarten (Mix12 des BonaRes Projekts CATCHY; Leguminosen: *Pisum sativum* L., *Trifolium incarnatum* L., *T. hybridum* L., *T. repens* L., *Vicia pannonica* CRANTZ.; Nicht-Leguminosen: *Sorghum sudanense* STEUD., *Linum usitatissimum* L., *Phacelia tanacetifolia*, *Raphanus sativus* L., *Guizotia abyssinica* CASS., *Helianthus annuus* L., *Camelina sativa* L.) an Mais gegenüber *Fusarium* spp. untersucht. Die Zwischenfrüchte wurden im Spätsommer des vorherigen Jahres angebaut und verblieben bis zur Einarbeitung in den Boden (ca. zwei Wochen vor der Aussaat von Mais im darauffolgenden Jahr) über die Winterperiode auf den entsprechenden Parzellen. Der Vergleich der Ergebnisse erfolgte zur Brache (Kontrolle). Vor der Aussaat der Zwischenfrüchte wurden die Parzellen künstlich mit *Fusarium*-Pathogenen, isoliert von Mais, inokuliert. Die Varianten wurden ohne und mit Applikation des BM-Konsortiums an Mais angelegt. Zur Blüte von Mais wurden Proben zur Analyse der Rhizosphärenkompetenz der einzelnen Isolate des Konsortiums, der mikrobiellen Gemeinschaften in der Rhizosphäre sowie zur Bestimmung der Sprosstrockenmasse (STM) entnommen.

Ein weiterer Schwerpunkt des Projektes war die vergleichende Analyse der Datensätze aus den verschiedenen Versuchsjahren zur Identifikation von mikrobiellen Indikatoren für Boden- und Pflanzengesundheit.

Die Ergebnisse des Projektes wurden auf nationalen und internationalen Tagungen/Veranstaltungen an verschiedene Interessengruppen kommuniziert.

I.3. Wesentliche Ergebnisse und Zusammenarbeit mit dem Verbundpartner

Es wurden folgende wesentliche Ergebnisse erzielt:

AP1. Einfluss des BM-Konsortiums auf die Produktivität und Gesundheit von Mais unter Feldbedingungen

Zwei Wochen nach Einarbeitung der Zwischenfrüchte in den Boden und vor der Aussaat von Mais wurde in diesen Varianten im Boden sowohl eine erhöhte Respirationsrate als auch signifikant höhere Dehydrogenase-Aktivität im Vergleich zum Boden ohne Zwischenfruchtanbau (Brache) ermittelt. Ein verbessertes Wachstum bzw. höhere STM von Mais zum Zeitpunkt der Blüte war sowohl ohne als auch nach *Fusarium* Inokulation gegeben. Kein Unterschied in der STM war in der Variante nur mit Zwischenfruchtanbau im Vergleich zur kombinierten Anwendung von Zwischenfruchtanbau und BM-Konsortium zu beobachten.

Die bakteriellen BM *B. atrophaeus* ABi03 und *Pseudomonas* sp. RU47 etablierten sich in der Rhizosphäre von Mais in allen Varianten. Die Rhizosphärenkompetenz der einzelnen BM des Konsortiums war sowohl weder durch den Zwischenfruchtanbau noch durch die *Fusarium* Inokulation beeinflusst. *T. harzianum* OMG16 war ebenfalls im Boden des Wurzelraums in allen Varianten nachweisbar. Der Anbau von Zwischenfrüchten, die Behandlung von Mais mit dem BM-Konsortium sowie die Inokulation des Bodens mit *Fusarium* spp. zu Versuchsbeginn (ein Jahr zuvor) führten zu signifikanten Veränderungen in der Zusammensetzung der mikrobiellen Gemeinschaft in der Rhizosphäre von Mais sowie im Boden des Wurzelraums. So war z.B. eine signifikant höhere Alpha-Diversität der pilzlichen Gemeinschaft im Boden des Wurzelraums in der Variante mit Zwischenfruchtanbau im Vergleich zur Variante ohne vorherigem Zwischenfruchtanbau zu beobachten.

AP2. Auswertung und Synthese der Daten zur Identifizierung von Indikatoren für Boden- und Pflanzengesundheit

Ergebnisse zweijähriger Feldversuche an Mais zeigten, dass die einzelnen BM des Konsortiums, unabhängig von landwirtschaftlichen Maßnahmen, sich erfolgreich in der Rhizosphäre etablieren und dies die Struktur und Funktion des Rhizosphären Mikrobioms positiv verändern und damit die Pflanze-Mikroorganismen Interaktion. Die zusammenhängende Analyse der mikrobiologischen und pflanzenphysiologischen Datensätze unterstreicht, dass die Behandlung mit dem BM-Konsortium die Pflanze im Umgang mit Stressbedingungen unterstützt. So wurden unter abiotischen Stressbedingungen wie Trockenheit in den behandelten Varianten bestimmte Mikroorganismen in der Rhizosphäre angereichert, die der Pflanze z.B. fehlende Mikronährstoffe wie Eisen zur Verfügung stellen. Die behandelten Pflanzen gaben auch vermehrt Metabolite in den Wurzelraum ab, um Mikronährstoffe wie Eisen für die Pflanze verfügbar zu machen. Eisen unterstützt die Abwehrreaktion der Pflanze gegenüber abiotischen/biotischen Stressbedingungen. Die behandelten Pflanzen wiesen in der Folge ein signifikant besseres Wachstum auf (unabhängig von landwirtschaftlichen Maßnahmen) sowie ein deutlich geringeres Stressniveau, wie die Ergebnisse der Analyse pflanzenphysiologischer Indikatoren zeigen.

AP3. Einbindung von Interessengruppen und Ergebnisverwertung

Auf der Basis der Ergebnisse des Projektes wurden der Praxis Empfehlungen in Bezug auf Anbaumaßnahmen sowie der Anwendung von BM mit positiver Wirkung auf Boden- und Pflanzengesundheit gegeben. Die Ergebnisse wurden in zahlreichen Vorträgen auf nationalen (z.B. DLG-Feldtage, Feldtag der HUB, BonaRes-Workshop, 62. und 63. Deutsche Pflanzenschutztagung) und internationalen Veranstaltungen sowohl mit Praxispartnern als auch der wissenschaftlichen Gemeinschaft diskutiert. Des Weiteren wurden die Ergebnisse in nationalen und internationalen Fachjournalen an verschiedene Interessengruppen herangetragen.

Mögliche Verwertungsperspektiven: Die während des Projektes generierten Datensätze und historischen Daten des LTE Bernburg (2004-2023) sind im BonaRes-Repository hinterlegt (40 Datentabellen, ca. 1,2 Mio. Beobachtungen und 259 Attribute) und damit der Öffentlichkeit zugänglich und können so die Grundlage z.B. für Entscheidungshilfen für ein nachhaltiges Bodenmanagement bilden. Die Datensätze insbesondere zur Struktur und Funktion der mikrobiellen Gemeinschaft im Boden und in der Rhizosphäre können in Modelle integriert oder in Metanalysen einbezogen werden und unser Verständnis zu den vielfältigen Bodenfunktionen und -prozessen verbessern, um Bodenfruchtbarkeit und -gesundheit langfristig zu erhalten und damit die Produktivität der Pflanze. Im Rahmen des BMBF Projekts „BioTrain“ werden z.B. derzeit alle gesammelten DiControl Daten im BonaRes-Repository genutzt, um Algorithmen des Maschinellen Lernens zu trainieren und innovative Ansätze für die Analyse und Vorhersage von Mustern sowie Zusammenhängen skalenübergreifender Biodiversitätsdaten zu entwickeln, um damit auch die Analyse des Einflusses landwirtschaftlicher Maßnahmen auf die mikrobielle Biodiversität in Feldboden und Rhizosphäre zu unterstützen.

Sachbericht zum Verwendungsnachweis Teil II

II. Eingehende Darstellung

II.1. Aufgabenstellung und wissenschaftlich-technischer Stand vor Vorhabenbeginn

Die Erhaltung von Bodengesundheit und –fruchtbarkeit in landwirtschaftlichen Produktionssystemen ist eine wichtige Voraussetzung, um den weltweit steigenden Bedarf an Nahrungsmitteln und pflanzlichen Produkten auch in Zukunft zu sichern. Fruchtbare Böden zu erhalten und/oder wieder herzustellen, stellt nicht nur eine dringende Herausforderung für die gegenwärtige Landwirtschaft dar, sondern auch für die Gesellschaft.

Im Boden ablaufende Prozesse werden nicht nur von natürlichen Faktoren wie Klima, Bodentyp, Vegetation sondern auch von menschlichen Einflüssen wie landwirtschaftliche Bewirtschaftungsformen gesteuert, welche wiederum maßgeblichen Einfluss auf die chemisch-physikalischen Bodeneigenschaften als auch die Bodenfruchtbarkeit und damit die Gesundheit und Produktivität der Pflanze nehmen. Die mikrobielle Gemeinschaft im Boden ist ein weiterer entscheidender Faktor für Bodengesundheit und –fruchtbarkeit, deren Zusammensetzung und Struktur das Wechselspiel von Pflanzen und Mikroorganismen in der Rhizosphäre beeinflussen. Bodenbürtige Pflanzenpathogene sind Teil dieser mikrobiellen Gemeinschaft und können zu erheblichen Ertrags- und Qualitätsverlusten von Kulturpflanzen führen. Generell sind die im Boden vorkommenden Pathogene schwer zu bekämpfen und stellen die Landwirtschaft vor besondere Herausforderungen. Gegenwärtige Strategien der Krankheitskontrolle sind jedoch oft unzureichend. So begünstigt eine enge Fruchtfolge die Akkumulation von bodenbürtigen Pathogenen einschließlich deren negative Auswirkungen auf den Ertrag und Gesundheitszustand der Pflanze (Panth et al. 2020).

Obwohl Mikroorganismen maßgeblich an nahezu allen Boden- und Ökosystemprozessen beteiligt sind, findet deren Potential für Boden- und Pflanzengesundheit bzw. pflanzlichen Produktivität in der gegenwärtigen landwirtschaftlichen Praxis noch wenig Berücksichtigung. Fehlende Kenntnisse, wie die nützlichen Funktionen von Boden- und pflanzenassoziierten Mikroorganismen durch Maßnahmen gefördert werden können, sind ein Grund dafür (Raaijmakers & Mazzola 2016). Trotz zunehmender Kenntnisse hinsichtlich grundlegender Beziehungen zwischen Boden-Mikrobiota und den Wechselwirkungen zwischen Pflanze und Mikroorganismen in der Rhizosphäre sowie deren Einfluss wiederum auf den Boden (*plant-soil feedback*) (van Agtmaal et al. 2015, Allan et al. 2015, Berg et al. 2015, 2017, Hahn et al. 2018, Hartmann et al. 2015, Hol et al. 2015, Lapsansky et al. 2016, Widder et al. 2016), ist der Einfluss von landwirtschaftlichen Anbaumaßnahmen auf die Interaktion zwischen Pflanze und Mikroorganismen unter Einfluss der Bodenmikrobiota in pflanzlichen Produktionssystemen weitestgehend ungeklärt. Aufgrund der großen Bedeutung von Mikroorganismen für verschiedene Funktionen in landwirtschaftlich/gartenbaulich genutzten Böden konzentrierte sich das Projekt auf die Untersuchung des Einflusses von langfristigen Anbaumaßnahmen auf das Boden- und insbesondere Rhizosphären-Mikrobiom unter Berücksichtigung von Charakteristika der Pflanze. Ein besseres Verständnis zum Einfluss von landwirtschaftlichen Anbaumaßnahmen auf mikrobiologische Bodeneigenschaften ist Voraussetzung, um Empfehlungen für nachhaltige Anbaustrategien in der Praxis zu geben.

Zahlreiche Studien belegen die positive Wirkung von applizierten nützlichen Mikroorganismen (BM) auf die Pflanze (Chowdhury et al. 2015, Hayat et al. 2010, Kang et al. 2014, Kumar et al. 2016, Mendes et al. 2013, Saharan & Nehra 2011, Windisch et al. 2017), doch fehlten Kenntnissen zum Einfluss von Anbaumaßnahmen auf deren Wirkung vor allem im Feld. Bisherige Ergebnisse des Projektes (Phase 1 und 2) zeigten, dass langfristige landwirtschaftliche Anbaumaßnahmen wie Bodenbearbeitung und Fruchtfolge signifikant die mikrobielle Gemeinschaft im Boden beeinflussen. Auch die Zusammensetzung der Mikrobiota in der Rhizosphäre wird deutlich von Anbaumaßnahmen wie Bodenbearbeitung, Düngungsregime und der Vorfrucht verändert (Sommermann et al. 2018, Babin et al. 2019, Chowdhury et al. 2019). Daher stellte sich die Frage, ob die durch Anbaumaßnahmen veränderten Rhizosphären-Mikrobiota sich auf die Wirkung von applizierten nützlichen Mikroorganismen (BM) auf die Pflanze auswirken. In Phase 2 wurde daher die Wirkung eines Konsortiums mit verschiedenen BM mit komplementärer Wirkungsweise auf die Modellpflanze Mais im Feld in Abhängigkeit von der Anbaumaßnahmen untersucht. Die Ergebnisse zeigten, dass die einzelnen BM des BM-Konsortiums sich in der Rhizosphäre von Mais unabhängig von den Anbaumaßnahmen etablierten und dies die Rhizosphären-Mikrobiota beeinflusste. Im Weiteren ist vor allem die Wirkung des Konsortiums auf die Funktion des Rhizosphären-Mikrobioms unter Berücksichtigung von Charakteristika der Pflanze (z.B. Wachstum, Wurzelexsudation, Stresstoleranz) in Abhängigkeit von landwirtschaftlichen Anbaumaßnahmen und Vegetationsperiode von Interesse. Zur Bestimmung der strukturellen und funktionellen Zusammensetzung der Rhizosphären-Mikrobiome wurden neueste molekulare Techniken eingesetzt [NGS-*Metabarcoding*, quantitative *real-time* PCR (qPCR) für ausgewählte mikrobielle Funktionen, Metagenomsequenzierung].

Die Ergebnisse des BonaRes Projektes CATCHY verdeutlichten die positiven Effekte des Anbaus von Zwischenfrüchten auf die Bodengesundheit (Gentsch et al. 2020, Heuermann et al. 2022). In einem weiteren Feldversuch wurde die krankheitsunterdrückende Wirkung des BM-Konsortiums an der Modellpflanze Mais ohne und nach vorherigem Anbau von Zwischenfrüchten untersucht.

Die zusammenhängende Auswertung der während der Projektphasen generierten Datensätze mittels verschiedener statistischer Verfahren mit dem Ziel der Identifikation von mikrobiellen Indikatoren (Taxa, Funktionen), die für Boden- und Pflanzengesundheit von Bedeutung sind, war ein weiterer Schwerpunkt der 3. Projektphase.

Ein wichtiges Ziel war auch die Verbreitung und Vermittlung von Projektergebnissen an verschiedene Interessengruppen aus Wissenschaft und Praxis (z.B. Landwirte, Berater, Industrie, Forschung).

Referenzen

- Allan E., Manning P., Alt F. et al. 2015. Land use intensification alters ecosystem multifunctionality via loss of biodiversity and changes to functional composition. *Ecology Letters* 18, 834-843.
- Babin D., Sørensen S., Deubel A., Grosch R., Smalla K. 2019. Impact of long-term agricultural management practices on soil prokaryotic communities. *Soil Biology and Biochemistry* 129, 17-28.
- Berg G. 2015. Beyond borders: investigating microbiome interactivity and diversity for advanced biocontrol technologies. *Microbial Biotechnology* 8, 5-7.
- Berg G., Köberl M., Rybakova D., Müller H., Grosch R., Smalla K. 2017. Plant microbial diversity is suggested as the key to future biocontrol and health trends. *FEMS Microbiology Ecology* 93, fix050.

- Chowdhury S.P., Uhl J., Grosch R., Alquéres A., Pittroff S., Dietel K., Schmitt-Kopplin P., Borriss B., Hartmann A. 2015. Cyclic lipopeptides of *Bacillus amyloliquefaciens* subsp. *plantarum* colonizing the lettuce rhizosphere enhance plant defence responses towards the bottom rot pathogen *Rhizoctonia solani*. *Molecular Plant-Microbe Interactions* 28(9), 984-95.
- Chowdhury S.P., Babin D., Sandmann M., Jacquiod S., Sommermann L., Sørensen S.J., Fliesbach A., Mäder P., Geistlinger J., Smalla K., Rothballer M., Grosch R. 2019. Effect of long-term organic and mineral fertilization strategies on rhizosphere microbiota assemblage and performance of lettuce. *Environmental Microbiology* 10, 21(7), 2426-2439.
- Gentsch N., Boy J., Batalla J.D.K., Heuermann D., von Wirén N., Schweneker D., Feuerstein U., Groß J., Bauer B., Reinhold-Hurek B., Hurek T., Céspedes F.C., Guggenberger G. 2020. Catch crop diversity increases rhizosphere carbon input and soil microbial biomass. *Biology and Fertility of Soils* 56, 943-957.
- Hahn P.G., Bullington L., Larkin B., LaFlamme K., Maron J.L., Lekberg Y. 2018. Effects of short-and long-term variation in resource conditions on soil fungal communities and plant responses to soil biota. *Frontiers in Plant Science* 9, 1605.
- Hartmann M., Frey B., Mayer J., Mäder P., Widmer F. 2015. Distinct soil microbial diversity under long-term organic and conventional farming. *ISME Journal* 9, 1177-1194.
- Hayat R., Ali S., Amara U., Khalid R., Ahmed I. 2010. Soil beneficial bacteria and their role in plant growth promotion: a review. *Annals of Microbiology*, 60 (4), 579-598.
- Heuermann D., Gentsch N., Guggenberger G., Reinhold-Hurek B., Schweneker D., Feuerstein U., Heuermann M.C., Groß J., Kümmerer R., Bauer B., von Wirén N. 2022. Catch crop mixtures have higher potential for nutrient carry-over than pure stands under changing environments. *European Journal of Agronomy*, 126504.
- Hol W.H.G., de Boer W., de Hollander M., Kuramae E.E., Meisner A., van der Putten W.H. 2015. Context dependency and saturating effects of floss of rare soil microbes on plant productivity. *Frontiers Plant Science* 6, 485.
- Kang S.M., Khan A.L., Waqas M., You Y.H., Kim J.H., Kim J.G., et al. 2014. Plant growth-promoting rhizobacteria reduce adverse effects of salinity and osmotic stress by regulating phytohormones and antioxidants in *Cucumis sativus*. *Journal of Plant Interaction*, 9 (1), 673-682
- Kumar A., Singh R., Yadav A., Giri D.D., Singh P.K., Pandey K.D. 2016. Isolation and characterization of bacterial endophytes of *Curcuma longa* L. *3 Biotech*, 6, 60.
- Lapsansky E.R., Milroy A.M., Andales M.J., Vivanco J.M. 2016. Soil memory as a potential mechanism for encouraging sustainable plant health and productivity. *Current Opinion Biotechnology* 38, 137-42.
- Mendes R., Garbeva P., Raaijmakers J.M. 2013. The rhizosphere microbiome: significance of plant beneficial, plant pathogenic, and human pathogenic microorganisms. *FEMS Microbiology Reviews* 37, 634–63.
- Panth M., Hassler S.C., Baysal-Gurel F. 2020. Methods for Management of Soilborne Diseases in Crop Production. *Agriculture* 10, 16.
- Raaijmakers J.M., Mazzola M. 2016. Soil immune responses. *Science* 352, 1392-1393.
- Saharan BS, Nehra V. 2011. Plant growth promoting rhizobacteria: a critical review. *Life Science and Medical Research* 21(1), 1-30.
- Sommermann L., Geistlinger J., Wibberg D., Deubel A., Zwanzig J., Babin D., Schlüter A., Schellenberg I. 2018. Fungal community profiles in agricultural soils of a long-term field trial under different tillage, fertilization and crop rotation conditions analyzed by high-throughput ITS-amplicon sequencing. *PLoS ONE* 13(4), e0195345.
- van Agtmaal M., van Os G.J., Hol W.H.G., Hundscheid M.P.J., Runia W.T., Hordijk C.A., de Boer W. 2015. Legacy effects of anaerobic soil disinfection on soil bacterial community composition and production of pathogen-suppressing volatiles. *Frontier in Microbiology* 6, 701.
- Widder S., Allen R.J., Pfeiffer T. et al. 2016. Challenges in microbial ecology: building predictive understanding of community function and dynamics. *ISME Journal* 10, 2557-2568.
- Windisch S., Bott S., Ohler M.A., Mock H.-P., Lippmann R., Grosch R., Smalla K., Neumann G. 2017. *Rhizoctonia solani* and bacterial inoculants stimulate root exudation of antifungal compounds in lettuce in a soil-type specific manner. *Agronomy* 7, 44.

II.2. Ablauf des Vorhabens

Die Bearbeitung des Vorhabens erfolgte in enger Zusammenarbeit mit den Partnern in drei Arbeitspaketen (APs). Die Ergebnisse des BonaRes Projektes CATCHY zeigten eine positive Wirkung des Anbaus von Zwischenfrüchten, insbesondere eines Gemisches aus verschiedenen Zwischenfrüchten, auf die mikrobielle Diversität im Boden und damit Bodengesundheit. Daher wurde auf dem Versuchsstandort des IGZ die krankheitsunterdrückende Wirkung des BM-Konsortiums nach alleiniger Anwendung und in Kombination mit dem Anbau von Zwischenfrüchten aus 12 Pflanzenarten an Mais gegenüber *Fusarium* spp. untersucht. Die Zwischenfrüchte wurden im Spätsommer des vorherigen Jahres angebaut und verblieben bis zur Einarbeitung im Boden (ca. zwei Wochen vor der Aussaat von Mais im darauffolgenden Jahr) über die Winterperiode auf den entsprechenden Parzellen. Die entsprechende Kontrolle lag hingegen im Winter brach. Vor der Aussaat der Zwischenfrüchte wurden die Parzellen künstlich mit *Fusarium*-Pathogenen, isoliert von Mais, inokuliert. Die Varianten wurden ohne und mit Applikation des *Fusarium*-Erreger-Konsortiums angelegt. Zur Blüte von Mais wurden (EC53-63) Proben zur Analyse der Rhizosphärenkompetenz der einzelnen Isolate des BM-Konsortiums, der mikrobiellen Gemeinschaften in der Rhizosphäre sowie zur Bestimmung der Sprosstrockenmasse (STM) entnommen.

An der Hochschule Anhalt am Standort Bernburg-Strenzfeld wurde die Modellpflanze Mais im Langzeitfeldexperiment (LTE, bestehend seit 1992) in der Variante mit reduzierter Bodenbearbeitung (CT) und N-Düngungsintensität (Ext) in verschiedenen Vegetationsperioden (2020, 2021, 2022) angebaut und mit dem BM-Konsortium behandelt (Kontrolle: unbehandelt). Dies erlaubte einen Vergleich der Wirkung des BM-Konsortiums auf die Pflanze und die Struktur und Funktion des Rhizosphären-Mikrobioms in Abhängigkeit vom Anbaujahr auf dem gleichen Standort. Die Proben wurden in allen drei Versuchsjahren zum Zeitpunkt der Blüte entnommen, um die Besiedlungsdichte der einzelnen Isolate des BM-Konsortiums (*Pseudomonas* sp. RU47, *Bacillus atrophaeus* ABi03 und *Trichoderma harzianum* OMG16), das Rhizosphären-Mikrobiom als auch Charakteristika der Pflanze zu analysieren. Die CT-Ext Variante wurde aufgrund der positiven Wirkung auf die mikrobielle Gemeinschaft in der Rhizosphäre und dem Wurzel-assoziierten Boden einschließlich der beobachteten verbesserten Pflanzengesundheit im Vergleich zu Pflanzen, die im Boden unter pflügender (MP) und intensiver N-Düngung (Int) und Pestizidanwendung kultiviert wurden, ausgewählt.

Ein weiterer Schwerpunkt des Projektes war die vergleichende Analyse der Datensätze aus den verschiedenen Versuchsjahren zur Identifikation von mikrobiellen Indikatoren für Boden- und Pflanzengesundheit.

II.3. Darstellung wesentlicher Ergebnisse

AP1. Einfluss des BM-Konsortiums auf die Produktivität und Gesundheit von Mais unter Feldbedingungen

AP1.1. Individuelle und kombinierte Anwendung von Zwischenfrüchten und BM-Konsortium am Standort IGZ

Am IGZ wurde die krankheitsunterdrückende Wirkung des BM-Konsortiums (BMc) sowie deren Effekte auf die Pflanze im Feld ohne und nach vorherigem Anbau eines Gemischs an Zwischenfrüchten aus 12-Pflanzenarten (Mix12 des BonaRes-Projektes CATCHY; Leguminosen: *Pisum sativum* L., *Trifolium incarnatum* L., *T. hybridum* L., *T. resupinatum* L., *Vicia pannonica* CRANTZ.; Nicht-Leguminosen: *Sorghum sudanense* STEUD., *Linum usitatissimum* L., *Phacelia tanacetifolia*, *Raphanus sativus* L., *Guizotia abyssinica* CASS., *Helianthus annuus* L., *Camelina sativa* L.) untersucht. Des Weiteren interessierte der Einfluss des Zwischenfruchtanbaus sowie des BMC auf die mikrobielle Gemeinschaft im Boden und in der Rhizosphäre.

Dazu wurde vom Projektpartner IGZ auf der Versuchsstation des IGZ in Großbeeren mit der Bodenart lehmiger Sand (diluvialer Sand) ein Versuch angelegt, in welchem in den entsprechenden Varianten bzw. auf Teilflächen der Anbau der Zwischenfrüchte-Mischung nach der Vorkultur Winterweizen erfolgte. Um die krankheitsunterdrückende Wirkung der alleinigen und kombinierten Anwendung von BMC und Zwischenfrüchten beurteilen zu können, wurde ein Teil des Versuchsfeldes mit verschiedenen *Fusarium*-Arten (*F. cerealis*, *F. culmorum*, *F. graminearum*, *F. verticillioides*, *F. proliferatum*, *F. equiseti*, *F. poae* = Fmix) vor der Aussaat der Zwischenfrüchte-Mischung inokuliert. Die zu inokulierenden *Fusarium* spp. wurden vom Konsortium SIGNAL zur Verfügung gestellt. Maisjungpflanzen wurden zu zwei Zeitpunkten (ca. zwei Wochen und fünf Wochen nach dem Auflaufen, Entwicklungsstadium EC12 und EC14) mit 50 ml einer Suspension, welche die einzelnen BM enthielten (10^7 CFU ml⁻¹ jedes BM), behandelt und die Kontrollpflanzen entsprechend mit Wasser. Die Probennahme erfolgte zum Zeitpunkt der Blüte (Entwicklungsstadium EC53-63) von Mais.

Es wurde Gesamt-DNA aus Boden und der Rhizosphäre isoliert und die amplifizierten 16S rRNA Gene (Bakterien/Archaeen) mittels Hochdurchsatz-Sequenzierung (Illumina) analysiert und anschließend bioinformatisch sowie statistisch ausgewertet. Wir stellten fest, dass die BMC-Inokulation die Zusammensetzung der Bakteriengemeinschaft nur in den Böden mit *Fusarium*-Exposition leicht beeinflusste (PERMANOVA, $p < 0,05$, $n = 14$, Tabelle 1). Der Zwischenfruchtanbau beeinflusste die Zusammensetzung der Bakteriengemeinschaft ebenso nur in den Böden mit *Fusarium*-Belastung (PERMANOVA, $p < 0,05$, $n = 14$, Tabelle 1). Insgesamt lässt sich damit zusammenfassen, dass die BMCs einen schwachen Einfluss auf die Zusammensetzung der Bakteriengemeinschaft hatten (Abbildung 1). Wir untersuchten weiter, welche Amplikonsequenzvarianten (ASVs; ca. Spezies) auf die BMC-Inokulation reagierten. Bei allen Behandlungen fanden wir mehrere Taxa, die auf die BMC-Inokulation reagierten (logistische Regression, $p < 0,05$, $n = 4$, Benjamini-Hochberg-Korrektur, Abbildung 2C). Dazu gehörten auch einige dominante ASVs in der bakteriellen Gemeinschaft der Rhizosphäre (mittlere relative Abundanz $> 0,5\%$), die taxonomisch als *Pedococcus-Phycococcus*, *Sphingomonas*, *Streptomyces*, *Pseudarthrobacter*, *Pseudomonas* und *Bradyrhizobium* klassifiziert wurden (Tabelle 2).

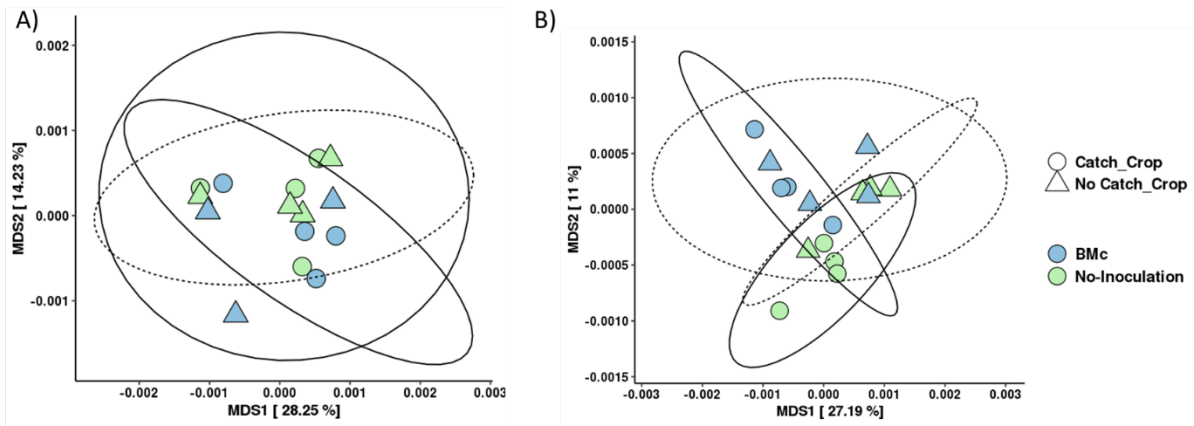


Abbildung 1. Darstellung der Zusammensetzung der bakteriellen Gemeinschaften auf der Grundlage der Bray-Curtis-Dissimilarität in der Rhizosphäre von Mais kultiviert in Böden ohne (A) und mit (B) Fusarium-Belastung. BMC- Konsortium nützlicher Mikroorganismen; Catch_Crop- Zwischenfruchtanbau.

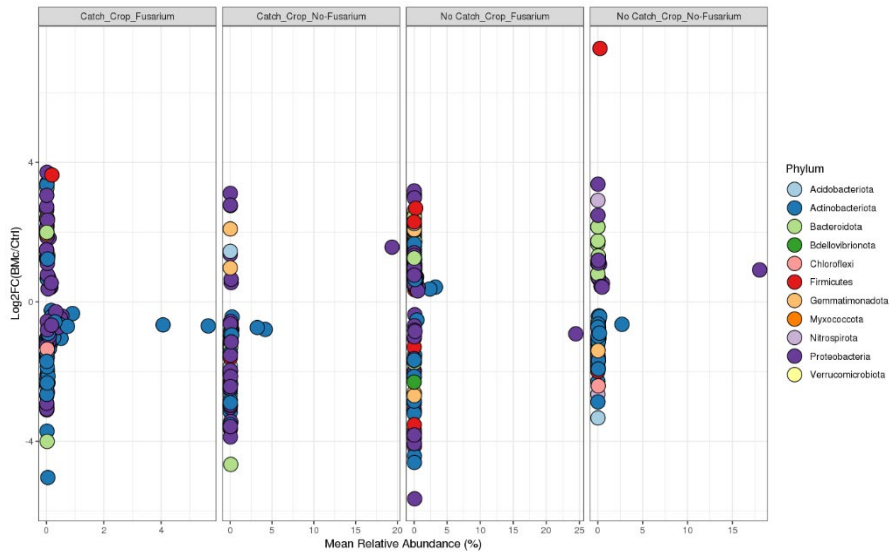


Abbildung 2. Mittlere relative Abundanz und log₂-fache Veränderung (*fold change*; FC) der Responder-ASVs auf BMC-Inokulation in den verschiedenen Behandlungen (Fusarium/Nicht-Fusarium-exponierte Pflanzen, Zwischenfrucht-/Kein-Zwischenfruchtanbau).

Tabelle 1. PERMANOVA-Ergebnisse für die Zusammensetzung der bakteriellen Gemeinschaften in der Rhizosphäre von Mais basierend auf der Bray-Curtis-Dissimilarität (n=14).

		R ²	Pr(>F)
Ohne Fusarium	Zwischenfrucht	0.06058	0.65626
	Inokulation	0.069664	0.4598
	Zwischenfrucht:Inokulation	0.053152	0.82488
Mit Fusarium	Zwischenfrucht	0.113627	0.03242
	Inokulation	0.104691	0.04885
	Zwischenfrucht:Inokulation	0.046111	0.79888

Tabelle 2. Am häufigsten vorkommende ASVs (relative Abundanz>0,5%), die auf die BMC-Inokulation in den verschiedenen Behandlungen (Group: ZF-Zwischenfrucht/Ohne-ZF, Fusarium (Fus)/Ohne-Fus) reagierten (logistische Regression mit Benjamini-Hochberg-Korrektur, p<0,05).

Log2 Fold-Change (BMc/Control)	Group	Phylum	Familie	Genus	ASV
-0.34	ZF.Fus	Actinobacteriota	Intrasporangiaceae	<i>Pedococcus-Phycoccus</i>	ASV11
-0.41	ZF.Fus	Proteobacteria	Sphingomonadaceae	<i>Sphingomonas</i>	ASV14
-0.69	ZF.Fus	Actinobacteriota	Micrococcaceae	<i>Pseudarthrobacter</i>	ASV2
-1.05	ZF.Fus	Actinobacteriota	Streptomycetaceae	<i>Streptomyces</i>	ASV22
-0.66	ZF.Fus	Actinobacteriota	Micrococcaceae	<i>Pseudarthrobacter</i>	ASV3
-0.71	ZF.Fus	Actinobacteriota	Streptomycetaceae	<i>Streptomyces</i>	ASV8
1.57	ZF.Ohne-Fus	Proteobacteria	Pseudomonadaceae	<i>Pseudomonas</i>	ASV1
-0.79	ZF.Ohne-Fus	Actinobacteriota	Micrococcaceae	<i>Pseudarthrobacter</i>	ASV2
-0.74	ZF.Ohne-Fus	Actinobacteriota	Micrococcaceae	<i>Pseudarthrobacter</i>	ASV3
-0.92	Ohne-ZF.Fus	Proteobacteria	Pseudomonadaceae	<i>Pseudomonas</i>	ASV1
0.42	Ohne-ZF.Fus	Actinobacteriota	Micrococcaceae	<i>Pseudarthrobacter</i>	ASV2
0.37	Ohne-ZF.Fus	Actinobacteriota	Micrococcaceae	<i>Pseudarthrobacter</i>	ASV3
0.41	Ohne-ZF.Fus	Proteobacteria	Xanthobacteraceae	<i>Bradyrhizobium</i>	ASV7
0.31	Ohne-ZF.Fus	Proteobacteria	Methyloligellaceae	Unclassified	ASV9
0.91	Ohne-ZF.Ohne-Fus	Proteobacteria	Pseudomonadaceae	<i>Pseudomonas</i>	ASV1
0.53	Ohne-ZF.Ohne-Fus	Proteobacteria	Rhizobiaceae	<i>Rhizobium</i>	ASV25
-0.65	Ohne-ZF.Ohne-Fus	Actinobacteriota	Micrococcaceae	<i>Pseudarthrobacter</i>	ASV3

Basierend auf den pflanzenphysiologischen Daten der Projektpartner konnten wir mit Hilfe lineare Regressionsmodelle, in Verbindung mit Bootstrapping zur Ableitung von p-Werten und 95%-Konfidenzintervallen der Modellkoeffizienten, zeigen, dass die BMC-Inokulation, der Zwischenfruchtanbau und die Fusarium-Behandlung insgesamt keinen Einfluss auf das Mais-Wachstum hatten (Abbildung 3). Ein überraschendes Ergebnis war, dass die Fusarium-Behandlung signifikant die Eisenkonzentration im Spross erhöhte (lineare Regression,

$p < 0,05$, $n = 32$, Abbildung 3). Wahrscheinlich reagierten die Maispflanzen auf die Anwesenheit der Krankheitserreger, denn es ist bekannt, dass Mais/*Poaceae*-Pflanzen die Eisenaufnahme als Abwehrmechanismus bei Exposition gegenüber Pilzpathogenen erhöhen (Ye et al. 2014 <https://doi.org/10.1111/pp1.12166>).

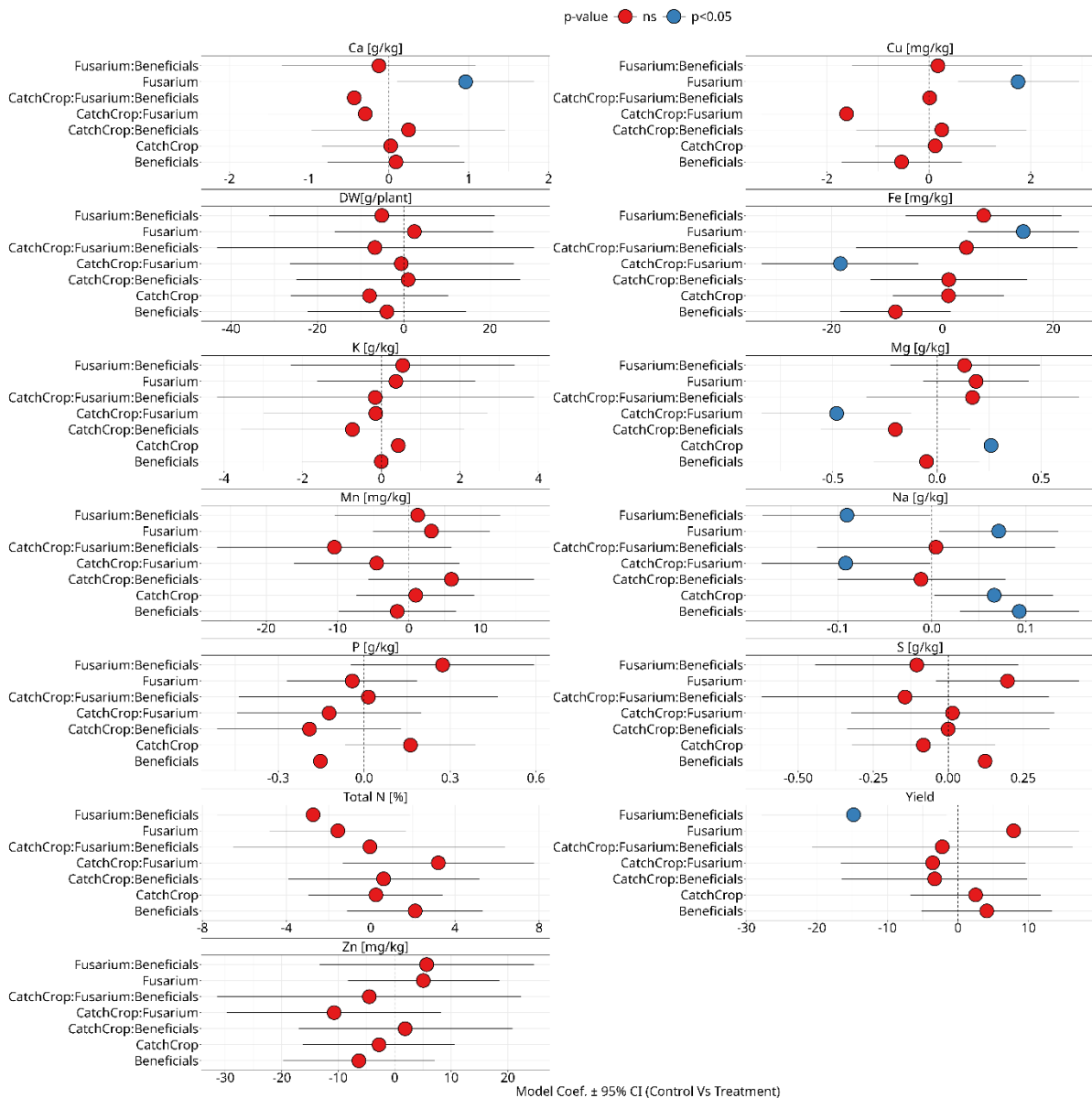


Abbildung 3. Die Abbildung zeigt die Modellkoeffizienten für verschiedene Nährstoffkonzentrationen, Ertrag und Trockenmasse (DW) von Mais unter Fusariumexposition bei Inokulation mit einem Konsortium nützlicher Mikroorganismen (BMc) und/oder Zwischenfruchtanbau (lineare Regression, $n = 32$, Freiheitsgrade = 24). Insgesamt wurden 1000 *Bootstrappings* zur Berechnung der p-Werte und Modellkoeffizienten durchgeführt. Die Fehlerbalken zeigen 95% Konfidenzintervalle (KI) für die Bootstrapping-Modellkoeffizienten. Positive bzw. negative Werte der Modellkoeffizienten zeigen an, ob ein Parameter in Abhängigkeit der Behandlung (z. B. BMC-Inokulation) zu- oder abnimmt.

Um zu verstehen, ob die BMC-Inokulation die physiologischen Reaktionen von Mais auf Pflanzenschädlinge verändert, haben wir auch die qPCR-Daten unseres Projektpartners IGZ zur Genexpression in Spross und Wurzeln analysiert. Wir fanden eine signifikante Auswirkung der Fusariumexposition auf die Expression von stressassoziierten Pflanzengenen in Maiswurzeln (Abbildung 4). Zum Beispiel stellten wir fest, dass die Expression von Defensivgenen (*def1* und *def2*) durch die Fusariumexposition erhöht wurde. Es ist bekannt, dass diese Gene mit der Reaktion der Pflanzen auf Krankheitserreger zusammenhängen. Die BMC-Inokulation und die Fusarium-Exposition zeigten jedoch eine signifikant negative Wechselwirkung bei der Expression der Gene

def1 und *def2*. Diese negative Wechselwirkung deutet darauf hin, dass die BMC-Inokulation die Wirkung der Fusarium-Exposition auf die Expression von Abwehrgenen verringert. Darüber hinaus stellten wir fest, dass die BMC-Inokulation oder Zwischenfruchtanbau einen signifikant negativen Interaktionseffekt mit der Fusarium-Exposition auf die Expression von Genen hat, die an der Versorgung der Pflanze mit essentiellen Nährstoffen (z. B. *zmNAS3*) beteiligt sind. So stieg die Expression von *zmNAS3* nur unter Fusarium-Exposition an, ohne Zwischenfrüchte oder BMC-Inokulation. Es ist bekannt, dass das Gen *zmNAS3* mit der Eisenaufnahme zusammenhängt, und eine hohe Expression kann zu einer Anhäufung von Eisen als Reaktion auf die Abwehr von Krankheitserregern führen. Maispflanzen, die Fusarium ausgesetzt waren, benötigten daher eine erhöhte Eisenaufnahme, wahrscheinlich als Reaktion auf die Anwesenheit der Pathogene. Insgesamt zeigten diese Ergebnisse, dass die transkriptionellen Reaktionen in den Maiswurzeln gegenüber Fusarium hauptsächlich durch die BMC-Inokulation verändert wurden.

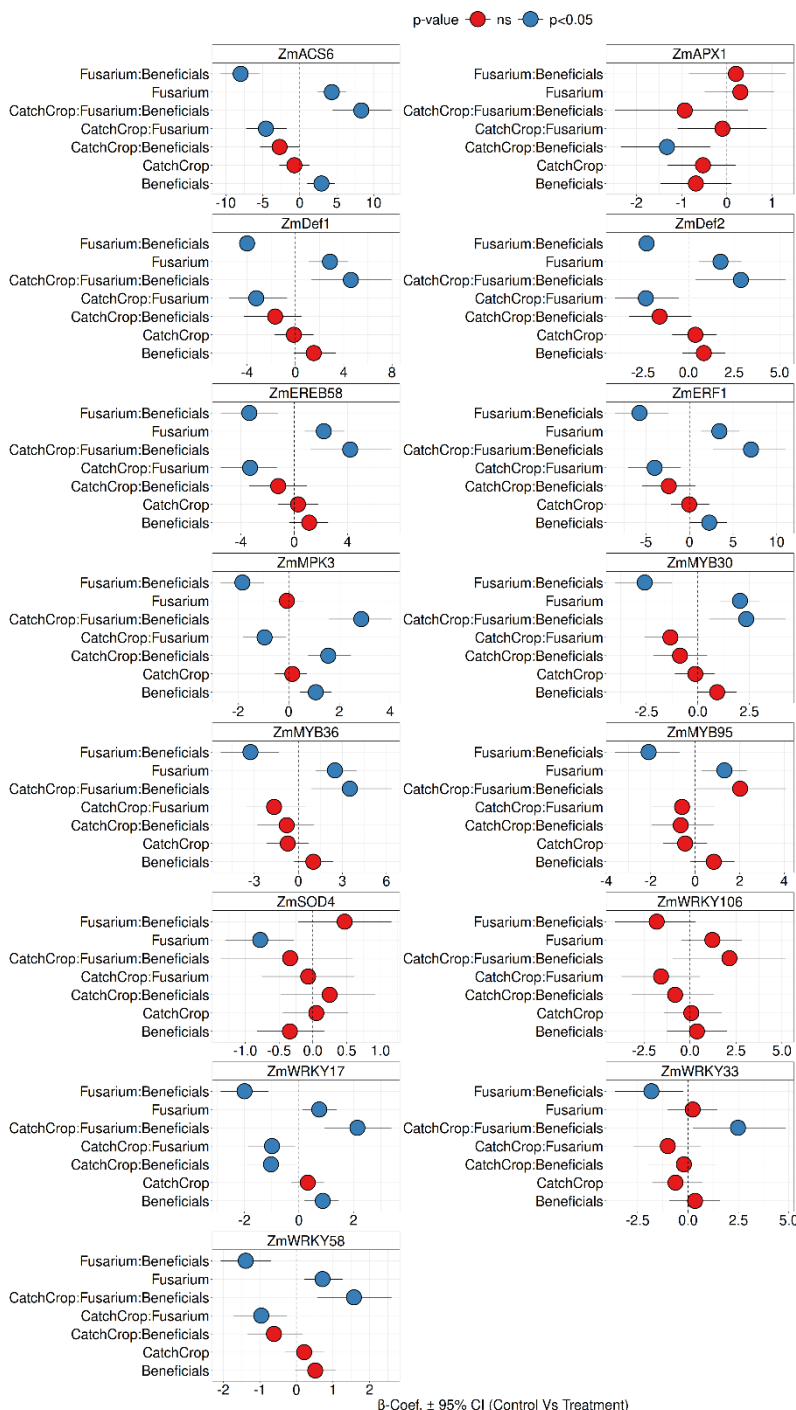


Abbildung 4. Die Abbildung zeigt die Modellkoeffizienten für die Expression verschiedener stressassoziiierter Gene in den Wurzeln von Maispflanzen unter Fusarium-Exposition bei BMC-Inokulation und/oder Zwischenfruchtanbau (lineare Regression, $n=32$, Freiheitsgrade = 24). Insgesamt wurden 1000 *Bootstrappings* zur Berechnung der p-Werte und Modellkoeffizienten durchgeführt. Die Fehlerbalken zeigen 95% Konfidenzintervalle (CI) für die Bootstrapping-Modellkoeffizienten. Positive bzw. negative Werte der Modellkoeffizienten zeigen an, ob die Expression des jeweiligen Gens in Abhängigkeit der Behandlung (z. B. BMC-Inokulation) zu- oder abnimmt.

AP1.2. Wirkung des BM-Konsortiums an Mais am Standort LTE-1

Zur Untersuchung des Einflusses der BM auf das RH-Mikrobiom unter Berücksichtigung von Charakteristika der Pflanzen insbesondere in Abhängigkeit von der Vegetationsperiode wurde Mais, der im Boden unter langfristiger reduzierter Bodenbearbeitung und N-Düngung ohne Anwendung von Fungiziden (CT-Ext) angebaut wurde, mit dem BM-Konsortium in 2022 beimpft. Wie oben (AP1.1.) beschrieben, wurden die Maisjungpflanzen zu zwei Zeitpunkten (EC12 und EC14) jeweils mit 50 ml der BMc Suspension (10^7 CFU ml⁻¹ jedes BM) behandelt und die Kontrollpflanzen entsprechend mit Wasser. Die Probenahme erfolgte ebenfalls zur Blüte von Mais (EC53-63).

Wir stellten fest, dass die Beimpfung mit BMc die Pflanzenbiomasse im Jahr 2020 erhöhte, nicht aber im Jahr 2021 oder 2022. Im Jahr 2020 herrschte Trockenheit, während im Jahr 2021 viel mehr Niederschläge fielen. Allerdings kam es im Jahr 2022 zu einer deutlich größeren Dürre als im Jahr 2020. Da Eisen ein Indikator für Trockenheit ist, untersuchten unsere Projektpartner die Eisenkonzentration. Dabei stellten wir fest, dass die BMc-Beimpfung die Eisenaufnahme nur im Jahr 2020 erhöhte, nicht aber in den Jahren 2021 und 2022 (Abbildung 5). Allerdings wiesen die Pflanzen aus dem Jahr 2021 die höchsten Eisenkonzentrationen auf, während die Pflanzen aus dem Jahr 2022 die niedrigsten Werte zeigten. Diese Ergebnisse deuten darauf hin, dass die BMc-Inokulation bei Trockenheit, nicht jedoch bei extremer Dürre, die beste Leistung aufwies (Abbildung 6).

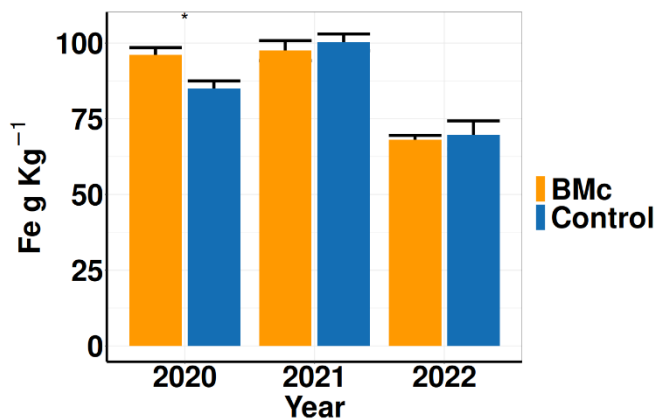


Abbildung 5. Eisenkonzentrationen von Maispflanzen unter grubbernder Bearbeitung und extensiver N-Düngung (CT-Ext) in den Jahren 2020, 2021 und 2022, die mit (BMc) oder ohne (Control) beimpft wurden. Die Unterschiede wurden mit dem Wilcoxon-Rangsummentest getestet (* $p < 0,05$, $n = 4$).

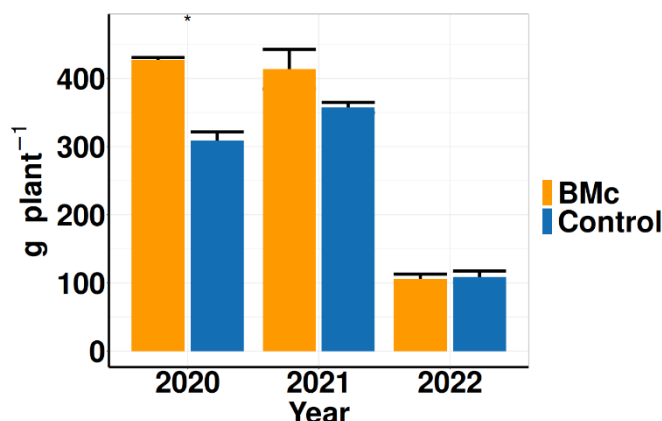


Abbildung 6. Spross-Trockenmasse (g/Pflanze) von Maispflanzen unter grubbernder Bearbeitung und extensiver N-Düngung (CT-Ext) in den Jahren 2020, 2021 und 2022, die mit (BMc) oder ohne (Control) beimpft wurden. Die Unterschiede wurden mit dem Wilcoxon-Rangsummentest getestet (* $p < 0,05$, $n = 4$).

Es wurde Gesamt-DNA aus Boden und der Rhizosphäre dieser Pflanzen isoliert und die amplifizierten 16S rRNA Gene (Bakterien/Archaeen) wurden mittels Hochdurchsatz-Sequenzierung (Illumina) analysiert und anschließend bioinformatisch sowie statistisch ausgewertet. Im Gegensatz zu den Vorjahren (2020, 2021) hatte die Beimpfung im Jahr 2022 keinen Einfluss auf die Zusammensetzung der bakteriellen Gemeinschaften in der Rhizosphäre (PERMANOVA $R^2 = 19.2\%$, $p = 0.083$, $n = 8$). In den Versuchsjahren 2020 und 2021 wurden

viele bakterielle ASVs gefunden, die durch die Beimpfung im Vergleich zur Kontrolle angereichert oder reduziert wurden (z.B. *Actinobacteriota*, *Proteobacteria*, *Verrucomicrobiota*). Im Jahr 2022 hingegen waren weniger Unterschiede und kein taxonomisches Muster erkennbar. Die Analyse der Alpha-Diversität zeigte weder Unterschiede zwischen den Versuchsjahren noch zwischen den Behandlungen ($p > 0.05$).

In Kooperation mit dem Projektpartner IGZ führten wir eine Nanopore-Sequenzierung durch, um hochwertige Metagenom-assemblierte Genome (MAGs) aus der Rhizosphäre von Mais zu erhalten. Von den 18 vollständigen MAGs wurde ein MAG als *Bacillus atrophaeus* klassifiziert und dieses MAG enthielt die höchste Anzahl an pflanzenfördernden Merkmalen, wie von PlaBase vorhergesagt. Dieses *B. atrophaeus* MAG hatte mehrere verschiedene Kopien von 16S rRNA-Genen, wobei einige dieser 16S rRNA-Gene eine hohe Ähnlichkeit mit ASV21 aufwiesen ($>97\%$ Sequenzidentität). Daher untersuchten wir die Abundanz von ASV21, das ähnlich unserem Inokulumstamm ABI03 ($>97\%$ Sequenzidentität), aber auch der natürlichen Population von *B. atrophaeus* Stämmen war. ASV21 nahm durch die Inokulation in den Jahren 2020, 2021 und 2022 deutlich zu (Wilcoxon-Rangsummentest, $p < 0,05$, $n=4$, Abbildung 7). Die Abundanz war jedoch in den Kontrollproben von 2021 viel höher und in denen von 2022 viel geringer als in den Kontrollproben von 2020. Unsere Ergebnisse deuten also darauf hin, dass die Inokulation mit dem BMC-Konsortium durch natürlich im Boden vorkommende, pflanzennützliche Bakterien ergänzt wird, deren Abundanz bei Trockenheit abnimmt, die jedoch unter gut bewässerten Bedingungen zahlreich vorhanden sein können. Darauf basierend kann die Hypothese aufgestellt werden, dass bestimmte klimatische Bedingungen erfüllt sein müssen, damit die Inokula ihre volle Wirkung entfalten können. Es gibt also eine optimale Trockenheitsschwelle für das BMC-Konsortium, um das Wachstum von Mais zu steigern.

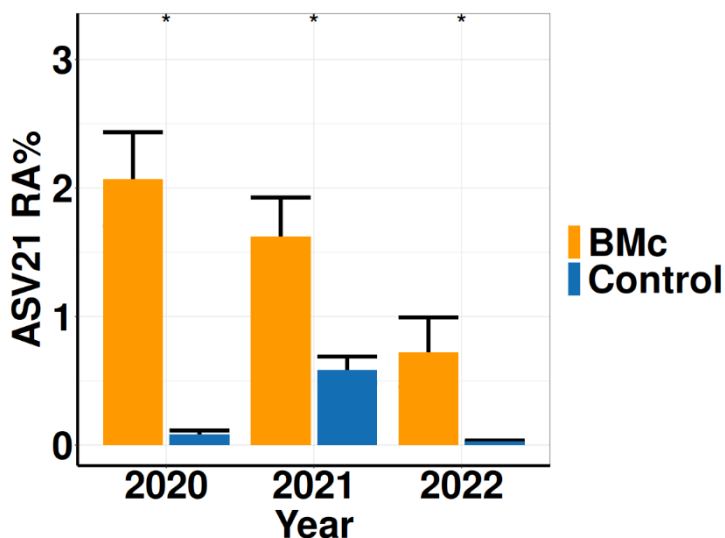


Abbildung 7. Relative Abundanz (RA%) von ASV21, das eine Sequenzähnlichkeit von mehr als 97 % mit dem inokulierten Stamm *Bacillus atrophaeus* ABI03 und einem assemblierten *Bacillus atrophaeus* MAG aus der Rhizosphäre von Mais aufwies. Die relative Abundanz von ASV21 ist in der Rhizosphäre von Maispflanzen, die mit (BMc) oder ohne BMC-Konsortium behandelt wurden, dargestellt. Die Unterschiede wurden mit dem Wilcoxon-Rangsummentest getestet ($*p < 0,05$, $n=4$).

AP2. Auswertung und Synthese der Daten zur Identifizierung von Indikatoren für Boden- und Pflanzengesundheit

Um wichtige Indikatortaxa für die Boden- und Pflanzengesundheit zu finden, analysierten wir Daten aus früheren Versuchen. Um die Wirkung des BM-Konsortiums (BMc) auf das Pflanzenwachstum abzuleiten, haben wir Daten aus dem Bernburg Feldversuch von zwei aufeinanderfolgenden Jahren (2020, 2021) und vier Bewirtschaftungsformen (CT-Ext, CT-Int, MP-Ext, MP-Int) analysiert. Wir haben dabei festgestellt, dass das Pflanzenwachstum im Jahr 2020 aufgrund der BMC-Inokulation unabhängig der Bewirtschaftungsform zugenommen hat, nicht jedoch im Jahr 2021 (Abbildung 8). Im ersten Jahr kam es insgesamt zu einer stärkeren Dürre

als im zweiten Jahr (Abbildung 8B). Darüber hinaus erhöhte die BMC-Inokulation die Nährstoffaufnahme in allen Pflanzen im Jahr 2020, jedoch nicht im Jahr 2021 (Abbildung 8C). Basierend auf PCA-Modellen war die Eisenaufnahme der Hauptgrund für die Unterschiede, daher haben wir die Eisenaufnahme als Nahrungsvariable für die erhöhte Nährstoffaufnahme ausgewählt.

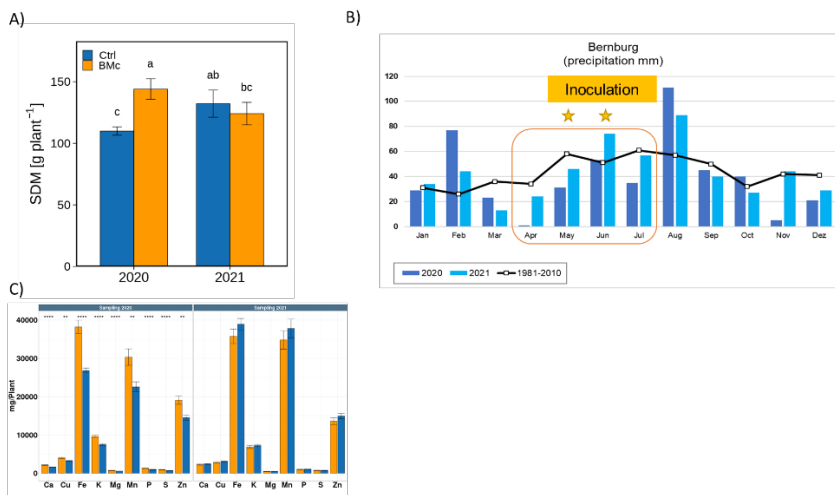


Abbildung 8. A) Spross-Trockenmasse (*shoot dry mass*, SDM) von Maispflanzen in den Jahren 2020 und 2021 (*Wilcoxon-Rank-Summentest*, $p < 0,05$, $n = 16$). B) Niederschlagsmengen in Bernburg in den Jahren 2020 und 2021 im Vergleich zu den durchschnittlichen Niederschlagsmengen der letzten 20 Jahre. C) Nährstoffgehalt pro Pflanze.

Durch differentielle Abundanzanalysen basierend auf den 16S rRNA Amplikondaten fanden wir heraus, dass die Mitglieder der *Comamonadaceae* die größte Bedeutung für die Eisenaufnahme hatten. Durch den Vergleich der Abundanz von *Comamonadaceae*-Respondern stellten wir fest, dass sie aufgrund der BMC-Inokulation im Jahr 2020 zunahm, im Jahr 2021 jedoch eine insgesamt höhere Abundanz aufwies, ohne dass sie durch die BMC-Inokulation beeinträchtigt wurden. Darüber hinaus konnten wir im wurzellozierten Boden weder einen Einfluss der BMC-Inokulation noch eine jährliche Veränderung aufgrund von Niederschlägen auf die Abundanz dieser ASVs feststellen. Dennoch war ihre Abundanz im Boden insgesamt weitaus geringer als in der Rhizosphäre, was darauf hindeutet, dass diese ASVs von der Pflanze in der Rhizosphäre rekrutiert wurden (Abbildung 9). Somit hatte unsere BMC-Inokulation einen Einfluss auf das Pflanzenwachstum 2020, wahrscheinlich indem sie die Rekrutierung natürlicher Bodenmikroorganismen unter Trockenstressbedingungen wiederherstellte.

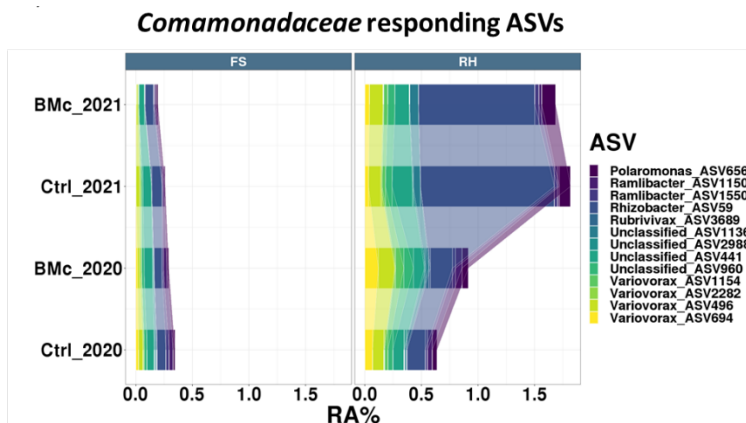


Abbildung 9. Abundanz von *Comamonadaceae*-ASVs, die im Jahr 2020 auf die BMC-Inokulation reagierten (logistische Regression, $p < 0,05$, Benjamini-Hochberg-Korrektur, $n = 4$). Ihre Abundanz wurde im Jahr 2021 auch in der Mais-Rhizosphäre ermittelt. Darüber hinaus haben wir ihre Abundanz im wurzellozierten Boden verglichen, um zu verdeutlichen, dass ihre Rekrutierung in der Rhizosphäre nur aufgrund von BMC und höheren Niederschlagsraten zunahm.

Wir leiteten daraus die Arbeitshypothese ab, dass die BMc-Inokulation das Pflanzenwachstum während der Stressbelastung nur durch die Rekrutierung natürlicher im Boden vorkommender, pflanzennützlicher Mikroorganismen (z.B. *Comamonadaceae*) verbesserte. Dieser Hypothese gingen wir im Rahmen einer Bachelor- und eine Masterarbeit am JKI nach. Dazu verglichen wir das 16S rRNA-Gen dieser *Comamonadaceae* ASVs mit der Sammlung von bakteriellen Isolaten aus der Rhizosphäre von Mais, die in der Probenahme 2021 in LTE Bernburg gewonnen wurden. Das Alignment zeigte, dass mehrere Isolate mit den Sequenzen der ASVs übereinstimmten, die durch die Inokulation des BMc-Konsortiums angereichert wurden. Diese Isolate wurden als *Variovorax* spp. klassifiziert und ihre funktionelle *in-vitro*-Charakterisierung zeigte, dass sie in der Lage sind, Stress durch den Abbau von 1-Aminocyclopropan-1-carbonsäure zu mindern. In einem Gewächshausexperiment mit Mais und Boden aus dem LTE Bernburg konnte gezeigt werden, dass die Beimpfung von Mais mit dem BMc-Konsortium und dem *Variovorax*- Stamm - als Vertreter des natürlichen Bodenmikrobioms - zu einem höheren Pflanzenwachstum bei Trockenheit führte als im Vergleich zum BMc-Konsortium allein (Abbildung 10). Dies deutet darauf hin, dass positive Wechselwirkungen zwischen Inokula und dem natürlichen Mikrobiom für die Inokulationseffizienz und die Auswirkungen auf die Pflanze entscheidend sind.

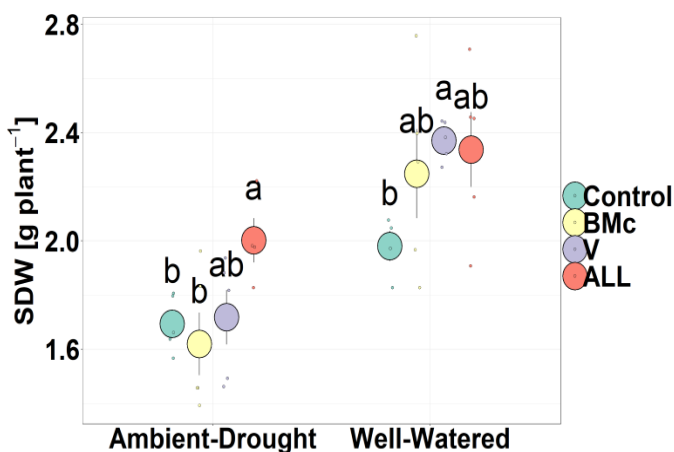


Abbildung 10. Sprosstrockengewicht von Mais, der unter optimalem Wassergehalt („well-watered“ = 65% Volumenwassergehalt [VWG]) oder Trockenstress „(ambient-drought“ = 48.5% VWG) mit oder ohne Beimpfung durch das BM-Konsortium (BMc), *Variovorax* sp. 116-1 (V) oder BMc+*Variovorax* sp. 116-1 (ALL) im Gewächshaus kultiviert wurde.

Zusätzlich wurden die Pflanz- und Mikrobiomdaten von Mais, der unter verschiedenen landwirtschaftlichen Strategien (CT-Ext, CT-Int, MP-Ext, MP-Int) i LTE-1 Bernburg angebaut wurde, über die Versuchsjahre 2019, 2020 und 2021 gemeinsam ausgewertet. Wir haben Modelle mit gemischten Effekten (LMM) verwendet, um zu zeigen, dass Bodenbearbeitung und Stickstoffdüngung einen Einfluss auf die Bodengesundheit haben. Insbesondere wurde festgestellt, dass die Bodenbearbeitung die organische Substanz und den Stickstoffgehalt des Bodens auf ähnliche Weise erhöhte wie die N-Düngung (Abbildung 11). Die Bodenbearbeitung mit Grubber könnte sich also positiv auf die Bodengesundheit auswirken und dazu beitragen, den Bedarf an intensiven Düngemitteln zu verringern, da ein Teil der organischen Substanz im Boden verbleibt.

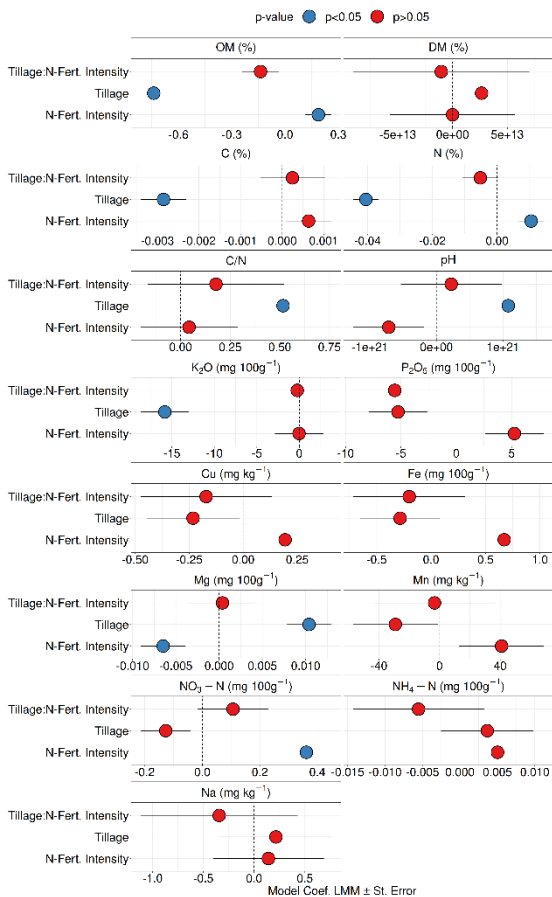


Abbildung 11 Die Abbildung zeigt die Modellkoeffizienten für verschiedene chemische Bodenmerkmale (OM- organische Substanz; DM: Trockenmasse). Das Modell zeigt die Auswirkungen von wenig bis zu stark intensivierten Anbaumethoden. So weisen negative Modellkoeffizienten auf signifikant höhere Werte bei Bodenbearbeitung mit Grubber oder extensiver N-Düngung hin. Im Gegensatz dazu weisen positive Modellkoeffizienten auf signifikant höhere Werte bei Pflugbearbeitung oder intensiver N-Düngung hin (Lineares gemischtes Modell: Wert ~ Bodenbearbeitung x N-Düngungsintensität + 1|Jahr, n=48). Die Fehlerbalken zeigen den Standardfehler der Modellkoeffizienten.

Um die Auswirkungen der Bodenbearbeitung auf die Bodengesundheit im Zusammenhang mit der Lebensweise bestimmter mikrobieller Taxa zu verstehen, haben wir für Mikrobiomdaten entwickelte Modelle mit gemischten Effekten angewendet, um Responder-Taxa zu identifizieren (Zhou et al. 2022 <https://doi.org/10.1186/S13059-022-02655-5>). Wir fanden mehrere bakterielle ASVs, die durch die grubbernde oder pflügende Bearbeitung signifikant in ihrer Abundanz verändert waren (*Responder*), jedoch war dies nicht der Fall für die N-Düngung. Wir haben diese ASVs, die auf Bodenbearbeitung reagierten, mit 16S rRNA-Genen aus öffentlich zugänglichen, analysierten Genomen aus der globalen Taxonomie-Datenbank (Parks et al. 2022) mittels eines lokalen *Alignments* (usearch; Edgar 2013 <https://doi.org/10.1038/nmeth.2604>) abgeglichen. Dann haben wir diese Genome heruntergeladen und ihre Wachstumsraten *in silico* geschätzt. Wir fanden heraus, dass die Bodenbearbeitung mit Grubber sowohl im wurzellozierten Boden als auch in der Rhizosphäre die Selektion von ASVs begünstigte, die mit bakteriellen Taxa mit langsameren Wachstumsraten assoziiert waren (Wilcoxon-Rangsummentest, $p < 0,05$, Abbildung 12A), was eine Erklärung für die stärkere Erhaltung der organischen Substanz im Boden unter grubbernder Bodenbearbeitung darstellen könnte. Darüber hinaus begünstigte die Bodenbearbeitung mit Grubber im wurzellozierten Boden die Selektion von ASVs, die mit Bakterien mit kleineren Genomen assoziiert waren (Wilcoxon-Rangsummentest, $p < 0,05$, Abbildung 12B). Diese Ergebnisse deuten darauf hin, dass die grubbernde Bodenbearbeitung die organische Substanz des Bodens erhält, und dass dies mit der Selektion auf oligotrophe Bakterien verbunden ist.

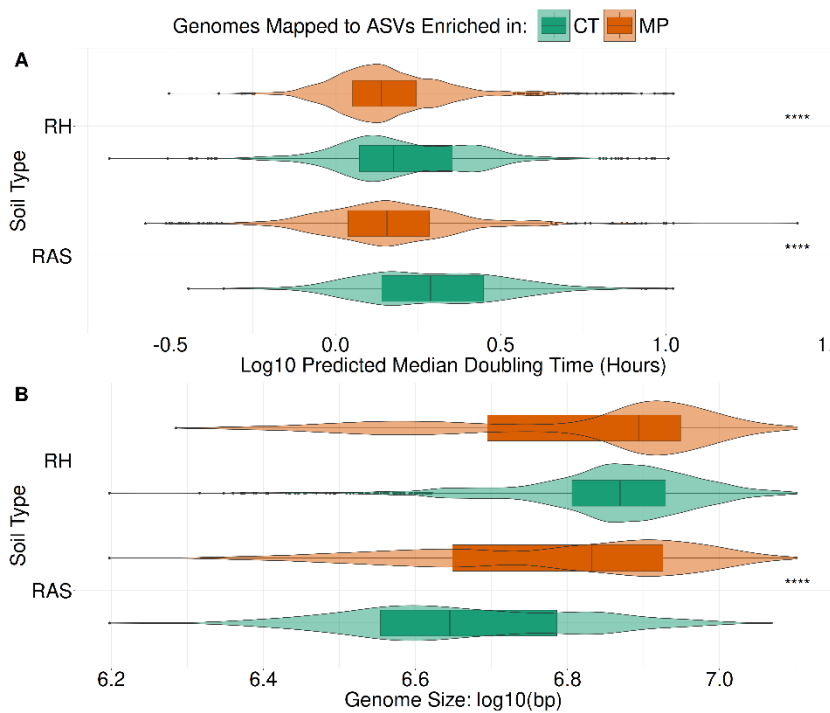


Abbildung 12. Mittlere Verdopplungszeit (Wachstumsrate) (A) und Genomgröße (B) von Bakteriengenomen aus der *Global Taxonomy Database*, deren 16S rRNA-Gene mit ASVs abgeglichen wurden, die bei Pflug- oder Grubberbearbeitung in der Rhizosphäre (RH) oder wurzelassoziiertem Boden (RAS) signifikant angereichert waren (Identitätsgrenzwert Sequenzabgleich = 97 %). Die mittleren Verdopplungszeiten wurden mit gRodon2 vorhergesagt und Genomgrößen mit CheckM2 abgeleitet. Die Unterschiede wurden mit Wilcoxon-Rangsummentests geprüft. Höhere mittlere Verdopplungszeiten weisen auf langsamere Wachstumsraten hin.

Daher könnte neben der Einbringung organischer Substanz in Böden die Förderung von *K*-Strategen in Bodenmikroorganismengemeinschaften der Schlüssel zu einer nachhaltigen landwirtschaftlichen Bearbeitung sein. Darüber hinaus könnten bekannte *K*-Strategen-Taxa als Indikatoren für die Erhaltung organischer Bodensubstanzen und damit für die Bodenfruchtbarkeit und -gesundheit dienen. Dies könnte in zukünftigen Studien getestet werden, die auch auf weitere Bodenbeschaffenheiten und klimatische Bedingungen ausgeweitet werden sollten.

AP3. Einbindung von Interessengruppen und Ergebnisverwertung

Auf der Basis der Ergebnisse des Projektes wurden der Praxis Empfehlungen in Bezug auf Anbaumaßnahmen sowie der Anwendung von BM mit positiver Wirkung auf Boden- und Pflanzengesundheit gegeben. Die Ergebnisse wurden in zahlreichen Vorträgen auf nationalen (z.B. DLG-Feldtage, DPG-Arbeitskreis Biologischer Pflanzenschutz, Feldtag der HUB, BonaRes-Workshop, 62. und 63. Deutsche Pflanzenschutztagung) und internationalen Veranstaltungen sowohl mit Praxispartnern (Tag der offenen Tür am JKI, Grüne Woche, Gartenbautag Mecklenburg-Vorpommern) als auch der wissenschaftlichen Gemeinschaft diskutiert (z.B. Witzenhäuser Konferenz, Kolloquien der Universität Marburg und Kiel). Des Weiteren wurden die Ergebnisse in nationalen und internationalen Fachjournalen an verschiedene Interessengruppen herangetragen. Gemeinsam mit dem BonaRes-Zentrum wurde ein FactSheet zur Rhizosphäre entwickelt.

II.4. Wichtigste Positionen des zahlenmäßigen Nachweises

Der zahlenmäßige Nachweis über die Verwendung der Zuwendungen mit Angabe der wichtigsten Positionen sowie die dazugehörigen Belege wurden durch den ZE JKI am 30.01.2026 an den ZG PtJ übermittelt.

II.5. Notwendigkeit und Angemessenheit der geleisteten Projektarbeiten

Die im Rahmen des Projektes geleistete Arbeiten und Analysen der mikrobiologischen und pflanzenphysiologischen Datensätze (siehe Punkt II.3 und II.8) erfolgten entsprechend dem Konzept des Vorhabens in enger Zusammenarbeit mit den Partnern. Aufgrund der komplexen und anspruchsvollen Aufgabenstellung des holistischen Forschungsansatzes waren die durchgeführten Arbeiten im Feld und deren nachfolgende Analysen zur Erreichung der Ziele in ihrem Umfang notwendig.

II.6. Voraussichtlicher Nutzen, insb. Verwertbarkeit des Ergebnisses – auch konkrete Planungen für die nähere Zukunft – im Sinne des fortgeschriebenen Verwertungsplans

Die Datensätze, die während des gesamten Projektes generiert wurden, sind im BonaRes-Datenzentrum (Modul B) als auch in öffentlich zugänglichen Datenbanken (z.B. Sequenzen und Amplikonsequenzdaten der mikrobiellen Gemeinschaften in NCBI-SRA) hinterlegt und damit für die Öffentlichkeit verfügbar. Sie können die Grundlage für z.B. Entscheidungshilfen für ein nachhaltiges Bodenmanagement bilden. Des Weiteren können insbesondere die Datensätze zur Struktur und Funktion der mikrobiellen Gemeinschaft im Boden und in der Rhizosphäre in Modelle integriert oder in Metanalysen einbezogen werden und so zu einem verbesserten Verständnis der vielfältigen Bodenfunktionen und -prozesse beitragen, um Bodenfruchtbarkeit und -gesundheit langfristig zu erhalten und damit die Produktivität der Pflanze.

Die Ergebnisse dieses Projektes, wurden sowohl in wissenschaftlich begutachteten internationalen Fachjournalen als auch in nationalen Fachzeitschriften veröffentlicht (siehe II.8). Des Weiteren wurden die Ergebnisse des Projektes in zahlreichen Vorträgen und Postern auf verschiedenen nationalen (z.B. DPG-Arbeitskreis Biologischer Pflanzenschutz, Deutsche Pflanzenschutztagung, BonaRes-Workshop, DLG-Feldtage, Feldtage der HUB, Fachtagung Landwirtschaftlicher Gewässerschutz) sowie internationalen [z.B. Annual Workshop of Biological Plant Protection, Plant Microbiome Workshop 2024, miCROPe 2024, 19th International Symposium on Microbial Ecology (ISME) 2024, Phytobiomes Conference 2024, Rhizosphere 6 2025, XVII Meeting of the IOBC-WPRS WG „Biological and Integrated Control of Plant Pathogens“ 2025, 17th Symposium on Bacterial Genetics and Ecology (Bageco) 2025) wissenschaftlichen Tagungen vorgestellt.

Die Anwendung eines mikrobiellen Konsortiums an Mais zeigte, dass unter abiotischen Stressbedingungen wie Trockenheit die Toleranz der Pflanze gegenüber diesen Bedingungen deutlich gestärkt werden kann und damit letztlich deren Wachstum und Produktivität. Durch die Behandlung der Pflanzen mit dem mikrobiellen Konsortium wurden Veränderungen in der Zusammensetzung und Funktion des Rhizosphären-Mikrobioms induziert. In der Folge wurden in der Rhizosphäre nützliche mikrobielle Taxa angereichert, welche der Pflanze z.B. den für den Umgang mit (a)biotischen Stressbedingungen wichtigen Mikronährstoff Eisen zur Verfügung stellten. Der Einsatz mikrobieller Inokula kann somit die Resilienz von Kultursystemen verbessern. Metagenomanalysen geben einen ersten Einblick in mikrobielle Funktionen in der Rhizosphäre und deren Bedeutung für Pflanzengesundheit und -produktivität.

Insgesamt leistet das Vorhaben DiControl einen Beitrag zu einem besseren Verständnis des Einflusses landwirtschaftlicher Maßnahmen auf die mikrobielle Gemeinschaft im Boden und in der Rhizosphäre unter Berücksichtigung von Charakteristika der Pflanze (Wachstum, Gesundheit, Wurzelexsudation). Es sind jedoch weitere Untersuchungen unter Feldbedingungen unter verschiedenen Standort- und Vegetationsbedingungen notwendig, um der Praxis robustere Handlungsoptionen für eine nachhaltige Bodennutzung zu empfehlen, die langfristig die wirtschaftlichen Erfolgsaussichten von landwirtschaftlich/gartenbaulich produzierenden Betrieben unterstützen. Die zu empfehlenden Handlungsoptionen haben das Ziel, mikrobielle Taxa mit positiven

Eigenschaften für Boden- und Pflanzengesundheit und -produktivität zu fördern. Die Ergebnisse des Projektes geben erste Hinweise auf solche mikrobiellen Taxa mit positiven Eigenschaften für die Pflanze.

Zu empfehlende Handlungsoptionen sind in Nachfolgeprojekten in Zusammenarbeit mit Praxisbetrieben zu prüfen und zu bewerten. Die positiven Ergebnisse des Einsatzes von mikrobiellen Inokula, der reduzierten N-Düngung oder organischen Düngung auf die Pflanzengesundheit weisen darauf hin, dass der Ressourceneinsatz (z.B. von Dünger- und Pflanzenschutzmitteln) in der Praxis reduziert werden kann und damit ökologische Aspekte berührt werden.

II.7. Bekannt gewordener Fortschritt auf dem Gebiet des Vorhabens bei anderen Stellen

Einige Studien berichten insbesondere über den langfristigen Einfluss von Bodenbearbeitung auf die Zusammensetzung der mikrobiellen Gemeinschaft im Boden oder/und in der Rhizosphäre (z.B. Degruene et al. 2017, Xie et al. 2022, Marjanovic et al. 2025). In weiteren Arbeiten erfolgte vor allem ein Vergleich der Zusammensetzung und Struktur der mikrobiellen Gemeinschaft im Boden in Abhängigkeit von konventionellem und organischem Anbau (z.B. Francioli et al. 2016, Hartmann et al. 2015, Lori et al. 2017, Peltoniemi et al. 2021, Zhou & Fong 2021) oder diese fokussierten sich auf den Einfluss von appliziertem organischem Material wie Stroh auf die Boden-Mikrobiota (z.B. Schmid et al. 2017, Chroňáková et al. 2021, Fan et al. 2023). Die Ergebnisse der Studien bestätigen, dass landwirtschaftliche Maßnahmen die mikrobielle Gemeinschaft des Bodens verändern. Eigene Ergebnisse und die der genannten Arbeiten zeigen jedoch, dass sowohl vorherrschende Standort-spezifische Bedingungen als auch Bearbeitungsstrategien entscheidend die Struktur und Zusammensetzung der mikrobiellen Gemeinschaften im Boden und in der Rhizosphäre beeinflussen. Aufgrund der Vielfalt von landwirtschaftlichen Bearbeitungsformen besteht daher weiterhin Forschungsbedarf zum Einfluss landwirtschaftlicher Praxis auf Boden- und Rhizosphären-Mikrobiom unter verschiedenen Feldbedingungen, um ein besseres Verständnis der zugrundeliegenden Einflussfaktoren auf die Wechselwirkungen Pflanze-Mikroorganismen und deren Auswirkung auf die pflanzliche Produktivität und Gesundheit zu erhalten.

Nur wenige Kenntnisse liegen zum Einfluss von landwirtschaftlichen Anbaumaßnahmen auf die Wirkung von mikrobiellen Inokula vor (z.B. Soti et al. 2023, Guidinelle et al. 2024). Verschiedene Arbeiten beschäftigen sich vor allem mit der Wirksamkeit von mikrobiellen Inokula auf die Pflanze unter abiotischen (z.B. Salzstress, Temperatur) und biotischen (z.B. pilzlichen Pathogenen) Stressbedingungen (z.B. Bashan et al. 2014, Malusá & Vassilev 2014, Bittencourt et al. 2023) oder mit dem Einfluss mikrobieller Inokula auf das Mikrobiom der Pflanze (z.B. Review von Berg et al. 2021). Wissenslücken bestehen daher weiterhin hinsichtlich des Einflusses von z.B. Pflanzenarten/Sorten, landwirtschaftliche Bewirtschaftungsmaßnahmen oder klimatischen Bedingungen auf die komplexen Wechselwirkungen im Boden und deren Einfluss auf die Wirksamkeit von mikrobiellen Inokula auf die Pflanze. Uns sind daher basierend auf neuesten Recherchen, von dritter Seite keine Forschungsergebnisse bekannt geworden, die für das Vorhaben relevant sind. Im Rahmen des Projektes wurden auch erstmals Wurzelexsudatprofile im Feld erhoben und analysiert.

Bashan Y., de-Bashan L.E., Prabhu S.R. 2014 Advances in plant growth-promoting bacterial inoculant technology: formulations and practical perspectives (1998-2013). *Plant Soil* 378, 1-33. doi: 10.1007/s11104-013-1956-x.

Bittencourt P.P., Alves A.F., Ferreira M.B., da Silva Irineu L.E.S., Pinto V.B., Olivares F.L. 2023. Mechanisms and applications of bacterial inoculants in plant drought stress tolerance. *Microorganisms* 11, 502. Doi: 10.3390/microorganisms11020502.

- Berg G., Kusstacher P., Abdelfattah A., Cernava T., Smalla K. 2021. Microbiome modulation – toward a better understanding of plant microbiome response to microbial inoculants. *Frontiers in Microbiology* 12, 650610. Doi: 10.3389/fmicb.2021.660610.
- Chroňáková A., Kyselková M., Elhottová D. 2021. Common and management-specific responses of grassland soil bacterial communities to manure and chlortetracycline amendments. *European Journal of Soil Biology* 104, 103320.
- Degrune F., Theodorakopoulos N., Colinet G., Hiel M.-P., Bodson B., Taminiau B., Daube G., Vandenbol M., Hartmann M. 2017. Temporal dynamics of soil microbial communities below the seedbed under two contrasting tillage regimes. *Frontier Microbiology* 9, 1127. doi: 10.3389/fmicb.2017.01127.
- Fan W., Yuan J., Wu J., Cai H. 2023. Effect of straw maize on the bacterial community and carbon stability at different soil depths. *Agriculture* 13(7), 1307.
- Francioli D., Schulz E., Lentendu G., Wubet T., Buscot F., Reitz T. 2016. Mineral vs. organic amendments: microbial community structure, activity and abundance of agriculturally relevant microbes are driven by long-term fertilization strategies. *Frontier Microbiology* 7. doi: 10.3389/fmicb.2016.01446.
- Guidinelle R.B., Burak D.L., Rangel O.J.P., Peçanha A.L., Passos R.R., da Rocha L.O., Olivares F.L., de Sá Mendonça E. 2024. Impact of historical soil management on the interaction of plant-growth-promoting bacteria with maize (*Zea mays* L.). *Heliyon* 10, e28754. doi: 10.1016/j.heliyon.2024.e28754.
- Hartmann M., Frey B., Mayer J., Mäder P., Widmer F. 2015. Distinct soil microbial diversity under long-term organic and conventional farming. *ISME J.* 9, 1177–1194. doi: 10.1038/ismej.2014.210
- Lori M., Symnaczyk S., Mäder P., De Deyn G., Gattinger A. 2017. Organic farming enhances soil microbial abundance and activity—A meta-analysis and meta-regression. *PLoS ONE* 12(7), e0180442. doi: 10.1371/journal.pone.0180442.
- Malusá E., Vassilev N. 2014. A contribution to set a legal framework for biofertilisers. *Applied Microbiology Biotechnology* 98, 6599-6607. doi: 10.1007/s00253-014-5828-y.
- Marjanovic J., Zubairu A.M., Varga S., Turdalieva S., Döbröntey R.E., Fodor M.A., Ujj A. 2025. Ecological pea production in Hungary: integrating conservation tillage with the application of *Rhizobium* spp., *Ensifer* spp., *Pseudomonas* spp., and *Bacillus* spp. bacterial inoculants for sustainable farming. *Horticulturae* 11(2), 213. Doi: 10.3390/horticulturae11020213.
- Peltoniemi K., Velmala S., Fritze H., Lemola R., Pennanen T. 2021. Long-term impacts of organic and conventional farming on the soil microbiome in boreal arable soil. *European Journal of Soil Biology* 104, 103314.
- Schmid C.A.O., Schröder P., Armbruster M., Schloter M. 2017. Organic amendments in a long-term field trial—consequences for the bulk soil bacterial community as revealed by network analysis. *Microbial Ecology* 29, 1-4.
- Soti P., Kariyat R., Racelis A. 2023. Effective farm management promotes native AMF and benefit organic farming systems. *Agriculture, Ecosystems and Environments* 342, 108240. doi: 10.1016/j.agee.2022.108240.
- Xie B., Chen Y., Cheng C., Ma R., Zhao D., Li Z., Li Y., An X., Yang X. 2022. Long-term soil management practices influence the rhizosphere microbial community structure and bacterial function of hilly apple orchard soil. *Applied Soil Ecology* 180, 104627.
- Zhou J., Fong J.J. 2021. Strong agricultural management effects on soil microbial community in a non-experimental agroecosystem. *Applied Soil Ecology* 165, 103970.

II.8. Erfolgte oder geplante Veröffentlichungen des Ergebnisses

Erfolgte Veröffentlichungen:

- Kampouris I.D., Kuhl-Nagel T., Behr J.H., Sommermann L., Babin D., Francioli D., Zrenner R., Kublik S., Schloter M., Ludewig U., Smalla K., Neumann G., Grosch R., Geistlinger J. 2025. Selective recruitment of beneficial microbes in the rhizosphere of maize affected by microbial inoculants, farming practice, and seasonal variations. *BMC Environmental Microbiome* 20, 69. <https://doi.org/10.1186/s40793-025-00729-y>
- Raab M., Schütze L., Sommermann L., Babin D., Kampouris I., Francioli D., Grosch R., Neumann G., Deubel A., Geistlinger J., Bade K., Rozhon W. 2025. Two decades long-term field trial data on fertilization, tillage, and crop rotation focusing on soil microbes. *Scientific Data* 12, 986. <https://doi.org/10.1038/s41597-025-05314-z>

Francioli D., Kampouris I.D., Kuhl-Nagel T., Babin D., Sommermann L., Behr J.H., Chowdhury S.P., Zrenner R., Moradtalab N., Schloter M., Geistlinger J., Ludewig U., Neumann G., Smalla K., Grosch R. 2025. Microbial inoculants modulate the rhizosphere microbiome, alleviate plant stress responses, and enhance maize growth at field scale. *Genome Biology* 26, 148. <https://doi.org/10.1186/s13059-025-03621-7>

Raab M., Deubel A., Geistlinger J., Sommermann L., Babin D., Kampouris I., Smalla K., Fernandez-Gnecco G., Neumann G., Moradtalab N., Behr J.H., Grosch R., Zrenner R., Chowdhury P.S., Rothballer M., & Francioli D. 2024. *Westerfeld: Long-term field trial on tillage and fertilization in crop rotation* (Version 1.0) [Data set]. ZALF [Leibniz Centre for Agricultural Landscape Research (ZALF)]. <https://doi.org/10.20387/BONARES-W669-GDSD>

Vogel H.-J., Amelung W., Baum C., Bonkowski M., Blagodatsky S., Grosch R., Herbst M., Kiese R., Koch S., Kuhwald M., König S., Leinweber P., Lennartz B., Müller C.W., Pagel H., Rillig M.C., Rüschoff J., Russel D., Schnepf A., Schulz S., Siebers N., Vetterlein D., Wachendorf C., Weller U., Wollschläger U. 2024. How do adequately represent biological processes in modeling multifunctionality of arable soils. *Biology and Fertility of Soils* 60, 263-306. <https://doi.org/10.1007/s00374-024-01802-3>

Behr J. H., Kuhl-Nagel T., Sommermann L., Moradtalab N., Chowdhury S.P., Schloter M., Windisch S., Schellenberg I., Sørensen S.J., Rothballer M., Geistlinger J., Smalla K., Ludewig U., Neumann G., Grosch R., Babin D. 2024. Long-term conservation tillage with reduced nitrogen fertilization intensity can improve winter wheat health via positive plant-microorganism feedback in the rhizosphere. *FEMS Microbiology Ecology* 97, 1-17. <https://doi.org/10.1093/femsec/fiae003>

Behr J.H., Kampouris I.D., Babin D., Sommermann L., Francioli D., Kuhl-Nagel T., Chowdhury S.P., Geistlinger J., Smalla K., Neumann G., Grosch R. 2023. Beneficial microbial consortium improves winter rye performance by modulating bacterial communities in the rhizosphere and enhancing plant nutrient acquisition. *Frontier in Plant Science* 14, 1232288. <https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1232288>

Dela Cruz T., Behr J.H., Geistlinger J., Grosch R., Witzel K. 2023. Monitoring of an applied beneficial *Trichoderma* strain in root-associated soil of field grown maize by MALDI-ToF MS. *Microorganisms* 11, 1655. <https://doi.org/10.3390/microorganisms11071655>

Sommermann L., Babin D., Behr J.H., Chowdhury S.P., Sandmann M., Windisch S., Neumann G., Nesme J., Sørensen S.J., Schellenberg I., Rothballer M., Geistlinger J., Smalla K., Grosch R. 2022. Long-term fertilization strategy impacts *Rhizoctonia solani*-microbe interactions in soil and rhizosphere and defense responses in lettuce. *Microorganisms* 10, 1717. <https://doi.org/10.3390/microorganisms10091717>

Fernandez-Gnecco G., Covacevich F., Consolo V. F., Behr J. H., Sommermann L., Moradtalab N., Maccario L., Sørensen S. J., Deubel A., Schellenberg I., Geistlinger J., Neumann G., Grosch R., Smalla K., Babin D. 2022. Effect of long-term agricultural management on the soil microbiota influenced by the time of soil sampling. *Frontiers in Soil Science* 2, 837508. doi.org/10.3389/fsoil.2022.837508.

Fernandez-Gnecco G., Gégú L., Covacevich F., Consolo V F., Bouffaud M-L, Buscot F, Smalla K, Babin D (2024) Alone as effective as together: AMF and Trichoderma inoculation boost maize performance but differentially shape soil and rhizosphere microbiota. In: *J of Sust Agri & Env* 3 (1), Artikel e12091, e12091. DOI: 10.1002/sae2.12091.

Graefe J., Grosch R., Bitterlich M. 2022. The boundary layer conductance of inclined elliptical leaves under free convection. *Agricultural and Forest Meteorology* 317, 108884. doi.org/10.1016/j.agrformet.2022.108884.

Behr J.H. 2023. Growth parameters, nutrient status and colonization density of beneficial microbes in winter rye grown organically and conventionally - Plant traits. BONARES-Repository. <https://doi.org/10.20387/bonares-qz4c-56bd>

Behr J.H. 2023. Growth parameters, nutrient status and colonization density of beneficial microbes in winter rye grown organically and conventionally. BONARES-Repository. <https://doi.org/10.20387/bonares-b5m1-6fwr>

Artikel in nationalen Fachjournalen:

Babin D., Geistlinger J., Neumann G., Grosch R. 2025. Schauplatz Rhizosphäre. BONARES FACTSHEET #7

- Grosch R., Geistlinger J., Neumann G. 2025. Das Getummel unter der Oberfläche. DLG-Mitteilungen 7, 25-27.
- Grosch R., Geistlinger J., Neumann G. 2025. Mikroorganismen als integraler Bestandteil des Pflanzenschutzes. mais 02, 36-39.
- Grosch R., Behr J.H. 2023. Disease transmission. In: Our plants (and Food Crop Farming) ed's Timmis K. and Ramosl J.L., IMiLI - The International Microbiology Literacy Initiative, https://imili.org/our_plant
- Grosch R., Sommermann L., Behr J.H., Moradtalab N., Chowdhury S.P., Geistlinger J., Neumann G., Smalla K., Babin D. 2022. Einfluss von langfristigem Anbaumanagement auf die mikrobielle Gemeinschaft im Boden und in der Rhizosphäre der Pflanze. Tagungsband 76. ALVA-Tagung, 106-109.
- Neumann G., Behr J.H., Sommermann L., Babin D., Moradtalab N., Windisch S., Geistlinger J., Grosch R. 2022. Das zeichnet gesunden Boden aus - Erfahrungen aus dem Langzeitforschungsprojekt DiControl. BWagrar 27, 20-21
- Neumann G., Behr J.H., Sommermann L., Babin D., Moradtalab N., Windisch S., Geistlinger J., Grosch R. 2022. Mikroorganismen für fitten Mais. BWagrar 29, 20-21.