

Bodem levert nieuwe microbiële bronnen voor natuurlijke producten op

De rol van de bodem als schatkamer voor nieuwe, nuttige en natuurlijke producten wordt opnieuw bevestigd door de ontdekking van nog onbekende genen in *Lysobacter*-bacteriën. Onderzoek van Wageningen UR en NIOO toont aan dat deze genen of genclusters waarschijnlijk coderen voor nog onbekende anti-microbiële stoffen.

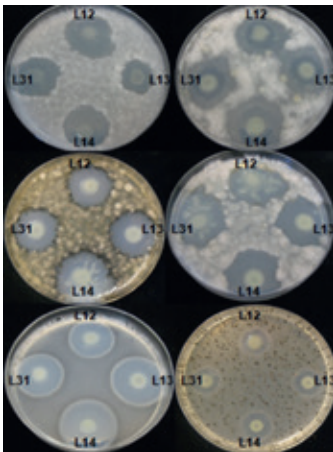
Lysobacter-bacteriën staan bekend om hun ziekteverwerende eigenschappen tegen de bodemschimmel *Rhizoctonia*. Deze schimmel veroorzaakt wortelrot in veel gewassen zoals aardappel, suikerbiet, groente- en bolgewassen. Over de werking van *Lysobacter*-bacteriën was tot nu toe echter nog weinig bekend. Onderzoekers van Wageningen UR en het Nederlands Instituut voor Ecologie (NIOO) brachten daarom de eigenschappen en genen van verschillende *Lysobacter*-soorten in kaart. De resultaten van dit onderzoek bevestigden niet alleen de aanwezigheid van genen voor de productie van al bekende antimicrobiële stoffen, maar leverde ook onbekende genen of genclusters op die waarschijnlijk voor nog onbekende antimicrobiële stoffen coderen. De rol van de bodem als belangrijke schatkamer voor nieuwe, nuttige, natuurlijke producten wordt hiermee opnieuw aangetoond.

Ziekteverwerende eigenschappen

De bodem bevat enorme aantallen verschillende soorten micro-organismen met nog onbekende eigenschappen. Onderzoek naar bodems met ziekteverwerende eigenschappen heeft inmiddels een grote collectie bacteriën van het geslacht *Lysobacter* opgeleverd die de schimmel *Rhizoctonia* remmen.

Vier Lysobacter-soorten

Voor dit onderzoek werden van achttien *Lysobacter*-isolaten, behorende tot vier soorten, de activiteit en verscheidenheid getest in het vermogen om andere micro-organismen te remmen. Het bleek dat de meeste isolaten verschillende plant-pathogene schimmels, bacteriën en oomyceten konden remmen. Daarnaast produceren ze meerdere enzymen, zoals chitinases, glucanases, proteases. De mate van remming werd beïnvloed door groeiomstandigheden zoals het type medium, maar ook door de aanwezigheid van de pathogene schimmel zelf.



Genoom in kaart gebracht

Van vier *Lysobacter*-soorten is het volledige genoom in kaart gebracht. Vergelijking van deze genoomsequenties met bestaande kennis in databestanden toont de aanwezigheid van genen voor de productie van reeds bekende antimicrobiële stoffen aan (zoals Lysobactin,

phenazine, WAP-8294A2, dihydromaltophilin). Daarnaast bevatten de *Lysobacter*s onbekende genen of genclusters die waarschijnlijk voor nog onbekende antimicrobiële stoffen coderen. Onderzoek naar het metaboliëtenprofiel van deze *Lysobacter*s ondersteunt de genetische informatie. Bijzonder interessant is de aanwezigheid van een nog onbekend metabolië die alleen in de aanwezigheid van *Rhizoctonia* door één van de *Lysobacter*-soorten geproduceerd wordt.

Variatie per isolaat

Lysobacter-soorten hebben circa vijftig procent van hun DNA-sequenties gemeenschappelijk, terwijl de andere vijftig procent soort- of isolaatspecifiek is. Ook hun vermogen om diverse micro-organismen te remmen varieert per isolaat. Dit wordt ondersteund door de genetische informatie voor de productie van verschillende metaboliëten per soort.

Bron: Nieuwsbericht Wageningen UR, Praktijkonderzoek Plant en Omgeving (PPO), 9 december 2015