

Bodempathogenen en bodemmicrobiologie

Irene de Bruijn^{1,2},
Xu Cheng², Ruth Gomez
Exposito^{1,2}, Nrupali
Patel⁴, Joeke Postma³,
Donald Kobayashi⁴,
Jeramie Watrous⁵,
Pieter Dorrestein⁵ &
Jos M. Raaijmakers¹

¹ NIOO-KNAW, Department of
Microbial Ecology, Wageningen,
The Netherlands

² Laboratory of Phytopathology,
Wageningen University,
Wageningen, The Netherlands

³ Plant Research International,
Wageningen, The Netherlands

⁴ Rutgers The State University
of New Jersey, New Brunswick,
NJ, USA

⁵ Departments of Pharmacology;
Chemistry and Biochemistry;
Center for Marine Biotechnology
and Biomedicine, Scripps
Institution of Oceanography;
Skaggs School of Pharmacy
and Pharmaceutical Sciences,
University of California at San
Diego, La Jolla, USA

Samenvattingen van de presentaties gehouden op de bijeenkomst van de KNPV-werkgroep Bodempathogenen en bodemmicrobiologie op 27 maart 2014 te Lelystad.

Vergelijking van de genomsequenties en metaboliëtypen van vijf *Lysobacter*-stammen geïsoleerd uit de bodem

Lysobacter is een Gram-negatieve bacterie die in vele ecosystemen voorkomt, onder andere in de bodem, de rhizosfeer en in zoet water.

De verschillende soorten hebben antimicrobiële activiteit tegen een breed scala aan (micro-) organismen waaronder bacteriën, schimmels, oomyceten en nematoden. Ze produceren verschillende lytische enzymen en andere antibiotica waarvan er nog maar enkele zijn gekarakteriseerd.

Voor dit project zijn verscheidene *Lysobacter*-stammen geïsoleerd uit bodems die ziekteondukkend zijn met betrekking tot de plant-pathogene schimmel *Rhizoctonia solani*. Deze *Lysobacter*-stammen hebben chitinase- en β -1,3-glucanase-activiteit en een sterke *in vitro*-activiteit tegen *R. solani* en andere schimmels en oomyceten. Welke bioactieve stoffen of genen/genclusters verantwoordelijk zijn voor deze activiteit is niet bekend en het achterhalen hiervan is één van de doelstellingen in het project.

De genomsequenties van stammen van *L. enzymogenes*, *L. capsici* en *L. gummosus* en twee *L. antibioticus*-stammen zijn verkregen en met

elkaar vergeleken. In elke stam zijn genclusters geïdentificeerd die mogelijk coderen voor de productie van bioactieve stoffen. Sommige genclusters zijn aanwezig in meerdere stammen, maar ook unieke genclusters zijn geïdentificeerd. Naast genetische analyse, zijn ook chemische analyses uitgevoerd door middel van MALDI imaging-massaspectrometrie. Naast bepaling van een spectrum van de massa's van alle stoffen die geproduceerd worden door de *Lysobacter*-stammen, kan ook de distributie van bepaalde componenten binnen of buiten de bacteriekolonie met deze methode worden gevisualiseerd.

We hebben kunnen aantonen dat de massa's van een aantal stoffen overeen komen met de producten van de geïdentificeerde genclusters in de genomsequenties. Bovendien hebben we het chemische profiel bekeken van de *Lysobacter*-stammen in een interactie met *R. solani* en daarmee inzicht gekregen in welke stoffen mogelijk betrokken zijn bij de groeiëremming van de schimmel.

STW-project 11755

Nematoden als bioindicatoren

Gerard Korthals en
Johnny Visser

Bodem-gebonden nematoden (aaltjes) zijn zeer talrijk en soortenrijk, en vormen een belangrijk onderdeel van het hele bodemvoedselweb. Mede hierdoor is er al vaak onderzocht of nematodengemeenschappen (plant-parasitaire en niet plant-parasitaire aaltjes) indicatief kunnen zijn voor de bodemkwaliteit. Er bestaan al goede voorbeelden waarbij je aan een nematodengemeenschap kunt aflezen van welke grondsoort deze afkomstig is, of dat er sprake is van verontreiniging en of de locatie al dan niet gezond is. Een probleem bij de interpretatie van nematodengemeenschappen is dat er vaak zeer veel informatie is over aantallen aaltjes, soortenrijkdom, voedselgroepen etc. De grote vraag is hoe dergelijke informatie goed valt samen te vatten, zodat de interpretatie eenvoudiger wordt.

Hiervoor zijn steeds meer indexen of andere parameters ontwikkeld, zoals de Maturity Index (Bongers, 1990) en meer afgeleide indices (Ferris & Bongers, 2009) etc. die de (statistische) verwerking en interpretatie van dergelijke grote en ingewikkelde datasets verbeteren.

In 2014 is een mooi hulpmiddel ontwikkeld, namelijk NINJA: Nematode Indicator Joint Analysis (Sieriebriennikov *et al.*, 2014). Via de website <http://spark.rstudio.com/bsierieb/ninja/> kun je je eigen nematodendata uploaden, waarna de nematoden worden ingedeeld in voedselgroepen en een eigen *Colonizer-Persister*-waarde krijgen, waarmee automatisch zeer veel verschillende indices (*Maturity Index*, PPI, CI, EI, BI, SI) berekend worden. Daarnaast helpt NINJA met het