

Verborgene Biodiversität – die Vielfalt der Mikroorganismen in unseren Böden

Johanna Mayerhofer¹, Beat Frey², Florian Gschwend¹, Reto Meuli¹ und Franco Widmer¹

¹ Agroscope, Reckenholzstrasse 191, CH-8046 Zürich

² Eidg. Forschungsanstalt für Wald, Schnee, und Landschaft WSL, Zürcherstrasse 111, CH-8903 Birmensdorf
johanna.mayerhofer@agroscope.admin.ch; beat.frey@wsl.ch; florian.gschwend@agroscope.admin.ch,
reto.meuli@agroscope.admin.ch, franco.widmer@agroscope.admin.ch

Boden ist ein Habitat, das eine grosse Vielfalt an Mikroorganismen, d.h. Bakterien, Archaeen, Pilzen und Protisten, beherbergt. Wir wissen, dass diese Kleinstlebewesen für eine Vielzahl spezifischer Bodenfunktionen verantwortlich sind. Im Rahmen des Biodiversitätsmonitorings der Schweiz haben wir an 255 Standorten die Diversität der Bodenbakterien und -pilze untersucht. Insgesamt wurden 109 693 Bakterien- und 28 085 Pilztaxa gefunden, wobei etwa $\frac{2}{3}$ der Bakterien- und $\frac{1}{3}$ der Pilztaxa einer Gattung und der Rest nur einer höheren taxonomischen Klasse zugeordnet werden konnte. Die verschiedenen Landnutzungstypen unterschieden sich signifikant in Vielfalt und Struktur ihrer Bakterien- und Pilzgemeinschaften. Innerhalb des Waldes waren z.B. Pilzgemeinschaften signifikant vom Waldtyp und Bakteriengemeinschaften am stärksten vom pH des Bodens bestimmt. Unsere erste systematische Erhebung von Bakterien und Pilzen in Schweizer Böden zeigte eine immense und dem Lebensraum angepasste mikrobielle Diversität, deren umfassende funktionelle Bedeutung wir erst beginnen zu verstehen.

1 Mikroorganismen in Böden

1.1 Wie vielfältig sind Mikroorganismen im Boden?

Boden bietet einer enormen Vielfalt unterschiedlicher Lebewesen Raum zum Leben. Diese Lebewesen unterscheiden sich auch in ihrer Grösse und werden in Makro-, Meso- und Mikroorganismen eingeteilt. Bodenmikroorganismen umfassen Bakterien, Archaeen, Pilze und Protisten. Gemäss Schätzungen, die auf globalen Daten basieren, leben zwischen 1000 und 10000 verschiedene mikrobielle Arten in einem Gramm Boden (BARDGETT und VAN DER PUTTEN 2014). Die Anzahl aller mikrobiellen Individuen in einem Gramm Boden wird auf Milliarden geschätzt. Der Grossteil dieser immensen Diversität wurde bis jetzt weder umfassend beschrieben noch ihre fundamentale funktionelle Bedeutung untersucht. Dies ist aber gerade in einer Zeit, in der die Funktion des Bodens und dessen Schutz mehr und mehr in den Fokus rücken, von zentraler Bedeutung. Die Herausforderung liegt in der enormen Diversität und der grösstenteils schwierigen Kultivierbarkeit der Mik-

roorganismen, welche in komplizierten Nährstoff- und Wachstumsanforderungen begründet ist.

Mikrobielle Gemeinschaften in Schweizer Böden wurden in unterschiedlichen Lebensräumen und Landnutzungstypen untersucht (ADAMCZYK *et al.* 2019; GSCHWEND *et al.* 2021; MAYERHOFER *et al.* 2021a; YASHIRO *et al.* 2016). Eine systematische Erfassung der bakteriellen Diversität wurde in einem Teil des Beprobungsrasters Z9 des Biodiversitätsmonitorings (BDM; www.biodiversitymonitoring.ch; HINTERMANN und WEBER 2000) beschrieben (MAYERHOFER *et al.* 2021a). Der Datensatz basierte auf 255 Standorten, die regelmässig über die ganze Schweiz verteilt waren. Insgesamt wurden etwa 109 693 Bakterien- und 28 085 Pilztaxa (sogenannte «Sequenztypen») gefunden. Pro Standort kamen im Durchschnitt 1874 unterschiedliche Bakterien- und 308 Pilztaxa vor. Von den Bakterientaxa konnten 67,5 %, von den Pilztaxa nur 33,8 % bis auf Gattungsebene bestimmt werden. Im Bodenmonitoringsystem der Nationalen Bodenbeobachtung (NABO) wurden Bakterien und Pilze an 30 Standorten seit 2012 erfasst. Dieses System erlaubt es,

zeitliche Veränderungen der Bodenmikroorganismen in Böden zu bestimmen. Es zeigte sich, dass zumindest über 5 Jahre Bakterien und Pilze in Böden stabile, ihrem Standort angepasste Gemeinschaften bildeten (GSCHWEND *et al.* 2021). Zusammenfassend zeigen diese Untersuchungen, dass Böden eine hohe Vielfalt an Mikroorganismen beinhalten, die stabile Gemeinschaften bilden, und dass besonders bei den Pilzen ein Grossteil der Taxa noch unbekannt ist.

1.2 Welche Funktionen erfüllen Mikroorganismen im Boden?

Bodenmikroorganismen sind für viele Funktionen, die der Boden im Ökosystem erfüllt, verantwortlich. Dazu zählt ihr essentieller Beitrag zu Nährstoffkreisläufen von Stickstoff, Phosphor, Kohlenstoff oder Schwefel. Eine weitere Funktion von Bodenmikroorganismen ist die Bildung von Biomasse, die anderen Lebewesen als Nahrungsquelle dient. Bodenmikroorganismen interagieren eng mit anderen Lebewesen. Zum Beispiel unterstützen sie das Pflanzenwachstum, indem sie komplexes organisches Material zu pflanzenverfügbaren Nährstoffen wie Ammonium und Nitrat umwandeln. Eine weitere Funktion von Mikroorganismen im Boden ist der Abbau von organischen, toxischen Verbindungen. Zum Beispiel können gewisse Bakterien und Pilze Erdöl, das natürlicherweise oder nach einem Unfall in den Boden gelangt ist, abbauen (VARJANI 2017). Ein weiteres Beispiel für den mikrobiellen Abbau von Schadstoffen ist der Abbau von Pflanzenschutzmitteln (KUMAR *et al.* 2018). Die Interaktion mit anderen Lebewesen kann auch in Form von Infektionen stattfinden,

da im Boden auch Krankheitserreger von Pflanzen, Insekten und auch dem Menschen vorkommen (BAUMGARDNER 2012; MAKIOLA *et al.* 2022; MAYERHOFER *et al.* 2015). Beispiele für humanpathogene Bakterien im Boden sind *Clostridium botulinum* und *C. tetanus*, die Botulismus und Wundstarrkrampf auslösen können. Auch tragen Mikroorganismen zur Bodenstruktur bei. Die Bodenstruktur wird insbesondere durch Pilzfäden, welche Bodenpartikel umschliessen, gefördert und stabilisiert (RITZ und YOUNG 2004). Dadurch erhöht sich das Volumen von Bodenporen, die mit Wasser oder Luft gefüllt sind, was den Gehalt und die Verteilung von Nährstoffen beeinflusst.

1.3 Wie werden Bodenmikroorganismen untersucht?

Bodenmikroorganismen sind nur sehr schwer morphologisch bestimmbar, deshalb werden heutzutage hauptsächlich molekulare Methoden verwendet, um die Zusammensetzung und Struktur der Gemeinschaften von Bodenmikroorganismen zu bestimmen. Erst diese molekularen Methoden ermöglichen es, die enorme Vielfalt an Mikroorganismen überhaupt zu erfassen und stellen somit einen Durchbruch in der Erforschung der Bodenmikroorganismen dar. So kann z.B. die Bestimmung von Pilzen mit molekularen Methoden auf Pilzfäden ohne Präsenz von Fruchtkörpern basieren. Dies ist ein Vorteil, weil manche Pilze schwierig identifizierbare oder gar keine Fruchtkörper produzieren und weil Fruchtkörper meist nur zu einer bestimmten Zeit wachsen. Eine molekulare Methode, die einen hohen Durchsatz erlaubt, ist das «Metabarcoding» (TABERLET *et al.* 2012), mit dem theoretisch die Diversität aller Organismen erfasst werden kann, indem ein kurzes Stück des Erbguts (ein «Barcode») aller Organismen entschlüsselt und mit Referenzdaten verglichen wird. Es gibt spezifische «Barcodes» für unterschiedliche Organismengruppen. Für das «Metabarcoding» wird die gesamte DNS, z.B. einer Bodenprobe, extrahiert und danach werden die «Barcodes» durch die Polymerasekettenreaktion (engl. PCR) isoliert und deren Sequenz (Abfolge der DNS-Bausteine) bestimmt. Quali-

tativ hochwertige Sequenzen werden herausgefiltert und mit taxonomischen Datenbanken abgeglichen. Die Anzahl der erhaltenen Sequenzen pro Taxon erlaubt es zusätzlich, die relative Häufigkeit eines Taxons abzuschätzen und zwischen verschiedenen Proben zu vergleichen.

2 Wald und andere Landnutzungstypen

2.1 Wie beeinflusst Landnutzung die Bodenmikroorganismen?

Für das menschliche Auge ist es ein Leichtes, unterschiedliche Landnutzungstypen wie Wald, Wiese und Ackerflächen an den dort lebenden Pflanzen zu erkennen. Auch innerhalb des Waldes lassen sich verschiedene Waldtypen, wie Laub-, Nadel- und Mischwald, unterscheiden. Verborgen bleibt jedoch, ob und vor allem wie sich auch die Vielfalt und die Gemeinschaftsstrukturen der Bodenmikroorganismen dieser Landnutzungstypen unterscheiden. Landnutzungstypen unterscheiden sich im anthropogenen Einfluss, unter dem sie stehen und in der Tier- und Pflanzenwelt, die dort lebt, aber nicht nur darin. Faktoren wie Klima und Geologie beeinflussen die Bodeneigenschaften, die zu verschiedenen Bodenfunktionen beitragen, welche wiederum unterschiedliche Landnutzungen

erlauben. Der anthropogene Einfluss auf landwirtschaftlich genutzten Flächen beinhaltet die Bodenbearbeitung, den Einsatz von Hilfsstoffen wie Düngung und Pflanzenschutzmittel und den Anbau und das Ernten von Pflanzen. Im Wald kommt nur letzteres zu tragen. Die Unterschiede bei den klimatischen Bedingungen zwischen Landnutzungstypen sind weniger deutlich und hier meist durch höhenabhängige Faktoren wie Temperatur und Niederschlag gegeben. Ackerland liegt generell in tieferen, wärmeren und trockeneren Regionen, während Grasland und Wald auf sehr unterschiedlichen Höhen verbreitet sind.

Die Beprobung des BDM umfasste fünf verschiedene Landnutzungstypen; Acker (26 Standorte), Wiese (60), alpines Grasland (47), Wald (113) und Siedlung (9). Siedlungen wurden wegen der geringen Anzahl von den weiteren Analysen ausgenommen. Im Acker und in der Wiese war die Anzahl der unterschiedlichen Bakterientaxa signifikant höher (durchschnittlich 2133 und 1986 Taxa) als im alpinen Grasland und im Wald (1818 und 1753; Abb. 1a). Mit der Vielfalt der Pilze verhielt es sich ähnlich wie mit jener der Bakterien: Im alpinen Grasland und Wald wurde die niedrigste Anzahl gefunden (durchschnittlich 258 und 279 Taxa), gefolgt von Wiesen (347), und die höchste Pilzdiversität wurde im Acker (404) gefunden (Abb. 1b). Möglicherweise ist die höhere Anzahl an

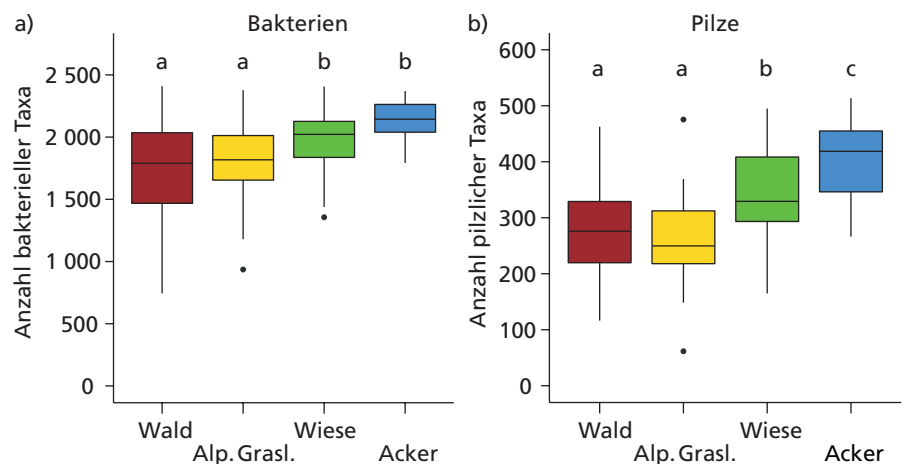


Abb. 1. Unterschiede in der Anzahl an bakteriellen (a) und pilzlichen (b) Taxa definiert als ASVs (Sequenztypen, engl.: «amplicon sequence variants») zwischen Landnutzungstypen wie Wald (braun), alpines Grasland (gelb), Wiese (grün) und Acker (blau). Die Daten beziehen sich auf Mittelwerte pro Standort. Anzahl der Standorte pro Landnutzungstyp: Acker (26 Standorte), Wiese (60), alpines Grasland (47), Wald (113). Buchstaben repräsentieren signifikante Unterschiede (ANOVA und TukeyHSD; $p < 0,05$).

Tab. 1. Unterschiede von Bakterien- und Pilzgemeinschaftsstrukturen zwischen Landnutzungs- und Waldtypen ermittelt durch «permutationelle multivariate Varianzanalyse» (PERMANOVA).

Gemeinschaft	Faktor	Erklärte Varianz [R ² , %]	p-Wert
Bakterien	Landnutzung	9,95	0,001
	Waldtyp*	2,61	0,162
Pilz	Landnutzung	8,76	0,001
	Waldtyp	4,13	0,001
	Laubwald – Mischwald	2,47	0,001
	Mischwald – Nadelwald	2,59	0,001
	Laubwald – Nadelwald	4,99	0,002

* Varianzanalyse war nicht signifikant, daher keine weiteren Analysen

Bakterien- und Pilztaxa in Wiese und Acker durch den Eintrag von Dünger, die Fruchtfolge und die Bearbeitung der Böden bedingt. Organische Dünger wie Mist und Gülle oder Kompost und Gärgut enthalten neben Nährstoffen eine hohe Diversität an Mikroorganismen (MAYERHOFER *et al.* 2021b), die im Vergleich zu den im Boden lebenden Mikroorganismen sehr unterschiedlich sein kann. Auch Bodenbearbeitung, wie z.B. das Pflügen im Acker und die daraus resultierende Belüftung und Durchmischung des Bodens, kann zu einer Veränderung der mikrobiellen Gemeinschaften führen (DEGRUNE *et al.* 2019). Ein weiterer Einflussfaktor ist die Fruchtfolge, bei der über Samen und Setzlinge Mikroorganismen eingetragen werden können und durch Stoffe, die Pflanzen an den Boden abgeben, unterschiedliche Mikroorganismen gefördert werden (CADOT *et al.* 2021). Somit können all diese Faktoren zu einer Veränderung und Erhöhung der Diversität führen.

Die Vielfalt oder Anzahl der Taxa ist ein wichtiger Parameter in der Biodiversitätsforschung, jedoch wird hier die Identität der Taxa, das heisst, ob und welche Taxa an mehreren Standorten vorkommen, nicht miteinbezogen. Um die Identität zu berücksichtigen, werden ganze Gemeinschaftsstrukturen ausgewertet. Die Gemeinschaftsstruktur in einer Probe besteht aus allen Taxa und ihren Häufigkeiten und wird paarweise zwischen Proben verglichen. Statistische Auswertungen (Tab.1) zeigten, dass sich Landnutzungstypen des BDM signifikant in ihren Bakterien- und Pilzgemeinschaftsstrukturen unterschieden. Diese Resultate un-

terstreichen, dass Landnutzung einen wichtigen Einfluss auf mikrobielle Gemeinschaften hat.

2.2 Welche Faktoren beeinflussen Bakterien und Pilze im Wald?

Insgesamt wurden 104242 Bakterien- und 22264 Pilztaxa in 113 Waldböden gefunden. Die durchschnittliche Anzahl Taxa pro Standort betrug 1753 für Bakterien und 279 für Pilze (Abb. 1). Die Pilzgemeinschaften im Wald unterschieden sich stark zwischen den Standorten. Ein paarweiser Vergleich der Pilztaxa zwischen allen Standorten zeigte, dass durchschnittlich nur 8,6 % der Pilztaxa in zwei (oder mehr) Waldstandorten vorkamen. Für die Bakteriengemeinschaften lag dieser Wert nur wenig höher, und zwar bei 13,8 %. Dies verdeutlicht, dass jeder Standort eine sehr spezifische Kombination an Mikroorganismen beherbergt, welche zum Teil auf unterschiedliche Bodenbedingungen und Interaktionen mit anderen Lebewesen zurückzuführen sind.

Im BDM werden Nadel-, Laub- und Mischwälder ausgewiesen. Die Anzahl der Bakterien- und auch die der Pilztaxa unterschied sich nicht signifikant zwischen den Waldtypen. Die Analysen der Gemeinschaftsstrukturen ergaben jedoch, dass sich auch die Bakteriengemeinschaften nicht zwischen den Waldtypen unterschieden (Tab. 1), jedoch waren sie signifikant abhängig vom Boden-pH-Wert, der von 2,9 bis 7,4 reichte. Pilzgemeinschaftsstrukturen unterschieden sich schwach aber signifikant zwischen den Waldtypen, wobei die grössten Unter-

schiede zwischen Nadel- und Laubwald gefunden wurden. Die Unterschiede der Pilzgemeinschaften nahmen von Laub- zu Misch- und zu Nadelwald zu, was sich vermutlich durch eine enge Beziehung der Pilze zu Pflanzen erklären lässt. Die Pilzfamilien Russulaceae (dt. Täublingsverwandte), Inocybaceae (dt. Risspilzverwandte), Thelephoraceae (dt. Warzenpilzverwandte), Sebacinaceae (dt. Wachskrustenverwandte) und Tylosporaceae (dt. Gewebehautverwandte) waren signifikant mit dem Wald assoziiert, das heisst, sie waren häufiger (höhere relative Häufigkeit der totalen Anzahl an Pilzsequenzen) und weiter verbreitet (an mehr Standorten vorkommend) im Vergleich zu den anderen Landnutzungstypen. Von allen fünf oben genannten Familien ist bekannt, dass sie viele Vertreter beinhalten, die als «Ektomykorrhizapilze» das Wachstum von Holzpflanzen unterstützen (TEDERSOO *et al.* 2010; PÖLME *et al.* 2020).

Zusammenfassend lässt sich anhand des BDM-Datensatzes zeigen, dass Waldböden spezifische Pilz- und Bakteriengemeinschaften beinhalten. Jedoch zeigten diese auch grosse Unterschiede zwischen den Standorten innerhalb des Waldes. Des Weiteren waren Bakteriengemeinschaften im Wald hauptsächlich vom Boden-pH-Wert und Pilzgemeinschaften von der Pflanzengemeinschaft geprägt.

Neben Untersuchungen von Bodenmikroorganismen an unterschiedlichen Standorten ist es auch interessant, ihre Verteilung im Bodenprofil zu untersuchen, da die Lebensbedingungen, wie z.B. die Nährstoffverfügbarkeit, sich mit der Bodentiefe verändern. Ausserdem hat der Unterboden in der Wasserspeicherung und Kohlenstoffsequestrierung eine grosse Bedeutung. Bakterien- und Pilzgemeinschaften zeigten signifikante Unterschiede zwischen Bodenschichten, und diese Unterschiede waren für Bakterien ausgeprägter als für Pilze (FREY *et al.* 2021). Das zeigt, dass sich die Mikrobiologie im Boden über die Fläche und in der Tiefe verändert.

Waldböden können unterschiedlichen Stressfaktoren, wie z. B. Verdichtung durch schwere Holzerntemaschinen, Trockenheit oder erhöhter Stickstoffeintrag, ausgesetzt sein. Der Einsatz von schweren Holzerntema-

schinen übt eine hohe mechanische Belastung auf die Böden unter den Fahrspuren aus und führt zu verdichteten Böden mit verändertem Gas- und Wasserhaushalt. Studien zeigten, dass die Böden unter den Spurrillen veränderte Bakterien- und Pilzgemeinschaften beinhalteten (HARTMANN *et al.* 2014; FREY *et al.* 2011). In den verdichteten Böden wurden vermehrt anaerob wachsende Bakterien gefunden, was die reduzierte Sauerstoffverfügbarkeit widerspiegelt. Ausserdem wurden dort erhöhte Häufigkeiten von methanproduzierenden Mikroorganismen und erhöhte Mengen von dem Treibhausgas Methan gemessen. Innerhalb der Pilzgemeinschaften fiel eine reduzierte Häufigkeit der Ektomykorrhizapilze in den belasteten Böden auf, was möglicherweise das Wachstum von Holzpflanzen einschränkt. Ein weiterer Stressfaktor mit einem signifikanten Effekt auf Bakterien- und Pilzgemeinschaften ist Trockenheit (HARTMANN *et al.* 2017; HERZOG *et al.* 2019). Ein langjähriger Versuch mit Bewässerung eines von Trockenheit geprägten Waldes zeigte, dass sich die Zusammensetzung der Bodenmikroorganismen zwischen den trockenen und den bewässerten Flächen unterschied und wichtige Funktionen wie Kohlenstoffsequestrierung, Nährstoffumsetzung und Streuabbau beeinträchtigt waren. Auch eine hohe Stickstoffdeposition im Wald kann einen Einfluss auf Pilzgemeinschaften haben. Eine Studie zeigte, dass spezifische Gattungen mit Vertretern der Ektomykorrhiza entweder positiv oder negativ beeinflusst wurden (FREY *et al.* 2020).

Zusammenfassend wird klar, dass Bodeneigenschaften und Standortunterschiede die Diversität der Bakterien- und Pilzgemeinschaften in Waldböden beeinflusst und dass Bakterien und Pilze auf unterschiedliche Stressfaktoren, wie Trockenheit und Verdichtung, reagieren.

3 Ausblick

Herausforderungen für die zukünftige Erforschung der Mikroorganismen im Boden sind die Beschreibung der bisher unbekanntenen Diversität und die Erfassung ihrer Funktionen in Ökosys-

temen und Landnutzungen. Eine Möglichkeit, Funktionen von Mikroorganismen mit molekularen Methoden zu bestimmen, ist die Sequenzierung der gesamten Erbinformation (engl. «shotgun sequencing»). Dabei werden möglichst alle Gene von allen Organismen in einer Probe erfasst, und diese können dann bestimmten Funktionen zugeordnet werden (FREY *et al.* 2022). Jedoch ist die Abdeckung aller Gene in einer Bodenprobe aus technischen und meist auch finanziellen Gründen im Moment noch nicht gegeben, und auch die Funktionen vieler Gene sind noch nicht bekannt. Ein interessanter Punkt bei der Erforschung der Funktionen von Bodenmikroorganismen ist die Frage, ob Funktionen von vielen verschiedenen Organismen durchgeführt werden können oder nur von wenigen Spezialisten. Mikrobielle Taxa könnten schützenswert sein, wenn ihre Häufigkeit zurückgeht und damit wichtige Funktionen verloren gehen. Für den Schutz seltener Pilztaxa gibt es eine so genannte «Rote Liste» in der gefährdete Arten aufgelistet sind. Bis jetzt beruhen diese «Rote Liste» auf morphologischen Bestimmungen, aber sie könnte durch molekulare Methoden ergänzt werden.

Ein weiterer wichtiger Aspekt ist die Abschätzung der Effekte von Stressfaktoren auf die Bodenbiodiversität und ihren Funktionen. Solche Stressfaktoren auf Bodenlebewesen umfassen beispielsweise Trockenheit, Verschmutzung oder Verdichtung, welche auf verschiedenen Zeitskalen mikrobielle Gemeinschaften verändern können. In diesem Zusammenhang ist es besonders wichtig, das Potential von mikrobiellen Gemeinschaften für Anpassungsfähigkeit, Resistenz und Resilienz so wie auch dessen Förderung besser zu verstehen.

Eine weitere Herausforderung bildet die Erforschung der kleinräumigen Verteilung der Mikroorganismen innerhalb der Bodenporen und -aggregaten. Durch das komplexe System von Bodenporen und -aggregaten gibt es unzählige nahe, aber abgegrenzte Nischen für Mikroorganismen, und deswegen können sie trotz räumlicher Nähe möglicherweise nicht interagieren. Im Moment wird die Gemeinschaft in einer definierten Bodenprobe, z.B., in einem halben Gramm, analy-

siert ohne, dass die kleinräumige Verteilung berücksichtigt wird. Daher können keine Schlüsse über mögliche direkte Interaktionen gezogen werden. Die Erforschung von Interaktionen zwischen vielen verschiedenen Taxa im Boden würde es erlauben, Funktionen, an denen viele verschiedene Lebewesen beteiligt sind, besser zu verstehen.

4 Danksagung

Die Erforschung der Bodenmikroorganismen im BDM-Beprobungssystem wurde vom BAFU und von Agroscope finanziell unterstützt. Unser Dank geht an das Feldteam von Hintermann & Weber für die Beprobung der Böden, Stefanie Pfister für die Laborarbeit, die Mitarbeiter vom NABO für die Bestimmung der chemischen und physikalischen Bodenfaktoren und Pierluigi Calanca für die Berechnung der Klimadaten.

5 Literatur

- ADAMCZYK, M.; HAGEDORN, F.; WIPF, S.; DONHAUSER, J.; VITTOZ, P.; RIXEN, C.; FROSSARD, A.; THEURILLAT, J.-P.; FREY, B., 2019: The soil microbiome of GLORIA mountain summits in the Swiss Alps. *Front. Microbiol.* 10: 1080.
- BARDGETT, R.D.; VAN DER PUTTEN, W.H., 2014: Belowground biodiversity and ecosystem functioning. *Nature* 515: 505–511.
- BAUMGARDNER, D.J., 2012: Soil-related bacterial and fungal infections. *The Journal of the American Board of Family Medicine* 25, 5: 734–744.
- CADOT, S.; GUAN, H.; BIGALKE, M.; WALSER, J.-C.; JANDER, G.; ERB, M.; VAN DER HEIJDEN, M.G.A.; SCHLAEPLI, K., 2021: Specific and conserved patterns of microbiota-structuring by maize benzoxazinoids in the field. *Microbiome* 9, 103.
- DEGRUNE, F.; BOERAEVE, F.; DUFRÈNE, M.; CORNÉLIS J.-T.; FREY, B.; HARTMANN, M., 2019: The pedological context modulates the response of soil microbial communities to agroecological management. *Front. Ecol. Evol.* 7.
- FREY, B.; NIKLAUS, P.A.; KREMER, J.; LÜSCHER, P.; ZIMMERMANN, S., 2011: Heavy-machinery traffic impacts methane emissions as well as methanogen abundance and com-

- munity structure in oxic forest soils. *Applied and Environmental Microbiology* 77: 6060–6068.
- FREY, B.; CARNOL, M.; DHARMARAJAH, A.; BRUNNER, I.; SCHLEPPI, P., 2020: Only minor changes in the soil microbiome of a sub-alpine forest after 20 years of moderately increased nitrogen loads. *Frontiers in Forests and Global Change* 3: 77.
- FREY, B.; WALTHERT, L.; PEREZ-MON, C.; STIERLI, B.; KOECHLI, R.; DHARMARAJAH, A.; BRUNNER, I., 2021: Deep soil layers of drought-exposed forests harbor poorly known bacterial and fungal communities. *Front. Microbiol.* 12: 674160.
- FREY, B.; VARLIERO, G.; QI, W.; STIERLI, B.; WALTHERT, L.; BRUNNER, I., 2022: Shotgun metagenomics of deep forest soil layers show evidence of altered microbial genetic potential for biogeochemical cycling. *Front. Microbiol.* 13: 828977.
- GSCHWEND, F.; HARTMANN, M.; HUG, A.; ENKERLI, J.; GUBLER, A.; FREY, B.; MEULI, R. G.; WIDMER, F., 2021: Long-term stability of soil bacterial and fungal community structures revealed in their abundant and rare fractions. *Mol. Ecol.* 30: 4305–4320.
- HARTMANN, M.; NIKLAUS, P. A.; ZIMMERMANN, S.; SCHMUTZ, S.; KREMER, J.; ABARENKOV, K.; LÜSCHER, P.; WIDMER, F.; FREY, B., 2014: Resistance and resilience of the forest soil microbiome to logging-associated compaction. *The ISME Journal* 8: 226–244.
- HARTMANN, M.; BRUNNER, I.; HAGEDORN, F.; BARDGETT, R. D.; STIERLI, B.; HERZOG, C.; CHEN, X.; ZINGG, A.; GRAF-PANNATIER, E.; RIGLING, A.; FREY, B., 2017: A decade of irrigation transforms the soil microbiome of a semi-arid pine forest. *Mol. Ecol.* 26: 1190–1206.
- HERZOG, C.; HARTMANN, M.; FREY, B.; STIERLI, B.; RUMPEL, C.; BUCHMANN, N.; BRUNNER, I., 2019: Microbial succession on decomposing root litter in a drought-prone Scots pine forest. *The ISME Journal*. 13: 2346–2362.
- HINTERMANN, U.; WEBER, D.; ZANGGER, A.; SCHMILL, J., 2000: Biodiversity monitoring in Switzerland. *Schr.reihe Landsch. pfl. Nat.schutz* 62: 47–58.
- KUMAR, S.; KAUSHIK, G., DAR, M.A.; NIMESH, S.; LÓPEZ-CHUKEN, U.J.; VILLARREAL-CHIU, J.F., 2018: Microbial degradation of organophosphate pesticides: A review. *Pedosphere* 28, 2: 190–208.
- MAKIOLA, A.; HOLDAWAY, R.J.; WOOD, J.R.; ORWIN, K.H.; GLARE, T.R.; DICKIE, I.A., 2022: Environmental and plant community drivers of plant pathogen composition and richness. *New Phytologist* 233: 496–504.
- MAYERHOFER, J.; ENKERLI, J.; ZELGER, R.; STRASSER, H., 2015: Biological control of the European cockchafer: persistence of *Beauveria brongniartii* after long-term applications in the Euroregion Tyrol. *BioControl* 60: 617–629.
- MAYERHOFER, J.; WÄCHTER, D.; CALANCA, P.; KOHLI, L.; ROTH, L.; MEULI, R.G.; WIDMER, F., 2021a: Environmental and anthropogenic factors shape major bacterial community types across the complex mountain landscape of Switzerland. *Front. Microbiol.* 12.
- MAYERHOFER, J.; THUERIG, B.; OBERHAENSLI, T.; ENDERLE, E.; LUTZ, S.; AHRENS, C.H.; FUCHS, J.G.; WIDMER, F., 2021b: Indicative bacterial communities and taxa of disease-suppressing and growth-promoting composts and their associations to the rhizoplane. *FEMS Mol. Ecol.* 97.
- PÖLME, S.; ABARENKOV, K.; HENRIK NILSSON, R. *et al.*, 2020: FungalTraits: a user-friendly traits database of fungi and fungus-like stramenopiles. *Fungal Divers.* 105: 1–16.
- RITZ, K.; YOUNG, I.M., 2004: Interactions between soil structure and fungi. *Mycologist* 18, 2: 52–59.
- TABERLET, P.; COISSAC, E.; POMPANON, F.; BROCHMANN, C.; WILLERSLEV, E., 2012: Towards next-generation biodiversity assessment using DNA metabarcoding. *Mol. Ecol.* 21: 2045–2050.
- TEDERSOO, L.; MAY, T.W.; SMITH, M.E., 2010: Ectomycorrhizal lifestyle in fungi: global diversity, distribution, and evolution of phylogenetic lineages. *Mycorrhiza* 20: 217–263.
- VARJANI, S.J., 2017: Microbial degradation of petroleum hydrocarbons. *Bioresour. Technol.* 223: 277–286.
- YASHIRO, E.; PINTO-FIGUEROA, E.; BURI, A.; SPANGENBERG, J. E.; ADATTE, T.; NICULITA-HIRZEL, H.; GUISAN, A.; VAN DER MEER, J.R., 2016: Local environmental factors drive divergent grassland soil bacterial communities in the Western Swiss Alps. *Appl. Environ. Microbiol.* 82, 21: 6303–6316.

Abstract

Hidden biodiversity – microorganisms living in our soils

Soil harbours an enormous diversity of soil microorganisms, including bacteria, archaea, fungi and protists. Further, soil microorganisms are involved in a large number of important soil functions. Taking advantage of the “Biodiversity Monitoring of Switzerland”, bacterial and fungal communities were assessed in soils at 255 sites. In total, 109693 bacterial and 28085 fungal taxa were detected. Only one third of the fungal and two thirds of the bacterial taxa were classified at the genus level, revealing a high number of undescribed taxa. Land-use types differed in their richness and structure of bacterial and fungal communities. Within forests fungal communities differed among forest types, while bacterial communities were most strongly associated to pH. Our first systematic assessment of soil microorganisms revealed highly diverse communities, which are adapted to their habitat. But, we have only started to understand their functions.

Keywords: Soil microbial diversity, metabarcoding, land-use, soil monitoring, environmental drivers



Diese Publikation ist Open Access und alle Texte und Fotos, bei denen nichts anderes angegeben ist, unterliegen der Creative-Commons-Lizenz CC BY 4.0. Sie dürfen unter Angabe der Quelle frei vervielfältigt, verbreitet und verändert werden.