

Pflanzenmikrobiome: verborgene Netzwerke für die Gesundheit

Gabriele Berg

Zusammenfassung

Die Mikrobiomforschung deckte nicht nur eine immense Vielfalt von Mikroorganismen an und in Pflanzen auf, sondern revolutionierte auch die Sichtweise auf die Pflanze selbst. Pflanzen werden nun als Metaorganismen oder Holobionten gesehen. Sie bilden eine strukturelle und funktionelle Einheit mit ihrem Mikrobiom, die sich im Lauf der Evolution entwickelt hat. Viele dieser Mikroorganismen haben wichtige Funktionen, z. B. fördern sie die Pflanzengesundheit und das Pflanzenwachstum oder beeinflussen die Qualität hinsichtlich der menschlichen Ernährung. Die Übertragung des Mikrobioms über Generationen (vertikaler Transfer) wurde erst in den letzten Jahren entdeckt. Samen dienen hierfür als Transportmittel insbesondere von Mikroorganismen mit positiver Interaktion mit der Pflanze. Jeder Pflanzensame beherbergt ein spezifisches Kern-Mikrobiom, welches sich durch Ko-Evolution entwickelt hat. Bei Kulturpflanzen wurde das Mikrobiom im Laufe der Züchtung signifikant verändert, wodurch im Vergleich zu den Wildpflanzen viel von seiner natürlichen Diversität verloren gegangen ist. Diese neuen Erkenntnisse haben einen wichtigen Einfluss auf verschiedene Praxisaspekte. So könnte die Anfälligkeit von Nutzpflanzen gegenüber landwirtschaftlich bedeutenden Phytopathogenen gesenkt werden, wenn das Pflanzenmikrobiom in Züchtungsstrategien berücksichtigt wird. Auch unsere Gesundheit ist eng mit der mikrobiellen Diversität in Pflanzen verbunden. Deshalb sollten neue Strategien konzipiert werden, die die pflanzenassoziierte mikrobielle Diversität schützen und erhalten.

Summary

Plant microbiomes: hidden networks for plant and animal health

In the last decade, an immense microbial biodiversity associated with plants has been revealed, and plants are now considered as meta-organisms or holobionts. The holobiont is characterized by an intense structural and functional interplay of all partners driven by co-evolution. The microbiome is crucial for important functions, including plant growth, plant health, and even suitability for human nutrition. Recently, the transmission of a core microbiome from one generation to the other (vertical transfer) has been discovered. Seeds are the carriers in this context, especially for microbes with positive effects on the plant. Breeding appears to change plant microbiomes, with a loss of taxonomic diversity of the microbiome of cultivated plants compared to the wild plants. These new insights have substantial implications for applied fields. For example, if breeding strategies included the plant microbiome, the susceptibility of economic plants towards agricultural important pathogens might be reduced. Therefore, we need new strategies to maintain and protect the plant- and seed-associated microbial diversity.

✉ Prof. Dr. Gabriele Berg, Technische Universität Graz, Institut für Umweltbiotechnologie, Petersgasse 10/12, 8010 Graz, Österreich; gabriele.berg@tugraz.at

Einführung

Der folgende Beitrag ist vor dem Hintergrund des Verlustes der Biodiversität weltweit zu sehen. Zwar befinden wir uns in der Mikrobiologie und in der Mikrobiomforschung derzeit in einer Periode, in der wir die hohe Diversität gerade erst entdecken und uns darüber freuen, aber auf der anderen Seite wissen wir gar nicht, welche Diversität wir schon verloren haben. Die »klassischen« Natur- bzw. Geowissenschaftler haben für unsere jetzige Epoche den Begriff Anthropozän geprägt (Crutzen 2002, Lewis & Maslin 2015). Ausgelöst zum Beispiel durch das Haber-Bosch-Verfahren zur Herstellung von Dünger und die intensive Landwirtschaft kam es zu einem extremen Verlust der Biodiversität und einer extremen Verschiebung der großen Nährstoffzyklen, insbesondere des Phosphat- und des Stickstoffzyklus. All dieses verursachte ein Artensterben, das bis 1000-fach über der natürlichen Norm liegt. Alleine die Produktionssysteme für unsere Nahrung sind für 60 % des Biodiversitätsverlustes verantwortlich (Sukhdev et al. 2016). Die Globalisierung trägt auch sehr stark zu einer Homogenisierung der Biosphäre bei. Wir kennen viele Neophyten, die sich derzeit auch in der natürlichen Vegetation einnischen (vgl. z. B. Müller 2016), wissen aber nur wenig über entsprechende Vorgänge bei den Mikroorganismen. Der folgende Beitrag wird zeigen, dass die Pflanzendiversität auch unmittelbar mit der mikrobiellen Diversität der Pflanzen verknüpft ist.

Mikrobielle Diversität: Gesundheit von Mensch und Pflanze

Warum sind Mikroorganismen, die wir nicht kennen und die vielleicht schon ausgestorben sind, bevor wir sie überhaupt kennenlernen könnten, oder zu deren Aussterben wir beitragen, überhaupt interessant für die Forschung? Die Motivation hierzu kommt nicht zuletzt aus der Gesundheitsforschung. Frau von Mutius hat in ihrer Forschung wichtige Schritte aufgezeigt, wie unsere Gesundheit mit der mikrobiellen Diversität in der Umwelt zusammenhängt (vgl. Beitrag von Mutius [2019] in diesem Band). Dieser Zusammenhang wurde auch von Martin Blaser postuliert, der schon sehr lange an der Diversität der humanassoziierten Mikroorganismen und

ihrem Einfluss auf die menschliche Gesundheit forscht (Blaser 2017). Bei der Geburt gibt die Mutter ein Inokulum an das Neugeborene weiter (vertikale Übertragung), in den nächsten Monaten kommt das Mikrobiom der weiteren Familienangehörigen (horizontale Übertragung) und der Umwelt dazu. Der heutige Anstieg der Kaiserschnittgeburten ist in dieser Hinsicht ein Problem, da er mit einer signifikanten Erhöhung von chronischen Krankheiten korreliert (Neu & Rushing 2011). Inzwischen gibt es biotechnologische Verfahren, wie die Mikroorganismen aus dem Geburtskanal auf die Neugeborenen übertragen werden können (Dominguez-Bello et al. 2016). Im Laufe der Zeit haben wir durch unsere Lebensweise und unseren Lebensstil sehr viel Mikroorganismen verloren, was letztlich zu einem Anstieg der chronischen Erkrankungen führt (Blaser 2017). In einer Studie aus den USA wurden zwei Gruppen verglichen, deren Lebensweise sehr ähnlich ist, die sich aber in der Art der Landbewirtschaftung unterscheiden: Amische, die noch traditionell und nur mithilfe von Pferden ihre Felder bewirtschaften, und Huttiten, die z. B. Traktoren in der Landwirtschaft benutzen. Die Asthmarate, die bei Kindern in der Normalbevölkerung bei etwa 30 % liegt, lag bei den Huttiten bei 10 % und bei den Amischen bei nahezu Null (Stein et al. 2016).

Der Agrarwissenschaftler Lorenz Hiltner (1862–1923) hat schon vor weit über 100 Jahren postuliert, dass Mikroorganismen nicht nur mit Krankheiten assoziiert sind, sondern auch für die Samenkeimung, die Pflanzengesundheit und das Pflanzenwachstum essenziell sind. Er hat Okulantien entwickelt, »Impfstoffe« für Pflanzen, für die er weltweit Preise bekommen hat. Auch die Rhizosphäre wird seit über 100 Jahren gut beforscht, dennoch bleiben viele Fragen offen: Gibt es bei Pflanzen noch eine Verbindung zwischen Generationen, d. h. einen vertikalen Transfer? Welchen Einfluss hat die Züchtung auf das pflanzliche Mikrobiom? Gibt es einen Einfluss des Pflanzenmikrobioms auf die menschliche Gesundheit?

Diese Fragen sollen im Folgenden anhand dreier Beispiele beantwortet werden: dem Samenmikrobiom von Kürbiskernen, den Mikroorganismen in einem naturnahen Ökosystem und dem »essbaren« Mikrobiom von Salat.

Das Mikrobiom des Samens

Das Samenmikrobiom war interessanterweise die letzte unerforschte »Wüste« der Pflanzenmikrobiologie, nachdem das Hauptaugenmerk sehr lange auf der Rhizosphäre lag. Der weltweite Samenhandel hat ein Volumen von 3 Millionen Tonnen weltweit, aber die gehandelten Samen werden alle gereinigt und samenbürtige Krankheitserreger werden über zahlreiche thermische, chemische und physikalische Prozeduren bekämpft. Daher galten bis vor wenigen Jahren Samen als steril und wurden nur hinsichtlich des Vorkommens von Pathogenen untersucht. Dazu kommt, dass die Mikroorganismen im Samen in einem dormanten Stadium sind, d.h., sie sind nicht kultivierbar.

Ölkürbis:

Mikrobiom von Samen, Rhizosphäre und Boden

Beim Steirischen Ölkürbis (*Cucurbita pepo* var. *styriaca*; Abb. 1) handelt es sich um eine natürliche Mutante, die um 1880 in der Steiermark aufgetreten ist. Der Landwirt, der die Mutante entdeckt hatte, hatte herausgefunden, dass die Samen beim Rösten ein hervorragendes Öl abgeben, das, wie man heute weiß, sehr gesund ist und das als Steirisches Kürbiskernöl unter Regionenschutz steht (g.g.A.: geschützte geografische Angabe). Das Besondere an diesem Kürbis ist, dass die Schalen der Kerne nicht verholzt, sondern nur von einem dünnen



Abb. 1. Steirischer Ölkürbis (*Cucurbita pepo* var. *styriaca*). – Foto: Kurt Kulac, CC BY-SA 2.5.

Silberhäutchen umgeben sind (Abb. 2). Wir haben diesen Ölkürbis für unsere Forschung ausgewählt, weil er eine unserer Hauptfrüchte ist, aber auch, weil seine Züchtungsgeschichte gut nachzuverfolgen ist (Adam et al. 2018). Bei Kulturpflanzen wie Mais oder Salat, die von den Menschen seit sehr langer Zeit gezüchtet werden, ist es sehr schwierig, Züchtungslinien genau nachzuverfolgen. Für den Steirischen Ölkürbis liegt das Züchtungsmonopol seit 100 Jahren in der Steiermark. Wir haben verschiedene Züchtungslinien zusammengestellt, die meisten aus Österreich, aber auch aus den Niederlanden,



a



b

Abb. 2. Kürbissamen, mit (a) und ohne (b) Verholzung. – Fotos: Maria Bernhart.

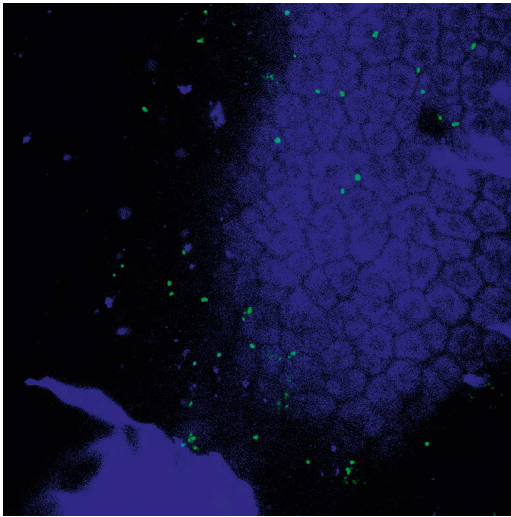


Abb. 3. Mikroorganismen im Kürbissamen. Bakterien (grün; gfp-labelling) wurden im Samengewebe (blau; Autofluoreszenz) mittels CLSM (Confocal Laser Scanning Microscopy) visualisiert. – Foto: Eveline Adam.

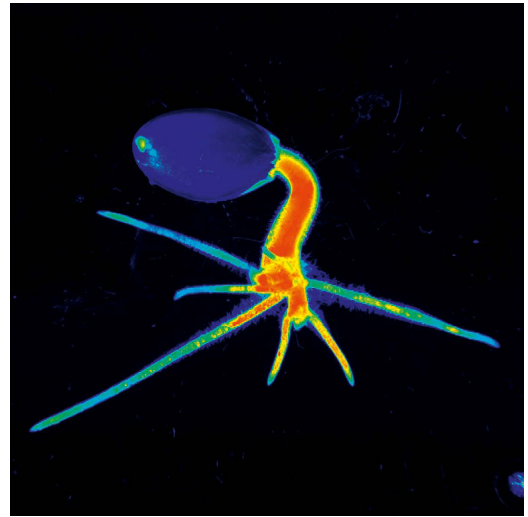


Abb. 4. Keimende Kürbissamen und ihr Mikrobiom (gelb, rot) visualisiert mit Bio-Rad ChemiDoc™ XRS System fünf Tage nach Keimung. – Foto: Eveline Adam.

Deutschland, Slowenien und China (das sich seit neuerer Zeit sehr für den Kürbis interessiert), und davon das Mikrobiom im Samen, im Boden und in der Rhizosphäre untersucht (Adam et al. 2018). Das Samenmikrobiom ist auffallend wenig divers, Vertreter der Proteobacteria dominieren bei weitem. Etwa die Hälfte der Mikroorganismen aus dem Samen besiedelt die Rhizosphäre, die andere Hälfte stammt aus dem Boden. Interessanterweise hatten die Samen der untersuchten Kultivare oder Sorten eine sehr spezifische Zusammensetzung (Adam et al. 2018), die mit der späteren Anfälligkeit gegenüber Krankheiten korreliert, insbesondere gegenüber dem Befall mit *Erwinia carotovora* (syn. *Pectobacterium carotovorum*; Gammaproteobacteria: Enterobacteriaceae), dem Erreger der Bakterienfäule. Bei einem mit einem Pilz befallenen Kürbis bilden die Hyphen für Bakterien sozusagen den Highway nach innen. Die Erwinien fermentieren das gesamte Innere des Kürbisses, der dann nicht mehr beerntet werden kann. *Erwinia* kommt auch im Samen selbst vor; hier ist die Diversität innerhalb der Enterobacteriaceae entscheidend, ob eine Anfälligkeit besteht. Eine hohe Diversität korreliert mit einem geringen Anfälligkeitsrisiko. Das Züchtungsunternehmen in der Steiermark, mit dem wir zusammenarbeiten, wird künftig die Mikrobiomuntersuchung in seine Züchtungs-

strategien mit einbeziehen und den Kürbis nicht nur nach Größe, Gewicht und ähnlichen Kriterien, sondern auch nach der Zusammensetzung des Mikrobioms beurteilen.

Im Inneren der Samen finden wir Bakterien vor allem im Kotyledon (Keimblatt) und im Wurzelembryo (Abb. 3), im keimenden Kürbissamen sind diese dann in der Lage, den Keimling zu besiedeln (Abb. 4).

Obwohl die Studie an den Ölkürbissen sehr umfangreich war und wir viele Samenchargen einbezogen hatten, bleibt die Frage nach dem Transfer von einer Generation zur nächsten: Wie stabil ist er und welche Mikroorganismen werden weitergegeben?

Wir haben von Tomaten (*Solanum lycopersicum*) Samen untersucht und anschließend die Pflanzen angezogen und ihre Rhizosphäre und den umgebenden Boden untersucht, ebenso das Wurzelinnere und die Samen der nächsten Generation (Bergna et al. 2018 first look). Parallel zu den 16S-rRNA-Genanalysen haben wir Kultivierungsversuche durchgeführt und die erhaltenen bakteriellen Isolate wieder in die Netzwerke eingebracht. Unser Hauptaugenmerk lag dabei auf Pathogenen und deren natürlichen Antagonisten. Die geernteten Samen haben ebenfalls eine, wenn auch geringere Verbindung

<i>Astrantia major</i> (Große Sterndolde)	Mehrjährig	Achäne
<i>Euphrasia rostkoviana</i> (Gemeiner Augentrost)	Einjährig	Kapsel
<i>Gentiana asclepiadea</i> (Schwalbenwurz-Enzian)	Mehrjährig	Kapsel
<i>Gentianella germanica</i> (Deutscher Fransenenzian)	Einjährig	Kapsel
<i>Heliosperma quadrifidum</i> (Alpen-Strahlensame)	Mehrjährig	Kapsel
<i>Pedicularis palustris</i> (Sumpf-Läusekraut)	Einjährig	Kapsel
<i>Ranunculus glacialis</i> (Gletscher-Hahnenfuß)	Mehrjährig	Kapsel
<i>Scabiosa lucida</i> (Glanz-Skabiose)	Mehrjährig	Achäne

Abb. 5. Pflanzen einer Blumenwiese am Hochschwab, deren Samenmikrobiome untersucht wurden: Wuchstyp und Art der Früchte.

zu diesen beiden Mikrobiomen. Die Antagonisten, die Pflanzenpathogene unterdrücken können und eine fördernde Wirkung auf das Pflanzenwachstum haben, stammen alle aus der ersten Samengeneration. Das bedeutet, dass die Samen der zweiten Generation zwar einen mikrobiellen Fingerprint des Bodens enthalten – was man als gewisse Adaptation an die bestehenden Verhältnisse erklären könnte –, aber die sog. nützlichen Bakterien nicht über den Boden und die Rhizosphäre, sondern von einer Generation an die andere weitergegeben werden.

Das Samenmikrobiom ist also nicht länger die »Wüste« der Pflanzenmikrobiologie. Inzwischen gibt es zahlreiche Untersuchungen, die – ähnlich wie unsere Studien, die wir auch am Raps und an der Zuckerrübe durchgeführt haben (Rybakova et al. 2017, Shade et al. 2017, Berg & Raaijmakers 2018) – zeigen, dass es sehr divers ist und aus bis zu 3000 Bakterienarten besteht. Die Mikroorganismen innerhalb des Samens sind am Leben, wie sich aus der Anzucht der Samen unter gnotobiotischen (keimfreien) Bedingungen oder mit Verfahren zur Anfärbung toter Bakterien zeigen lässt. Studien an Mais, Weizen und anderen Getreidearten und an Bohnen zeigen, dass die Pflanzenzüchtung auch das Mikrobiom stark mitgezüchtet hat, wodurch im Vergleich zu Wildpflanzen sehr viel von der natürlichen Diversität verloren gegangen ist (Pérez-Jaramillo et al. 2016, Mendes et al. 2018). Wir beobachten oft eine Korrelation zwischen einer bestimmten Zusammensetzung des Mikrobioms im Samen und einer späteren Anfälligkeit insbesondere für bodenbürtige Krankheitserreger (Rybakova et al. 2017). Während es in den oberirdischen Pflanzenteilen sehr viele Resistenzgene gibt, kommen

in der Wurzel nur sehr wenige vor, weshalb Jim Cook schon im Jahr 1986 postuliert hat, dass die Rhizosphärenbewohner das »Schutzschild« der Wurzeln sind (Cook 1986).

Natürliche Netzwerke von Alpenpflanzen

In Ergänzung zu den Studien an Samenmikrobiomen von Kulturpflanzen haben wir am Hochschwab in der Obersteiermark ein sehr stabiles Ökosystem untersucht, eine bunte Alpenwiese, die nach Angaben von Botanikern seit langer Zeit relativ unverändert ist und sich durch eine hohe Pflanzendiversität auszeichnet (Dirnböck et al. 1999). Wir haben von einigen der dort wachsenden Pflanzen gezielt Samen gesammelt (Abb. 5). Zum einen wollten wir wissen, ob das Mikrobiom von der Blütenmorphologie abhängt (Samenanlagen in geschlossenen Kapseln oder in Form offener Achänen), und zum anderen, ob es sich bei ein- und mehrjährigen Pflanzen unterscheidet. Interessanterweise haben wir keinen Einfluss dieser beiden Faktoren gesehen. Jede Pflanze dieses relativ überschaubaren Ökosystems wies einen einzigartigen mikrobiellen Fingerprint in ihrem Samen auf; von den 11844 bakteriellen OTUs (operational taxonomic units) kamen nur 11 und von den 3945 pilzlichen OTUs nur 5 bei allen Pflanzen vor (Wassermann et al. 2018, nicht veröffentlichte Daten). Wir gehen davon aus, dass jede Pflanze spezifische Mikroorganismen beherbergt und dass das endophytische Mikrobiom im Samen von der Mutterpflanze an die nächste Generation weitergegeben wird.

Ebenso erstaunlich ist, dass die Bakterien in dem Samenmikrobiom ein enges und positiv interagierendes, synergistisches Netzwerk bilden,

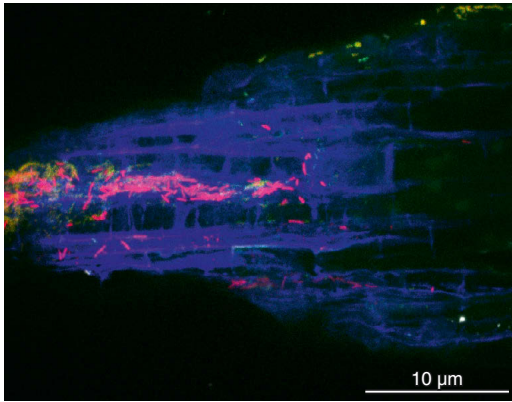


Abb. 6. Natürliche Wurzelbesiedlung (Brassicaceae). Die Bakterien wurden mit fluoreszierenden Sonden gefärbt und mittels CLSM (Confocal Laser Scanning Microscopy) sichtbar gemacht. – Foto: Birgit Wassermann.

während das demgegenüber unabhängige und lockere pilzliche Netzwerk durch Antagonismus geprägt ist. Interessanterweise handelt es sich bei den Pilzen fast ausnahmslos um Phytopathogene, die in der Landwirtschaft gefürchtet sind. Dies bestätigt unsere Theorie, dass die mikrobielle Diversität ein entscheidendes Kriterium ist, um den Ausbruch von Krankheiten zu verhindern (Berg et al. 2017).

Das »essbare« Mikrobiom von Salat

Auch für Blätter und Wurzeln des Gartensalats (*Lactuca sativa*) haben wir die bakteriellen Netzwerke untersucht (Erlacher et al. 2014). Einige der Pflanzen haben wir mit dem phytopathogenen Pilz *Rhizoctonia solani* Kühn inokuliert, allein oder in Kombination mit *Bacillus amyloliquefaciens* FZB42, einem natürlichen Antagonisten von *R. solani*, der eine fördernde Wirkung auf die Pflanzengesundheit hat, um zu testen, ob *R. solani* und sein Antagonist das Mikrobiom in Blättern und Wurzeln verändern. Unser Augenmerk lag dabei auf den Gammaproteobacteria, die den Hauptteil des Mikrobioms ausmachen und für die menschliche Gesundheit besonders relevant sind. Wenn man die Netzwerke analysiert, kann man feststellen, dass bestimmte Mikroorganismen immer mit gesunden Pflanzen verbunden sind. Diese »Gesundheitsindikatoren« könnten sich evtl. nutzen lassen, um mit ihnen die Pflanzen vor Schädlingen zu schützen.

Weiter haben wir das Mikrobiom von acht Sorten von *Lactuca sativa* aus den USA, Europa und China und von dem Wildtyp (*Lactuca serriola*) verglichen (Cardinale et al. 2015). Den acht Sorten ist ein Kernmikrobiom von etwa 50 % gemeinsam, das von Gammaproteobacteria und Bacteroidetes dominiert wird. 12,5 % des Mikrobioms waren sortenspezifisch, hervorgerufen durch die lange Züchtungsgeschichte – schon in der Antike wurde Salat in vielen Sorten kultiviert.

Wir haben einige Zeit gebraucht, um eine Methode zu entwickeln, die Bakterien nicht nur in der Rhizosphäre, sondern auch im Blatt zu visualisieren. Die Bakterien leben endophytisch in den Salatblättern, also im Inneren, außen ist das Blatt mit einer Wachsschicht bedeckt.

Sowohl der Gartensalat (*Lactuca sativa*) als auch der Rukola (Rauke, *Rucola selvatica*, syn. *Diplotaxis tenuifolia*) haben auch im gesunden Salatmikrobiom einen sehr hohen Anteil von Enterobakterien. Allgemein ist festzuhalten, dass auch Pflanzen ein natürliches Reservoir von Antibiotikaresistenzgenen darstellen. Neben Genen für Effluxpumpen finden sich u. a. Resistenzgene gegen klinische Antibiotika. Es ist sehr schwierig, hier von »Schwarz und Weiß« zu sprechen, weil Dinge, die auf der einen Seite negativ sind, auf der anderen Seite positiv sein können. Gerade Rukola als Vertreter der Brassicaceae zeichnet sich durch Glucosinolate (Senfölglycoside) aus, schwefel- und stickstoffhaltige Verbindungen, die im Darm zu Isothiocyanaten gespalten werden und dann eine antikanzerogene Wirkung haben (Wassermann et al. 2017). Die Brassicaceae besitzen deshalb auch ein sehr spezifisches Mikrobiom (Abb. 6). Hier gibt es einen Übergang von pflanzlicher Nahrung zur Darmgesundheit. Man spricht ja davon, dass man 40 Pflanzen pro Woche essen sollte, um eine möglichst große Diversität an Mikroorganismen im Darm zu haben (Lang et al. 2014) Dazu gehört offensichtlich auch, dass man alte Sorten essen muss.

Zusammenfassung und Ausblick

Die mikrobielle Diversität in der Pflanze korreliert mit der Gesundheit (Berg et al. 2014, 2016, 2017). Zunächst sind dies nur Korrelationen, die noch genauer untersucht werden müssen. Wir gehen davon aus, dass der Mikrobiom-Shift bei einem domestizierten Menschen und einer domestizierten Pflanze sehr ähnlich ist, was viele Implikatio-

nen für die Züchtung und den Pflanzenschutz hat. Die Ergebnisse aus der Mikrobiomforschung sollten in die Züchtungsforschung eingehen und es sollten kombinierte Strategien für Züchtung und Pflanzenschutz unter Nutzung des Mikrobioms als Marker entwickelt werden. Wenn wir wissen, welche Bestandteile des pflanzlichen Mikrobioms das Pflanzenwachstum fördern und als natürliche Antagonisten zu Krankheitserregern wirken, können wir sog. »biologicals« für Pflanzen, aber auch für die menschliche Gesundheit entwickeln. Auch müssen wir den internationalen Samenhandel überdenken. Ist es wirklich gut, dass nur noch an wenigen Standorten weltweit die meisten Samen aus wenigen Sorten produziert und dann sterilisiert werden? In einem Projekt in Afrika, an dem wir beteiligt sind, gibt es zum Beispiel keine indigenen Sorten von Gemüsesamen, die wir für unsere Forschung nutzen konnten. Es gibt Strategien zur sicheren und geschützten Einlagerung von Samen zur Sicherung der Diversität (Samenbanken). Hier wäre es sehr interessant, auch an das Mikrobiom zu denken (Berg & Raaijmakers 2018). Pflanzen spielen letztlich eine große Rolle in dem *One Health Concept*, das das Gesundheitssystem von Menschen, Tieren und der Umwelt verbindet (Flandroy et al. 2018).

Danksagung

Herzlich bedanken möchte ich mich bei Eveline Adam und Maria Bernhart für die Bereitstellung der Abbildungen 2, 3 und 4 und bei Birgit Wassermann für die Abbildung 6.

Literatur

- Adam, E., M. Bernhart, H. Müller, J. Winkler & G. Berg. 2018. The *Cucurbita pepo* seed microbiome: genotype-specific composition and implications for breeding. – *Plant and Soil*, 422(1–2): 35–49.
- Berg, G. & J. M. Raaijmakers. 2018. Saving seed microbiomes. – *The ISME Journal*, 12(5): 1167–1170.
- Berg, G., M. Grube, M. Schlöter & K. Smalla. 2014. The plant microbiome and its importance for plant and human health. – *Frontiers of Microbiology*, 5: 491, doi: 10.3389/fmicb.2014.00491.
- Berg, G., D. Rybakova, M. Grube & M. Köberl. 2016. The plant microbiome explored: implications for experimental botany. – *Journal of Experimental Botany*, 67(4): 995–1002.
- Berg, G., M. Köberl, D. Rybakova, H. Müller, R. Grosch & K. Smalla. 2017. Plant microbial diversity is suggested as the key to future biocontrol and health trends. – *FEMS Microbiology Ecology*, 93(5): fix050, doi: 10.1093/femsec/fix050.
- Bergna, A., T. Cernava, M. Rändler, R. Grosch, C. Zachow & G. Berg. 2018 first look. Tomato seeds preferably transmit plant beneficial endophytes. – *Photobioms Journal*, doi: 10.1094/PBIOMES-06-18-0029-R.
- Blaser, M. 2017. The theory of disappearing microbiota and the epidemics of chronic diseases. – *Nature Reviews Immunology*, 17(8): 461–463.
- Cardinale, M., M. Grube, A. Erlacher, J. Quehenberger & G. Berg. 2015. Bacterial networks and co-occurrence relationships in the lettuce root microbiota. – *Environmental Microbiology*, 17(1): 239–252.
- Cook, R. J. 1986. Plant health and the sustainability of agriculture, with special reference to disease control by beneficial microorganisms. – *Biological Agriculture & Horticulture*, 3(2–3): 211–232.
- Crutzen, P. J. 2002. Geology of mankind. – *Nature*, 415(6867): 23.
- Dirnböck, T., S. Dullinger, M. Gottfried & G. Grabherr. 1999. Die Vegetation des Hochschwab (Steiermark) – Alpine und Subalpine Stufe. – *Mitteilungen des Naturwissenschaftlichen Vereines für Steiermark*, 129: 111–251.
- Dominguez-Bello, M. G., K. M. De Jesus-Laboy, N. Shen, L. M. Cox, A. Amir, A. Gonzalez, N. A. Bokulich, S. Jin Song, M. Hoashi, J. I. Rivera-Vina, K. Mendez, R. Knight & J. C. Clemente. 2016. Partial restoration of the microbiota of cesarean-born infants via vaginal microbial transfer. – *Nature Medicine*, 22(3): 250–253.
- Erlacher, A., M. Cardinale, R. Grosch, M. Grube & G. Berg. 2014. The impact of the pathogen *Rhizoctonia solani* and its beneficial counterpart *Bacillus amyloliquefaciens* on the indigenous lettuce microbiome. – *Frontiers in Microbiology*, 5: 175, doi: 10.3389/fmicb.2014.00175.
- Flandroy, L., T. Poutahidis, G. Berg, G. Clarked, M. Daee, E. Decaesteckerf, E. Furman, T. Hahtelal, S. Massart, H. Plovier, Y. Sanzl & G. Rook. 2018. The impact of human activities and lifestyles on the interlinked microbiota and health of humans and of ecosystems. – *Science of the Total Environment*, 627: 1018–1038.
- Lang, J. M., J. A. Eisen & A. M. Zivkovic. 2014. The microbes we eat: abundance and taxonomy of microbes consumed in a day's worth of meals for three diet types. – *PeerJ*, 2: e659, doi: 10.7717/peerj.659.
- Lewis, S. L. & M. A. Maslin. 2015. Defining the anthropocene. – *Nature*, 519(7542): 171–180.
- Mendes, L. W., J. M. Raaijmakers, M. de Hollander, R. Mendes & S. M. Tsai. 2018. Influence of resistance breeding in common bean on rhizosphere microbiome composition and function. – *The ISME Journal*, 12(1): 212–224.

- Müller, C. 2016. Wie sich die Chemie ändert, wenn Pflanzen die Welt erobern. – In: Bayer. Akademie der Wissenschaften (Hrsg.): Die Sprache der Moleküle – Chemische Kommunikation in der Natur. Pfeil, München: 49–58.
- Neu, J. & J. Rushing. 2011. Cesarean versus vaginal delivery: long-term infant outcomes and the hygiene hypothesis. – *Clinics in Perinatology*, 38(2): 321–331.
- Pérez-Jaramillo, J. E., R. Mendes & J. M. Raaijmakers. 2016. Impact of plant domestication on rhizosphere microbiome assembly and functions. – *Plant Molecular Biology*, 90: 635, doi: 10.1007/s11103-015-0337-7.
- Rybakova, D., R. Mancinelli, M. Wikström, A.-S. Birch-Jensen, J. Postma, R.-U. Ehlers, S. Goertz & G. Berg. 2017. The structure of the *Brassica napus* seed microbiome is cultivar-dependent and affects the interactions of symbionts and pathogens. – *Microbiome*, 5: 104, doi: 10.1186/s40168-017-0310-6.
- Shade, A., M. A. Jacques & M. Barret. 2017. Ecological patterns of seed microbiome diversity, transmission, and assembly. – *Current Opinion in Microbiology*, 37: 15–22.
- Stein, M. M., C. L. Hrusch, J. Gozdz, C. Igartua, V. Pivniouk, S. E. Murray, J. G. Ledford, M. Marques dos Santos, R. L. Anderson, N. Metwali, J. W. Neilson, R. M. Maier, J. A. Gilbert, M. Holbreich, P. S. Thorne, F. D. Martinez, E. von Mutius, D. Vercelli, C. Ober & A. I. Sperling. 2016. Innate immunity and asthma risk in Amish and Hutterite farm children. – *The New England Journal of Medicine*, 375(5): 411–421.
- Sukhdev, P., P. May & A. Müller. 2016. Fix food metrics. – *Nature*, 540(7631): 33–34.
- Von Mutius, E. 2019. Die Rolle des Umweltmikrobioms in der Asthma- und Allergieentstehung. – In: Bayer. Akademie der Wissenschaften (Hrsg.): Die unbekannte Welt der Mikrobiome. Pfeil, München: 121–128.
- Wassermann, B., D. Rybakova, C. Müller & G. Berg. 2017. Harnessing the microbiomes of Brassica vegetables for health issues. – *Nature Scientific Reports*, 7: 17649, doi:10.1038/s41598-017-17949-z.

Diskussion

B. Hoppe: Wenn Sie von pathogenen Teilen des Mikrobioms sprechen, ist dann die Pathogenität immer auf den Menschen bezogen, oder zum Beispiel auch auf Weidetiere?

G. Berg: Normalerweise interessieren wir uns in erster Linie für Pflanzenpathogene, das heißt für Pflanzen schädliche Mikroorganismen. Das Konzept des Pathogens insgesamt, also sowohl für den Menschen als auch für Pflanzen als auch für das Ökosystem, hat sich aber sehr gewandelt. Nach unserer heutigen Definition existieren gar keine Pathogene mehr, vielmehr steht die Gesamtdiversität des mikrobiellen Ökosystems im Vordergrund.

A. Rauwolf: Gibt es zu den Resistenzgenen im Salatblatt Studien, die zeigen, dass diese Gene für unser Leben überhaupt eine negative Rolle spielen? Die Resistenzgene kommen ja letztlich aus der Natur, wie die Antibiotika größtenteils auch.

G. Berg: In Bezug auf den Salat sind die Resistenzgene wohl kein Thema, aber insgesamt sind sie durchaus ein Problem. Es gibt Gebiete in Deutschland, in denen zum Beispiel Landwirte nicht mehr therapiert werden können, weil sie resistente Erreger in sich haben. Wir beschäftigen uns mit dem Thema, weil Pflanzen ein besonders starkes Reservoir für Resistenzgene sind. Beim gesunden Menschen passiert natürlich gar nichts, wenn er die Pflanzen isst, aber wenn ein entsprechender Antibiotikadruck herrscht oder die übrige Diversität verschwindet, können die Resistenzgene durchaus zu einem Problem werden. Wir erforschen diesen Bereich hauptsächlich, weil die meisten Patienten auf Intensivstationen an Erregern versterben, die ursprünglich von Pflanzen stammen.

K. Neuhaus: In den vorangegangenen Beiträgen war viel von »Gülle und Stickstoffeintrag« die Rede, aber ich bezeichne das in der Landwirtschaft allgemein als Mix-and-Mingle-Situation: Wir mischen die Bakterien sozusagen in die Pflanzenwelt. Die Gülle ist der Punkt, wo Mikroorganismen aus dem tierischen Bereich auf die Pflanzen übergehen. Die Pflanzen werden anschließend wieder von Tieren gefressen bzw. von Menschen gegessen. Diesen Kreislauf der Mikroorganismen gilt es zu beachten und an manchen Punkten sicherlich auch zu durchbrechen.

G. Berg: Dieses Thema ist in der Tat sehr gut untersucht. Es gibt jetzt auch ein COST-Action der EU dazu¹, mit dem Ziel, Kontaminationen zu vermeiden. Das größere Problem sind allerdings die Krankenhausinfektionen, die nicht unbedingt vermeidbar sind.

M. Müller: Haben Sie auch gebeizte mit ungebeizten Samen verglichen? In der Landwirtschaft wird sehr viel gebeiztes Saatgut auf die Felder ausgebracht. Wie verhält es sich bei gebeizten Samen mit der Weitergabe der antagonistischen Bakterien, die Sie beschrieben haben?

G. Berg: Die Beizung ist meist der letzte Schritt in einer ganzen Reihe von Samenbehandlungen, die sich grundsätzlich alle auf das Samenmikrobiom auswirken. Das Wichtige dabei ist aber das endophytische Mikrobiom. Dieses wird zwar durch viele Beizungen nicht betroffen, durch physikalische Behandlungen, zum Beispiel Hitzebehandlungen, aber durchaus. Auf das gesamte Mikrobiom wirkt sich die Beizung aber natürlich schon aus. Das Schöne ist, dass wir jetzt die geeigneten Methoden haben, um die Auswirkungen im Einzelnen zu verfolgen und ganz genau zu untersuchen.

1 COST Action CA16110: Control of Human Pathogenic Microorganisms in Plant Production Systems; 06.03.17–05.03.21.

