



Executive Stakeholder Summary

Projektnummer	406840-143144
Titel	Die Rolle der Bodenbewirtschaftung für Antibiotikaresistenzen
Projektleiter	Brion Duffy, ZHAW Wädenswil
Weitere Projektverantwortliche	Theo H.M. Smits, ZHAW Wädenswil

Beitrag zur thematischen Synthese:

<input checked="" type="checkbox"/> Boden und Nahrungsmittel- produktion	<input checked="" type="checkbox"/> Boden und Umwelt	<input type="checkbox"/> Raumentwicklung	<input type="checkbox"/> Bodendaten, Methoden und Instrumente	<input type="checkbox"/> Bodenpolitik
--	---	---	---	---------------------------------------

Ort, Datum: Wädenswil, 29. Juli 2016.

Hintergrund

Der Boden ist der dynamische Lebensraum einer grossen Vielfalt von interagierenden Bodenorganismen, die zentral sind für verschiedene Bodenfunktionen wie die Bodenfruchtbarkeit, aber auch für das Wohlergehen der Menschen. Die langfristige Stabilität des Systems Boden hängt von einer sorgfältigen und nachhaltigen Nutzung dieser Ressource ab. Der örtliche und globale Einfluss der Bewirtschaftung auf das Bodenökosystem kann die Biodiversität des Bodens – insbesondere der Mikroorganismen – ungewollt verändern. Dank moderner Gensequenzierungstechnologien ist es möglich geworden, diesen Einfluss zu untersuchen.

Gleichzeitig geht man davon aus, dass **der Boden eine Quelle antimikrobieller Resistenzgene ist**, die über die Umwelt auf den Menschen übertragen werden, sowie eine Senke für Antibiotika aus Abwasser und Landwirtschaft. Im Boden sind also gleichzeitig natürliche, landwirtschaftliche und menschliche Mikrobiome vorhanden. Das Bodenresistom, das heisst die Gesamtheit der antimikrobiellen Resistenzen (AMR) im Boden, ist immer besser erforscht. Doch gibt es nur zurzeit wenige Daten, aus denen sich der Einfluss der Bewirtschaftungsmethoden oder der Bodenbeschaffenheit auf das Bodenresistom bestimmen liesse.

Aufgrund des Risikos einer Selektion und Verbreitung von AMR aus Nahrung und Umwelt auf menschliche Krankheitserreger ist der Einsatz von Antibiotika in der Landwirtschaft stark eingeschränkt oder sogar verboten worden. Der Einsatz von Antibiotika zur Wachstumssteigerung bei Tieren wurde in der EU 2006 verboten. Der Einfluss anthropogener Effekte und der Bodenbedingungen auf die Selektion und Verbreitung der im Boden vereinten Resistenzmechanismen und resistenten Bakterien ist allerdings nur selten untersucht worden.

Ziele

Das Projekt «Antibiotikaresistenz» hatte zum Ziel, die Vielfalt der antibiotischen Resistenz landwirtschaftlich genutzter Böden in der Schweiz sowie die Auswirkungen der Bewirtschaftung auf die Resistenzdynamik zu beschreiben.

Die Untersuchungsstandorte wurden in Zusammenarbeit mit anderen Projekten des NFP 68 als Teil des Themenschwerpunktes Bodenbiologie ausgesucht. Es wurden unter anderem die folgenden Fragen untersucht:

- Welche AMR-Mechanismen und resistenten Bakterien kommen in Schweizer Böden vor?
- Welche Resistenzmechanismen und resistente Bakterien werden durch anthropogene Einflüsse und die Ökologie im Boden selektiert und verbreitet?
- In welchem relativen Verhältnis bilden sich spezifische Bodenprozesse (Antibiotikaresistenz, N/P-Kreislauf) in den Metagenomen der Bodengemeinschaften ab?

Ergebnisse

Im Projekt wurden zwei Standorte mit vergleichbaren klimatischen Bedingungen studiert, um zu vergleichen, wie sich die landwirtschaftliche Bewirtschaftung lang- und kurzfristig auswirkt. Einer der ausgewählten Standorte liegt im alpinen Gebiet am Glaspass. Durch diese Wahl wurde eine einzigartige kulturhistorische Studie möglich. Die Ergebnisse zeigen, dass es am Glaspass erhebliche mikrobielle Unterschiede gibt zwischen dem Standort, an dem seit 600 Jahren Gülle eingebracht wird und dem Standort, wo dies nur in geringem Umfang durch die Sömmerung geschieht. Am Standort, an dem Gülle eingebracht wird, gibt es mehr Bakterien, die potenziell am

Kreislauf der Stickstoffverbindungen beteiligt sind, während in der Sommerungsweide andere Mikroorganismen dominant sind. Beim Vergleich verschiedener Verfahren am FAST-Standort von Agroscope, wo getrennte Bewirtschaftungssysteme erst vor sieben Jahren eingeführt wurden, konnte dagegen kein sichtbarer Unterschied festgestellt werden. Obwohl geringfügige Unterschiede bestehen könnten, waren die Unterschiede zwischen den mikrobiellen Gemeinschaften des Wurzelbereichs (Rhizosphäre) und des nackten Bodens grösser. Dies weist darauf hin, dass die Wirkung der Pflanze auf die mikrobielle Gemeinschaft gegenwärtig grösser ist als diejenige der Bewirtschaftung.

In Zusammenarbeit mit anderen Forschenden des NFP 68 untersuchte das Projekt «Antibiotikaresistenz» mikrobielle Gemeinschaften an weiteren Standorten in der Schweiz. Zum Zeitpunkt der Probenahme war auf allen untersuchten Feldern Weizen angepflanzt. Die Analyse zeigte, dass die mikrobielle Vielfalt in der Rhizosphäre und im nackten Boden sehr unterschiedlich sind. Dies hat möglicherweise einen grösseren Einfluss als die Unterschiede der Bodenkennwerte wie pH-Wert, Nährstoffgehalt oder Bodenart.

Seit einigen Jahren ist es dank neuer Technologien möglich, die gesamte DNA, die den Proben entnommen wurde, zu sequenzieren, also das sogenannte Metagenom zu analysieren. Diese Methode wurde bei den Proben des FAST-Feldes eingesetzt, um die darin enthaltenen AMR Genen zu untersuchen. Obwohl die Daten nach zwei verschiedenen Methoden analysiert wurden, zeigte sich, dass noch immer gewisse methodologische Probleme bestehen, die die Qualität der Resultate beeinträchtigen. Die direkte Analyse der Sequenzabschnitte mit verschiedenen AMR-Datenbanken ergab nur wenige Treffer: Dies weist darauf hin, dass der Anteil an AMR-Genen im Boden sehr gering ist. Eine ähnliche Analyse nach dem Zusammenfügen der Sequenzabschnitte hat jedoch gezeigt, dass je nach AMR-Datenbank verschiedene Resultate erzielt werden. Dies liegt vermutlich in erster Linie daran, dass diese Datenbanken unterschiedlich gepflegt werden und deshalb unterschiedliche Datensätze an AMR-Gene enthalten. Dennoch: Bei beiden Analysen war die Gesamtzahl der nachweisbaren AMR-Gene in den untersuchten Bodenproben sehr gering. Die klinisch relevanten AMR-Gene kamen in noch geringerer Anzahl vor oder waren gar nicht nachweisbar.

Um die genauere Anzahl an AMR-Genen zu überprüfen, wurden über einen Zeitraum von sechs Monaten, in dem auf der Hälfte der beobachteten Fläche zweimal Gülle ausgebracht wurde, Proben vom FAST-Standort sowie die Gülle selbst untersucht. Dies diente dazu, herauszufinden, ob am Standort beziehungsweise in der Gülle klinisch relevante AMR-Gene enthalten sind und, wenn ja, in welcher Anzahl. Sechs der elf untersuchten Gene konnten wir in keiner der Proben nachweisen. Die anderen fünf kamen sowohl in der Gülle als auch in den Bodenproben vor. Dies legt nahe, dass Gülle eine Quelle von AMR-Genen im Boden ist. Es zeigte sich, dass die AMR-Gene nach dem Ausbringen von Gülle im Verhältnis zur Gesamtgemeinschaft prozentual deutlich zunahmten, sich die Werte aber nach kurzer Zeit wieder normalisierten. Die Flächen, auf denen keine Gülle ausgebracht worden war, weisen jedoch zehnmal weniger AMR-Gene auf. Daraus ist zu schliessen, dass die Zufuhr von Gülle den Ausgangswert für AMR-Gene erhöht.

Bedeutung für die Forschung

Obwohl bekannt ist, dass AMR-Gene natürlicherweise im Boden vorkommen, wurde im Rahmen des Projekts «Antibiotikaresistenz» in den verschiedenen Bodenproben nur eine kleine Anzahl an AMR-Genen gefunden. Die Anzahl klinisch relevanter AMR-Gene war nicht nachweisbar. Die

absoluten Zahlen, die wir für die nachgewiesenen Gene erhalten haben, scheinen eher klein zu sein. Dies könnte auch eine Folge davon sein, dass Rindergülle aus der biologischen Landwirtschaft ausgebracht wurde, die nach schweizerischen Richtlinien keine Gülle enthalten sollte, die von mit Antibiotika behandelten Rindern stammt. Zudem können die Resultate nicht ohne weiteres mit Resultaten anderer Studien verglichen werden, da gewisse Primersets zuvor noch nie für Umweltstudien verwendet worden waren. Es steht nicht mit Sicherheit fest, ob die für AMR-Gene erhaltenen Werte von der Bodenart, der Feldfrucht und der spezifischen Bewirtschaftungsstrategie abhängen. Um diese Frage zu beantworten, sind weitere Studien erforderlich.

Die Forschenden des Projekts «Antibiotikaresistenz» haben mit Forschenden der NFP 68-Projekte «Bodenbakterien» (M. Maurhofer, ETH Zürich/C. Keel, Universität Lausanne) sowie «Mykorrhiza» (M. van der Heijden, Agroscope) eng zusammengearbeitet. Der Versuch die Biodiversität der mikrobiellen Bodengemeinschaften durch gemeinsame Feldexperimente zu beschreiben, bot eine gute Gelegenheit, die Auswirkungen der Bewirtschaftungsmethoden auf zentrale funktionelle Gruppen wie *Pseudomonas* im Rahmen der mikrobiellen Gesamtgemeinschaft qualitativ und quantitativ zu verstehen. Gemeinsame wissenschaftliche Publikationen sind in Vorbereitung.

Bedeutung für die Praxis

Die Ergebnisse des Projekts «Antibiotikaresistenz» widersprechen der weit verbreiteten Meinung, dass menschliche Aktivitäten wie die Landwirtschaft einen vorwiegend schädlichen Einfluss auf die Verbreitung von AMR haben. Die Analyse mikrobieller Bodengemeinschaften hat gezeigt, wie diese im Rahmen eines äusserst langfristigen Übergangs zum alpinen Weideland drastisch verändert wurden. Typisch für diese stabilen und vielfältigen Gemeinschaften sind Gruppen von Bakterien, die die nährstoffreiche Gülle wiederverwerten und somit die Produktivität dieses nachhaltigen Ökosystems steigern. Die natürliche Vielfalt an mikrobiellen Bodengemeinschaften in der Schweiz trägt zu einem gesunden, wirksamen und nützlichen Nährstoffzyklus bei, der widerstandsfähig ist und sich über verschiedene Landwirtschaftssysteme erstreckt.

Das Projekt «Antibiotikaresistenz» liefert Hinweise für die gefahrlose Verwendung von tierischen Abfällen in der Landwirtschaft. Das Ausbringen von Mist und Gülle auf landwirtschaftlichen Böden ist ein Eckpfeiler für die Bereitstellung gesunder und produktiver Böden sowie eine wichtige Verwertungsmethode tierischer Abfallstoffe. Die Ergebnisse zeigen, dass die ausgebrachte Gülle die Anzahl AMR-Gene im Boden nur sehr kurzzeitig beeinflusst – über einige Tage oder Wochen. Zudem zeigte sich, dass es sich bei den antibiotischen Resistenzgenen in Schweizer Böden mehrheitlich um allgemeine Resistenzmechanismen wie Effluxpumpen handelt, von denen keine reelle Gefahr der Übertragung auf klinische Szenarien im Rahmen der landwirtschaftlichen Bodennutzung ausgeht.

Handlungsempfehlungen

Analysen der mikrobiellen Vielfalt sind in der Wissenschaft sehr verbreitet. Die Resultate des Projekts «Antibiotikaresistenz» deuten darauf hin, dass der Einfluss der Bodenchemie auf die mikrobielle Vielfalt geringer ist als bisher angenommen. Gleichzeitig ist der Einfluss der Vegetation und deren Rhizosphäre womöglich grösser als heute vermutet. Folglich wären weitere Forschungsarbeiten nötig, um den Einfluss verschiedener Pflanzen auf die mikrobiellen

Gemeinschaften zu erfassen. Insbesondere sollten bei direkten Korrelationen zwischen Bodenparametern und mikrobiellen Gemeinschaften von nun an Informationen zu den am Versuchsstandort wachsenden Pflanzen berücksichtigt werden. Zudem sollte die Strategie zur Probennahme derart angepasst werden, dass die Wirkung der Rhizosphäre auf die Sammelproben vom Versuchsstandort ausgeschlossen werden kann.

Die Ergebnisse weisen darauf hin, dass bei den untersuchten Proben **das Risiko einer Übertragung der AMR-Gene vom Boden auf die Umgebung (Grund- oder Oberflächenwasser) klein** ist, da nur eine kleine Anzahl klinisch relevanter AMR-Gene im Boden nachzuweisen war. Die Zufuhr von Gülle hat zwar zu einem kurzfristigen Anstieg der AMR-Gene in den Proben vom FAST-Standort geführt. Das Umweltverhalten der Genträger und das Risiko einer Übertragung von der Gülle zum Grund- oder Oberflächenwasser durch Abflüsse wurden aber nicht quantifiziert. Die Quantifizierung und Modellierung der Übertragung von AMR-Genen durch die Bodensäule nach dem Ausbringen von Gülle in Abhängigkeit der Regenmenge ist eines der Ziele eines Forschungsgesuchs, das für das NFP 72 eingereicht wurde. Unter Berücksichtigung der Wettervorhersagen könnten diese Resultate zur Bestimmung des richtigen Zeitpunkts für die Ausbringung von Gülle eingesetzt werden.

Die kleine Anzahl an AMR-Genen in Schweizer Böden kann als positives Zeichen im Hinblick auf die Strategie Antibiotikaresistenzen (StAR) des Bundes gewertet werden. Überprüft wurde die Anzahl AMR-Gene allerdings nur an wenigen Standorten, die nicht für alle Bodenarten in der Schweiz repräsentativ sind. Es wäre wichtig, dass Initiativen wie die Nationale Bodenbeobachtung (NABO) den Gehalt an AMR-Genen in einer viel grösseren Anzahl von Schweizer Bodenarten bestimmen könnte, um mit grösserer Sicherheit sagen zu können, ob und in welchem Ausmass AMR-Gene in Schweizer Böden vorkommen.

Der Befund, dass die Ausbringung von Gülle nur über kurze Zeit die Menge an Antibiotikaresistenzgenen im Boden beeinflusst, ist von grosser Bedeutung für die Weiterentwicklung politischer und regulatorischer Grundlagen in Bezug auf den nutzbringenden Einsatz von tierischen Abfällen in der Landwirtschaft. Aufgrund von Messungen der nach der Ausbringung von Gülle im Boden vorkommenden Gene könnten Leitlinien zum Schutz in der Landwirtschaft Beschäftigten und anderer Personen ausgearbeitet werden.