

Klimawandel

Emission von Treibhausgasen aus landwirtschaftlich genutzten Böden

MICHAEL SCHLOTER¹, KRISTINA SCHAUSS¹, JEAN CHARLES MUNCH¹, VIVIANE RADL², BRIGITTE HAI², ANDREAS GATTINGER³

¹INSTITUT FÜR BODENÖKOLOGIE, HELMHOLTZ ZENTRUM MÜNCHEN, ²LEHRSTUHL FÜR BODENÖKOLOGIE, TECHNISCHE UNIVERSITÄT MÜNCHEN, FREISING-WEIHENSTEPHAN, ³GEOHUMUS INTERNATIONAL GMBH, FRANKFURT

Die landwirtschaftliche Nutzung von Böden kann durch den Eintrag von Nitrat und Biomasse sowie deren mikrobiellen Abbau zu erhöhten Emissionen klimarelevanter Spurengase beitragen. Ein besseres Verständnis dieser Abbauprozesse und vertiefte Kenntnisse der molekularen Grundlagen der Expression entsprechender Gene der Mikroorganismen könnten helfen, die Methode der Bodennutzung so zu modifizieren, dass die Emission von Treibhausgasen minimiert werden kann.

Understanding how microbial communities act in soils will allow an improvement of agricultural management and a reduction of greenhouse gas emissions.

■ Böden gelten als Senken für Kohlenstoff und Stickstoff. Verlieren Böden diese Funktion, hat dies dramatische Auswirkungen. Die Bodenqualität wird durch einen Verlust an Stickstoff und Kohlenstoff verringert. Dadurch vermindert sich der Anteil an Huminstoffen und die Menge an Pilzhyphen, die den Boden zusammenhalten, und die Erosionsgefahr nimmt zu. Gleichzeitig sinkt die Kapazität der Böden, Wasser zu speichern und Schad-

stoffe abzubauen. Häufig reduziert sich die Produktivität solcher Flächen. Zudem beschleunigen die erhöhten Emissionen von Kohlendioxid (CO₂), Methan (CH₄) oder Lachgas (N₂O) den Klimawandel, da sie den Treibhauseffekt vorantreiben. Besonders Methan und Lachgas können durch ihr 23- bzw. 296-faches Erwärmungspotenzial im Vergleich zu CO₂ zur Erderwärmung beitragen^[1].

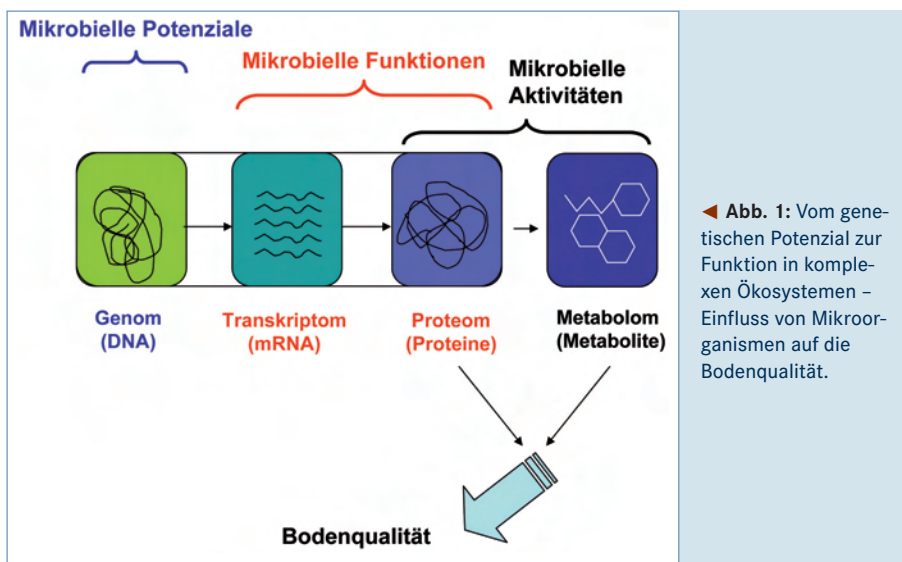
Landwirtschaftliche Nutzung beeinflusst mikrobielle Prozesse im Boden

Landwirtschaftliche Bewirtschaftung kann sowohl die Gemeinschaft der Mikroorganismen im Boden beeinflussen als auch die Expression spezifischer mikrobieller Gene, die an physiologischen Transformationsprozessen beteiligt sind, induzieren oder reprimieren. So kann sich die Zusammensetzung der aktiven Mikroorganismengemeinschaft und deren Funktion in konventionell bewirtschafteten Standorten deutlich von organisch bewirtschafteten Flächen unterscheiden^[2]. Auch kann der Einsatz von Pflanzenschutzmitteln Struktur und Funktion der Mikroorganismengemeinschaft verändern^[3, 4] und das Ausbringen von Gülle zu Verschiebungen innerhalb der mikrobiellen Lebensgemeinschaften des Bodens führen^[5]. Die Auswahl der angebauten Pflanzen beeinflusst die Zusammensetzung von Bakterien, Pilzen und Archaea, besonders in der Rhizosphäre der Nutzpflanzen und der Streuschicht des Bodens^[6].

Ein vertieftes Verständnis der Phylogenie und Physiologie mikrobieller Populationen, die an entsprechenden Schlüsselprozessen beteiligt sind^[7] (**Abb. 1**) ermöglicht es, dass landwirtschaftliche Methoden angepasst und Flächen nachhaltig bewirtschaftet werden können.

Landwirtschaftlich genutzte Böden als Quelle für CH₄-Emissionen

Während die Bedeutung des Nassreisens für die Methanbildung in Böden seit langem bekannt und deren Mechanismus gut beschrieben ist^[8], weiß man über den Einfluss von Viehhaltung auf die Methanproduktion in Böden vergleichsweise wenig. Radl *et al.*^[9] zeigten, dass die Überwinterung von Rindern im Freien zu deutlich erhöhten Methanemissionen des Bodens führt. Im Gegensatz zur Sommerweidehaltung bewegen sich die Tiere im Winter meist nur in einem engen Umkreis um die Stallungen, was zu einem massiven Eintrag von Exkrementen in diese Bodenbereiche führt. Gleichzeitig wird durch das Gewicht der Tiere der Boden ver-



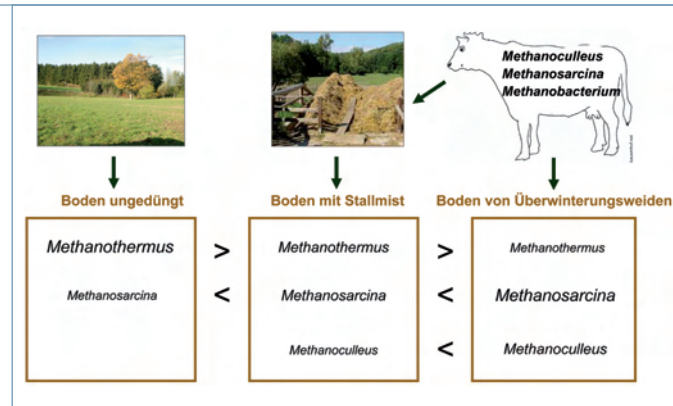
◀ **Abb. 1:** Vom genetischen Potenzial zur Funktion in komplexen Ökosystemen – Einfluss von Mikroorganismen auf die Bodenqualität.

dichtet, was zu Sauerstoffarmut führt. Etherlipidanalysen zeigten einen Anstieg der methanogenen Archaea aufgrund der Detektion von spezifischen Lipiden in den entsprechenden Flächen. Dies wurde auch durch das Ergebnis der quantitativen PCR untermauert. Hierbei wurde ein positiver Zusammenhang zwischen dem Gen der Methyl-CoenzymM-Reduktase (*mcrA*) und der Methanemission nachgewiesen. Der massive Eintrag der Exkremente veränderte die Zusammensetzung der methanogenen Archaea im Boden: Während die Anzahl bodentypischer Archaea der Gattung *Thermoplasma* abnahm, kam es zu einem deutlichen Anstieg Methan-produzierender Archaea der Gattungen *Methanosarcina* und *Methanoculleus*, die hauptsächlich im Pansen von Rindern vorkommen (Abb. 2). Folglich fungierten die Exkremente der Tiere nicht nur als Kohlenstoffquelle, sondern auch als Nährboden für methanogene Archaea. Ferner hemmen der hohe Stickstoffanteil in den Exkrementen und die Sauerstoffarmut in den Böden eine effektive aerobe Methanoxidation. Nach der Überführung der Rinder auf die Sommerweiden veränderte sich die Struktur der Mikroorganismengemeinschaft in den Böden der Winterweiden kaum, während die Methanemissionen im Sommer dort deutlich zurückgingen, da dem Boden kein frisches organisches Material zugeführt wurde.

Ähnliches gilt für Ackerböden, die lange Zeit mit großen Mengen Stallmist aus Rinderhaltung gedüngt wurden^[10]. Die Zahl methanogener Archaea war auf diesen Flächen im Vergleich zu mineralisch gedüngten Kontrollflächen deutlich erhöht. Ebenso veränderte sich die Lebensgemeinschaft der Archaea signifikant: Das Ausbringen von Stallmist führte zu einer Verschiebung von *Methanothermus*-dominierten Populationen hin zu einer durch die Gattungen *Methanosarcina* und *Methanoculleus* geprägten Gemeinschaft (Abb. 2). Die Methanemissionen auf diesen Flächen waren allerdings geringer als auf Winterweiden von Rindern.

Landwirtschaftlich genutzte Böden als Quelle für N₂O-Emissionen

Im Vergleich zu methanogenen Archaea, deren Häufigkeit und Diversität normalerweise in landwirtschaftlichen Böden niedrig ist (unter einem Prozent), gibt es auf diesen Flächen üblicherweise deutlich mehr Mikroorganismen, die zur Denitrifikation in der Lage sind. Ebenso ist die Redundanz denitrifizierender Mikroorganismen in landwirt-



◀ **Abb. 2:** Diversität methanogener Archaea in landwirtschaftlich genutzten Böden mit unterschiedlicher Konzentration von Rinderexkrementen. Die Schriftgröße der einzelnen Gattungen symbolisiert deren Abundanz im jeweiligen Habitat.

schaftlich genutzten Böden sehr hoch^[11]. Das bedeutet, dass – im Gegensatz zur Methanogenese, bei der es zunächst der Etablierung einer entsprechenden Population bedarf^[12] – Denitrifikation vorwiegend über die Expression der entsprechenden Gene der Mikroorganismen gesteuert wird und kaum Verschiebungen in der Häufigkeit der Denitrifizierer beobachtet werden.

Aufgrund der Heterogenität des Bodens sind Messungen von Methanflüssen immer Ergebnisse aus der Differenz von Methanbildung und -oxidation. Diese Prozesse können im Boden kleinräumig nebeneinander stattfinden. Bei der Denitrifikation ist über die Umwandlung vom Zwischenprodukt Lachgas zu Stickstoff wenig bekannt. Unklar ist, unter welchen Bedingungen die N₂O-Reduktase gebildet wird, die die Reduktion des klimaschädlichen N₂O zu N₂ katalysiert.

Danksagung

Die Ergebnisse sind in Zusammenarbeit mit Miloslav Simek, Dana Ellhotova (Tschechische Akademie der Wissenschaften, Budweis), Manfred Höfle, Matthias Labrenz (Helmholtz Zentrum für Infektionsforschung, Braunschweig) und Uwe Langer (Helmholtz Zentrum für Umweltforschung, Leipzig) entstanden. Für die Zusammenarbeit herzlichen Dank.

Literatur

- [1] Intergovernmental Panel on Climate Change (2001): Climate Change 2001: Synthesis Report. Cambridge University Press, Cambridge.
- [2] Esperschütz, J., Gattinger, A., Mäder, P., Schloter, M., Fließbach, A. (2007): Response of soil microbial biomass and community structures to conventional and organic farming systems under identical crop rotations. *FEMS Microbiol. Ecol.* 61: 26–37.
- [3] Demanou, J., Sharma, S., Dörfler, U., Schroll, R., Pritsch, K., Njine, T., Bausenwein, U., Monkiedje, A., Munch, J. C., Schloter, M. (2006): Structural and functional diversity of soil microbial communities as a result of combined applications of copper and mephenoxam. *Soil Biol. Biochem.* 38: 2381–2389.
- [4] Demanou, J., Sharma, S., Weber, A., Wilke, B.-M., Njine, T., Monkiedje, A., Munch, J. C., Schloter, M. (2006): Shifts in microbial community functions as a result of combined application of copper and mephenoxam. *FEMS Microbiol. Lett.* 260: 55–62.
- [5] Kotzerke, A., Sharma, S., Schauss, K., Heuer, H., Thiele-Bruhn, S., Smalla, K., Wilke, B.-M., Schloter, M. (2008): Alterations in soil microbial activity and N-transformation processes due to Sulfadiazine loads in pig-manure. *Environ. Pollut.* in press.
- [6] Sharma, S., Aneja, M., Mayer, J., Munch, J. C., Schloter, M. (2005): Characterization of bacterial community structure

in rhizosphere soil of grain legumes. *Microb. Ecol.* 49: 407–415.

[7] Sharma, S., Karl, H., Schloter, M. (2006): Genomic analyses of microbial processes in biogeochemical cycles. In: Cooper, J. E., Rao, J. R. (Hrsg.) *Molecular Approaches to Soil, Rhizosphere and Plant Microorganisms*, CABI Publisher, Wallingford, 1–17.

[8] Chin, K. J., Lueders, T., Friedrich, M. W., Klose, M., Conrad, R. (2004): Archaeal community structure and pathway of methane formation on rice roots. *Microb. Ecol.* 47: 59–67.

[9] Radl, V., Gattinger, A., Chronáková, A., Nemcová, A., Cuhel, J., Simek, M., Munch, J. C., Schloter, M., Elhottová, D. (2007): Effects of cattle husbandry on abundance and activity of methanogenic archaea in upland soils. *ISME J.* 1: 447–452.

[10] Gattinger, A., Höfle, M. G., Schloter, M., Embacher, A., Böhme, F., Munch, J. C., Labrenz, M. (2007): Traditional cattle manure application determines abundance, diversity and activity of methanogenic Archaea in arable European soils. *Environ. Microbiol.* 9: 612–624.

[11] Philippot, L., Hallin, S., Schloter, M. (2007): Ecology of denitrifying prokaryotes in agricultural soil. *Adv. Agron.* 96: 249–305.

[12] Sharma, S., Szele, Z., Schilling, R., Munch, J. C., Schloter, M. (2006): Influence of freeze-thaw stress on the structure and function of microbial communities and denitrifying populations in soil. *Appl. Environ. Microbiol.* 72: 2148–2154.

Korrespondenzadresse:

Dr. Michael Schloter
Helmholtz Zentrum München
Institut für Bodenökologie
Abteilung für Terrestrische Ökogenetik
Ingolstädter Landstraße 1
D-85764 Neuherberg
Tel.: 089-3187 2304
Fax: 089-3187 2800
schloter@helmholtz-muenchen.de
www.helmholtz-muenchen.de/iboe

AUTOREN



Die Abteilung Terrestrische Ökogenetik am Institut für Bodenökologie des Helmholtz Zentrums München (Leitung Michael Schloter) erforscht Zusammenhänge zwischen Stoffflüssen und genetischen Potenzialen sowie deren Induktion oder Repression in landwirtschaftlich genutzten Böden. Im Fokus stehen Untersuchungen der Effekte von Antibiotika und transgenen Pflanzen. Das Foto zeigt von links nach rechts: Kristina Schauss, Andreas Gattinger, Viviane Radl, Brigitte Hai, Michael Schloter und Jean Charles Munch.