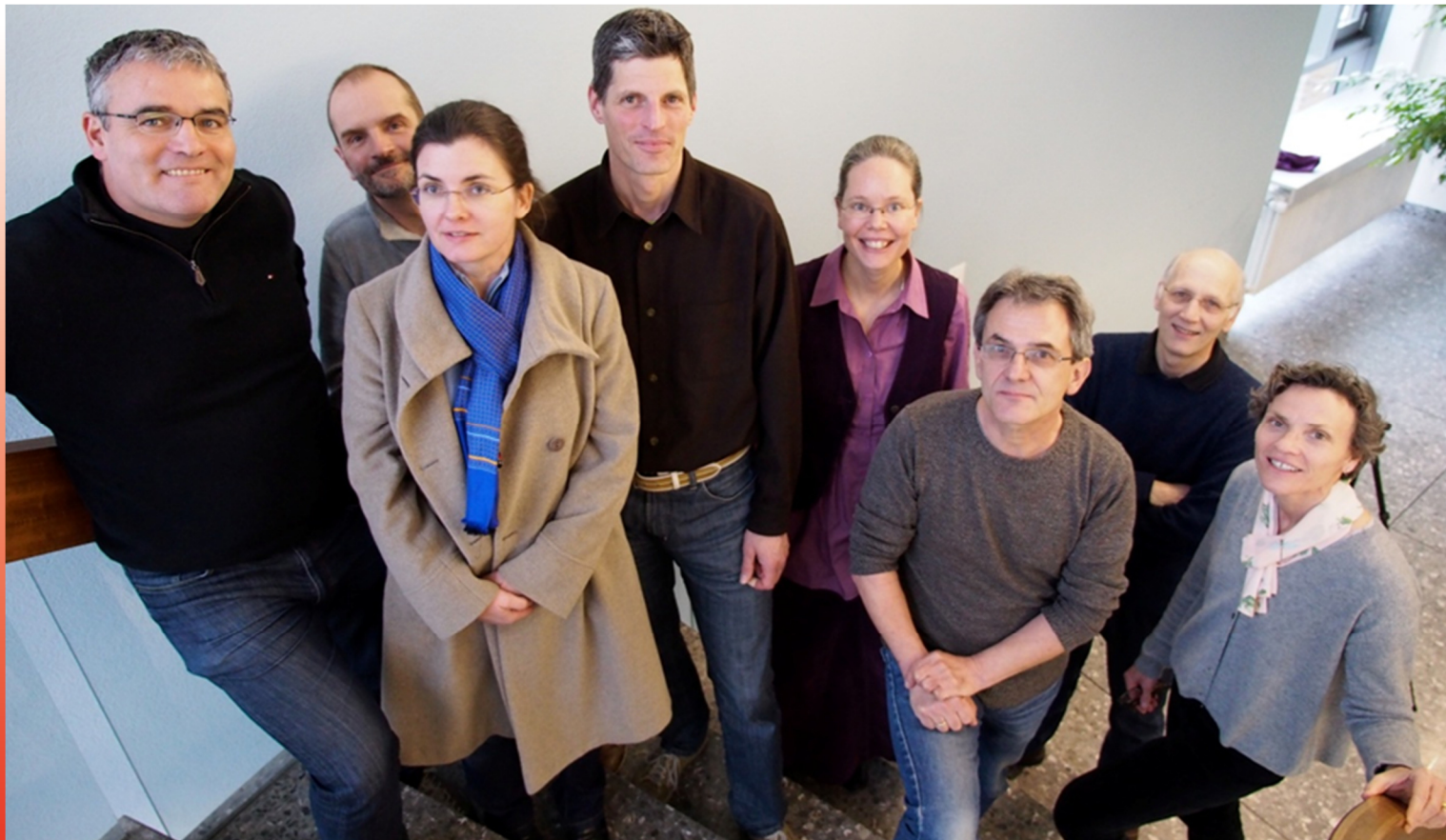


Bericht | 2014 – 2018



Schlussbericht Agroscope Forschungsprogramm **Mikrobielle BioDiversität**

Editoren
AFP MikBioDiv Core Team



Schweizerische Eidgenossenschaft
Confédération suisse
Confederazione Svizzera
Confederaziun svizra

Eidgenössisches Departement für
Wirtschaft, Bildung und Forschung WBF
Agroscope

Impressum

Editor	Jürg E. Frey juerg.frey@agroscope.admin.ch
AFP MicBioDiv Core Team	Christian H. Ahrens, Jürg E. Frey, Stefan Imler, Roland Kölliker, Cosima Pelludat, Laure Weisskopf, Franco Widmer
Information	Jürg E. Frey juerg.frey@agroscope.admin.ch
Cover	Foto: Agroscope
Layout	Agroscope
Copyright	Agroscope

1 Inhaltsverzeichnis

2	Überblick	4
3	Statusbericht Workpackage 1 Mikrobiome des Bodens	10
4	Statusbericht Workpackage 2 Mikrobiome der Pflanzen	12
5	Statusbericht Workpackage 3 Mikrobiome fermentierter Nahrungsmittel.....	13
6	Statusbericht Workpackage 4 Agroscope Netzwerk Genomik und Bioinformatik.....	15
7	Output.....	16
7.1	Publikationen peer-reviewed	16
7.2	Publikationen nicht peer-reviewed	19
7.3	Vorträge	21
7.4	Posterpräsentationen	25
8	Proceedings der Abschlusstagung vom 5.6.2018	30

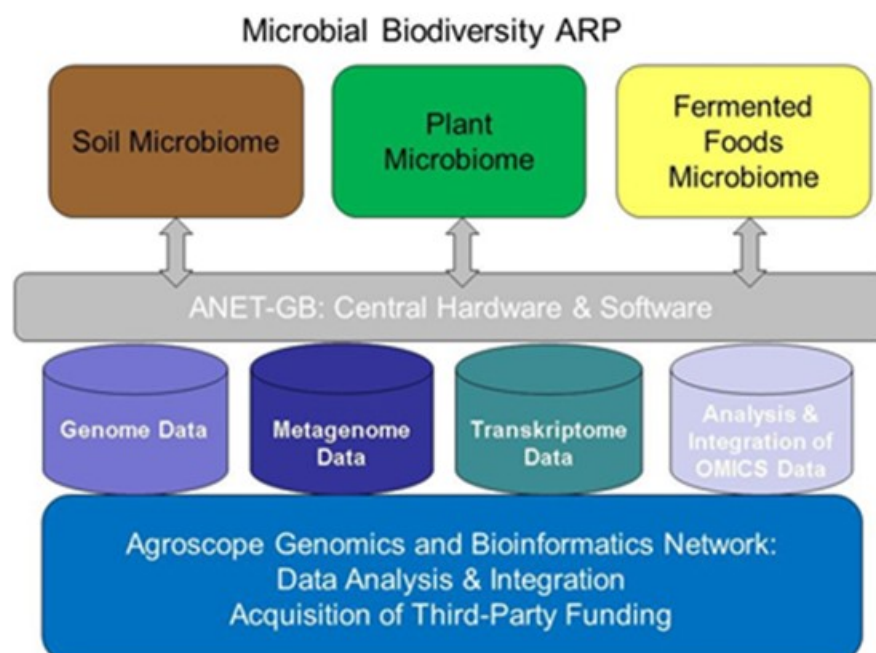
2 Überblick

Im Laufe der letzten zehn Jahre ist die Programmforschung bei Agroscope zu einem wichtigen Eckpfeiler geworden. Forschungsprogramme ermöglichen eine gezielte Förderung von agronomischen Forschungsgebieten, die als hoch relevant, innovativ, interdisziplinär und zukunftsfruchtig identifiziert wurden und die eine Zusammenarbeit zwischen verschiedenen Agroscope Forschungsgruppen wie auch mit externen Partnern fördern. Der Selektionsprozess von Forschungsprogrammen ist hoch kompetitiv und erfordert die Akquisition von Drittmitteln in gleicher Höhe.

Das AFP Mikrobielle Biodiversität wurde von Elisabeth Eugster und Barbara Guggenbühl initiiert, damals von der Forschungsgruppe "Kulturen, Biodiversität und Terroir" an Agroscope Liebefeld-Posieux ALP in Liebefeld. Das Ziel dieses AFP ist es, nützliche Effekte von spezifischen mikrobiellen Gemeinschaften oder einzelnen isolierten Stämmen zu identifizieren, zu fördern und für eine verbesserte und nachhaltige Agrar- und Nahrungsmittelproduktion einzusetzen. Erreicht werden soll dieses Ziel durch das Studium und die Beschreibung von Mikrobiomen, d.h., der Gesamtheit aller Mikroorganismen in einem Ökosystem, sowie durch das Studium der Funktionen der wichtigsten Mitglieder in drei Ökosystemen, die für den Agrar- und Nahrungsmittelsektor hoch relevant sind: Boden, Pflanze und fermentierte Milchprodukte.

Die drei Ökosysteme werden im Rahmen von drei Arbeitspaketen (AP) untersucht. AP 1 untersucht das Bodenmikrobiom mit seinen vielfältigen Funktionen in der Landwirtschaft. AP 2 analysiert das Pflanzenmikrobiom, mit dem Ziel, Mikroorganismen zu identifizieren, die einen positiven Einfluss auf Kulturpflanzen haben. AP 3 analysiert die Mikrobiome von fermentierten Milchprodukten, eines wichtigen Schweizerischen landwirtschaftlichen Produktes. Ein viertes AP beschäftigte sich mit dem Aufbau eines Agroscope-weiten Netzwerks von Experten im Bereich Genomik und Bioinformatik und einer entsprechenden Infrastruktur, da dieser Bereich eine wichtige Bedeutung für zukünftige Forschungsaktivitäten hat. Das Ziel war die Entwicklung und der gezielte Einsatz von state-of-the-art Methoden zur Beschreibung von Mikrobiomen, sowie mittels Verwendung funktioneller genomischer Methoden eine Charakterisierung relevanter Stämme durchzuführen. Diese Kernkompetenzen wurden im Rahmen einer interdisziplinären Zusammenarbeit innerhalb des AFP und mit anderen Projektpartnern eingesetzt.

Figur 1: Struktur des AFP Mikrobielle Biodiversität (MikBioDiv)



Im Laufe der letzten vier Jahre wurden im Rahmen dieses AFPs diverse Technologien und Methoden entwickelt und in Agroscope Projekten implementiert. Somit wurde eine solide wissenschaftliche Basis etabliert, die die Agroscope Forschung fördert und in die Zukunft begleiten wird.

Zusammenarbeit

Agroscope Forschungsgruppen

- Agrarlandschaft und Biodiversität
- Biochemie der Milch und Mikroorganismen
- Gärungsorganismen
- Futterbau und Graslandssysteme
- Molekulare Diagnostik, Genomik und Bioinformatik
- Molekulare Ökologie
- Gewässerschutz und Stoffflüsse
- Ökologischer Pflanzenschutz im Ackerbau
- Nationale Bodenbeobachtung
- Phytopathologie und Zoologie Obst- und Gemüsebau
- Pflanzen-Boden-Interaktionen

Agroscope Mitarbeiter

Christian Ahrens	Cornelia Bär	Tharmatha Bavan
Hélène Berthoud	Martina Birrer	Marc Bourqui
Lauriane Braillard	Andy Bühlmann	Magali Chollet
Guillaume Corsini	Mout De Vrieze	Vera Dreyfuss
Florian Gschwend	Monika Haueter	Lena Hersemann
Stefan Irmeler	Andrea-Braun Kiewnick	Roland Kölliker
Daniel Marzohl	Damianos Melidis	Marco Meola
Aline Moser	Jonathan Muri	Ulrich Omasits
Cosima Pelludat	Adithi Ravikumar Varadarajan	Michael Schmid
Kerstin Schneeberger	Noam Shani	Vincent Somerville
Adithi Varadarajan	Daniel Wechsler	Adrian Wicki
Franco Widmer	Veronika Zengerer	Tina Wunderlin
Thomas Bucheli	Marcel van der Heijden	Janine Moll
Aaron Fox	Johanna Mayerhofer	Florian Freimoser
Jochen Mayer	Giselher Grabenweger	Andreas Lüscher
Jürg Enkerli	Martin Hartmann	Anna Hug
Anja Gramlich	Thomas Walter	

Externe Partner

Prof. Torben Asp, Aarhus, Denmark	Prof Dörte Becher, Uni Greifswald, Deutschland
Prof. Natacha Bodenhausen, FiBL	Prof. Rémy Bruggmann, Uni Bern
Prof. Stephen Byrne, Teagasc, Irland	Prof. Christophe Chassard, INRA, Frankreich
Prof. Beat Christen, ETHZ	Prof. Christoph Dehio, Biozentrum Basel

Prof. Celine Delbes, INRA, Frankreich
 Dr. Erwan Gueguen, Uni Lyon, Frankreich
 Prof. Julian Langer, MPI Biophysik, Deutschland
 Prof. Leo Meile, ETHZ
 Prof. Jakob Pernthaler Uni Zürich
 Prof. Leo Eberl Uni Zürich
 Dr. Thomas Oberhänsli, FiBL
 Dr. Gabriella Pessi, Uni Zürich
 Prof. Mitja Remus-Emsermann, Uni Canterbury, New Zealand
 Prof. Etienne Rifa, INRA, Frankreich
 Dr. Klaus Schläppi, Uni Bern
 Prof. Stefan Schulz, TU Braunschweig, Deutschland
 Dr. Barbara Thürig, FiBL
 Prof. Martin von Bergen, Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung, Leipzig, Deutschland
 Prof. Beat Keller, Uni Zürich

Dr. Beat Frey, WSL
 Prof. Ralf Koebnik, IRD, Montpellier, Frankreich
 Prof. Martin Lössner, ETHZ
 Prof. Rolf Müller, Helmholtz-Zentrum für Infektionsforschung, Braunschweig, Deutschland
 Dr. Paul Mäder, FiBL
 Dr. Qun Ren, Empa
 Prof. Mark Robinson, Uni Zürich
 Dr. Frank Schreiber, BAM, Berlin, Deutschland
 Prof. Bruno Studer, ETHZ
 Prof. Henny van der Mei, Uni Groningen, Holland
 Prof. Frank Jörg Vorhölter, CeBiTec
 Prof. Laure Weisskopf, Uni Fribourg
 Dr. Daniel Wüthrich, Uni Bern
 Prof. Jeremy Webb, Uni Southampton, UK
 Prof. Bernd Wollscheid, ETHZ
 Dr. Nicola Zamboni, ETHZ

Externe Partnerorganisationen

- BDM, Hintermann & Weber AG, Reinach
- SIB Swiss Institute of Bioinformatics
- Functional Genomics Center Zurich
- Génome Québec, Montréal, Kanada
- Forschungsinstitut für Biologischen Landbau, FiBL
- Kantonale Bodenbeobachtungen von Bern, Aargau, St. Gallen und Graubünden

Output

Das AFP MikBioDiv war in Bezug auf den Output in jeder Hinsicht sehr erfolgreich (Tabelle 1), mit einer steigenden Tendenz über die Projektjahre 2014 - 2018. Zu den peer-reviewed Publikationen 2018 werden noch 3 weitere Publikationen hinzukommen (insgesamt für 2018 also 17), die zurzeit noch im Review-Prozess sind. Ausserdem wurden von Agroscope Mitarbeitern, die nicht direkt mit dem AFP MikBioDiv assoziiert sind, im IRAPlus sechs weitere peer-reviewed Publikationen als diesem AFP zugehörig ausgewiesen. Damit beläuft sich das Total der peer-reviewed Publikationen für dieses AFP auf 70 peer-reviewed Publikationen.

Ausserdem wurden drei Medienmitteilungen publiziert, eine weitere ist in Planung:

- Nützliche Bakterien und Pilze für die Land- und Ernährungswirtschaft entdecken (September 2014 via AFP MikBioDiv)
- Agroscope Netzwerk Genomik und Bioinformatik ANET-GB (August 2015 via AFP MikBioDiv)
- Proteogenomikansatz «A toolbox to improve genome annotation» (Dezember 2017, SIB News)

Tabelle 1: Output der Forschungsarbeiten von Mitarbeitern des AFP MikBioDiv.

Jahr	Poster	Vorträge	Publikationen nicht peer-reviewed	Publikationen peer-reviewed
2014	12	16	13	5
2015	13	23	7	8
2016	20	23	6	20
2017	21	28	2	17
2018	25	33	11	14
Total	91	123	39	64

Drittmittel

Der Auftrag des AFP war es, mindestens gleichviele Drittmittel einzuwerben, wie dem AFP von Seiten der Geschäftsleitung Agroscope zugesprochen wurde. Wir haben dieses Ziel um mehr als den Faktor zwei übertroffen.

Ausblick

Die meisten im Rahmen des AFP MikBioDiv bearbeiteten Themen sind nun im Agroscope Arbeitsprogramm 18-21 integriert und somit ein integraler Bestandteil unseres regulären Portfolios geworden.

Im Bereich «Bioinformatik und funktionelle Genomik – von der Beschreibung zur Funktion» konnte eine kontinuierliche bioinformatische Integration und eine Analyse der Datensets aus state-of-the-art –Omics Technologien erreicht werden. Hinzu kamen neue Kollaborationen, z.B. mit dem FIBL und dem BDM.

Im Bereich Boden wurde eine Definition der Bodenqualität basierend auf der Zusammensetzung und den Strukturen der Gemeinschaften der Bodenmikroorganismen etabliert. Nun, da bekannt ist, welche Spezies vorhanden sind, können Fragen nach ihrer Rolle und Funktion in der Bodenfruchtbarkeit und -qualität gestellt werden.

Im Bereich der Fermentation konnte ein Peptidoglycan Hydrolase Gen in *Lactobacillus helveticus* gefunden werden, das mit schneller Autolyse assoziiert ist. Der nächste Schritt ist nun, dessen Einfluss auf die Qualität und Reifung von Käse zu untersuchen.

Im Bereich Pflanze geht es in weiterführenden Projekten im Wesentlichen um die Nutzbarmachung der Konkurrenz zwischen Mikroorganismen zur Förderung der Gesundheit und Produktionsfähigkeit von Kulturpflanzen und der Bekämpfung von Pathogenen ohne den Einsatz von Pflanzenschutzmitteln.

Highlights

- Etablierung einer modularen Pipeline zur *de novo* Assemblierung prokaryotischer Genome
- Proof of principle dass man neue chemische Stoffklassen in den Stämmen, die aus Mikrobiomen isoliert wurden, finden kann
- Identifizierung neuer bakterieller Stämme und Stoffe, die grosses Potenzial für den nachhaltigen Pflanzenschutz darstellen
- Aufbau einer Analysepipeline zur hochauflösenden Bestimmung von Bodenmikrobiomen
- Anwendung der Analyse von Bodenmikrobiomen in der nationalen und kantonalen Bodenbeobachtung (NABO und KABO) sowie im Biodiversitätsmonitoring (BDM)
- Publikation und freie Verfügbarkeit eines neuartigen Genomannotierungsansatzes (Proteogenomik)
- Vernetzung mit internationalen Konsortien im Bereich i) Funktionelle Genomik von Pflanzenpathogenen, ii) Plant Growth Promoting Bacteria (PGrPBs), iii) Biofilmbildung und Antibiotikaresistenz, und iv) Identifizierung kurzer Proteine (DFG Schwerpunktprogramm in Deutschland)
- Weiterführung der initiierten Zusammenarbeit im Projekt Kompostmikrobiom mit dem FiBL sowie im NABO und den KABOs
- Etablierung von spezifischen Methoden, um die Diversität von *Lactobacillus helveticus* und *Streptococcus thermophilus*, zwei für die Käseherstellung wichtige Milchsäurebakterien, zu bestimmen und ihren Einfluss auf die Käsequalität und -lagerbarkeit zu studieren

Schlussfolgerungen

- Das Agroscope Forschungsprogramm „mikrobielle Biodiversität“ (MikBioDiv) förderte insbesondere eine intensive Zusammenarbeit von Agroscope Forschungsgruppen mit unterschiedlichen Forschungsgebieten auf einem sowohl aktuellen wie auch zukunftsorientierten Thema.
- Die zurzeit effizienteste Methode einzelne Mikroorganismen und mikrobielle Gemeinschaften bezüglich ihrer antagonistischen Fähigkeit oder Produktivität zu erfassen und zu nutzen, ist die Kombination klassischer Selektionsmethoden mit neuester Sequenziertechnologien und die Umsetzung der so gewonnenen Information im Labor- und letztlich Freilandversuch.
- Es ist eine der Stärken von Agroscope, alle erforderlichen Schritte durch interne Agroscope Forschungsgruppen abdecken zu können.
- Die im Forschungsprogramm „mikrobielle Biodiversität“ (MikBioDiv) entwickelten Analysepipelines und Resultate erlauben es die angewandte Mikrobiomforschung in verschiedenen Systemen und bei vielfältigen Fragestellungen zu unterstützen
- Der erfolgreiche Einsatz von Mikroorganismen wird durch die notwendige Steigerung von Nahrungsmitteln und einer Landwirtschaft mit reduziertem Pflanzenschutzmitteleinsatz unumgänglich.
- Die notwendigen Erkenntnisse für den effizienten Einsatz von Mikroorganismen in komplexen natürlichen Mikrobiomen bedarf intensivster Forschung. Die im AFP erzielten Forschungsergebnisse geben den beteiligten Gruppen die Möglichkeit Drittmittel zu erwerben, die diese Forschung unterstützen.

Verdankung

Wir möchten den folgenden Personen und Institutionen für Ihre Unterstützung und Zusammenarbeit herzlich danken:

- **Initiatoren:** Eugster-Meier Elisabeth, Guggenbühl Barbara
- **AFP Core Team:** Ahrens Christian, Eugster-Meier Elisabeth, Guggenbühl Barbara, Frey Jürg, Irmeler Stefan, Kölliker Roland, Pelludat Cosima, Weisskopf Laure, Widmer Franco
- **AFP Mitglieder:** Berthoud Hélène, Bieri Marco, Birrer Martina, Bourqui Marc, Braun-Kiewnick Andrea, Chollet Magali, De Vrieze Mout, Dreyfuss Vera, Gschwend Florian, Hartmann Martin, Mayerhofer Johanna, Melidis Damianos, Meola Marco, Moll Janine, Moser Aline, Muri Jonathan, Schmid Michael, Schneeberger Kerstin, Silacci Paolo, Somerville Vincent, Wicki Adrian, Wunderlin Tina, Zengerer Veronika
- **Kollaboratoren:**
 - Universitäten/ETH PhD Supervisors und PhD Experten
 - Aregger Kilian, Bailly Aurélien, Fox Aaron, Freimoser Florian, Frey Beat, Gramlich Anja, Gubler Andreas, Hartmann Martin, Hug Anna, Kohli Lukas, Lüscher Andreas, Lutz Stefanie, Meuli Reto Giulio, Omasits Ulrich, Schläppi Klaus, Schneeberger Kerstin, Shani Noam, van der Heijden Marcel, Varadarajan Adithi, Walter Thomas
- **Supporter:**
 - Agroscope Geschäftsleitung
 - Administration: Britschgi Anneliese und Kollegen, Flury Christian, Frey Beatrice, Valentini Judit, von Arx Annette
 - Finanzen: Ritter Brigitte und Kollegen, Vuillet Suzanne
 - Technik: Frei Daniel, Oggenfuss Markus, und Kollegen
 - *Weitere >70 Kollaborationspartner*

3 Statusbericht Workpackage 1

Mikrobiome des Bodens

Das Ziel dieses Arbeitspaketes war es, die hochauflösende Bodenmikrobiom-Analytik für die Agroscope-Forschung aufzubauen und für die angewandte Forschung sowie die Routine bereitzustellen. Zu diesem Zweck wurde mit verschiedenen Partnern innerhalb und ausserhalb von Agroscope in verschiedenen Systemen und an unterschiedlichen Fragestellungen gearbeitet. Im Folgenden soll das exemplarisch an einigen prominenten Beispielen aufgezeigt werden.

Methodik

Die zuverlässige und hochauflösende Erfassung des Bodenmikrobioms mittels Metabarcoding von phylogenetischen Markern verlangt von der Probenahme über die Laborarbeiten hin zur bioinformatischen und statistischen Auswertung der Resultate ein definiertes Vorgehen. Man muss darauf vorbereitet sein, dass sich einzelne Schritte der Arbeitspipeline ändern können (z.B. verwendete Reagenzien, Kits, Enzyme, PCR-Nachweise und Sequenziertechnologien) und dass sich deshalb Daten aus Zeitreihen nicht einfach vergleichen lassen. Dem wurde Rechnung getragen, indem Bodenaufarbeitung und DNS Extraktion in der Arbeitspipeline möglichst keinen Änderungen unterworfen sind. Änderungen in Folgeanalysen können somit immer mit archivierten DNS-Proben validiert werden. Die verwendete Bioinformatik und Statistik ist ebenfalls kontinuierlicher Weiterentwicklung unterworfen, was aber an den bestehenden Datensätzen einfacher validiert werden kann. Das Erarbeiten einer robusten Arbeitspipeline war vor allem im Hinblick auf die Anwendung in der Langzeitbeobachtung von Böden wichtig.

Landwirtschaftliches Management

Die Aussagekraft der hochauflösenden Bodenmikrobiom-Analytik wurde in Zusammenarbeit mit der Forschungsgruppe 'Gewässerschutz und Stoffflüsse' und dem FiBL in eindrücklicher Weise am DOK-Versuch demonstriert. Insgesamt wurden etwas mehr 3800 bakterielle und 2500 pilzliche Taxa gefunden. Ihre Gemeinschaften im Boden widerspiegeln sehr deutlich die fünf unterschiedlichen landwirtschaftlichen Verfahren, wobei der Dünger und dessen Qualität eine prominente Rolle spielte. In Zusammenarbeiten mit den Forschungsgruppen 'Agrarlandschaft und Biodiversität' und 'Ökologischer Pflanzenschutz im Ackerbau' sowie der WSL konnte gezeigt werden, dass das Bodenmikrobiom empfindlich auf Bodenverdichtung und Staunässe reagiert, indem sich bestimmte Komponenten verändern, aber dass es z.B. robust sein kann gegenüber dem Einbringen von Pilzstämmen, welche der biologischen Schädlingsbekämpfung dienen.

Bodenbeobachtung

In Zusammenarbeit mit der 'Nationalen Bodenbeobachtung' (NABO) wurden 30 Standorte des Beobachtungsnetzwerkes über 5 Jahre untersucht und es konnte gezeigt werden, dass jeder Standort eine typische und stabile Gemeinschaft aufweist, sich aber Landnutzungstypen wie Acker, Grasland, und Wald deutlich unterscheiden. Zusammen mit den obigen Resultaten zeigte sich, dass das Bodenmikrobiom lokal eine robuste Struktur aufweist, sich diese aber basierend auf Einflussfaktoren definiert verändern kann. Dies bildet die Grundlage dafür, die Struktur des Bodenmikrobioms als ein Mass für die biologische Bodenqualität zu etablieren und in der Bodenbeobachtung zu nutzen.

Mikrobielle Diversität in unterschiedlichen Systemen

In einer weiteren Zusammenarbeit mit der NABO und dem Biodiversitätsmonitoring (BDM) wurden 255 Standorte in der gesamten Schweiz einmal beprobt was mehr als 1000 Bodenproben lieferte. Dies ergab einen Datensatz von mehreren zehntausend mikrobiellen Taxa. Auch in diesem System lassen sich die Bodenmikrobiome der verschiedenen Landnutzungstypen unterscheiden aber zusätzlich auch der

verschiedenen geografischen Regionen. Das Ziel dieser noch laufenden Studie ist es, die Umweltfaktoren, welche auf das Bodenmikrobiom wirken und deren Einflusscharakter zu bestimmen. Dies soll es in der Zukunft ermöglichen, die Struktur des Bodenmikrobioms besser vorhersagen zu können. Ein ähnliches Ziel verfolgt auch eine Europäische Studie in Zusammenarbeit mit der Forschungsgruppe 'Futterbau und Graslandssysteme', in welcher die Bodenmikrobiome vom Grasland mit unterschiedlich intensiver Nutzung untersucht werden. Die Frage ist, ob sich Mikrobiome in extensiven Systemen anpassen können und die Nährstofflimitierung mindestens partiell kompensieren können. Auch dies ist ein noch laufendes Projekt, welches im AFP initiiert wurde aber darüber hinaus bearbeitet wird.

Ausblick

Das AFP MicBioDiv hat eine solide Basis für die Analyse des Bodenmikrobioms geliefert. Es wurde in verschiedenen Systemen und Zusammenarbeiten eine Vielzahl von Datensätzen erarbeitet, welche die mikrobielle Biodiversität eindrücklich darlegen und zeigen, dass diese eine Struktur hat, welche für die Qualität und die Funktion des Bodens indikativ sein kann. Diese Anstrengungen sollen weitergeführt werden.

Die bereits vorhandenen Datensätze werden noch weiter ausgewertet und die weiteren Erkenntnisse wissenschaftlich publiziert. Insbesondere die systemübergreifenden Auswertungen werden noch zusätzliche Erkenntnisse liefern.

Die Aufnahme des Metabarcoding-Ansatzes in die Bodenbeobachtung wird zum einen zusätzliche Information zur Bodenqualität in Beobachtungssystemen und zum anderen zusätzliche geografische Auflösung liefern. Dies ist für das vertiefte Verständnis und die zukünftige Modellierung von Boden-Mikrobiomen wichtig.

Experimentelle Systeme werden nützlich sein, um die Effekte von definierten Einflussfaktoren zu bestimmen. Dies wird sowohl für die Interpretation von Bodenbeobachtungsdaten also auch für die Definition von Effektschwellen wichtig sein.

Der Ansatz des Metabarcodings wird bereits erfolgreich auf funktionelle Gene angewendet. Dies wird es erlauben, das funktionelle Potential von Boden-Mikrobiomen direkt abzuschätzen.

4 Statusbericht Workpackage 2

Mikrobiome der Pflanzen

Im Arbeitspaket „Mikrobiom der Pflanze“ (AP2) wurde die auf der Pflanzenoberfläche vorkommende mikrobielle Biodiversität von Raigras, Kartoffel und Apfel untersucht.

Der Einfluss des natürlichen Mikrobioms auf den Schutz der Pflanze vor Pathogenen wurde ebenso analysiert, wie das Potential einzelner Isolate als Antagonisten.

Teilprojekt Raigras-Mikrobiom

Es wurde eine Methode zur Charakterisierung von Epi- und Endophyten in Italienischem Raigras (*Lolium multiflorum*) entwickelt. Eine Publikation ist in Vorbereitung. Es wurde ein Experiment zum Vergleich der Mikrobiome verschiedener Raigras Genotypen durchgeführt. Proben wurden gesammelt und zur Sequenzierung vorbereitet. Ausserdem wurde ein Experiment zum Vergleich verschiedener Habitats durchgeführt. Die entwickelte Methode kann nun auf diese Proben angewendet werden. Ausserdem wurden die Arbeiten zur Charakterisierung der Interaktion zwischen Italienisch Raigras und Bakterienwelke weitergeführt. Die resultierenden Publikationen sind unten aufgeführt.

Teilprojekt Kartoffel-Mikrobiom

Alle Experimente sind abgeschlossen. Die noch ausstehende Auswertung verschiedener Daten, insbesondere im Bereich «comparative genomics of potato-associated *Pseudomonas*» und im Bereich «shifts in the potato leaf microbiota upon infection with *P. infestans*» sollten zu zwei Publikationen führen, die für Ende Jahr/Anfang 2019 geplant sind.

Insgesamt konnten dank dem AFP folgende wissenschaftliche Erkenntnisse gewonnen werden: i) Kartoffel-isolierte Bakterien stellen eine interessante Alternative zu synthetischen Fungiziden dar. Durch gezielte Mischungen von Stämmen können besserer Schutzwirkungen erzielt werden; ii) die Metaboliten (insb. flüchtige Metaboliten) sind auch als Reinsubstanzen effizient in ihrer Schutzwirkung gegen die Kraut- und Knollenfäule, dies nicht nur in vitro sondern sogar in planta; iii) Genomanalysen von *Pseudomonas* Stämmen weisen darauf hin, dass neue, noch nicht identifizierte Stoffe, für die Hemmung der Kraut- und Knollenfäule zuständig sind. Diese werden in Folgeprojekten charakterisiert (siehe unten); iv) erste Ergebnisse zeigen, dass die Blattinfektion mit der Kraut- und Knollenfäule zu grossen Verschiebungen im Phyllosphärenmikrobiom führt.

Teilprojekt Apfel-Mikrobiom (03/2017 bis 09/18)

Durch das AFP konnte ein Bakterium, das als Antagonist gegen den Feuerbranderreger getestet wurde, auf chromosomaler Ebene untersucht werden. Die Genomanalyse führte zu dem Hinweis, dass der Stamm Eigenschaften eines bodenbürtigen Antagonisten besitzt. Untersuchungen, deren Ergebnisse publiziert wurden, belegten diese Hypothese. Der Einfluss einzelner Metaboliten des Stammes auf seine antagonistische Wirkung gegen den Feuerbranderreger wird in einer weiteren Publikation zusammengefasst, die Ende 2018/Anfang 2019 eingereicht wird. Moderne Sequenzierungstechnologie ermöglichte eine von der Kultivierung im Labor unabhängigen Analyse der Blüten-Mikrobiome fünf verschiedener Apfelsorten und belegte das dominante Vorhandensein einiger weniger Spezies. Eine Publikation der Daten ist in Vorbereitung und für Ende des Jahres eingeplant. Die durch das AFP gewonnenen Erkenntnisse im Bereich Apfel-Mikrobiom dienen der optimierten Selektion von Umweltisolaten als Feuerbrand-Antagonisten.

5 Statusbericht Workpackage 3

Mikrobiome fermentierter Nahrungsmittel

Teilprojekt Biodiversität von Milchsäurebakterien

Eines der wissenschaftlichen Hauptziele des WP 3a war es, die Biodiversität von ausgewählten Milchsäurebakterien mit 'next-generation sequencing (NGS)'-basierten Methoden zu evaluieren. Es wurde der Fokus auf *Lactobacillus paracasei*, *Lactobacillus parabuchneri* und *Lactobacillus helveticus* gelegt. *L. paracasei* ist ein wichtiges Bakterium aus dem Nicht-Starter Mikrobiom von Rohmilchkäsen. *L. parabuchneri* ist ein Schadkeim in Käse, da er Histamin bildet. *L. helveticus* ist ein für die Käseherstellung und -reifung wichtiges Bakterium. Arbeiten mit *L. paracasei* und *L. parabuchneri* starteten bereits vor dem Start des AFP MikBioDiv und flossen zeitlich als auch inhaltlich in das AFP ein. Diese Arbeiten bildeten methodische Grundlagen, die wichtig für die Arbeiten mit *L. helveticus* waren, welche mit Beginn des AFPs starteten. Im Weiteren wird eine Übersicht von den Arbeiten mit *L. helveticus* aufgeführt.

Es wurden 67 Genome von *L. helveticus*-Stämmen aus der Agroscope Stammsammlung sequenziert. Die Genomdaten der Bakterienspezies wurden zusammen mit Genomen von phylogenetisch verwandten Bakterienspezies ausgewertet, um für *L. helveticus* spezifische Nukleinsäuresequenzen zu identifizieren. Es stellte sich heraus, dass die Sequenz des *pheS* Gens von *L. helveticus*, geeignet war, um eine quantitative und selektive PCR-Methode zu etablieren. Im nächsten Schritt wurden die Genomdaten von *L. helveticus* hinsichtlich Polymorphismen untersucht. Dabei zeigte sich, dass ein Gen, welches ein Oberflächenprotein codiert, genügend Variabilität besass, um *L. helveticus*-Stämme zu unterscheiden. Basierend auf dieser Gensequenz wurde eine amplikon-basierte NGS-Methode etabliert, die es erlaubte die Diversität von *L. helveticus* in Milchprodukten zu bestimmen, ohne Bakterien zu isolieren.

L. helveticus ist ein zentraler Bestandteil von Fettsirtekulturen (FSK), welche für die Herstellung von Schweizer Gruyère-Käsen eingesetzt werden. Diese Fettsirtekulturen wurden als Modell gewählt, um die oben erwähnten Methoden anzuwenden. Es wurde bestätigt, dass *L. helveticus* ein zentraler Bestandteil des Mikrobioms von FSKs ist. Weiterhin zeigte sich, dass mehrere Stämme in FSKs co-existieren. Die Diversität war auch in Käsen wieder aufzufinden, welche mit FSKs hergestellt wurden.

Die Auswertung der Genom-Sequenzdaten von *L. helveticus* zeigte, dass sich die Genome dieser Spezies schwer assemblieren lassen. Dies ist u.a. auf die Anwesenheit von vielen Insertionssequenzen und repetitiven Sequenzen zurückzuführen. Das kann dazu führen, dass je nach eingesetzter Sequenzierungstechnologie, ein erheblicher Teil des Erbgutes dieser Spezies nicht verfügbar ist. Dieses Erkenntnis wurde in einer Zusammenarbeit unter der Leitung von WP4 erarbeitet und publiziert.

Weiterhin wurde mit "Gene-Trait-Matching"-Analysen ein stamm-spezifisches Endolysin-Gen in *L. helveticus* identifiziert. Das Vorhandensein des Gens korrelierte signifikant mit verstärkter Autolyse. Letzteres ist ein wichtiges Merkmal, um die Proteolyse in Käse zu verstärken. Käseversuche mit 'autolytischen' *L. helveticus*-Stämmen wurden durchgeführt. Allerdings waren auf Grund der langen Reifungszeit, die Versuche mit Abschluss des AFPs noch am Laufen.

Zum Schluss sei noch erwähnt, dass es erfreulich war, dass die Sortenorganisation Gruyère (Interprofession Gruyère, IPG) an diesen Ergebnissen sehr interessiert war. Sie finanzierte ein Folgeprojekt, um die *L. helveticus* Diversität in 40 Käserei-Betrieben zu bestimmen.

Teilprojekt Metabarcoding-basierte Diagnostik

Le but du WP3b était d'implémenter et d'évaluer la méthode Metabarcoding comme outil d'étude et de diagnostic pour la qualité du fromage avec la technologie Ion Torrent. La particularité du fromage est que la communauté bactérienne est composée essentiellement des cultures starters en début de fabrication puis évolue au cours de l'affinage. L'ADN des bactéries qui ne sont plus actives reste détectable longtemps et l'image de la communauté bactérienne obtenue représente d'une certaine manière l'historique de la communauté. La deuxième particularité du fromage est que les espèces présentes sont phylogénétiquement très proches. La première étape était donc de créer une banque de donnée, DAIRYdb, curée manuellement contenant les séquences de l'ADN ribosomique 16S des espèces en relation avec le lait, le petit-lait, les ferments, le fromage, les produits laitiers et les trayons. Différentes régions variables et couples d'amorces ont été évaluées. Le processus de traitement de données a été adapté à la technologie Ion Torrent et optimisé pour permettre une affiliation taxonomique au niveau de l'espèce de manière rapide et automatisée.

Les communautés bactériennes de différents types de fromages ont été investiguées au niveau de l'ADN mais également au niveau de l'ARN et à différents degrés de maturation. Une comparaison entre les résultats obtenus par séquençage et par PCR quantitatives spécifiques pour différentes espèces valide les travaux d'optimisation de la méthode Metabarcoding appliquée au fromage. Cette méthode ainsi que les résultats obtenus seront présentés à différentes interprofessions fromagères.

Pour encore gagner en précision, une méthode basée sur la nouvelle technologie de séquençage Minlon d'Oxford Nanopore a été développée. Elle permet de séquencer de longs fragments d'ADN, comme ici les 5000 paires de bases de l'opéron ribosomique (rrn). Cette approche permet non seulement une meilleure assignation à l'espèce, mais également une discrimination intraspécifique

L'approche métagénomique basée sur l'ADN et l'ARN ribosomique 16S a montré l'importance de l'espèce *Streptococcus thermophilus* pour le Gruyère. Pour compléter les travaux réalisés dans le WP3a avec *L. helveticus*, une étude sur la diversité des *S. thermophilus* dans les cultures sur petit lait et le fromage à différents degrés d'affinage a été réalisée. Les approches culture-dépendante et culture-indépendante ont été combinées.

Les résultats ont montré que la cultivabilité sur milieu sélectif diminue drastiquement les 3 premiers mois alors que les quantités d'ADN et même d'ARN de *S. thermophilus* restent stables pendant les 6 mois de l'étude. Le génotypage par minisatellites des isolats obtenus a montré que la diversité des populations de *S. thermophilus* reflète la diversité des cultures sur petit-lait. Une méthode de typage culture-indépendante basée sur le polymorphisme d'une partie du gène *epsC* a été développée et a montré des populations de *S. thermophilus* variables de fromage à fromage, mais similaires au cours des 6 mois d'affinage. Les deux approches apportent des éclairages différents et complémentaires. Des essais en fromagerie-pilote seront réalisés pour confirmer et évaluer l'influence de certains isolats sur les paramètres biochimiques du fromage.

En parallèle de l'étude des communautés microbiennes par metabarcoding, l'ADN total d'un fromage Raclette datant de 1875 a été séquencé et des analyses préliminaires de son métagénome effectuées. Les premières analyses ont permis d'évaluer la qualité de l'ADN extrait, de mettre en place les méthodes bioinformatiques pour l'analyse d'ADN ancien, et d'obtenir un premier aperçu de la communauté microbienne d'alors et de ses caractéristiques fonctionnelles. Les analyses à venir devraient permettre de décrire avec plus de détail la communauté microbienne de ce vieux fromage et de la comparer avec celle qui est présente aujourd'hui dans les fromages Raclette du Valais dans la même vallée. De même, des questions relatives à l'évolution des espèces, comme l'apparition de gènes spécifiques, ou des questions relatives aux résistances aux antibiotiques, seront abordées.

6 Statusbericht Workpackage 4

Aufbau Kernkompetenzen im Bereich Genomik und Bioinformatik

Im Verlauf des AFP Mikrobielle Biodiversität konnten für Agroscope langfristig wichtige Kernkompetenzen in den Bereichen Genomik und Transkriptomik etabliert werden. Durch zusätzliche Drittmittel (SNF, Agroscope Aufbaureserve, BLW) wurden zudem Synergien mit Drittmittel-angestellten Mitarbeitern optimal genutzt. Diese Mitarbeiter trugen essentielle Beiträge zu mehreren Kollaborationsprojekten des Teams Genomik und Bioinformatik mit Forschungspartnern des AFP MikBioDiv, des AFP Redymo sowie mit weiteren Forschungsgruppen innerhalb und ausserhalb von Agroscope bei.

In einer ersten Aufbauphase wurde eine modulare Pipeline zur *de novo* Assemblierung prokaryotischer Genome basierend auf öffentlichen, state-of-the-art Softwarelösungen etabliert; dies erlaubte es, uns unabhängig von teuren kommerziellen Softwarelösungen (wie z.B. CLCBio) zu positionieren. In einer proof of principle Studie mit Laure Weisskopf (WP2 Pflanzenmikrobiom) konnte gezeigt werden, dass die aus den komplexen Mikrobiomen isolierten Bakterienstämme grosses Potential besitzen wichtige Pflanzenschädlinge wie die Kartoffelkrautfäule (*Phytophthora infestans*) zu bekämpfen, und dass ausgewählte Stämme sogar neuartige chemische Stoffklassen synthetisieren können. Weitere komplette Genomassemblierungen waren Grundlage für eine Vielzahl von Kollaborationen im Bereich der Biofilmbildung, antibiotika-resistenter Stämme sowie von Hefestämmen mit antagonistischer Wirkung gegen sehr schwer bekämpfbare, bodenbürtige Pflanzenpathogene wie z.B. Fusarien. Zwei weitere Highlights waren die Entwicklung einer frei verfügbaren Lösung zur verbesserten Annotierung prokaryotischer Genome, sowie die Assemblierung eines extrem komplexen Bakteriengenoms und die Veröffentlichung der Information für ca. 10'000 komplette Prokaryotengenome welche Schwierigkeiten sich bei der Assemblierung von Stämmen bestimmter taxonomischer Gruppen ergeben. Gegen Ende des AFPs gelang es uns zudem aus moderat komplexen Metagenomen wie z.B. Fettsirten (undefinierte Käsestarterkulturen wie sie bei der Herstellung von Gruyère verwendet werden) alle dominanten Bakterienstämme und Bakteriophagen zu assemblieren, und somit wesentlich bessere Einblicke in die Funktionen der einzelnen Stämme zu bekommen. Die vielfältigen Ergebnisse ermöglichten eine Vernetzung mit internationalen Konsortien im Bereich i) Funktionelle Genomik von Pflanzenpathogenen, ii) Plant Growth Promoting Bacteria (PGrPBs), iii) Biofilmbildung und Antibiotikaresistenz, und iv) Identifizierung kurzer Proteine (Schwerpunktprogramm D).

Die nächsten Schritte sehen eine Konsolidierung der Aufbauarbeiten anhand von OB Stellen vor, sowie der weitere Aufbau und die zunehmende Fokussierung auf zusätzliche, zukunftsorientierte Kernkompetenzen in der Funktionellen Genomik, die es erlaubt die gewonnenen Genominformationen optimal auszunützen und auch für die Praxis nutzbar zu machen.

7 Output

7.1 Publikationen peer-reviewed

- 1 Zengerer, V. *et al.* *Pseudomonas orientalis* F9: A Potent Antagonist against Phytopathogens with Phytotoxic Effect in the Apple Flower. *Frontiers in Microbiology* **9**, 145, doi:10.3389/fmicb.2018.00145 (2018).
 - 2 Wüthrich, D. *et al.* Conversion of Methionine to Cysteine in *Lactobacillus paracasei* Depends on the Highly Mobile *cysK-ctl-cysE* Gene Cluster. *Frontiers in Microbiology* **9**, 2415, doi:10.3389/fmicb.2018.02415 (2018).
 - 3 Weisskopf, L. *et al.* Microbial life in the grapevine: what can we expect from the leaf microbiome? *OENO One* **52**, 219-224, doi:10.20870/oeno-one.2018.52.3.2120 (2018).
 - 4 von Ah, U., Shani, N., Chollet, M., Solokhina, A. & Braissant, O. Measuring antibiotic resistance in mixed cultures: Isothermal microcalorimetry as a novel analytical tool. *International Dairy Journal* **77**, 73-79, doi:10.1016/J.IDAIRYJ.2017.09.007 (2018).
 - 5 Schneeberger, P. H. H. *et al.* Investigations on the interplays between *Schistosoma mansoni*, praziquantel and the gut microbiome. *Parasites & Vectors* **11**, 168, doi:10.1186/s13071-018-2739-2 (2018).
 - 6 Schneeberger, P. H. H. *et al.* Off-target effects of tribendimidine, tribendimidine plus ivermectin, tribendimidine plus oxantel-pamoate, and albendazole plus oxantel-pamoate on the human gut microbiota. *International Journal for Parasitology: Drugs and Drug Resistance* **8**, 372-378, doi:10.1016/j.ijpddr.2018.07.001 (2018).
 - 7 Schmid, M. *et al.* Comparative Genomics of Completely Sequenced *Lactobacillus helveticus* Genomes Provides Insights into Strain-Specific Genes and Resolves Metagenomics Data Down to the Strain Level. *Frontiers in Microbiology* **9**, 63, doi:10.3389/fmicb.2018.00063 (2018).
 - 8 Schmid, M. *et al.* Pushing the limits of de novo genome assembly for complex prokaryotic genomes harboring very long, near identical repeats. *Nucleic Acids Research* **46**, 8953-8965, doi:10.1093/nar/gky726 (2018).
 - 9 Moser, A. *et al.* Population Dynamics of *Lactobacillus helveticus* in Swiss Gruyère-Type Cheese Manufactured With Natural Whey Cultures. *Frontiers in microbiology* **9**, 637, doi:10.3389/fmicb.2018.00637 (2018).
 - 10 Lardi, M. *et al.* Metabolomics and Transcriptomics Identify Multiple Downstream Targets of *Paraburkholderia phymatum* σ 54 During Symbiosis with *Phaseolus vulgaris*. *International Journal of Molecular Sciences* **19**, 1049, doi:10.3390/ijms19041049 (2018).
 - 11 Huntscha, S. *et al.* Seasonal Dynamics of Glyphosate and AMPA in Lake Greifensee: Rapid Microbial Degradation in the Epilimnion During Summer. *Environmental Science & Technology* **52**, 4641-4649, doi:10.1021/acs.est.8b00314 (2018).
 - 12 Gekenidis, M.-T. *et al.* Tracing back multidrug-resistant bacteria in fresh herb production: from hive to source through the irrigation water chain. *FEMS Microbiology Ecology* **94**, doi:10.1093/femsec/fiy149 (2018).
 - 13 De Vrieze, M., Germanier, F., Vuille, N. & Weisskopf, L. Combining Different Potato-Associated *Pseudomonas* Strains for Improved Biocontrol of *Phytophthora infestans*. *Frontiers in Microbiology* **9**, 2573, doi:10.3389/fmicb.2018.02573 (2018).
 - 14 Bengtsson-Palme, J. *et al.* MetaX2 Database Builder: enabling taxonomic identification from metagenomic or metabarcoding data using any genetic marker. *Bioinformatics* **34**, 4027-4033, doi:10.1093/bioinformatics/bty482 (2018).
-
- 15 Wüthrich, D. *et al.* The Histidine Decarboxylase Gene Cluster of *Lactobacillus parabuchneri* Was Gained by Horizontal Gene Transfer and Is Mobile within the Species. *Frontiers in Microbiology* **8**, 218, doi:10.3389/fmicb.2017.00218 (2017).
 - 16 Schneeberger, P. H. H. *et al.* Development and evaluation of a bioinformatics approach for designing molecular assays for viral detection. *PLOS ONE* **12**, e0178195, doi:10.1371/journal.pone.0178195 (2017).
 - 17 Pimentel, G. *et al.* Blood lactose after dairy product intake in healthy men. *British Journal of Nutrition* **118**, 1070-1077, doi:10.1017/S0007114517003245 (2017).
 - 18 Omasits, U. *et al.* An integrative strategy to identify the entire protein coding potential of prokaryotic genomes by proteogenomics. *Genome Research* **27**, 2083-2095, doi:10.1101/gr.218255.116 (2017).
 - 19 Moser, A. *et al.* Amplicon Sequencing of the *slpH* Locus Permits Culture-Independent Strain Typing of *Lactobacillus helveticus* in Dairy Products. *Frontiers in Microbiology* **8**, 1380, doi:10.3389/fmicb.2017.01380 (2017).
 - 20 Moser, A., Berthoud, H., Eugster, E., Meile, L. & Irmeler, S. Detection and enumeration of *Lactobacillus helveticus* in dairy products. *International Dairy Journal* **68**, 52-59, doi:10.1016/J.IDAIRYJ.2016.12.007 (2017).
 - 21 Montes Vidal, D. *et al.* Long-Chain Alkyl Cyanides: Unprecedented Volatile Compounds Released by *Pseudomonas* and *Micromonospora* Bacteria. *Angewandte Chemie International Edition* **56**, 4342-4346, doi:10.1002/anie.201611940 (2017).

- 22 Moll, J. *et al.* Effects of titanium dioxide nanoparticles on soil microbial communities and wheat biomass. *Soil Biology and Biochemistry* **111**, 85-93, doi:10.1016/J.SOILBIO.2017.03.019 (2017).
- 23 Mayerhofer, J. *et al.* Assessing effects of the entomopathogenic fungus *Metarhizium brunneum* on soil microbial communities in *Agriotes* spp. biological pest control. *FEMS Microbiology Ecology* **93**, doi:10.1093/femsec/fix117 (2017).
- 24 Marti, R. *et al.* Biofilm Formation Potential of Heat-Resistant *Escherichia coli* Dairy Isolates and the Complete Genome of Multidrug-Resistant, Heat-Resistant Strain FAM21845. *Applied and Environmental Microbiology* **83**, doi:10.1128/aem.00628-17 (2017).
- 25 Jaber, L. R. & Enkerli, J. Fungal entomopathogens as endophytes: can they promote plant growth? *Biocontrol Science and Technology* **27**, 28-41, doi:10.1080/09583157.2016.1243227 (2017).
- 26 Hilber-Bodmer, M., Schmid, M., Ahrens, C. H. & Freimoser, F. M. Competition assays and physiological experiments of soil and phyllosphere yeasts identify *Candida subhashii* as a novel antagonist of filamentous fungi. *BMC Microbiology* **17**, doi:10.1186/s12866-016-0908-z (2017).
- 27 Hersemann, L. *et al.* Comparative genomics of host adaptive traits in *Xanthomonas translucens* pv. *graminis*. *BMC Genomics* **18**, 35, doi:10.1186/s12864-016-3422-7 (2017).
- 28 da Silva, I. R., da Silva, D. K. A., de Souza, F. A., Oehl, F. & Maia, L. C. Changes in arbuscular mycorrhizal fungal communities along a river delta island in northeastern Brazil. *Acta Oecologica* **79**, 8-17, doi:10.1016/J.ACTAO.2016.12.011 (2017).
- 29 Burton, K. J. *et al.* Probiotic yogurt and acidified milk similarly reduce postprandial inflammation and both alter the gut microbiota of healthy, young men. *British Journal of Nutrition* **117**, 1312-1322, doi:10.1017/S0007114517000885 (2017).
- 30 Berthoud, H. *et al.* Development of new methods for the quantitative detection and typing of *Lactobacillus parabuchneri* in dairy products. *International Dairy Journal* **70**, 65-71, doi:10.1016/j.idairyj.2016.10.005 (2017).
- 31 Ascone, P. *et al.* Prevalence and diversity of histamine-forming *Lactobacillus parabuchneri* strains in raw milk and cheese – A case study. *International Dairy Journal* **70**, 26-33, doi:10.1016/j.idairyj.2016.11.012 (2017).
-
- 32 Turnbull, L. *et al.* Explosive cell lysis as a mechanism for the biogenesis of bacterial membrane vesicles and biofilms. *Nature Communications* **7**, 11220, doi:10.1038/ncomms11220 (2016).
- 33 Storari, M. *et al.* Genomic approach to studying nutritional requirements of *Clostridium tyrobutyricum* and other Clostridia causing late blowing defects. *Food Microbiology* **59**, 213-223, doi:10.1016/j.fm.2016.05.013 (2016).
- 34 Stopnisek, N. *et al.* Molecular mechanisms underlying the close association between soil *Burkholderia* and fungi. *The ISME Journal* **10**, 253-264, doi:10.1038/ismej.2015.73 (2016).
- 35 Schneeberger, P. H. H. *et al.* Metagenomic diagnostics for the simultaneous detection of multiple pathogens in human stool specimens from Côte d'Ivoire: a proof-of-concept study. *Infection, Genetics and Evolution* **40**, 389-397, doi:10.1016/j.meegid.2015.08.044 (2016).
- 36 Remus-Emsermann, M. N. P. *et al.* Complete genome sequence of *Pseudomonas citronellolis* P3B5, a candidate for microbial phyllo-remediation of hydrocarbon-contaminated sites. *Standards in Genomic Sciences* **11**, doi:10.1186/s40793-016-0190-6 (2016).
- 37 Nesme, J. *et al.* Back to the Future of Soil Metagenomics. *Frontiers in Microbiology* **7**, 73, doi:10.3389/fmicb.2016.00073 (2016).
- 38 Moll, J. *et al.* Effects of Titanium Dioxide Nanoparticles on Red Clover and Its Rhizobial Symbiont. *PLOS ONE* **11**, e0155111, doi:10.1371/journal.pone.0155111 (2016).
- 39 Moll, J., Gogos, A., Bucheli, T. D., Widmer, F. & van der Heijden, M. G. A. Effect of nanoparticles on red clover and its symbiotic microorganisms. *Journal of Nanobiotechnology* **14**, 36, doi:10.1186/s12951-016-0188-7 (2016).
- 40 Members, S. S. I. o. B. The SIB Swiss Institute of Bioinformatics' resources: focus on curated databases. *Nucleic Acids Research* **44**, D27-D37, doi:10.1093/nar/gkv1310 (2016).
- 41 Marti, R. *et al.* Short communication: Heat-resistant *Escherichia coli* as potential persistent reservoir of extended-spectrum β -lactamases and Shiga toxin-encoding phages in dairy. *Journal of Dairy Science* **99**, 8622-8632, doi:10.3168/jds.2016-11076 (2016).
- 42 Lüdin, P., von Ah, U., Rollier, D., Roetschi, A. & Eugster, E. Lactic Acid Bacteria as Markers for the Authentication of Swiss Cheeses. *CHIMIA International Journal for Chemistry* **70**, 349-353, doi:10.2533/chimia.2016.349 (2016).
- 43 Lardi, M. *et al.* Metabolomic Profiling of *Bradyrhizobium diazoefficiens*-Induced Root Nodules Reveals Both Host Plant-Specific and Developmental Signatures. *International Journal of Molecular Sciences* **17**, 815, doi:10.3390/ijms17060815 (2016).
- 44 Kölliker, R., Knorst, V., Studer, B. & Boller, B. in *Breeding in a World of Scarcity* 163-167 (Springer International Publishing, Cham, 2016).
- 45 Jaber, L. R. & Enkerli, J. Effect of seed treatment duration on growth and colonization of *Vicia faba* by endophytic *Beauveria bassiana* and *Metarhizium brunneum*. *Biological Control* **103**, 187-195, doi:10.1016/J.BIOCONTROL.2016.09.008 (2016).

- 46 Hersemann, L., Wibberg, D., Widmer, F., Vorhölter, F.-J. & Kölliker, R. Draft genome sequences of three *Xanthomonas translucens* pathovar reference strains (pv. *arhenatheri*, pv. *poae* and pv. *phlei*) with different specificities for forage grasses. *Standards in Genomic Sciences* **11**, 50, doi:10.1186/s40793-016-0170-x (2016).
- 47 Freimoser, F. M., Pelludat, C. & Remus-Emsermann, M. N. P. Tritagonist as a new term for uncharacterised microorganisms in environmental systems. *The ISME journal* **10**, 1-3, doi:10.1038/ismej.2015.92 (2016).
- 48 Fernández-Bravo, M., Garrido-Jurado, I., Valverde-García, P., Enkerli, J. & Quesada-Moraga, E. Responses to abiotic environmental stresses among phylloplane and soil isolates of *Beauveria bassiana* from two holm oak ecosystems. *Journal of Invertebrate Pathology* **141**, 6-17, doi:10.1016/j.jip.2016.09.007 (2016).
- 49 Čuklina, J. *et al.* Genome-wide transcription start site mapping of *Bradyrhizobium japonicum* grown free-living or in symbiosis – a rich resource to identify new transcripts, proteins and to study gene regulation. *BMC Genomics* **17**, 302, doi:10.1186/s12864-016-2602-9 (2016).
- 50 Castro, T. *et al.* Persistence of Brazilian isolates of the entomopathogenic fungi *Metarhizium anisopliae* and *M. robertsii* in strawberry crop soil after soil drench application. *Agriculture, Ecosystems & Environment* **233**, 361-369, doi:10.1016/J.AGEE.2016.09.031 (2016).
- 51 Bogicevic, B. *et al.* Cysteine biosynthesis in *Lactobacillus casei* : identification and characterization of a serine acetyltransferase. *FEMS Microbiology Letters* **363**, fnw012, doi:10.1093/femsle/fnw012 (2016).
-
- 52 Urfer, M. *et al.* A Peptidomimetic Antibiotic Targets Outer Membrane Proteins and Disrupts Selectively the Outer Membrane in *Escherichia coli*. *Journal of Biological Chemistry* **291**, 1921-1932, doi:10.1074/jbc.m115.691725 (2015).
- 53 Palacio-Bielsa, A. *et al.* Evaluation of a real-time PCR and a loop-mediated isothermal amplification for detection of *Xanthomonas arboricola* pv. *pruni* in plant tissue samples. *Journal of Microbiological Methods* **112**, 36-39, doi:10.1016/j.mimet.2015.03.005 (2015).
- 54 Mayerhofer, J., Enkerli, J., Zelger, R. & Strasser, H. Biological control of the European cockchafer: persistence of *Beauveria brongniartii* after long-term applications in the Euroregion Tyrol. *BioControl* **60**, 617-629, doi:10.1007/s10526-015-9671-6 (2015).
- 55 Lardi, M. *et al.* σ 54-Dependent Response to Nitrogen Limitation and Virulence in *Burkholderia cenocepacia* Strain H111. *Applied and Environmental Microbiology* **81**, 4077-4089, doi:10.1128/AEM.00694-15 (2015).
- 56 Hunziker, L. *et al.* *Pseudomonas* strains naturally associated with potato plants produce volatiles with high potential for inhibition of *Phytophthora infestans*. *Applied and Environmental Microbiology* **81**, 821-830, doi:10.1128/AEM.02999-14 (2015).
- 57 Guyer, A. *et al.* The Anti-*Phytophthora* Effect of Selected Potato-Associated *Pseudomonas* Strains: From the Laboratory to the Field. *Frontiers in Microbiology* **6**, 1309, doi:10.3389/fmicb.2015.01309 (2015).
- 58 De Vrieze, M. *et al.* Volatile Organic Compounds from Native Potato-associated *Pseudomonas* as Potential Antioomycete Agents. *Frontiers in Microbiology* **6**, 1295, doi:10.3389/fmicb.2015.01295 (2015).
- 59 The SIB Swiss Institute of Bioinformatics' resources: focus on curated databases. *Nucleic Acids Research* **44**, D27-D37, doi:10.1093/nar/gkv1310 (2015).
-
- 60 Wagg, C., Bender, S. F., Widmer, F. & van der Heijden, M. G. A. Soil biodiversity and soil community composition determine ecosystem multifunctionality. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* **111**, 5266-5270, doi:10.1073/pnas.1320054111 (2014).
- 61 Steinwender, B. M. *et al.* Molecular diversity of the entomopathogenic fungal *Metarhizium* community within an agroecosystem. *Journal of Invertebrate Pathology* **123**, 6-12, doi:10.1016/j.jip.2014.09.002 (2014).
- 62 Nilsson, R. H. *et al.* Improving ITS sequence data for identification of plant pathogenic fungi. *Fungal Diversity* **67**, 11-19, doi:10.1007/s13225-014-0291-8 (2014).
- 63 Hartmann, M. *et al.* Resistance and resilience of the forest soil microbiome to logging-associated compaction. *The ISME Journal* **8**, 226-244, doi:10.1038/ismej.2013.141 (2014).
- 64 Bailly, A. *et al.* The inter-kingdom volatile signal indole promotes root development by interfering with auxin signalling. *The Plant Journal* **80**, 758-771, doi:10.1111/tpj.12666 (2014).

7.2 Publikationen nicht peer-reviewed

Zeitschriften

1. Ahrens C. (2018) 2-tägige "on site" Begutachtung für die Deutsche Forschungs Gesellschaft (DFG): Antrag für einen bis zu 12 Jahre finanzierten Sonderforschungsbereich im Bereich Mikrobiomforschung (mit 20 Forschungsprojekten und 34 PIs).
 2. Kohn C. (2018) Schweizer Käsegeheimnis wird privatisiert (SRF Echo der Zeit).
 3. Kohn C. (2018) Kulturen für Käse - Wie ging das noch mit den Löchern? (srf.ch/news 12.03.2018).
 4. Kohn C. (2018) Bacterias en il chaschiel (rtr, minisguard, 17.03.2018).
 5. de Souza F.A., da Silva I R, Barreto M.B.B.B., Oehl F., Goto B.T., Maia L.C. (2018) *Racocetra crispa* (Glomeromycotina) delimited by integrative evidence based on morphology, long continuous nuclear rDNA sequencing and phylogeny. *Mycological Progress*
 6. Bengtsson-Palme J., Richardson R.T., Meola M., Wurzbacher C., Tremblay É.D., Thorell K., Kanger K., Eriksson K.M., Bilodeau G.J., Johnson R.M., Hartmann M., Nilsson R.H. (2018) Metaxa2 Database Builder: Enabling taxonomic identification from metagenomic or metabarcoding data using any genetic marker. *Bioinformatics*
 7. Oehl F., Koch B. (2018) Arbuskuläre Mykorrhizapilze im Rebberg. *Schweizer Zeitschrift für Obst- und Weinbau*
 8. Turrini A., Saran M., Giovannetti M., Oehl F. (2018) *Rhizoglossum venetianum*, a new arbuscular mycorrhizal fungal species from a heavy metal-contaminated site, downtown Venice in Italy. *Mycological Progress*
 9. Assis D.M.A., Melo M.A.C., Silva D.K.A., Oehl F., Silva G.A. (2018) Assemblages of arbuscular mycorrhizal fungi in tropical moist and dry forests in the Northeast of Brazil
 10. Meola M., Rifa E., Shani N., Delbes C., Berthoud H., Chassard C. (2018) DAIRYdb: A manually curated gold standard reference database for improved taxonomy annotation of 16S rRNA gene sequences from dairy products. *bioRxiv*
 11. Oehl F., Seitz B. (2018) Endomykorrhiza: mikroskopische Bodenpilze. Hotspot Furka - Biologische Vielfalt im Gebirge
-
12. Lüdin P. et al. (2017) Das Erbgut der Käsekulturen verrät einiges. *Alimenta*
 13. Meola, M. et al. (2017) DAIRYdb: A manually curated gold standard reference database for improved taxonomy annotation of 16S rRNA gene sequences from dairy. *BioRxiv* 10.1101/386151
-
14. Gschwend F. / Widmer F. (2016) KABO-MiDiBo Projekt: Mikrobielle Diversität im Boden an Standorten von kantonalen Bodenbeobachtungen (KABO)..
 15. Boller B. Grieder C. / Kölliker R. / Schubiger F. (2016) Report of the breeding debate / Breeding in a World of Scarcity. Springer International Publishing, Switzerland.
 16. Eugster E, Irmeler S, Shani N, Meola M, Berthoud H (2016) Die mikrobielle Biodiversität in Rohmilchkäse. *Lebensmittel-Technologie*
 17. Bär C, Eugster E, Irmeler S, Moser A, Pelludat C (2016) Die mikrobielle Biodiversität in Rohmilchkäse. *Agrarforschung Schweiz (Formerly Agrarforschung : Journal of Swiss Agricultural Research)*
 18. Hersemann L. / Widmer F. / Kölliker R. (2016) Draft genome sequence of the *Xanthomonas bromi* type strain LMG 947. *Genome announcements* (nur on-line)
 19. Hersemann L. / Kölliker R. (2016) Genome sequence of the barley pathogen *Xanthomonas translucens* pv. *translucens* DSM 18974T / ATCC 19319T. *Genome announcements* (nur on-line)
-
20. Eugster E. (2015) Newsletter *Forschung Milch* 2015-1.
 21. Oehl F (2015) Diversity of arbuscular mycorrhizal fungi in acidic soils and their contribution to aluminum phytotoxicity alleviation In: Panda SK, Baluska F (eds) *Aluminum Stress Adaptation in Plants*. Series title: *Signaling and Communication in Plants*.
 22. Lüdin P., Von Ah U.; Shani N. (2015) Langer Weg zur perfekten Starterkultur. *Alimenta*
 23. Storari M.; Wüthrich D., Bruggmann R., Bertoud H.; Arias-Roth A. (2015) Draft Genome Sequences of *Clostridium tyrobutyricum* Strains FAM22552 and FAM22553, Isolated from Swiss Semihard Red-SmearCheese. *Genome announcements* (nur on-line)
 24. Oehl F., Widmer F. (2015) Welche landwirtschaftlichen Anbausysteme fördern das Bodenleben. *Hotspot*
 25. Oehl F. (2015) Welche landwirtschaftlichen Anbausysteme fördern das Bodenleben?. *Hotspot*
 26. Oehl F (2015) Arbuscular mycorrhizal fungi as bioindicators in agricultural soils. *Agrarforschung Schweiz (Formerly Agrarforschung : Journal of Swiss Agricultural Research)*
-
27. Eugster Elisabeth (2014) Newsletter *Milchverarbeitung* 2014-1.

28. Hersemann Lena (2014) *Xanthomonas translucens* pv. *graminis* – a minimalistic Xanthomonad. Molecular Breeding of Forage and Turf 14, June 9-12, Istanbul, Turkey.
29. Hartmann Martin (2014) The response of soil microbial diversity to long-term organic and conventional farming. Zürich Mycology Symposium, January 24, Zürich, Switzerland.
30. Hartmann Martin (2014) Deep targeted sequencing to explore the microbiome in clinical and environmental systems. May 9, University of Helsinki, Helsinki, Finland.
31. Mayerhofer Johanna (2014) Long-term persistence of *Beauveria brongniartii* BIPESCO 2 used for cockchafer control in the Euroregion Tyrol. SIP 47th Annual meeting, August 3-7, Mainz, Germany.
32. Hersemann Lena (2014) Virulence factors in *Xanthomonas translucens* pv. *graminis*: sometimes less is more. The 13th International Conference on Plant Pathogenic Bacteria, June 8-13, Shanghai, China.
33. Mayerhofer Johanna (2014) Species-specific PCR assay to identify and discriminate *M. pingshaense*, *M. anisopliae*, *M. brunneum*, and *M. robertsii*. SIP 47th Annual meeting, August 3-7, Mainz, Germany.
34. Hartmann Martin (2014) Deep targeted sequencing to study the microbiome in clinical and natural systems. Research School in "Infection, Inflammation and Immunity", June 2-13, University of Tromsø, Tromsø, Norway.
35. Jermini M. (2014) Comment évaluer la qualité botanique des surfaces agricoles de promotion de la biodiversité. Revue suisse de viticulture arboriculture horticulture
36. Maurer C., Rüdy M., Chervet A., Sturny W.G., Flisch R., Oehl F. (2014) Diversität arbuskulärer Mykorrhizapilze in Ackerkulturen bei Direktsaat und Pflug. Agrarforschung Schweiz (Formerly Agrarforschung : Journal of Swiss Agricultural Research)
37. Maurer C., R. M., Chervet A., Sturny W.G., Flisch R., Oehl F. (2014) Diversité des champignons mycorrhiziens arbusculaires sous semis direct et sous labour. Recherche Agronomique Suisse
38. Bönisch D. et al. / Weisskopf L. (2014) Bakterien aus dem Wurzelbereich hemmen den Erreger der Kraut- und Knollenfäule. Kartoffelbau
39. Weisskopf L. (2014) Nützliche Bakterien. UFA-Revue

Buchkapitel

- Kölliker R, Knorst V, Hersemann L, Widmer F, Studer B (2018) Unravelling the genetic control of bacterial wilt resistance in ryegrass: achievements, prospects and challenges. In: Brazauskas G et al. (eds) Breeding Grass and Protein Crops in the Era of Genomics. Springer International Publishing, Switzerland. 150 – 154

Medienmitteilungen

- Nützliche Bakterien und Pilze für die Land- und Ernährungswirtschaft entdecken (September 2014 via AFP MikBioDiv)
- ANET-GB (August 2015 via AFP MikBioDiv)
- Proteogenomikansatz (SIB News, Dezember 2017 «A toolbox to improve genome annotation»)
- News (Internet) zur Publikation in NAR geplant (mit CCA)

Tagungen / Veranstaltungen

- Enkerli J., Widmer F. (2018) Zürich Mycology Symposium 2018. 19.01.2018
- Oehl F. (2018) Arbuscular mycorrhizal fungi in Serbia. 09.08.2018
- Frey J. E. (2018) Final Meeting Agroscope Research Program Microbial Bio Diversity. 05.06.2018

7.3 Vorträge

1. Ahrens C. H. (2018) From genomes to functions – studying microbiomes using latest NGS technologies. 29.01.2018
2. Guggisberg D. (2018) Vergleich univariate und multivariate "OMICS" Datenanalyse. 04.05.2018
3. Somerville V., Lutz S., Schmid M., Moser A., Irmiler S., Ahrens CH. (2018) Studying low complex metagenomes by whole genome sequencing. 05.06.2018
4. Schmid M., Omasits U., Ravikumar Varadarajan A., Lutz S., Wicki A., Bourqui M., Schneeberger K., Frei D., Irmiler S., Schläppi K., van der Heijden M., Freimoser F., Frey J. E., Ahrens CH. (2018) Towards utilizing microbiomes – applying functional genomics approaches to move from genomes towards functions. 05.06.2018
5. Schmid M., Omasits U., Kolmogorov M., Yuan J. , Frei D., Patrignani A., Schlapbach R., Frey J. E., Remus-Emsermann M.N.P., Pevzner P.A., Ahrens CH. (2018) Pushing the limits of de novo genome assembly for complex prokaryotic genomes and enabling accurate genome annotation by proteogenomics. 12.06.2018
6. Ahrens CH. (2018) Applying functional genomics and data integration to move from genomes towards functions. 16.05.2018
7. Meola M. (2018) Microbial diversity in cheese and dairy products. 05.06.2018
8. Moser A. (2018) The diversity of *Lactobacillus helveticus* in dairy products. 05.06.2018
9. Schmid M., Ravikumar Varadarajan A., Omasits U., Götze S., Frei D., Patrignani A., Schlapbach R., Frey J. E., Remus-Emsermann M.N.P., Wollscheid B., Ahrens CH. (2018) Pushing the limits of de novo genome assembly for complex prokaryotic genomes & enabling accurate genome annotation by proteogenomics. 26.06.2018
10. Gschwend F. (2018) Metabarcoding for a poly-phasic soil quality assessment. 05.06.2018
11. Fox A. (2018) A Pan-European inventory of grassland soil microbial biodiversity and its functional properties. 05.06.2018
12. Mayerhofer J. (2018) Relation of soil properties, land use types and soil microbial communities in a nation-wide survey. 05.06.2018
13. Bouwman A (2018) Metagenomics of a 143 year old Swiss Raclette cheese reveals its diverse microbial content, 45th Annual North American Meeting of the Paleopathology Association, Austin, Texas, USA
14. Zengerer V., Schmid M., Bieri M., Müller D., Remus-Emsermann M., Ahrens C.H., Lutz M., Pelludat C. (2018) *Pseudomonas orientalis* F9: Ein Schweizer Apfelblütenisolat mit antagonistischer Wirkung auf bodenbürtige Schaderreger. 13.09.2018
15. Muchaamba F., Guisolan A., Stephan R., Von Ah U., Stevens M. J. A., Eshwar A. K., Tasara T. (2018) Phenotypic microarray analysis reveals variations in carbon source utilization and stress resistance profiles among selected clinical and food related *Listeria monocytogenes* strains. 04.09.2018
16. Mayerhofer J., Meuli R. G., Roth T., Kohli L., Widmer F. (2018) Relation of soil properties, land use types and soil microbial communities in a nation-wide survey.. 05.06.2018
17. Gschwend F., Aregger K., Walter T., Gramlich A., Widmer F. (2018) Next-generation soil quality monitoring.. 13.09.2018
18. Gschwend F., Mayerhofer J., Hartmann M., Enkerli J., Widmer F. (2018) What is a fungal barcode?. 28.08.2018
19. Fox A., Lüscher A., Widmer F. (2018) BIOINVENT: A Pan-European inventory of grassland soil microbial biodiversity and its functional properties. 05.06.2018
20. Enkerli J. (2018) Umweltüberwachung von Pilzstämmen, die zur Schädlingsbekämpfung ausgebracht werden. 21.09.2018
21. Pelludat C., Zengerer V., Dreyfuss V., Braun-Kiewnick A., Widmer F., Gschwend F. (2018) Bakterielle Antagonisten gegen den Feuerbranderreger. 02.11.2018
22. Ahrens CH. (2018) Integrating NGS data for the assembly of prokaryotic genomes & a proteogenomics approach to identify their complete protein-coding potential. 08.11.2018
23. Ahrens CH., Ravikumar Varadarajan A. (2018) An integrated model system to reproducibly study biofilm formation and antibiotic resistance development of *Pseudomonas aeruginosa* MPAO1. 24.10.2018
24. Ahrens CH. (2018) Applying functional genomics and data integration to move from genomes towards functions. 19.01.2018
25. Ahrens CH. (2018) Complete de novo genome assembly and transcriptomics – contributions to BEAT-AMR consortium. 29.05.2018
26. Kölliker R (2018) Resist or perish – understanding the complex interaction between forage crops and their pathogens. 15th AgriBio Systems Biology Workshop "From Genomes to Phenomes". May 14-23, Melbourne, Australia
27. Kölliker R (2018) Genetic diversity and disease resistance in forage crops – knowledge and tools for genomics-based breeding approaches. Special Science Symposium AgriBio, May 18, Melbourne, Australia
28. Laure Weisskopf (2018) News from the volatile warfare between *Pseudomonas* and *Phytophthora infestans*. ISCE, Budapest
29. Braun-Kiewnick A., Gschwend F., Zengerer V., Widmer F., Pelludat C (2018) Insight into the apple flower microbiome (Abschlussveranstaltung AFP MikBioDiv, Zürich)

30. Weisskopf L (2018) News from the volatile warfare between *Pseudomonas* and *Phytophthora infestans*. ISCE, Budapest
 31. Pelludat C, Zengerer V, Dreyfuss V, Braun-Kiewnick A, Widmer F, Gschwend F (2018) Bakterielle Antagonisten gegen den Feuerbranderreger (GgFb, 2te nationale Tagung, Wädenswil)
 32. Zengerer V, Schmid M, Bieri M, Müller D, Remus-Emsermann M, Ahrens CH, Lutz M, Pelludat C (2018) *Pseudomonas orientalis* F9: Ein Schweizer Apfelblütenisolat mit antagonistischer Wirkung auf bodenbürtige Schaderreger (Herbsttagung SGP)
 33. Braun-Kiewnick A, Gschwend F, Zengerer V, Widmer F, Pelludat C (2018) Insight into the apple flower microbiome (Abschlussveranstaltung AFP MikBioDiv, Zürich)
-
34. Ahrens C. H. (2017) Integrating NGS data for the assembly of prokaryotic genomes & a proteogenomics approach to identify their complete protein-coding potential. Bioinformatics of long read sequencing Universität Zürich - SIB Swiss Institute of Bioinformatics. 05.10.2017
 35. Ahrens C. H. (2017) β -rhizobial symbiosis: new insights from transcriptome, proteome and metabolome analysis. Nitrogen Fixation for Agriculture and Environment Granada - Universität Granada. 03.09.2017
 36. Ahrens C. H. (2017) *Listeria* under stress: coping mechanisms. Annual Meeting of the Swiss Proteomics Society Thun - Life Sciences 2. 21.04.2017
 37. Varadarajan A. (2017) An integrative proteogenomics strategy to identify the entire protein coding potential of prokaryotic genomes. LS2 Annual Conference Universität Zürich - Life Sciences. 02.02.2017
 38. Ahrens C. H. (2017) An integrative proteogenomics strategy to identify the entire protein-coding potential of prokaryotic genomes. EUBIC Winter School 2017 Semmering, Österreich - European Proteome Organization. 12.01.2017
 39. Ahrens C. H. (2017) A novel, integrative strategy to identify the entire protein coding potential of prokaryotic genomes by proteogenomics. "Proteogenomics and Immuno-peptidomics" Course Lausanne - Swiss Institute of Bioinformatics. 29.11.2017
 40. Ahrens C. H. (2017) A generic, integrative proteogenomics approach to identify the entire protein coding potential of prokaryotic genomes. Omics Strategies to Study the Proteome Breckenridge, CO, USA - Keystone Symposia. 01.02.2017
 41. Varadarajan A. (2017) Tutorial how to use a novel, integrative proteogenomics strategy to identify the entire protein coding potential of prokaryotic genomes. "Proteogenomics and Immuno-peptidomics" Course Lausanne - Swiss Institute of Bioinformatics. 29.11.2017
 42. Wenzel C. (2017) Nutzung von Genomdaten für die Entwicklung von Käsekulturen. Käse- und Milchtechnologischer Lehrgang Ansbach (D). 04.05.2017
 43. von Ah U. (2017) Exploring the diversity of *Lactobacillus helveticus* in dairy products – a culture-independent approach. 12th LAB Symposium Liebefeld - Agroscope. 29.08.2017
 44. Moser A. (2017) Exploring the diversity of *Lactobacillus helveticus* in dairy products using culture-independent amplicon sequencing. 12th LAB Symposium Liebefeld - Agroscope. 27.08.2017
 45. Meola Marco (2017) DAIRYDB: A MANUALLY CURATED GOLD STANDARD REFERENCE DATABASE FOR IMPROVED TAXONOMIC ASSIGNMENT OF 16S RRNA GENE SEQUENCES FROM DAIRY PRODUCTS. 4th International Conference on Microbial Diversity 2017 Bari. 25.10.2017
 46. von Ah Ueli (2017) Agroscope Liebefeld Kulturen: The story of an artisanal culture producer. Congrès des bactéries lactiques Nutrevent - Lille. 15.06.2017
 47. Kölliker R., Knorst V., Hersemann L., Widmer F., Studer B. (2017) Unravelling the genetic control of bacterial wilt resistance in ryegrass: achievements, prospects and challenges. 32nd International Eucarpia Symposium; Section Fodder Crops and Amenity Grasses. Vilnius, Lithuania. 11.09.2017
 48. Grabenweger G., Schweizer Chr., Widmer F. (2017) Lutte biologique contre le hanneton japonais. Herbsttagung der KPSDs Kt. Jura, Schweiz. 22.09.2017
 49. Malisch C, Salminen J-P, Kölliker R, Engström M, Suter D, Studer B, Lüscher A (2017) Drought response of proanthocyanidins in sainfoin (*Onobrychis viciifolia* Scop.) is affected by plants' ontogenetic stage. 19th EGF Symposium, May 8 – 10, Sardinia, Italy
 50. Mayerhofer J. (2017) Non-target effects of *Metarhizium brunneum* on soil microorganisms.. 16th Meeting of the IOBC/WPRS working group "Microbial and nematode control of invertebrate pests" Tbilisi, Georgia. 11.07.2017
 51. Widmer F. (2017) Mittels Genanalysen der mikrobiellen Vielfalt im Boden auf der Spur. Aussprache zum Bodenschutz in der Schweiz BAFU, Bern, Schweiz. 01.06.2017
 52. Gschwend F., Hug A., Gubler A., Meuli R., Widmer F. (2017) Metabarcoding of Soil Microbial Communities for Soil Quality Monitoring. Jahrestagung der Bodenkundlichen Gesellschaft der Schweiz Bern, Schweiz. 10.02.2017
 53. Enkerli J. (2017) Identification of Entomopathogenic Fungi: Introduction. Interuniversity Doctoral Program Neuchatel, University of Neuchatel, Switzerland. 01.06.2017
 54. Mayerhofer J., Eckard S., Grabenweger G., Widmer., Enkerli J. (2017) Non-target effects of *Metarhizium brunneum* on soil microorganisms in biocontrol of *Agriotes obscurus* in potatoes. Zurich Mycology Symposium ETH Zurich, Switzerland. 28.01.2017

55. Mayerhofer J., Grabenweger G., Widmer F., Enkerli J. (2017) Non-target effects of *Metarhizium brunneum* on soil microbial communities – in 2 cropping systems with different pests. Seminar Microbiology University Innsbruck, Innsbruck, Austria. 26.01.2017
 56. Enkerli J. (2017) Non-target effects of *Metarhizium brunneum* on soil microorganisms. Institutsseminar South China Agricultural University, Guangzhou, China. 06.07.2017
 57. De Vrieze M (2017) Potato associated *Pseudomonas* against late blight – exploring the native microbiome's potential. EAPR, Paris
 58. Weisskopf L (2017) The potential of bacterial volatiles for plant protection against diseases. Mycology Symposium, Zurich
 59. Weisskopf L (2017) What can we expect from the leaf microbiome? Oenoviti, Nyon
 60. Weisskopf L (2017) News from the volatile warfare between potato-associated *Pseudomonas* and the late blight causing agent *Phytophthora infestans*. MiCROPe, Vienna (invited speaker)
 61. Weisskopf L (2017) The potential of bacterial volatiles for plant protection against diseases. Plant Bioprotech, Reims
-
62. Ahrens CH. (2016) Identification of the entire genomic protein coding potential of prokaryotes. SSM Annual Meeting 2016 Bern - Schweizer Gesellschaft für Mikrobiologie. 13.06.2016
 63. Ahrens CH. (2016) Integrating NGS data for the assembly of prokaryotic genomes and a proteogenomics approach to identify their complete protein-coding potential. Next Generation Sequencing Training Day Bern - Swiss Institute of Bioinformatics. 05.07.2016
 64. Ahrens CH. (2016) Development of a generic proteogenomics approach to discover the entire protein-coding potential of prokaryotic genomes. SIB Days 2016 Biel - SIB. 06.06.2016
 65. Varadarajan R. (2016) Proteogenomics to identify the entire protein-coding potential of prokaryotic organisms. PhD Progress Report Meetings Zürich - ETH Zürich. 21.06.2016
 66. Ahrens CH. (2016) Vision of key trends in the area Proteins & Proteome over next 5 years. The future of Bioinformatics - Trends in the Main Research Areas Centre Loewenberg. 20.04.2016
 67. Ahrens CH. (2016) Complete proteome discovery in prokaryotes: insights based on integrative analysis of genomics, transcriptomics & proteomics data. Seminar Series SIB Group Leaders (web-cast) Lausanne - Swiss Institute of Bioinformatics. 16.03.2016
 68. Ahrens CH. (2016) Proteogenomics - discover the entire protein-coding potential of prokaryotic genomes: insights based on integrative analysis of genomics, transcriptomics & proteomics data. Annual Meeting Swiss Proteomics Society Brig - Swiss Proteomics Society (part of LS2). 22.04.2016
 69. Meola M. (2016) The cheese microbiome: opportunities and challenges. Darmstadt Agrarforschung ThermoFisher Scientific. 29.11.2016
 70. Wenzel C. (2016) Suche nach proteolytisch aktiven Stämmen mit Hilfe von Genomdaten. Kolloquium Agroscope Liebefeld. 29.09.2016
 71. Chollet M. (2016) Un nouvel outil de screening: „Dialact“. Kolloquium Agroscope, Liebefeld. 29.09.2016
 72. Lüdin P. (2016) Genomdaten für die Beurteilung der Sicherheit von Kulturen. Kolloquium Agroscope Liebefeld. 29.09.2016
 73. Arias-Roth E. (2016) Bactériocine, es-tu là ? Kolloquium Agroscope Liebefeld. 29.09.2016
 74. Gschwend F. (2016) Multi-year assessment of soil fungal diversity patterns at sites of the Swiss soil monitoring network. Zürich Mycology Symposium WSL, Birmensdorf. 22.01.2016
 75. Enkerli J. (2016) Function and ecology of fungi in agricultural systems. Institutsseminar University of Innsbruck, Innsbruck, Austria. 24.03.2016
 76. Mayerhofer J (2016) Non-target effects of *Metarhizium brunneum* on microbial communities assessed in pot and field trials to control *Agriotes* spp. 49th Annual Meeting of the Society for Invertebrate Pathology Tours, Loire Valley, France. 24.07.2016
 77. Jaber L. / Enkerli J. (2016) Fungal entomopathogens as endophytes for plant protection: Can they promote plant growth as well?. 49th Annual Meeting of the Society for Invertebrate Pathology Tours, Loire Valley, France. 24.07.2016
 78. Gschwend F. (2016) Influence of environmental factors on soil microbial diversity at arable and grassland sites across Switzerland. Swiss Environmental Microbiology Symposium Bern Expo, Bern. 16.06.2016
 79. Enkerli (2016) Next generation sequencing - a powerful approach to assess potential effects of BCAs on microbial communities in soil. 49th Annual Meeting of the Society for Invertebrate Pathology Tours, Loire Valley, France. 24.06.2016
 80. Widmer F. (2016) Soil microbiomes – Do they reflect soil quality? Agroscope Scientific Advisory Board Meeting Agroscope Changins, Switzerland. 22.03.2016
 81. Kölliker R, Malisch C, Kempf K, Lüscher A (2016) Improving performance and tannin content of the forage legume sainfoin (*Onobrychis viciifolia*). Plant Breeding: the Art of Bringing Science to Life: 20th Eucarpia General Congress, Aug 29 – Sep 1, Zurich, Switzerland

-
82. Knorst V, Byrne S L, Asp T, Studer B, Widmer F, Kölliker R (2016) Wisdom of crowds: pooled sequencing identifies genomic regions associated with disease resistance in ryegrass. Plant Breeding: the Art of Bringing Science to Life: 20th Eucarpia General Congress, Aug 29 – Sep 1, Zurich, Switzerland
 83. Berthoud H (2016) Detection and typing of *Lactobacillus parabuchneri*, a microorganism with harmful and detrimental effects in cheese, Cheese Science & Technology Symposium, Dublin, Ireland
 84. Ascone P (2016) Typing and tracing of *Lactobacillus parabuchneri* in raw milk and cheese, Cheese Science & Technology Symposium, Dublin, Ireland
-
85. Ahrens C.H. (2015) ANET-GB's first focus - building up competences in genome sequence assembly, analysis and annotation of prokaryotes. Kolloquium AFP Mikrobielle Biodiversität - Unsichtbare Akteure im Dienste der Land- und Ernährungswirtschaft Agroscope - Liebefeld. 30.06.2015
 86. Ahrens C.H. (2015) The *Listeria* proteome in two days. Swiss Proteomics Society Conference 2015 Brig - Swiss Proteomics Society. 23.04.2015
 87. Ahrens C.H. (2015) Research Activities SIB Group Bioinformatics / Proteogenomics. Basel Computational Biology Conference Basel - Swiss Institute of Bioinformatics. 07.06.2015
 88. Ahrens CH. (2015) Identification of the entire genomic protein coding potential of prokaryotes. SSM Annual Meeting 2016 Bern - Schweizer Gesellschaft für Mikrobiologie. 13.06.2015
 89. Ahrens C.H. (2015) Pushing OMICS technologies for a systems-wide analysis of host-pathogen interaction. ESCCAR 2015 Lausanne - ESCCAR: International Congress on Chlamydia, Rickettsia and other Intracellular Bacteria. 13.06.2015
 90. Ahrens C.H. (2015) Proteogenomics: improving genome annotations with protein expression. Summer School Genomics & Evolution of Microbial Pathogens Wädenswil - ZHAW SIB. 31.08.2015
 91. Wenzel C (2015) Influence of pH on Gene Expression in *Lactobacillus parabuchneri* FAM21731. Black Forest Summer School on NGS data for phylogenetics . 15.09.2015
 92. Lüdin P. (2015) Lactic acid marker bacteria for the authentication of Swiss Cheese. Swiss Food Science Meeting Neuchâtel. 23.06.2015
 93. Arias-Roth E. (2015) In silico analysis of the marine lactic acid bacteria *Marinilactibacillus psychrotolerans* exhibiting antilisterial activity on cheese surface. 20e Club des bactéries lactiques: Nouveaux défis pour la recherche et l'industrie Lille. 18.06.2015
 94. Arias-Roth E. (2015) Listerien Schutzkulturen. Beratertagung Olten. 02.03.2015
 95. Haldemann J. (2015) Agroscope, la culture suisse. Assemblée SIR, La Roche-sur Foron, le 27 mars 2015 Assemblée SIR Reblochon. 27.03.2015
 96. Bailly A. (2015) Evaluating native microbial populations as protectants against potato late blight. Mycology Symposium Wädenswil- ZHAW. 16.01.2015
 97. Weisskopf L. (2015) A smelly tale of bacteria, plants and fungi. Invited Seminar Zürich - ETHZ. 22.04.2015
 98. Weisskopf L. (2015) Using bacterial volatile compounds to fight *Phytophthora infestans*: new solution to an old problem?. 10th international PGPR workshop Liège - Université de Liège. 17.06.2015
 99. Weisskopf L. (2015) Das Pflanzenmikrobiom und seine schützende Wirkung gegen Krankheitserreger. 2. Nachhaltigkeitstagung Reckenholz - Agroscope. 22.01.2015
 100. Weisskopf L. (2015) Bacteria-fungi interactions in the soil, the rhizosphere and the phyllosphere. Invited seminar Wageningen - NIOO. 15.06.2015
 101. Weisskopf L. (2015) Quelles solutions pour remplacer le cuivre dans les cultures biologiques de pomme de terre ? Pflanzenschutztagung Murten. 02.03.2015
 102. Kölliker R* (2015) Bacterial wilt in pastures: unraveling the virulence of *X. translucens* pv. *graminis*. Symposium on plant-pathogenic Xanthomonads. Université Catholique de Louvain. Nov 20, Louvain-la-Neuve, BE
 103. Hersemann L, Wibberg D, Widmer F, Vorhölter F-J, Kölliker R (2015) A comparative genomics approach to identify virulence factors involved in bacterial wilt of Italian ryegrass. Life in Numbers 2 – Symposium at the ZHAW, September 1, Wädenswil, Switzerland
 104. Hersemann L, Widmer F, Vorhölter F-J, Kölliker R (2015) Pathogenomics of *Xanthomonas translucens* pv. *graminis* to unravel its virulence on forage grasses. 5th Xanthomonas Genome Conference, July 8-11, Bogotá, Colombia
 105. Kölliker R, Knorst V, Studer B, Boller (2015) Single-marker assisted introgression of crown rust resistance in an Italian ryegrass breeding program. 31st International Eucarpia Symposium Section Fodder Crops and Amenity Grasses. September 13-17, Ghent, Belgium
 106. Knorst V, Byrne S, Asp T, Widmer F, Studer B, Kölliker R (2015) Sequencing based identification of resistance genes in ryegrass. 3rd Minisymposium Molecular Forage Crop Breeding. ETH Research Station Lindau-Eschikon, Switzerland, April 9
 107. Kölliker R, Knorst V, Boller B, Studer B, Asp T, Byrne S, Widmer F (2015) Exploration and exploitation of disease resistance in ryegrass. XXIIIth Plant and Animal Genome Meeting, January 10-14, San Diego, CA, USA
-

108. Ahrens C.H. (2014) Next Generation Sequencing Conference (NGS) 2014. Next Generation Sequencing Conference (NGS) 2014 Barcelona - Center for Genomic Regulations (CRG) - International Society for Computational Biology. 02.06.2014
109. Ahrens C.H. (2014) De novo assembly of PacBio reads and integrative analysis: *Bartonella henselae* case study. Next Generation Sequencing Conference (NGS) 2014 Barcelona - Center for Genomic Regulation (CRG). 02.06.2014
110. Wüthrich D (2014) Genomic origin of biochemical diversity of *Lactobacillus casei* strains used in food production. Mid Thesis Uni Bern. 04.06.2014
111. Weisskopf L. (2014) A smelly tale of bacteria, plants and fungi. seminar München - Helmholtz Zentrum für Gesundheit und Umwelt. 15.12.2014
112. Frey B., Widmer F., Hartmann M. (2014) Resistance and resilience of the forest soil microbiome to logging-associated compaction. COST.Action ES1103-Meeting Helsinki, Finland, University of Helsinki. 07.05.2014
113. Mayerhofer J., Enkerli J., Zelger R., Strasser H. (2014) Long-term persistence of *Beauveria brongniartii* BIPESCO 2 used for cockchafer control in the Euroregion Tyrol. SIP 47th Annual meeting Mainz, Germany. 03.08.2014
114. Enkerli J. (2014) Fungi in agricultural systems: function and ecology. Seminar University of Göttingen, Germany. 16.01.2014
115. Widmer F., Hartmann M. (2014) The response of soil microbial diversity to long-term organic and conventional farming. Zürich Mycology Symposium Zürich, Switzerland, ETH-Zurich. 24.01.2014
116. Hartmann M. (2014) Veränderungen des Bodenmikrobioms als Folge von unterschiedlichem landwirtschaftlichen Management. INH-Winterkolloquium Zürich, Schweiz, INH. 20.10.2014
117. Hartmann M. (2014) Microbial ecology in the sequencing era.. Research School in "Infection, Inflammation and Immunity" Tromsø, Norway, University of Tromsø. 02.06.2014
118. Hartmann M. (2014) Deep targeted sequencing to study the microbiome in clinical and natural systems. Research School in "Infection, Inflammation and Immunity" Tromsø, Norway, University of Tromsø. 03.06.2014
119. Eckard S., Bacher S., Enkerli J., Grabenweger G (2014) Wireworm control with entomopathogenic fungi and plant extracts. SIP 47th Annual meeting Mainz, Germany. 03.08.2014
120. Hartmann M. (2014) Deep targeted sequencing to explore the microbiome in clinical and environmental systems. Seminar Helsinki, Finland, University of Helsinki. 09.05.2014
121. Knorst V, Byrne S, Asp T, Widmer F, Kölliker R (2014) Sequencing based identification of candidate genes for disease resistance in ryegrass. Molecular Breeding of Forage and Turf 14, June 9-12, Istanbul, Turkey
122. Hersemann L, Widmer F, Vorhölter F-J, Kölliker R (2014) *Xanthomonas translucens* pv. *graminis* – a minimalistic Xanthomonad. Molecular Breeding of Forage and Turf 14, June 9-12, Istanbul, Turkey
123. Kölliker R, Plant Molecular Ecology (2014) Institute for Agricultural and Fisheries Research ILVO, Melle, Belgium, June 16

7.4 Posterpräsentationen

1. Ahrens C.H., Omasits U., Ravikumar Varadarajan A., Schmid M., Götze S., Québatte M., Dehio C., Christen B., Wollscheid B. (2018) A novel, integrative approach to identify the entire protein coding potential of prokaryotic genomes by proteogenomics. 15.02.2018
2. Fuchsmann P., Tena Stern M., Guggenbühl B. (2018) Analytical mapping of Swiss Gruyère Cheese to highlight the distribution of aroma compounds using HS-ITEX-GC-MS/PFPD. 04.04.2018
3. Meng Y. H., Piccand M., Baumeier Brahier A., Tena Stern M., Lüdin P., Von Ah U., Fuchsmann P. (2018) Identification and characterisation of malty/chocolate flavour compounds generated in a semi-hard cheese by HS-SPME-GC-MS, HS-ITEX-VD-GC-MS-O and GCxGC heart-cut. 04.04.2018
4. Berthoud-dit-Gallon Marchand H., Irmeler S., Meola M., Shani N., Turgay M. (2018) Diversity of *Streptococcus thermophilus* in Gruyère model cheeses. 05.06.2018
5. Zengerer V., Schmid, M., Bieri M., Müller, C. D., Remus-Emsermann, M.N.P, Ahrens C.H., Pelludat C. (2018) *Pseudomonas orientalis* F9: from apple to soil - due to genome sequencing. 05.06.2018
6. Omasits U., Schmid M., Ravikumar Varadarajan A., Somerville V., Bourqui M., Wicki A., Lutz S., Ahrens C.H. (2018) Bioinformatics & Proteogenomics Group – From Genome to Function. 05.06.2018
7. Omasits U., Ravikumar Varadarajan A., Schmid M., Götze S., Bourqui M., Dehio C., Frey J. E., Robinson M., Wollscheid B., Ahrens C.H. (2018) An integrative proteogenomics strategy to identify the entire protein coding potential of prokaryotic genomes. 05.06.2018
8. Schneeberger K., Hilber M., Schmid M., Ortiz-Merino R.A., Butler G., Wolfe K.H., Ahrens C.H., Freimoser F. (2018) From isolation of naturally occurring yeasts that antagonise soilborne plant pathogens towards genome assembly and mechanism of action studies. 05.06.2018

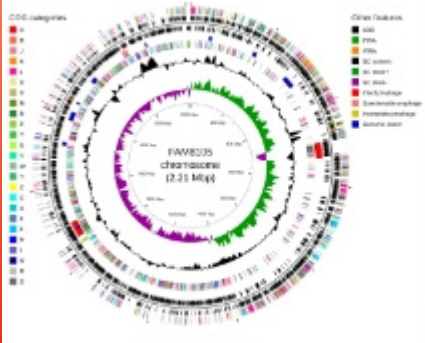
9. Ravikumar Varadarajan A., de Vrieze M., Schneeberger K., Bailly A., Weisskopf L., Ahrens C.H. (2018) Towards linking the variable antagonistic activity of *Pseudomonas* strains against late blight with the underlying genotype - a comparative genomics approach. 06.06.2018
 10. Somerville V., Lutz S., Schmid M., Moser A., Irmiler S., Ahrens C.H. (2018) Utilizing natural whey starter cultures as proof of principle for studying low complex metagenomes by whole genome sequencing. 05.06.2018
 11. Schmid M., Omasits U., Ravikumar Varadarajan A., Kolmogorov M., Yuan J., Frei D., Patrignani A., Schlapbach R., Frey J. E., Remus-Emsermann M.N.P., Pevzner P.A., Wollscheid B., Ahrens C.H. (2018) Pushing the limits of de novo genome assembly for complex prokaryotic genomes and enabling accurate genome annotation by proteogenomics. 13.06.2018
 12. Moser A. (2018) Genetic diversity of *Lactobacillus helveticus* strains from the Agroscope culture collection. FoodMicro 2016, Dublin. 05.06.2018
 13. Shani N., Meola M., Berthoud-dit-Gallon Marchand H. (2018) Active but undetected, detected but inactive; DNA- and RNA-based amplicon sequencing analyses reveal divergent pictures of the bacterial communities in cheese. 05.06.2018
 14. Gschwend F., Walter T., Gramlich A., Widmer F. (2018) Next-generation soil quality monitoring. 20.06.2018
 15. Mayerhofer J., Wächter D., Meuli R. G., Widmer F. (2018) Monitoring of soil bacterial communities across the diverse landscape of Switzerland. 20.06.2018
 16. Gschwend F., Hartmann M., Hug A.-S., Gubler A., Meuli R. G., Frey B., Widmer F. (2018) Long-term stability and habitat specificity of soil microbial communities.. 12.08.2018
 17. Mayerhofer J., Wächter D., Meuli R. G., Kohli L., Roth T, Widmer F. (2018) Bacterial biogeography across the diverse landscape of Switzerland. 12.08.2018
 18. Mayerhofer J., Wächter D., Meuli R. G., Kohli L., Roth T., Widmer F. (2018) Bacterial biogeography across the diverse landscape of Switzerland. 13.09.2018
 19. Longepierre M., Widmer F., Keller T., Weisskopf P., Büchler U., Lesage G., Six J., Hartmann M. (2018) Resistance and resilience of the soil microbiome to mechanical compaction under different agricultural management regimes. 12.08.2018
 20. Fox A., Widmer F., Lüscher A. (2018) Management-induced differences in the bacterial community composition of permanent grasslands are temporally stable over a growing season. 01.10.2018
 21. Barreiro A., Fox A., Widmer F., Lüscher A., Zimmermann J., Musyoki M., Rasche F., Mårtensson L.M. (2018) Soil microbial communities in highland and lowland grasslands under different management intensity. 01.10.2018
 22. Von Ah U., Srikham K. (2018) Selektion von proteolytisch aktiven Stämmen innerhalb der *Leuconostoc* spp. 08.11.2018
 23. Fanny Germanier, Mout De Vrieze, Nicolas Vuille and Laure Weisskopf (2018) The effects of different concentrations and consortia of *Pseudomonas* on potato late blight, (SGP Oftringen)
 24. Zengerer V, Schmid M, Bieri M, Müller C D, Remus-Emsermann MNP, Ahrens CH, Pelludat C (2018). *Pseudomonas orientalis* F9: from apple to soil - due to genome sequencing (Abschlussveranstaltung AFP MikBioDiv, Zürich)
 25. Germanier F, De Vrieze M, Vuille N and Weisskopf L (2018) The effects of different concentrations and consortia of *Pseudomonas* on potato late blight, (SGP Oftringen)
-
26. Ahrens C. H. (2017) An integrative proteogenomics strategy to identify the entire protein-coding potential of prokaryotic genomes. EUBIC Winter School 2017 Semmering Österreich - European Proteome Organization. 11.01.2017
 27. Ahrens C. H. (2017) A novel, integrative approach to identify the entire protein coding potential of prokaryotic genomes by proteogenomics. Prokagenomics 2017 Göttingen - Prokagenomics. 21.09.2017
 28. Ahrens C. H. (2017) Bioinformatics & Proteogenomics Group – From Genome to Function. Austausch Swiss Institute of Bioinformatics - NIBR Basel: Novartis Institute for Biomedical Research - NIBR & SIB. 11.09.2017
 29. Varadarajan A. (2017) An integrative proteogenomics strategy to identify the entire protein coding potential of prokaryotic genomes. FEMS Microbiology Congress Valencia - FEMS. 09.07.2017
 30. Ahrens C. H. (2017) An integrative proteogenomics strategy to identify the entire protein coding potential of prokaryotic genomes. New Approaches and Concepts in Microbiology Heidelberg EMBL - EMBO-EMBL Symposia. 29.06.2017
 31. Ahrens C. H. (2017) A novel, integrative proteogenomics strategy to identify the entire protein coding potential of prokaryotic genomes. Microbiology and Infection 2017 Würzburg, Deutschland - gemeinsame Jahrestagung VAAM DGHM. 07.03.2017
 32. Varadarajan A. (2017) An integrative proteogenomics strategy to identify the entire protein coding potential of prokaryotic genomes. LS2 Annual Conference Universität Zürich - Life Sciences. 03.02.2017
 33. Ahrens C. H. (2017) A generic, integrative proteogenomics approach to identify the entire protein coding potential of prokaryotic genomes. Omics Strategies to Study the Proteome Breckenridge, CO, USA - Keystone Symposia. 30.01.2017
 34. Ahrens C. H. (2017) Multidrug-resistant bacteria and antibiotic treatments. LS2 Annual Meeting Universität Zürich - Life Sciences Switzerland. 03.02.2017

35. G. Pimentel, C. Freiburghaus, U. von Ah, L. H. Münger, R. Badertscher, *et al.* (2017) Postprandial serum lactose after acute intake of milk and yogurt. NuGo Week Varna Bulgarien. 26.08.2017
 36. Irmeler S (2017) Phenotype-genotype matching analysis of 44 *Lactobacillus paracasei* strains. 12th LAB Symposium Liebefeld - Agroscope. 28.08.2017
 37. Irmeler S. (2017) Exploring the diversity of *Lactobacillus helveticus* in dairy products using culture-independent amplicon sequencing. 12th LAB Symposium Liebefeld - Agroscope. 27.08.2017
 38. Irmeler S. (2017) Correlation between biogenic amine contents and 16S rRNA gene amplicon-based sequencing data in Tilsit cheeses. 12th LAB Symposium Liebefeld - Agroscope. 27.08.2017
 39. Shani N. / Meola M. / Berthoud H. (2017) Active but undetected, detected but inactive; DNA- and RNA-based amplicon sequencing analyses reveal divergent pictures of the bacterial communities in cheese. 12th International Symposium on Lactic Acid Bacteria Egmond aan Zee (The Netherlands). 29.08.2017
 40. Berthoud H.; Shani N.; Irmeler S.; Winkler H.; Meola M. (2017) Correlation between biogenic amine contents and 16S rRNA gene amplicon-based sequencing data in Tilsit cheeses. 12th International Symposium on Lactic Acid bacteria Egmond aan Zee. 27.08.2017
 41. Shani (2017) Active but undetected, detected but inactive; DNA- and RNA-based amplicon sequencing analyses reveal divergent pictures of the bacterial communities in cheese. 12th International Symposium on Lactic Acid Bacteria Egmond aan Zee (The Netherlands) on Lactic Acid Bacteria. 29.08.2017
 42. Ueli von Ah, Anne Guisolan, Stefan Irmeler (2017) Phenotype-Genotype matching analysis of 44 *Lactobacillus paracasei* strains. LAB17-Congress Eegmond an der Zee, NL. 28.08.2017
 43. Fernández-Bravo M, Garrido-Jurado, I., Quesada-Moraga, E., Enkerli, J. (2017) Estructura genética y dinámica poblacional de *Beauveria bassiana* (Balsamo) vuill. En diferentes hábitats de un mismo árbol. X Nacional de Entomología Aplicada. XVI Jornadas Científicas de la SEEA Logroño (La Rioja), Spain. 06.10.2017
 44. Vuille N, De Vrieze M, Weisskopf L (2017) Using *Pseudomonas* interactions and their potential synergistic effect for sustainable potato protection against *Phytophthora infestans*; (Euroblight, Denmark)
 45. De Vrieze M, Ravikumar AV, Vuille N, Ahrens CH, Bailly A, Weisskopf L (2017) The potato microbiome and its potential impact on late blight resistance (PlantBioprotech, Reims)
 46. Moser A., Wüthrich D., Meile L., & Irmeler S. (2017) Exploring the diversity of *Lactobacillus helveticus* in dairy products using culture-independent amplicon sequencing, LAB 12 Symposium, Egmond aan Zee, Netherlands
-
47. Omasits U. (2016) Development of a novel, integrative proteogenomics approach to discover the entire protein-coding potential of prokaryotic genomes. Next Generation Sequencing 2016 Barcelona - International Society of Computational Biology. 02.05.2016
 48. Ahrens CH. (2016) Agroscope Network Genomics and Bioinformatics (ANET-GB). Scientific Advisory Board site visit Changins - Agroscope. 23.03.2016
 49. Varadarajan A. (2016) Development of a novel, generic proteogenomics approach to discover the entire protein-coding potential of prokaryotic genomes. Big answers from small packages: systems and synthetic biology of microbes synthetic biology of microbes Rigi - Swiss Academy of Sciences. 24.01.2016
 50. Bär C, Moser A, Wechsler D, Irmeler S (2016) Insights into the microbial biodiversity of cheese. FoodMicro 2016, Dublin FoodMicro 2016, Dublin. 19.07.2016
 51. Moser A, Wüthrich D, Meile L, Irmeler S (2016) Genetic diversity of *Lactobacillus helveticus* strains from the Swiss Agroscope culture collection. FoodMicro 2016, Dublin FoodMicro 2016, Dublin. 19.07.2016
 52. Wüthrich D, Irmeler S, Bruggmann R (2016) Highly Sensitive and Specific Hybrid Bioinformatics Pipeline for Shotgun Metagenomics Sequencing Data. First International Conference of Clinical Metagenomics, Genf First International Conference of Clinical Metagenomics, Genf. 14.10.2016
 53. E. Arias *et al.* (2016) Strain-dependent antilisterial activity of *Marinilactibacillus psychrotolerans* on cheese surface confirmed by in silico analysis. AMP 2016, Montpellier Montpellier. 06.06.2016
 54. M. Storari *et al.* (2016) Lactate racemization in cheese by *Clostridium tyrobutyricum*. IDF Cheese Ripening 2016 Dublin. 11.04.2016
 55. C. Wenzel *et al.* (2016) Influence of *Lactobacillus delbrueckii* on the ripening of raclette cheese. IDF 2016 Cheese Ripening IDF, Dublin. 11.04.2016
 56. M. Chollet *et al.* (2016) Impact of ripening time and addition of *Lactobacillus helveticus* on the maturity of Swiss Raclette cheese. IDF Cheese Ripening IDF, Dublin. 11.04.2016
 57. Mayerhofer J. / Enkerli J (2016) Genetic structure of *Beauveria bassiana* in different habitats of a holm oak tree. 49th Annual Meeting of the Society for Invertebrate Pathology Tours, Loire Valley, France. 24.07.2016
 58. Gschwend F. / Widmer F. (2016) Towards next generation soil quality monitoring: spatio-temporal diversity patterns of soil microbial communities. 3rd Thünen Symposium on Soil Metagenomics Braunschweig, Germany. 14.12.2016
 59. Wunderlin T. / Kiewnick S. / Widmer F. (2016) Interactions between nematodes and bacteria in agricultural soils. Montréal, Canada Montréal, Canada. 22.08.2016
 60. Birrer M. A. / Widmer F. / Kölliker R. (2016) Separation of endophytic and epiphytic phyllosphere bacterial communities of *Lolium* spp. 20th Eucarpia General Congress ETH, Zürich, Switzerland. 29.08.2016

-
61. Gschwend F. / Widmer F. (2016) Influence of environmental factors on soil microbial diversity at arable and grassland sites across Switzerland. SSM Satellite Meeting Environmental Microbiology Bern Expo, Bern, Switzerland. 13.06.2016
62. Rogge S., Mayerhofer J., Enkerli J. / Grabenweger G. (2016) Timing of application of *Metarhizium brunneum* against wireworms in Swiss crop rotation schemes. XXV International Congress of Entomology Orlando Florida, USA. 25.09.2016
63. Enkerli J., Mayerhofer J., Widmer F. (2016) Genetic diversity of *Metarhizium* spp. in grass, wheat, and forest habitats. 49th Annual Meeting of the Society for Invertebrate Pathology Tours, Loire Valley, France. 24.07.2016
64. Birrer M A, Widmer F, Kölliker R (2016) Separation of endophytic and epiphytic phyllosphere bacterial communities of *Lolium* spp. Plant Breeding: the Art of Bringing Science to Life: 20th Eucarpia General Congress, Aug 29 – Sep 1, Zurich, Switzerland.
65. Asccone P., Berthoud H., Irmeler S., Haueter M., Bavan T., Maurer J., Haldemann J., & Wechsler D. (2016) Typing and tracing of *Lactobacillus parabuchneri* in raw milk and cheese, Cheese Science & Technology Symposium, Dublin, Ireland
66. Shani N., Storari M., Eugster E., & Berthoud H. (2016) Evaluation of a pipeline for the investigation of the bacterial diversity in Swiss cheeses by high-throughput sequencing of 16S rRNA genes and transcripts, ISME 16th International Symposium on Microbial Ecology, Montreal, Canada
-
67. Ahrens C.H. (2015) Response to nitrogen limitation in *Burkholderia phymatum* and competition between β -rhizobia for legumes infection. SGM Jahrestagung 2015 Lugano - SGM - Schweizer Gesellschaft für Mikrobiologie. 28.05.2015
68. Ahrens C.H. (2015) The *Listeria monocytogenes* Proteotype. 14th HUPO World Congress Vancouver, Kanada - Human Proteome Organization (HUPO). 27.09.2015
69. Ahrens C.H. (2015) The *Listeria* proteome in two days. Swiss Proteomics Society Conference 2015 Brig - Swiss Proteomics Society. 23.04.2015
70. M. Chollet et al. (2015) Effects of *L. lactis* on histamine content in cheese. 20e Club des bactéries lactiques: Nouveaux défis pour la recherche et l'industrie Lille. 17.06.2015
71. C. Wenzel et al. (2015) Influence of pH on gene expression in *Lactobacillus parabuchneri* FAM21731. 6th Congress of European Microbiologists Maastricht. 09.06.2015
72. Weisskopf L. (2015) When signaling gets smelly: bacterial volatiles and their effects on rhizosphere inhabitants. Rhizosphere 04 Maastricht. 24.06.2015
73. de Vrieze M., Weisskopf L., et al. (2015) The potato microbiome and its potential impact on late blight resistance. Rhizosphere 04 Maastricht. 24.06.2015
74. de Vrieze M., Weisskopf L. et al. (2015) The potato microbiome and its potential impact on late blight. 2. Nationale Ackerbautagung Murten. 03.02.2015
75. de Vrieze M., Weisskopf L., et al. (2015) The potato microbiome and its potential impact on late blight resistance. 10th international PGPR workshop Liège - Université de Liège. 19.06.2015
76. Guyer A., Weisskopf L. et al. (2015) The potential of rhizosphere and phyllosphere *Pseudomonas* sp. for potato late blight control. 2. Nationale Ackerbautagung Murten. 03.02.2015
77. Bönisch D., Bänziger I., Weisskopf L. (2015) The potential of bacteria for the control of common bunt in organic wheat production. 2. Nationale Ackerbautagung Murten. 03.02.2015
78. Birrer M, Widmer F, Kölliker R (2015) Separation of endophytic and epiphytic phyllosphere bacterial communities of *Lolium* spp. 10th International Symposium on Phyllosphere Microbiology, Ascona, Switzerland, July 19-23
79. Knorst V, Widmer F, Studer B, Byrne S, Asp T, Kölliker R (2015) Sequence based identification of resistance genes in *Lolium multiflorum*. XXIII th Plant and Animal Genome Meeting, January 10-14, San Diego, CA, USA
-
80. Ahrens C.H. (2014) Response to nitrogen limitation in the beta-rhizobial strain *Burkholderia phymatum*. 11th European Nitrogen Fixation Conference Teneriffa-ES-. 07.09.2014
81. Gauthier Laurent (2014) Draft genome sequence of the *Apis mellifera* L. filamentous virus (AmFV). Eurbee2014 Murcia. 08.09.2014
82. Irmeler S., Guggenbühl B., Portmann P., Berthoud H. (2014) Synthesis of alanine and 2-aminobutyrate by an aminotransferase in *Pediococcus acidilactici*. LAB11 Symposium, Egmond aan Zee, 31. August bis 4. September 2014 Egmond aan Zee. 31.08.2014
83. Wüthrich D., Irmeler S. et al (2014) Genomic origin of biochemical diversity of *Lactobacillus casei* strains used in Swiss cheese production. LAB11 Symposium, Egmond aan Zee, 31. August bis 4. September 2014 Egmond aan Zee. 31.08.2014
84. Shani N., Marzohl D., Berthoud H. (2014) Known and assumed potential of the Agroscope culture collection. LAB11 Symposium, Egmond aan Zee, 31. August bis 4. September 2014 Egmond aan Zee. 31.08.2014
85. Hug A.-S., Gubler A., Widmer F., Frey B., Oberholzer H.-R., Reto R. G. (2014) Soil biology in the Swiss Soil Monitoring Network NABO. 1st Global Soil Biology Conference Dijon, France. 02.12.2014

86. Brunner I., Rime T., Hartmann M., Frey B. (2014) Pioneering microorganisms from a glacier forefield help to weather the granitic sediment and make trapped nutrients available. 1st Global Soil Biodiversity Conference Dijon, France. 02.12.2014
87. Mayerhofer J., Lutz A., Huang Z., Widmer F., Enkerli J. (2014) Species-specific PCR assay to identify and discriminate *M. pingshaense*, *M. anisopliae*, *M. brunneum*, and *M. robertsii*. SIP 47th Annual Meeting Mainz, Germany. 03.08.2014
88. Hartmann M., Frey B., Mayer J., Mäder P., Widmer F. (2014) Distinct soil microbial diversity under long-term organic and conventional farming. 1st Global Soil Biology Conference Dijon, France. 02.12.2014
89. Hartmann M., Zimmermann S., Widmer F., Niklaus P., Frey B. (2014) Resistance and resilience of the forest soil microbiome to logging associated compaction. 1st Global Soil Biodiversity Conference Dijon, France.. 02.12.2014
90. Hersemann L, Vorhölter F-J, Widmer F, Kölliker R (2014) Virulence factors in *Xanthomonas translucens* pv. *graminis*: sometimes less is more. The 13th International Conference on Plant Pathogenic Bacteria, June 8-13, Shanghai, China
91. Irmeler S., Wechsler D., Eugster E., & Berthoud, H. (2014) Detection of *Lactobacillus parabuchneri*, a potential spoilage organism, in milk and cheese, , LAB 11 Symposium, Egmond aan Zee, Netherlands

8 Proceedings der Abschlusstagung vom 5.6.2018




Final Meeting Agroscope Research Program **Microbial Bio Diversity**

ETH Zurich, June 5, 2018
Abstract Collection

Editors
ARP MicBioDiv Core Team



 Schweizerische Eidgenossenschaft
Confédération suisse
Confederazione Svizzera
Confederaziun svizra

Swiss Confederation

Federal Department of Economic Affairs,
Education and Research EAER
Agroscope

Impressum

Editor	Agroscope Schloss 1, P.O. Box 8820 Wädenswil www.agroscope.ch
ARP MicBioDiv Core Team	Christian Ahrens, Jürg Frey, Stefan Imler, Roland Kölliker, Cosima Pelludat, Laure Weisskopf, Franco Widmer
Information	Jürg Ernst Frey juerg.frey@agroscope.admin.ch
Cover	Agroscope
Layout	Annette von Arx, Agroscope
Download	www.agroscope.ch/science
Copyright	© Agroscope 2018
ISSN	2296-729X
ISBN	978-3-906804-54-5

Table of contents

1	Meeting Program	4
2	Agroscope Research Program (ARP) Microbial Biodiversity – An Overview	5
3	Keynote – The leaf microbiota: disassembling and rebuilding to explore plant microbe interactions	6
4	Comparative genomics of 9 Pseudomonas strains isolated from the native potato microbiome to explore their varying antagonistic activity against late blight	7
5	Insights into the apple flower microbiome: First data on effects of fungicide application and different varieties	8
6	BIOINVENT: A Pan-European inventory of grassland soil microbial biodiversity and its functional properties	9
7	Relation of soil properties, land use types and soil microbial communities in a nation-wide survey	10
8	Metabarcoding for a poly-phasic soil quality assessment	11
9	Keynote – Microbiome composition, activity and variation profiling: tools and applications	12
10	Towards utilizing microbiomes – applying functional genomics approaches to move from genomes towards functions	13
11	Studying low complex metagenomes by whole genome sequencing	14
12	The diversity of Lactobacillus helveticus in dairy products	15
13	Microbial diversity in cheese and dairy products	16
14	Posters	17

1 Meeting Program

Opening: 08:30 – 08:45 Jürg E. Frey Agroscope

Agroscope Research Program Microbial Biodiversity – An Overview

Keynote: 08:45 – 09:25 Julia Vorholt ETHZ

The leaf microbiota: disassembling and rebuilding to explore plant microbe interactions

09:25 Adithi Varadarajan

Comparative genomics of 9 *Pseudomonas* strains isolated from the native potato microbiome to explore their varying antagonistic activity against late blight

09:50 Andrea Braun Kiewnick

Insights into the apple flower microbiome: First data on effects of fungicide application and different varieties

10:15 – 10:45 Break / Coffee

10:45 Aaron Fox

BIOINVENT: A Pan-European inventory of grassland soil microbial biodiversity and its functional properties

11:10 Johanna Mayerhofer

Relation of soil properties, land use types and soil microbial communities in a nation-wide survey

11:35 Florian Gschwend

Metabarcoding for a poly-phasic soil quality assessment

12:00 – 13:00 Lunch

13.00 – 13:45 Poster Session

Keynote: 13:45 – 14:25 Shinichi Sunagawa ETHZ

Microbiome composition, activity and variation profiling: tools and applications

14:25 Christian Ahrens

Towards utilizing microbiomes – applying functional genomics approaches to move from genomes towards functions

14:50 Vincent Somerville

Studying low complex metagenomes by whole genome sequencing

15:15 – 15:45 Break / Coffee

15:45 Aline Moser

The diversity of *Lactobacillus helveticus* in dairy products

16:10 Marco Meola

Microbial diversity in cheese and dairy products

16:35 – 17:00 Discussion

2 Agroscope Research Program (ARP) Microbial Biodiversity – An Overview

Jürg E. Frey

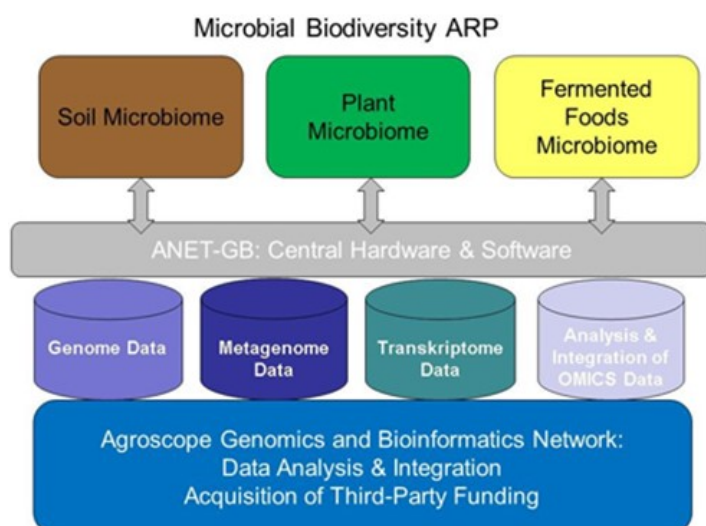
Agroscope, Molecular Diagnostics, Genomics & Bioinformatics, Wädenswil

Over the past decade, program research has become one of the cornerstones of Agroscope research. It enables to specifically promote agricultural research topics that were identified as highly relevant, that are innovative, interdisciplinary, and importantly, that further collaboration among different Agroscope research groups as well as with external researchers. The selection process for ARPs is highly competitive and requires acquisition of matching third-party funds.

The ARP Microbial Biodiversity was initiated by Elisabeth Eugster and Barbara Guggenbühl, then of the research group “Cultures, Biodiversity and Terroir” at Agroscope Liebefeld-Posieux ALP in Liebefeld. The overarching aim of this ARP is to identify and eventually further, utilize and apply possible beneficial effects of specific microbial communities for improved and sustainable agricultural and food production. This is to be achieved by studying and describing microbiomes, i.e. the totality of microorganisms in an ecosystem, as well as the functions of the most important players in three ecosystems that are highly relevant for the agriculture and food sector: soil, plant, and fermented dairy products.

These three ecosystems are studied in three Work Packages (WP). WP 1 deals with the soil microbiome, with its manifold functions in agriculture. WP 2 analyses the plant microbiome, with a main aim to identify microorganisms, which have a favorable influence on important crop plants, and which may contribute to reduce pathogen infestation. WP 3 analyses the microbiomes of fermented dairy products, which are important Swiss agricultural commodities.

A fourth WP involves the setting up of an Agroscope-wide expert network in genomics and bioinformatics and the corresponding infrastructure. The aim is to develop and apply state of the art methods to describe microbiomes and to functionally characterize relevant strains using functional genomics approaches. These core competences are applied in interdisciplinary collaboration with the ARP and beyond.



Internet: <http://www.agroscope.ch/mikrobielle-biodiversitaet>

During the past four years, technologies and methods have been implemented and developed in Agroscope projects and fundamental knowledge has been built that will promote and direct Agroscope research activities into the future.

3 Keynote – The leaf microbiota: disassembling and rebuilding to explore plant microbe interactions

Julia A. Vorholt

Institute of Microbiology, Swiss Federal Institute of Technology Zurich, Zurich, Switzerland

The aerial parts of the plants, which are dominated by leaves, represent one of the largest terrestrial habitats for microorganisms. There is a growing interest to study commensal bacteria to elucidate their interactions with the plants, among each other and to learn how they withstand the hostile conditions of their habitat. A predominance of Proteobacteria, Actinobacteria and Bacteroidetes living in the phyllosphere of numerous plants has been revealed, while metagenomics and metaproteomics approaches gave insights into the general bacterial adaptation strategies to the phyllosphere. We conducted large-scale experiments to isolate *Arabidopsis thaliana* leaf bacteria as pure cultures. Individual plants as well as individual leaves were sampled at different European sites to determine their core leaf community and to establish a reference strain collection using flow cytometry and dilution series plating. After identifying approximately 3,000 isolates using a high-throughput DNA sequencing-based method we selected more than 200 representative strains belonging to 52 genera of the major phyllosphere phyla covering the majority of the culture-independent taxonomic diversity. Draft genomes of all selected isolates were generated. Recolonization experiments using synthetic communities in a gnotobiotic model system showed reproducible colonization patterns and represents a valuable starting point to identify mechanisms of community formation and function. Examination of plant responses to its microbiota revealed that the plant reacts differently to members of its natural phyllosphere microbiota. A subset of commensals increase expression of defense-related genes and thereby contribute to plant health and performance.

4 Comparative genomics of 9 *Pseudomonas* strains isolated from the native potato microbiome to explore their varying antagonistic activity against late blight

Adithi R. Varadarajan^{1,2,3}, Mout De Vrieze⁴, Kerstin Schneeberger^{1,2}, Aurélien Bailly⁵, Laure Weisskopf⁴, Christian H. Ahrens^{1,2}

¹Agroscope, Molecular Diagnostics, Genomics & Bioinformatics, Wädenswil

²SIB Swiss Institute of Bioinformatics, Wädenswil, Switzerland

³Department of Health Sciences and Technology, Institute of Molecular Systems Biology, Swiss Federal Institute of Technology Zurich, Zurich, Switzerland

⁴Department of Biology, University of Fribourg, Fribourg, Switzerland

⁵Department of Plant and Microbial Biology, University of Zurich, Zurich, Switzerland

In natural and agro-ecosystems, plants are largely colonized by diverse communities of microorganisms. Some of these microorganisms, alternatively called Plant Growth Promoting Bacteria (PGPB), show protection against various phytopathogens that otherwise suppress plant growth and negatively affect food production. Late blight, caused by the oomycete *Phytophthora infestans* remains a major threat for potato production worldwide. With the EU banning the use of copper-based fungicides, the identification of alternative biocontrol agents is urgently needed.

In this interdisciplinary collaboration, we build upon the results of Prof. Weisskopf's group who had isolated 200 bacterial strains from the phyllosphere and rhizosphere of field-grown potatoes and assessed their potential for biocontrol activity against *P. infestans* using a functional *in vitro* screening assay. The 9 most promising strains, all belonging to the genus *Pseudomonas*, were further characterized for their effects on mycelial growth, sporangia germination, and zoospore production and behavior using *in vitro* growth assays and a leaf disc assay to assess symptom development on plant tissue.

To enable the identification of the genomic determinants of their antagonistic activity, these 9 strains were subjected to whole genome sequencing. Using data from both Pacific Biosciences and Illumina we *de novo* assembled a complete genome for each strain using our modular genome assembly pipeline that integrates state of the art, open source software solutions. Genome annotation and comparative genomics analysis revealed the presence of genes coding for well-known antimicrobial and anti-oomycete compounds such as HCN, pyoverdine, pyrrolnitrin, phenazine and several cyclic lipopeptides, but not in all active strains. By correlating the *in vitro* and *in planta* phenotypic assays with the genotype, i.e. strain specific genes and orthologous genes that are shared only between the active strains, we aim to gain further clues about differences in the mechanisms of inhibitory action between active and inactive strains, first at the genome and ultimately at the transcriptome level. These findings should provide a better understanding and insights into the potential utility of microbiome-isolated bacteria, more specifically *Pseudomonas*, in fighting late blight.

5 Insights into the apple flower microbiome: First data on effects of fungicide application and different varieties

Andrea Braun Kiewnick¹, Florian Gschwend², Veronica Zengerer¹, Franco Widmer², Cosima Pelludat¹

¹Agroscope, Phytopathology and Zoology in Fruit and Vegetable Production, Wädenswil

²Agroscope, Molecular Ecology, Zurich Reckenholz

The indigenous microbiome of apple flowers may have a strong influence on the occurrence of diseases such as fire blight, depending on the presence of antagonists. Therefore, we analyzed the microbiome of apple flowers in dependence of sampling time, application of pesticides or apple variety. We used a metabarcoding approach based on amplicon sequencing of 16S rRNA and ITS markers for bacterial and fungal identification, respectively. Samples were taken from flowers of fungicide treated and untreated two-year old Golden Delicious trees placed between older Boskoop background trees in an orchard in 2016 and 2017. Samples from additional apple varieties located in the same orchard were collected in 2017 only. Sequence analyses of all samples resulted in 1381 bacterial and 1797 fungal OTUs. Alpha-diversity indicated an overall low diversity of bacterial and fungal communities for both years, with higher values for Golden Delicious flowers when samples were taken at full bloom compared to petal fall. No fungicide effect was observed on bacterial and fungal community structures. However, a detailed analysis at the single OTU level of most prevalent species demonstrated a fungicide treatment effect on the bacterial species *Buchnera aphidicola* and the fungal species, *Podosphaera leucotricha*, an important apple powdery mildew pathogen. In addition, rank abundance curves revealed five bacterial and eight fungal OTUs to be dominant in the samples, including the well-known fire blight antagonists *Erwinia tasmaniensis* and *Aureobasidium pullulans*. Finally, an influence of the apple variety on the relative abundance of most dominant bacterial and fungal species was detected, indicating that apple flowers shape their own microbiome. Thus, we could demonstrate that fire blight antagonists were present in high abundance in the apple flower microbiome, which may be used to develop new measures for fire blight control.

6 BIOINVENT: A Pan-European inventory of grassland soil microbial biodiversity and its functional properties

Aaron Fox^{1,2}, Andreas Lüscher¹ and Franco Widmer²

¹Agroscope, Forage Production and Grassland Systems, Zurich Reckenholz

²Agroscope, Molecular Ecology, Zurich Reckenholz

Comprising 58 million hectares, permanent grasslands account for 34 % of agricultural land in the European Union (EU) plus Switzerland. Currently, the Common Agricultural Policy and Habitats Directive of the EU highlight the need to promote extensively managed grasslands (PEGS). In contrast to the more conventional intensively managed grasslands, PEGS are characterized by limited or no fertilizer input and enhanced above-ground biodiversity. The capacity of PEGS to promote soil microbial diversity, however, is largely unknown, as are the interactions between above- and below-ground biodiversity. Such research gaps hinder the justification for the larger-scale adoption of these systems. The principle aim of the BIOINVENT project is to further the understanding of how PEGS influence microbial diversity and its functional potential on a European-scale. The centralizing hypotheses for the project are (i) grassland management is a stronger regulator of soil microbial diversity than agro-ecological distinctions in Europe and (ii) PEGS select for, and harbor, microbial groups, which show a stronger functional adaptation to below-ground resource limitation.

For a pan-European survey a North-South transect was established with 4 participating countries and 5 regions, i.e. Sweden (SE), Germany (DE), Switzerland (CH), Portugal (PT) and the Azores (AZ) in the summer of 2017. In each country, permanent grasslands of 3 management types were sampled; intensive, low intensive and PEGS. Furthermore, the sampling campaign of each participating country was divided into a 'favorable' agricultural region, where agricultural productivity is optimal and an 'unfavorable' region where agricultural productivity may be constrained by certain environmental/climatic conditions, with 360 sites being sampled in total. From each site, soil samples were taken to study the compositional and functional characteristics of the microbiome and the plant community composition was also recorded. A multidisciplinary approach will be employed to analyze the microbiome, with each country specializing in a technique, namely; next generation sequencing of the bacterial and fungal communities (CH), phospholipid fatty acid analysis (SE), qPCR of functional genes involved in the Nitrogen (N) and Phosphorus (P) nutrient cycles (DE) and enzymatic analyses of the N and P nutrient cycles (PT). In addition, to complement the European survey, CH is undertaking a number of more focused experiments. These aim to untangle the effects that the multiple interconnecting variables inherent to such a survey (i.e. plant community composition, soil nutrient status and discrepancies in sampling time) would have on microbial composition and function. The same interdisciplinary strategy used in the survey is also employed to examine the microbiome in these experiments. Analyses from both the survey and the focused experiment is ongoing.

The BIOINVENT project aims to further understand how the composition and functional potential of the microbiome is controlled along gradients of both management and agro-ecological gradients in Europe. The knowledge gained on how PEGs enhance these capabilities will be used to develop strategies for monitoring both their status and trends in European grasslands.

7 Relation of soil properties, land use types and soil microbial communities in a nation-wide survey

Johanna Mayerhofer¹, Reto Giulio Meuli², Tobias Roth³, Lukas Kohli³, Franco Widmer¹

¹Agroscope, Molecular Ecology, Zurich Reckenholz

²Agroscope, NABO, Zurich Reckenholz

³BDM, Hintermann & Weber AG, Reinach

Soil monitoring programs, such as the Swiss Soil Monitoring Network (NABO), aim at assessing current and long-term soil quality in order to ensure sustainable land-use. At the same time, they provide a framework to study potential effects of spatial and environmental factors on microbial community structures in soils. Switzerland is particularly suitable for such a project because of its highly diverse landscape within a relatively small area. We sampled soil from 255 sites (with four replicates per site) on a regular grid across the entire nation covering various environmental gradients, e.g., elevation (267 – 2,741), mean annual temperature (-3 – 12°C), precipitation (19 – 466 mm) and pH (2.7 – 7.8). Sites were characterized based on plant communities, land-use types as well as climatic, geologic, and geographic factors; soils were characterized according to pH, bulk density, as well as carbon- and nitrogen-content. Soil bacterial and fungal communities were assessed using metabarcoding of genetic markers from the ribosomal operon.

In total, 28.7 million bacterial sequences were clustered into 49,280 operational taxonomic units (OTU with 97% sequence identity) and 30.5 million fungal sequences were clustered into 21,291 OTUs. The 255 sites harbored distinct bacterial and fungal communities, as shown by reclassification success revealed by canonical analysis of principal coordinates (CAP). Permutational analysis of variance (PERMANOVA) revealed that land-use type and biogeographic regions significantly affected bacterial and to a lower degree fungal communities. Environmental factors influencing the bacterial community structures included, in descending order of contribution, pH, index of indicator plants for nutrients, elevation, carbon-to-nitrogen ratio and bulk density. Only little variation of fungal communities was explained by environmental factors where the most important factor was the index of indicator plants for nutrients. Bacterial and fungal communities were significantly correlated with the plant communities present at the sites.

In summary, an inventory of bacterial and fungal communities along environmental gradients as well as among land-use types and biogeographic regions was compiled, which revealed distinctness of microbial communities at sites, land use-types, and geographic regions. Greater explanatory power of environmental factors was found for bacterial than for fungal communities.

8 Metabarcoding for a poly-phasic soil quality assessment

Florian Gschwend¹, Kilian Aregger², Martin Hartmann³, Anna Hug⁴, Andreas Gubler⁴, Anja Gramlich², Beat Frey⁵, Thomas Walter², Reto G. Meuli⁴, Franco Widmer¹

¹Agroscope, Molecular Ecology, Zurich Reckenholz

²Agroscope, Agricultural Landscapes and Biodiversity, Zurich Reckenholz

³Sustainable Agroecosystems, Institute of Agricultural Sciences, Department of Environmental Systems Science, Swiss Federal Institute of Technology Zurich, Zurich, Switzerland

⁴Agroscope, Swiss Soil Monitoring Network, Zurich Reckenholz

⁵Rhizosphere Processes, Forest Soils and Biogeochemistry, Swiss Federal Institute for Forest, Snow and Landscape Research WSL, Birmensdorf, Switzerland

Routine soil quality monitoring relies mainly on physico-chemical analyses, despite the known functional importance of microorganisms for soil ecosystems. To assess the potential of metabarcoding of soil microbial communities for long-term soil quality monitoring, we first studied the stability of soil microbial community structures over five years in soils of 30 sites of the Swiss Soil Monitoring Network (NABO), and, secondly, we compared the performance of metabarcoding and physico-chemical analyses for discriminating samples from seven fields at one location according to their exposure history to waterlogging and agricultural use. In the first study system, samples were taken from arable land, grassland, and forest sites with yearly triplicates from 10 sites per land-use type, resulting in 450 samples. Metabarcoding analyses of bacterial and fungal community structures revealed land-use type and site specificity as well as temporal stability of the soil microbial communities. Furthermore, among the 11'083 fungal OTUs, we could detect 62 OTUs assigned to species of Swiss national priority, underlining the potential of metabarcoding to support and complement conservation strategies based on morphological surveys. The design of the second study system, allowed discrimination of the three factors waterlogging, agricultural use, and field site. Metabarcoding data revealed better discrimination of exposure history compared to physico-chemical data, indicating that metabarcoding data better differentiates alterations in closely related soils. At the OTU level, a potential indicator group for waterlogging stress assigned to the bacterial genus *Anaerolinea* could be identified, which demonstrates, how metabarcoding can be used for the development of bioindicators for a targeted monitoring. Together, these results show the long-term stability and habitat sensitivity of soil microbial communities, allowing to implement metabarcoding for soil microbial biomonitoring. Metabarcoding yields data from community to single OTU level, which enables use in a poly-phasic soil quality assessment. Therefore, next-generation DNA sequencing technologies pave the way for next-generation soil quality monitoring.

9 Keynote – Microbiome composition, activity and variation profiling: tools and applications

Shinichi Sunagawa

Institute of Microbiology, Swiss Federal Institute of Technology Zurich, Zurich, Switzerland

Microbial communities are found everywhere. The advent of next generation sequencing (NGS) and the development of computational approaches has transformed the way how we tackle questions, such as: who is there, what do they do and why? I will highlight recent trends and challenges using real-world examples of studies on human-associated and ocean microbial communities. These systems have been studied at large scale and using different strategies of metagenomic (and metatranscriptomic) data analysis to uncover the biodiversity, ecological drivers, and population structure of microbial communities.

10 Towards utilizing microbiomes – applying functional genomics approaches to move from genomes towards functions

Michael Schmid^{1,2}, Ulrich Omasits^{1,2}, Adithi R. Varadarajan^{1,2}, Stefanie Lutz^{1,2}, Adrian Wicki^{1,2}, Marc Bourqui^{1,2}, Kerstin Schneeberger^{1,2}, Daniel Frei¹, Stefan Irmeler³, Klaus Schläppi⁴, Marcel van der Heijden⁵, Florian Freimoser⁶, Juerg E. Frey¹, Christian H. Ahrens^{1,2}

¹Agroscope, Molecular Diagnostics, Genomics & Bioinformatics, Wädenswil

²SIB Swiss Institute of Bioinformatics, Wädenswil, Switzerland

³Agroscope, Biochemistry of Milk and Microorganisms, Bern Liebefeld

⁴Institute of Plant Sciences, University of Bern, Bern, Switzerland

⁵Agroscope, Plant-Soil Interactions, Zurich Reckenholz

⁶Agroscope, Phytopathology and Zoology in Fruit and Vegetable Production, Wädenswil

A central aim of the Agroscope Research Program Microbial Diversity was to build up core competences in genomics and bioinformatics in order to describe the species composition of diverse microbiomes by metagenomics and to study individual isolates with functional genomics technologies.

A complete and accurately annotated genome sequence provides the basis to study genome rearrangements and evolution over time and to identify strain-specific sequences for diagnostic purposes. Moreover, it represents the optimal basis to carry out functional genomics studies relying on condition-specific gene or protein expression data. Therefore, we first established a modular pipeline for *de novo* genome assembly and continuously extended its capabilities and applications. Furthermore, a proteogenomics solution for improved genome annotation was developed with funding from the Swiss National Science Foundation.

We closely collaborate with several experimental groups that have established functional assays enabling them to isolate individual, functionally relevant strains involved e.g. in biocontrol, biostimulation, or antibiotics resistance from complex microbiomes. Such interdisciplinary collaborations are essential for Agroscope's aim to bring microbiome research into applied practice. We subsequently *de novo* assembled complete genomes of such strains using the latest Next Generation Sequencing (NGS) technologies and assembly algorithms. Applying comparative genomics approaches allows us to place the isolated bacterial or fungal strains into the context of publicly available genome sequences, while using transcriptomics we aim to identify the genes responsible e.g. for the protective effect of an isolated strain against a plant pathogen and to subsequently unravel the mechanisms of action.

In this talk, I will provide a synopsis of our work over the past four years and highlight some of the lessons learnt. Going forward, we will continue to develop bioinformatics capabilities to analyze and integrate additional functional genomics data types including proteomics, metabolomics and transposon mutagenesis data.

11 Studying low complex metagenomes by whole genome sequencing

Vincent Somerville^{1,2}, Stefanie Lutz^{1,2}, Michael Schmid^{1,2}, Aline Moser³, Stefan Irmeler³, Christian H. Ahrens^{1,2}

¹Agroscope, Molecular Diagnostics, Genomics & Bioinformatics, Wädenswil

²SIB Swiss Institute of Bioinformatics, Wädenswil, Switzerland

³Agroscope, Biochemistry of Milk and Microorganisms, Bern Liebefeld

The soil, plant and food microbiomes that were studied in the ARP Microbial Biodiversity differ substantially in terms of their complexity: the soil microbiome represents by far the most complex, while the natural whey starter cultures (NWCs) that are used in cheese making represented the least complex microbiome. Previous studies, mostly based on amplicon-based metagenomics, concur that the microbial composition in NWCs is indeed of rather low complexity. Three species are generally pre-dominating: *Streptococcus thermophilus*, *Lactobacillus helveticus*, and *Lactobacillus delbrueckii*.

Using two NWCs from Swiss Gruyère producers as a pilot study, we subjected them to whole genome metagenomics sequencing on the Pacific Biosciences Sequel system. For one NWC, we achieved the complete assembly of all dominant genomes, including those of plasmids and phages, while the second NWC was more complex. We further show that the complexity of the samples was even lower than implied by previous studies. These findings were corroborated by a 16S rRNA based amplicon survey. In addition, we could uncover biologically relevant insights by linking the plasmids to their respective host genomes and by matching the CRISPR repeats of the phage with its prokaryotic target. These results could only be achieved by employing long reads that were able to span intragenomic as well as intergenomic repeats.

Here, we show the feasibility of *de novo* assembly of complete genomes based on shotgun metagenomics sequencing data (3rd generation NGS long reads) from of low complex NWCs, which has not been explored in depth so far.

12 The diversity of *Lactobacillus helveticus* in dairy products

Aline Moser¹, Stefan Irmeler¹

¹Agroscope, Biochemistry of Milk and Microorganisms, Bern Liebefeld

Lactobacillus helveticus is known for its highly proteolytic activity and certain strains exhibit a high rate of autolysis. Both characteristics beneficially influence cheese ripening, for example by decreasing the ripening time and by improving the flavor development. These biotechnologically important characteristics are strain specific and *L. helveticus* strains isolated from the same ecological niche can exhibit a high degree of phenotypic heterogeneity.

The aim of the present study was to analyze the diversity and population dynamics of *L. helveticus* in dairy environments and thereby gain insights into the ecological mechanisms of intra-species diversity. In order to achieve these goals, a culture-independent typing method was developed. The amplicon sequencing-based sequence typing method targets the *slpH* locus that encodes a putative surface layer protein and showed high level of genetic heterogeneity. High-throughput sequencing of the *slpH* gene and the detection of single-base DNA sequence variations differentiated between 30 different sequence types out of 78 different isolates. The sequence typing method was used to assess the diversity of *L. helveticus* in natural whey cultures (NWCs) collected from different Swiss Gruyère cheese factories. In addition, the population dynamics of *L. helveticus* was monitored during six months of cheese ripening in Swiss Gruyère-type cheese. The study showed that three to four *L. helveticus* sequence types (STs) occurred in NWCs and that these STs were also found in cheese manufactured with the respective NWC. Although the relative abundance of STs fluctuated during cheese ripening, most of the STs persisted during the entire ripening time. The results showed that NWCs harbor a wide diversity of *L. helveticus* strains that form a stable co-existence over time. Furthermore, the developed method proved to be a suitable tool for tracking the population composition of *L. helveticus* in dairy products. The method can be used in future studies to track individual strains and possibly identify associations of desired as well as undesired cheese properties with certain strains or strain compositions.

13 Microbial diversity in cheese and dairy products

Marco Meola¹, Noam Shani¹, H el ene Berthoud¹

¹Agroscope, Fermentation Organisms, Bern Liebefeld

Cheese is a dairy product, whose flavor and, texture is strongly influenced by microbial activity during ripening. Despite the long cheese manufacturing tradition, little is known about the microbial diversity present in Swiss cheeses and its dynamics during ripening. In this study, a culture-independent approach was used to study the bacteria present during cheese manufacture and ripening in many different Swiss cheese types.

To fully appreciate the overall microbial diversity present in various types of Swiss cheese, we applied amplicon-based next-generation sequencing (NGS) targeting the ubiquitous and highly conserved gold marker gene encoding the 16S ribosomal RNA (16S). An optimized bioinformatics pipeline, together with the manually curated 16S DAIRYdb developed in collaboration with INRA, allowed us to significantly improve accuracy and speed of the bioinformatics analysis.

We present the microbial community structures detected in different types of Swiss cheese (*i.e.*, Emmentaler, Gruyere, Raclette) and milk. Different cheese types showed distinct microbial community structures as expected. Surprisingly, the community structures varied significantly between samples of the same cheese type. Moreover, the microbial community structure between the amplicon sequencing results of 16S rRNA (cDNA) and 16S rDNA (genomic) of the same samples differed clearly.

Overall, biodiversity in most cheese types appeared to be low (<20 different species) due to the dominance of few phylogenetic related bacterial species. However, resolution at strain level using oligotyping or shotgun metagenomics showed that biodiversity is underestimated at species level.

Further technological improvements are needed to increase resolution of microbial communities in cheeses to strain level. Quality improvements of long read sequencers, such as Nanopore Sequencing, might allow to target longer fragments of marker genes, such as the complete ribosomal operon (*rnn*). The length of about 5kb of the *rnn* would allow to increase the resolution and so to distinguish different strain or genotypes within a species. Only after achieving that level of resolution it might be possible to reveal real microbial community dynamics in cheese and dairy products and their impact on their quality.

14 Posters

Genetic diversity of *Lactobacillus helveticus* strains from the Swiss Agroscope culture collection

Moser A^{1,3}, Wüthrich D², Meile L³, Irmeler S¹

¹Agroscope, Biochemistry of Milk and Microorganisms, Bern Liebefeld; ²University of Bern, Interfaculty Bioinformatics Unit, Bern, Switzerland; ³ETH Zurich, Zurich, Switzerland

Exploring the diversity of *Lactobacillus helveticus* in dairy products – a culture-independent approach

Moser A^{1,3}, Wüthrich D², Meile L³, Irmeler S¹

¹Agroscope, Biochemistry of Milk and Microorganisms, Bern Liebefeld; ²University of Bern, Interfaculty Bioinformatics Unit, Bern, Switzerland; ³ETH Zurich, Zurich, Switzerland

Pseudomonas orientalis F9: from apple to soil - due to genome sequencing

Zengerer V¹, Schmid M², Bieri M¹, Müller DC¹, Remus-Emsermann MNP^{3,4}, Ahrens CH² and Pelludat C¹

¹Agroscope, Phytopathology and Zoology in Fruit and Vegetable Production, Wädenswil; ²Agroscope, Molecular Diagnostics, Genomics & Bioinformatics & SIB Swiss Institute of Bioinformatics, Wädenswil; ³School of Biological Sciences, University of Canterbury, Christchurch, New Zealand; ⁴Biomolecular Interaction Centre, University of Canterbury, Christchurch, New Zealand

Bioinformatics & Proteogenomics Group – From Genome to Function

Omasits U^{1,2}, Schmid M^{1,2}, Varadarajan AR^{1,2}, Somerville V^{1,2}, Bourqui M^{1,2}, Wicki A^{1,2}, Lutz S^{1,2} & Ahrens CH^{1,2}

¹Agroscope, Molecular Diagnostics, Genomics & Bioinformatics & ²SIB Swiss Institute of Bioinformatics, Wädenswil, Switzerland

An integrative proteogenomics strategy to identify the entire protein coding potential of prokaryotic genomes

Omasits U^{1,2}, Varadarajan AR^{1,2}, Schmid M^{1,2}, Götze S^{3,4}, Bourqui M^{1,2}, Dehio C⁵, Frey JE¹, Robinson M², Wollscheid B^{3,4}, Ahrens CH^{1,2}

¹Agroscope, Molecular Diagnostics, Genomics & Bioinformatics & ²SIB Swiss Institute of Bioinformatics, Wädenswil, Switzerland; ³Department of Health Sciences and Technology & ⁴Institute of Molecular Systems Biology, ETH Zurich, Zurich, Switzerland; ⁵Biozentrum Basel, Basel, Switzerland

From isolation of naturally occurring yeasts that antagonise soilborne plant pathogens to genome assembly and mechanism of action studies

Schneeberger K^{1,2}, Hilber-Bodmer M³, Schmid M^{1,2}, Ortiz-Merino RA⁴, Butler G⁴, Wolfe KH⁴, Ahrens CH^{1,2}, Freimoser FM³

¹Agroscope, Molecular Diagnostics, Genomics & Bioinformatics & ²SIB, Swiss Institute of Bioinformatics, Wädenswil, Switzerland; ³Agroscope, Phytopathology; ⁴Conway Institute, University College Dublin

Towards linking the variable antagonistic activity of *Pseudomonas* strains against late blight with the underlying genotype - a comparative genomics study

Varadarajan AR^{1,2,3}, De Vrieze M⁴, Schneeberger K^{1,2}, Bailly A⁵, Weisskopf L⁴, Ahrens CH^{1,2}

¹Agroscope, Molecular Diagnostics, Genomics & Bioinformatics, Wädenswil; ²SIB Swiss Institute of Bioinformatics, Wädenswil, Switzerland; ³Department of Health Sciences and Technology, Institute of Molecular Systems Biology, Swiss Federal Institute of Technology Zurich, Zurich, Switzerland; ⁴Department of Biology, University of Fribourg, Fribourg, Switzerland; ⁵Department of Plant and Microbial Biology, University of Zurich, Zurich, Switzerland

Utilizing natural whey starter cultures as proof of principle for studying low complex metagenomes by whole genome sequencing

Somerville V^{1,2}, Lutz S^{1,2}, Schmid M^{1,2}, Moser A³, Irmeler S³, Ahrens CH^{1,2}

¹Agroscope, Molecular Diagnostics, Genomics & Bioinformatics, Wädenswil, Switzerland; ²SIB Swiss Institute of Bioinformatics, Wädenswil, Switzerland; ³Agroscope, Biochemistry of Milk and Microorganisms, Bern Liebefeld

Diversity of *Streptococcus thermophilus* in Gruyère model cheeses

Berthoud H¹, Irmeler S¹, Meola M¹, Shani N¹, and Turgay M¹

¹Agroscope, Biochemistry of Milk and Microorganisms, Bern Liebefeld

Active but undetected, detected but inactive; DNA- and RNA-based amplicon sequencing analyses reveal divergent pictures of the bacterial communities in cheese

Shani N¹, Meola M¹, and Berthoud H¹

¹Agroscope, Biochemistry of Milk and Microorganisms, Bern Liebefeld

Correlation between biogenic amine contents and 16S rRNA gene amplicon-based sequencing data in Tilsit cheeses

Berthoud H¹, Shani N¹, Irmeler S¹, Winkler H¹ and Meola M¹

¹Agroscope, Biochemistry of Milk and Microorganisms, Bern Liebefeld

***Metarhizium brunneum* was effectively used for biocontrol of *Agriotes* spp. in pot experiments: an ideal setup to study non-target effects on soil microorganisms**

Mayerhofer J¹, Eckard S², Leuchtmann A³, Widmer F¹, Grabenweger G², Hartmann M⁴, Enkerli J¹

¹Agroscope, Molecular Ecology, Zurich Reckenholz; ²Agroscope, Ecology of Noxious and Beneficial Organisms, Zurich Reckenholz; ³Plant Ecological Genetics, Swiss Federal Institute of Technology Zurich, Zurich, Switzerland; ⁴Rhizosphere Processes, WSL, Birmensdorf, Switzerland



Schweizerische Eidgenossenschaft
Confédération suisse
Confederazione Svizzera
Confederaziun svizra

Swiss Confederation

Federal Department of Economic Affairs,
Education and Research EAER
Agroscope