



MIKROBIOM-LAB.DE

Kunde:

Plocher GmbH
Meersburg

Art der Analyse:

Bakterielle 16s rDNA Analyse (NGS-Sequenzierung)

Art der Probe:

Rindergülle



Durchführung: Mikrobiom-Lab, Leitung Peter Gockel

Inhaltsverzeichnis

1 Beschreibung der Analyse	3
2 Das ausführende Labor	3
3 Zusammenfassung	4
4 Bakterieller Datenvergleich	5
5 Top-Bakterien auf GENUS-Ebene	8
6 Top-Bakterien auf SPEZIES-Ebene	9
7 Buttersäure-Bildner	10
8 Verringert ihre Gülle-Optimierung den Clostridien-Gehalt?	11
9 Stickstoff-Fixierer	12
10 Nitrifikation und Denitrifikation	13
11 Vitamin B12 produzierende Bakterien 8,2 %	14
12 Pestizidabbauende Bakterien 5,0%	15
13 Kohlenstoff-Verfügbarkeit - Acidobacter	16
14 Bodenstabilität und Immunsystem des Bodens	17
15 Pflanzenwachstumsförderer	18
16 Löslichkeit von Phosphor	19
17 Pathogene Belastungen	20
18 Schwefel und Methan in der Gülle als Milieuzeiger	21
19 Günstige Werte bei Methan, Schwefel, Eisen, Schwefelwasserstoff	22
20 Biologischer Gülle-Index (BGI) zum Stand ihrer Gülleaufbereitung	23
21 Literaturangaben:	25

Report DNA-Analyse von Rinder-Gülle

1 Beschreibung der Analyse

Es wurde eine Bodenbewertung mit NGS-Sequenzierung auf Basis des 16S rDNA Verfahrens mit Illumina MiSeq erstellt. Es wurde die bakterielle Mikrobiologie der gelieferten Gülleprobe erfaßt und bewertet. Die Ergebnisse finden sich in diesem Report. Ergänzend erhalten Sie eine Excel-Liste mit allen Arten.

2 Das ausführende Labor

Die entsprechenden Analysen wurden im Mikrobiom-Lab, 97723 Oberthulba (Bayern), www.mikrobiom-lab.de, durchgeführt.

Das Labor ist spezialisiert auf bakterielle und pilzliche DNA-Analysen aus der Landwirtschaft in den Bereichen Boden, Blatt, Gülle & Biogas. Es ist auch Partner geotechnischer Büros im Bereich Umweltmikrobiologie, Ökotoxikologie und Schadstoff-Screening.



Das Team vom Mikrobiom-Lab kann die vorhandenen mikrobiellen Lebensgemeinschaften bestimmten Boden/Blatt-Funktionen zuordnen und somit die mikrobielle Leistung einer Probe (z.B. Stickstoff-Fixierer, pflanzenwachstumsfördernde Bakterien, etc) auf dieser Grundlage zu bewerten.

3 Zusammenfassung

1. **Artenvielfalt:** Diese Gülle zeigt hohe Individuenzahlen (gemessen 178303, Referenz 150.000) bei durchschnittlicher Artenvielfalt (gemessen 228 Arten, Referenz 250 Arten).
2. Top Entwicklung von Bakterien, die man als **Pflanzenwachstumsförderer** bezeichnet. Diese sind zugleich stark P-lösend, wirken apathogen und verbessern den Boden.
3. **Pathogene** finden sich nahezu keine, vor allem keine bösen Clostridien.
4. Extrem hohe Rate an **buttersäureproduzierenden Bakterien**. Das ist Klasse, weil die Buttersäure im Boden DER Energielieferant für die Biologie ist.
5. Hohe Denitrifikation - das bedeutet **VIEL CO₂-Bildung**, daher blubbert die Plocher Gülle.
6. Extrem **hohe Bildungsrate von Vitamin b12** produzierenden Bakterien. Das bedeutet, sehr gute bakterielle Verarbeitung von Eisen, Schwefel, Molybdän und Cobalt.
7. **Streuabbau** - Kohlenhydrate, Cellulose, Lignin: Der Streuabbau ist gut gelungen, der Celluloseabbau ist nahezu beendet. Daraus sollte eine sehr homogene Gülle mit resultieren. Schwimmschichten sind kaum noch zu erwarten.
8. **Sehr geringe Schwefel- und Methangehalte**, da nur ganz wenig Bakterien vorhanden sind, die das abbauen. Ergo ist S und CH bereits bakteriell gebunden.
9. **Proteobacteria** - sind gut vertreten, wichtig bei der Ausbringung, weil sie den Boden heilen. Die meisten Böden haben davon zu wenig und ihre Gülle bringt nun damit eine Extraportion in den Boden.
10. **Die Top Bakterien zeigen eine klare Sprache**. Es gibt aerobe und anaerobe Bakterien im Mix auch unter den dominanten Arten, aber das ist in Gülle durchaus normal. Wichtig ist aber, daß ALLE wichtigen Stoffwechselforgänge von den Top 5 Bakterien abgebildet werden.
 - Umwandlung von Kohlenhydraten in Zucker und Essigsäure
 - Umwandlung von Proteinen und Aminosäuren
 - Fermentationsprozesse
 - CO₂-Bildungsprozesse
 - Wachstum dieser Bakterien auch bei plus 4°C
 - Überleben auch bei Trockenheit, temp. Schwankungen.
 - Produktion von SCFA, kurzkettigen Fettsäuren (Essigsäure, Propionsäure, Buttersäure)
11. Es bilden sich in der Gülle **Stickstoff-Fixierer**, die später nach der Ausbringung hilfreich sind.
12. **Nitrifikation:** Es findet keine Umwandlung von Ammonium in Nitrit und Nitrat statt, dafür Denitrifikation (CO₂-Bildung)
13. Sehr gut: 5% Anteil an **pestizidabbauenden Bakterien**, das hilft den Bauern, Molekülreste vom Pflanzenschutz schneller abzubauen
14. **Pflanzenwachstumsförderer** - Top - doppelt so viele wie der Zielwert für Gülle, gleiches gilt für die P-Löslichkeit.
15. Ebenso sind Siderophore enthalten, die die **Festlegung von Eisen bei erhöhten pH-Werten reduzieren** und somit Fe dann wieder löslich wird nach der Ausbringung.

4 Bakterieller Datenvergleich

Wir vergleichen Referenzdaten aus Rindergülle nach WANG 2018 in dieser Aufstellung mit ihren Proben auf der übergeordneten Phylum-Ebene. Es werden nur die relevanten Gruppen dargestellt.

Bacteria TOP Phylum Level

Phylum	Plocher Rindergülle	Rindergülle Referenzwerte nach WANG 2018
Acidobacteria	0,01 %	0.1-13.4%
Acidobacteriota		
Actinobacteriota	0,04 %	0.2-22.1% (Median 0,5%)
Actinobacteria		
Proteobacteria	11,07 %	> 6 %
Alphaproteobacteria (pH-Indikator)	0,6 %	pH < 7,4 = <1%, pH >7,4 = > 1%
Deltaproteobacteria (Sulfatabbau)	0,3 %	
Gammaproteobacteria (Bodenheilung)	9,7 %	Zielwert > 8%
Bacteroidetes	21,89 %	8,5 bis 28%
Bacteroidota		Median 20%
Firmicutes	35,78 %	(22-60%), 29,8% Median (Clostridien dominant 29%)
Cloacimonetes	1,33 %	<2%

Die organische Substanz, der Gehalt an Gesamt-N und Gesamt-P im Boden werden sehr positiv beeinflusst durch die Proteobacteria und die Bacteroidetes. Zugleich sollten die Gehalte an Acidobacteriota niedrig sein (ZHAO 2022), was wiederum die C-Verfügbarkeit verbessert.

Die Zusammenstellung obiger Daten zeigt eine günstige Verteilung der bakteriellen Lebensgemeinschaft in der vorliegenden Gülle. Als „günstig“ bezeichnen wir den Zustand einer Gülle, wenn deren Mikrobiom sich nach der Ausbringung am Acker möglichst günstig auf die dort vorhandene Bodenbiologie auswirkt (Förderung des Pflanzenwachstum, Unterdrückung von Pathogenen, Verbesserung der Nährstoffverfügbarkeit, Löslichkeit von Fe, Löslichkeit von P, Förderung der Nitrifikation und der Stickstoff-Fixierung, etc). Die Details stellen wir in diesem Report entsprechend vor.

Acidobacteria

Diese Bakteriengruppe bevorzugt pH-Werte im Bereich 6,4 bis 7,2 mit einem Wachstumsoptimum bei 6,9-7,2. Die Abwesenheit dieser Gruppe ist einem höheren pH geschuldet, wo sie nicht überleben können. Aus diesem Grund fehlen die Acidobacteria in dieser Gülle. In vielen konventionellen Böden gibt es einen Überschuss an Acidobacteria. Diese hemmen dann die Verfügbarkeit des Kohlenstoffs, was als unerwünscht gilt. Daher ist es in vielen Fällen positiv, wenn Gülle niedrige bis sehr niedrige Werte an Acidobacteria enthält.

Actinobacteria

Grundsätzlich bauen Actinomyceten eine Art antibiotischen Schutzschirm auf und tragen zur Hemmung von Pathogenen wie Shigella, Escherichia, Salmonellen, Listerien, Chlamydien, Campilobacter bei. Der Anteil der Actinobacteria ist in der Gülle meist gering bei einem Median von 0,5%. In der vorliegenden Gülleprobe ist der Gehalt ebenfalls gering, dennoch besteht aus anderen Gründen ein hoher Pathogenschutz.

Proteobacteria

In die Gruppe der Proteobacteria fallen viele nützliche Bakterien, auch die N-Fixierer und die Gruppe der pflanzenwachstumsfördernden Bakterien, der P-Solubizierer und der Vitamin-B12-Bildner. Auch zur Verbesserung der Nitrifikation trägt diese Gruppe bei.

Diese Gülle hat einen guten Anteil an dieser Bakteriengruppe und die wichtigste Untergruppe der Gammaproteobacteria ist hier ebenfalls gut vertreten.

Die wichtigsten Vertreter der Proteobacteria sind in dieser Gülle die Pseudomonas 5% (ZHAO 2022) und Acinetobacter 3%.

Diese spielen eine wesentliche Rolle bei der Pathogenabwehr, der Lösung von P aus dem Boden, sind wichtige Pflanzenwachstumsförderer und bilden Phytohormone (ZHAO 2022).

Hohe Anteile an Proteobacteria sind wichtig zur Pathogenabwehr und fördern weiter den Anteil der Proteobacteria im Boden nach der Ausbringung am Acker (ZHANG 2023). Diese Bakteriengruppe trägt den größten Anteil am Aufbau einer verbesserten Bodenfruchtbarkeit im Vergleich zu allen anderen Bakteriengruppen.

Alphaproteobacteria (Proteobacteria Untergruppe)

Diese Gruppe ist Zeiger für höhere pH-Werte. In der vorliegenden Probe liegen aber nur sehr geringe Anteile vor, die für einen erniedrigten pH < 7,2 sprechen. Die Messung dieses Gülle pH war jedoch nicht Gegenstand unserer Untersuchung.

Deltaproteobacteria (Proteobacteria Untergruppe)

Zu dieser Gruppe zählen vor allem die Sulfatabbauer und die Schwefelabbauer. Mit **0,3%** Anteil ist erkennbar, daß Schwefelreste kaum noch vorliegen und somit die Gülle ein günstiges Milieu für die Ausbringung erreicht hat.

Gammaproteobacteria (Proteobacteria Untergruppe)

Je höher der Anteil der Gammaproteobacteria ist, desto besser läuft die Nitrifikation (ZHAO 2016). Diese Gruppe steht grundsätzlich für die Förderung der Bodengesundheit „Bioremediation“ nach der Ausbringung der Gülle. Es liegen antibakterielle Eigenschaften mit pathogenabwehrender Wirkung vor. Diese Gruppe sollte in Gülle ca. 80% Anteil unter allen Proteobacteria-Gruppen haben. In dieser Gülle liegt deren Anteil sogar bei mehr als 90%.

Bacteroidetes (Streuabbau - Cellulose)

Diese bedeutsame Gruppe steht für den Abbau von Cellulose, für Hydrolyse und VFA Produktion. VFA = „volatile fatty acids“, die wichtig für einen gut funktionierenden Stoffwechsel in der Gülle sind. Diese Gruppe ist überdurchschnittlich vertreten.

Der Median der Referenzwerte liegt bei 20% Anteil, ihre Gülle liegt bei erhöhten 21,9%.

Je höher der Anteil an Bacteroidetes, umso besser gelingt der Cellulose-Abbau.

Daraus läßt sich leicht ablesen, daß der Abbau von Cellulose gut funktioniert. Zugleich deuten niedrige Werte bei der Gruppe der Cloacimonetes < 2% an, daß der Cellulose-Abbau beendet ist. Dagegen indizieren höhere Werte der Cloacimonetes > 2% einen noch aktiven Streuabbau. Dabei können die Werte durchaus mehr als 13% Anteil haben.

Nach ZHAO 2022 trägt ein hoher Anteil an Bacteroidetes auch dazu bei, daß die Gülle sich nach der Ausbringung positiv auf die Biomasse und die Nährstoffverfügbarkeit im Boden auswirkt.

Firmicutes (Streuabbau - Kohlenhydrate)

Diese Bakteriengruppe baut Proteine und Kohlenhydrate ab (Lim et al., 2014). Ebenso können Firmicutes Schlüssel-Enzyme wie Protease oder Lipase aufbauen, die wiederum den Streuabbau erleichtern (Chen et al., 2019). Der Median der Firmicutes liegt bei 29,8% Anteil. Ihre Gülleprobe liegt bei 35,78, zeigt also deutlich günstigere Werte als die Referenz.

Darstellung des bakteriellen Streuabbaus

	Bacteroidetes	Cloacimonetes	Firmicutes
Art des Streuabbaus	Abbau von Cellulose	Abbaustatus Cellulose und Aminosäuren	Kohlenhydrate, Proteine
Referenz Median	20 %	Cellulose ist abgebaut <2%. Cellulose wird noch abgebaut >2%	29,8 %
Ihre Werte	21,9 %	1,3 %	35,8 %
Veränderung	9,5 %	Cellulose ist abgebaut	20 %
	Die vorliegende Gülle zeigt durch die Behandlung deutlich bessere Abbauraten für Kohlenhydrate und Cellulose sowie für die Umwandlung der Proteine.		

In den Gärresten von Biogasanlagen sind jedoch auch im Endlager erhöhte Werte an Cloacimonetes zu erwarten.

5 Top-Bakterien auf GENUS-Ebene

Die Top dominanten Bakterien auf der GENUS-Ebene geben einen Überblick über die wichtigsten Funktionen der vorliegenden Gülle.

TOP-5 Bakterien auf GENUS-Level

Gesamt TOP 5	17,0 %	
Pseudomonas	5,0 %	Gammaproteobacteria. Aerob. Pflanzenwachstumsförderer und gute Pathogenabwehr, löst gebundenes P und Si aus dem Boden. Ist die herausragendste Gruppe in diesem Report, insbesondere die Spezies <i>Pseudomonas caeni</i> , die zu hohen Werten führt.
UCG-002	4,0 %	Phylum Proteobacteria. Familie Succinivibrionaceae. Anaerob. Abbau von Kohlenhydraten
Acinetobacter	3,0 %	Gammaproteobacteria. Aerob. Zersetzen Organik saprophytisch. Baut toxische Stoffe ab. Sind Biostimulantien und Pathogenabwehr. Überlebt Trockenheit, niedrigen pH und große Temperturschwankungen.
Anaerocella	2,8 %	Bacteroidetes. Typisch in der Rinderhaltung. Anaerob. Erhöhte Werte = verbesserte Fettsäureproduktion (VFA). Es verbessert die Löslichkeit der organ. Substanz und die Menge der fermentierenden Bakterien erhöht. A. Ist hierzu der Mittler.
Sedimentibacter	2,2 %	Firmicutes, Clostridia. Anaerob. pH Optimum 7,0 - 8,2. Baut Aminosäure ab zu Ethanol und organischen Säuren. (Lechner, 2015;Imachi et al., 2016)

Pseudomonas, UCG-002 und die Acinetobacter spiegeln die bodenwichtige Gruppe der Proteobacteria wider

Anaerocella und Sedimentibacter spiegeln den Streuabbau wider und beide Gruppen zeigen aufgrund ihrer Dominanz, daß der Streuabbau durch die Behandlung mit Plocher sehr gut funktioniert hat.

6 Top-Bakterien auf SPEZIES-Ebene

Die fünf wichtigsten Spezies geben einen guten Einblick in den Zustand der vorliegenden Gülle.

TOP-6 Bakterien auf SPEZIES Level

Spezies	Anteil (%)	Beschreibung
<i>Pseudomonas caeni</i>	4,8 %	Kerneigenschaft: bedeutsamer Denitrifikant, mit Reduktion von Nitrat und Nitrit. Weit verbreitet in Gülle. Wächst nur in salzreicher Gülle (< 3% NaCl). Wächst auch bei 4°C. Opt. pH 7,0-8,0.(XIAO 2009)
UCG-002 trichiura	4,0 %	Phyllum Proteobacteria. Familie Succinivibrionaceae. Anaerob. Umwandlung von Kohlenhydraten in Essigsäure
<i>Anaerocella delicata</i>	2,8 %	Bacteroidetes. Fermentierer. Anaerob, Methanogen. Typisch für Kühe. pH Optimum 6.8-7.5 Temperatur Range 10-37°C, Optimum 25-30°C. Produziert Indol (Güllegeruch). Wandelt Proteine und Aminosäuren um, jedoch keinen Zucker.
<i>Fermentimonas caenicola</i>	2,2 %	Phyllum Bacteroidota, wächst optimal bei 37°C, pH-Bereich 6,5-8,5 mit Optimum bei pH 7,1. Salzgehalte tolerant 0-5 gr/l NaCl. Fakultativ anaerob. Typischer Fermentierer. Umwandlung von Kohlenhydraten in Zucker und Umwandlung komplexer Kohlenhydrate. Methanbildner. Hefen stimulieren das Wachstum. Produziert Essigsäure, Propionsäure und CO ₂ (MIDAS Field Guide)
<i>Acinetobacter lwoffii</i>	2,0 %	Gamma-Proteobacteria. Aerob. Weit verbreitet. Überlebt Trockenheit, niedrigen pH und große Temperaturschwankungen. Es reagiert kaum auf Desinfektionsmittel. Produziert SCFA kurzkettige Fettsäuren, baut Proteine ab und wandelt Aminosäuren um. Umwandlung von Kohlenhydraten in Zucker.
Gesamt-Anteil	15,8 %	

7 Buttersäure-Bildner

In den Faeces von Rind und Schwein finden sich bei einem gesunden Darm-Mikrobiom der Tiere meist 20% Propionsäure, 60% Essigsäure und 20% Buttersäure. Obwohl die Buttersäure offensichtlich untergeordnet vorhanden ist, so liefert sie 80% der gesamten Energie für den Körper des Tieres. Gleichmaßen kann Buttersäure von Pflanzen genutzt werden und dient der Förderung eines gesunden Pflanzenwachstums. Höhere Gehalte an Buttersäure in der Gülle stärken also die Pflanzen.

Echte Zielwerte gibt es nicht, der Gehalt an Buttersäure in der Gülle ist von mehreren Faktoren abhängig, u.a. von der Fütterung der Tiere. Die Buttersäuregehalte in der Gülle können auch von der gefütterten Silage abhängig sein. So stellte ZANGERL 1989 fest, daß die Verfütterung von Silage mit 38 % TS im Vergleich zur Verfütterung von Silage mit 53 % TS und von Dürrfutter zu einem signifikant erhöhten Gehalt an Buttersäurebakterien-Sporen im Kot führte.

In der Praxis unseres Laboralltags formulieren wir einen empirisch gewachsenen Sollwert von > 2 % buttersäurebildenden Bakterien in der Gülle. Ab diesem Schwellenwert können sich pflanzenwirksame Veränderungen nach der Ausbringung der Gülle einstellen.

Buttersäurebildende Bakterien in der vorliegenden Gülleprobe

Bakterium	Beschreibung	Anteil (%)
Bacteroides	Einer der dominanten Darmbesiedler, probiotisch	2,14 %
Akkermansia municipihila	Wichtiges Darmmikrobiom Bakterium, probiotisch	0,44 %
Ruminococcus	Wichtiges Darmmikrobiom Bakterium	0,22 %
Eubacterium	Wichtiges Darmmikrobiom Bakterium, probiotisch	0,21 %
Faecalibacterium Prausnitzii	Wichtiges Darmmikrobiom Bakterium, probiotisch	0,21 %
Prevotella	Wichtiges Darmmikrobiom Bakterium	0,09 %
Lactobacillus	Wichtiges Darmmikrobiom Bakterium, probiotisch	0,01 %
Clostridien	(Es konnten keine buttersäurebildenden Clostridien gefunden werden)	0,00 %
	Gesamt	3,32 %

Die Bacteroides, Ruminococcus, Eubacterium und Prevotella sind typische Darmbewohner bei Mensch und Tier.

Akkermansia und Faecalibacterium sind Partner, die immer symbiontisch auftreten. Sie sind der Schlüssel zur Gesundheit bei Mensch und Tier. Hohe Gehalte an Faecalibacterium sind stets ein Indikator für eine vorliegende Erkrankung (die Werte dieser Analyse sind ok).

Lactobacillus, also die Milchsäurebakterien, kommen in Gülle meist nur untergeordnet vor, fördern aber die natürliche Ansäuerung in der Gülle und binden somit indirekt Ammoniak.

8 Verringert ihre Gülle-Optimierung den Clostridien-Gehalt?

Family	Ihre Gülleprobe	Referenzwerte Mikrobiom-Lab Stand 31.12.24	Veränderung (%)	Bemerkung
Clostridiales	7,6 %	13,5 %	-44 %	Eine gute Gülle sollte Werte deutlich unserem Referenzwert haben
Bacteroidales	17,8 %	11,7 %	52 %	Ihre Werte sollten höher als die Referenz sein
Pseudomonadales	8,1 %	1,2 %	575 %	Ihre Werte sollten höher als die Referenz sein
Lactobacillales	0,4 %	0,6 %		Im Regelfall bleibt der Anteil der Milchsäurebakterien in der Gülle niedrig <1%.

Durch eine zielgerichtete Aufbereitung von Gülle soll die Menge an Clostridien in der Gülle zurückgehen. Das verringert spätere Futtermittelverschmutzung sowie das Einbringen zusätzlicher pathogener Lasten. Daher lohnt die Betrachtung der Clostridien.

In Ihrer Probe finden sich **44% weniger Clostridien im Vergleich zu unserem Referenzwert**. Das kann als klares Indiz für eine erfolgreiche Gülle-Aufbereitung angesehen werden.

Ebenso sind bodenwichtigen Bacteroidales und den Pseudomonadales um 52% und um 599% erhöht vorhanden, was nach der Ausbringung wesentliche Bodenfunktionen verbessern kann.

Die Gruppe der Lactobacillales (Milchsäurebakterien) ist in Gülle fast immer unbedeutend niedrig, die Darstellung erfolgt nur informatisch.

Clostridiengehalte und mineralisch gedüngte Flächen

Mineralisch gedüngte Flächen erzeugen übers Futter höhere Mengen an Clostridien in der Gülle. Ziel einer nachhaltigen Gülle-Optimierung sollte aber sein, den Anteil an Clostridien in der Gülle gering zu halten. Der Einfluß zwischen dem Clostridienbesatz im Siliergut und dem Buttersäuregehalt in den Silagen ist übrigens gering (https://www.agrarforschungschweiz.ch/wp-content/uploads/2019/12/2017_04_2265.pdf).

9 Stickstoff-Fixierer

Es sind in der vorliegenden Gülle Stickstoff-Fixierer vorhanden.

Luftstickstoffbindende Bakterien, auch Stickstofffixierer genannt, spielen eine entscheidende Rolle im Stickstoffkreislauf und in der biologischen Stickstoffbindung. Stickstoff ist ein essentieller Nährstoff für Pflanzen, aber die meisten Pflanzen können Stickstoffgas (N_2) aus der Luft nicht direkt nutzen.

Luftstickstoffbindende Bakterien können diese Art von Stickstoff in eine für Pflanzen verwertbare Form umwandeln. Über das Darmmikrobiom von Schwein und Rind können diese über die Gülle in den Boden gelangen und den dortigen Pool an N-Fixierern ergänzen und erweitern.

Es gibt freilebende Stickstofffixierer (Azotobacter, etc) und symbiotische Stickstofffixierer wie die Rhizobakterien an den Wurzeln von Leguminosen wie Erbse, Bohne oder Luzerne (*BHAT et.al 2022*).

Vorteile: Die Stickstoff-Verfügbarkeit der Pflanze erhöht sich, der Bedarf an synthetischem Dünger verringert sich und die Bodenfruchtbarkeit verbessert sich.

Istwert 1,4%

N-Fixation

0				
VERY LOW (<0,5%)	LOW (< 1%)	MEDIUM (< 1,5%)	HIGH (< 2,5%)	VERY HIGH (>2,5%)
Datenbasis:	Top 109-Bacteria, Stand 31.12.24			

10 Nitrifikation und Denitrifikation

Unter Nitrifikation versteht man die Umwandlung von Ammonium in Nitrat. Dieser Prozess verläuft in zwei Stufen.

Zunächst erfolgt die Umwandlung von Ammonium in Nitrit (AOB) und danach die Umwandlung von Nitrit in Nitrat (NOB). Höhere Werte sind ein Zeichen vermehrter Aktivität.

Häufig treffen wir aber auf eine gestörte Nitrifikation mit geringen AOB-Werten und hohen NOB-Werten.

Das kann ein Hinweis auf ein hohes Maß mineralischer Düngung sein (= nitratlastig, daher NOB hoch) oder ein Hinweis auf ungenügende Pflanzenernährung (= nicht ausreichende Ammoniumversorgung des Bodens).

Beschreibung	Info	Bakterium	Anteil	Gesamt
Ammonium-oxidierende Bakterien (AOB)	Umwandlung Ammonium in Nitrit	Nitrosomonas	0 %	0 %
		Nitrosospira	0 %	
		Nitrospira	0 %	
Nitrit-oxidierende Bakterien (NOB)	Umwandlung Nitrit in Nitrat	Nitrobacter	0 %	0 %
		Nitrococcus	0 %	
		Nitrolancetus	0 %	
		Nitrospira	0 %	
Denitrifikation	Umwandlung von Nitrat in molekularen Stickstoff (N ₂)	Pseudomonas	4,98 %	5,1 %
		Corynebacterium	0,08 %	
		Geobacter	0,02 %	
		Thiobacillus	0,01 %	

Bewertung: Die Nitrifikation findet zum Zeitpunkt der Probenahme nicht (mehr) statt, was durch das Fehlen der entsprechenden Bakterien belegt ist.

Dafür gibt es eine ausgeprägte Denitrifikation, bei der CO₂ wohl in sichtbaren Bläschen an der Oberfläche der Gülle freigesetzt wird. Die Höhe der vorliegenden Denitrifikation lässt vermuten, daß es sich um eine kräftige Blasenbildung handelt.

11 Vitamin B12 produzierende Bakterien 8,2 %

Vitamin B12 ist ein bedeutsamer Antistress-Effekt für Blatt und Boden: Abiotische und biotische Streßfaktoren können durch ausreichend Vitamin B12 in der Pflanze nahezu vollständig beseitigt werden, da Vitamin B12 der vollständige Gegenspieler zu freien Radikalen ist. Weniger Stress bedeutet bessere Photosyntheseleistung.

Vitamin B12 kann nur von Bakterien erzeugt werden, aber die Pflanzen profitieren davon.

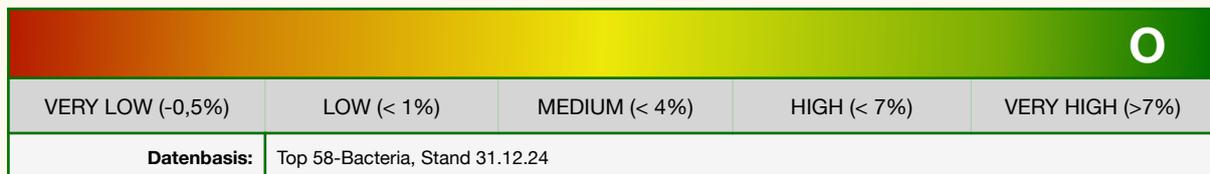
Die Voraussetzung zur Bildung von Vitamin B12 durch Bakterien in der Gülle sind ausreichende Mengen an Schwefel, Eisen, Kobalt sowie etwas Molybdän sowie natürlich das Vorkommen der entsprechenden Arten.

In der vorliegenden Gülle finden sich sehr hohe Gehalte an Vitamin B12-bildenden Bakterien. Es handelt sich um die höchsten Werte, die wir bislang in einer Gülle feststellen konnten.

Derart hohe Vitamin B12 Bildungsraten setzen auch voraus, daß der Abbau der Kohlenhydrate und der Cellulose günstig verläuft, was wir bereits im Kapitel über den Streuabbau in diesem Report nachgewiesen haben.

Istwert 8,2%

Vitamine B12 producing bacteria



12 Pestizidabbauende Bakterien 5,0%

Sogar in Gülle / Gärrest können pestizidabbauende Bakterien vorkommen.

Diese Bakterien haben die günstige Eigenschaft Restmoleküle von Pflanzenschutzmitteln schneller abzubauen.

Somit bauen diese Bakterien nach der Ausbringung der Gülle auch den Stress in der Pflanze ab und die Photosyntheseleistung verbessert sich.

In dieser Gruppe dominieren entweder die Pseudomonas-Arten oder die Bacillus-Arten. In dieser Gülleprobe dominieren die Pseudomonas-Arten.

Istwert 5,0%

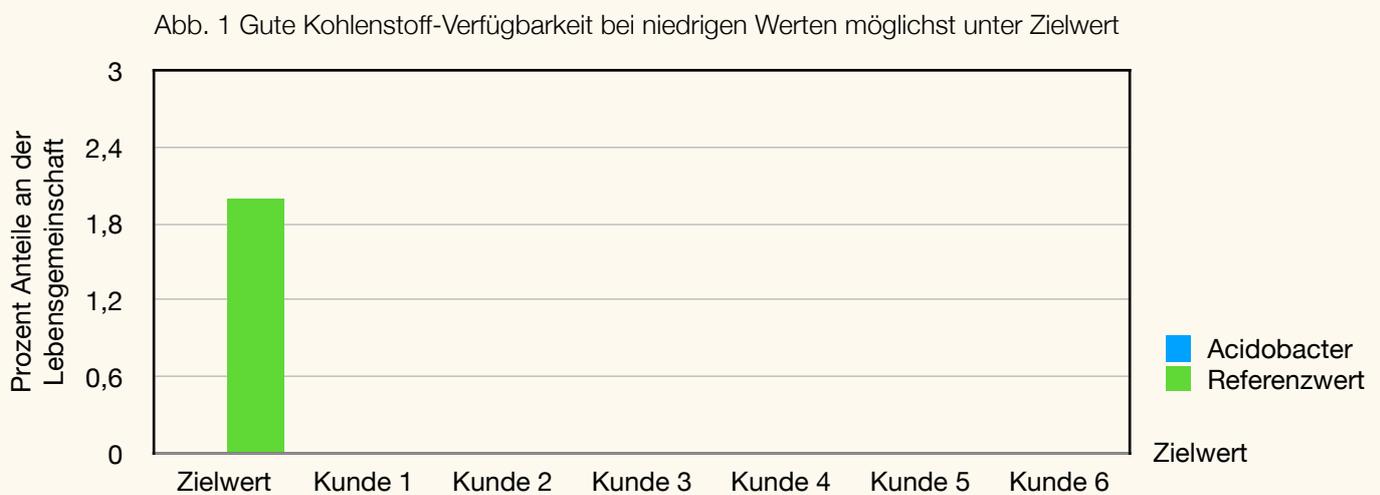
Pesticide reducing bacteria



13 Kohlenstoff-Verfügbarkeit - Acidobacter

Hohe Mengen an oligotrophen Acidobacteria sind kennzeichnend für eine geringe Kohlenstoff-Verfügbarkeit. Die vorliegende Gülleprobe hat aber mit 0,01% Anteil der Acidobacteria einen sehr geringen Anteil.

Fazit: Die Kohlenstoffverfügbarkeit Ihrer Probe ist hoch, sie deutlich unter dem grünen Zielwert liegt (=0,01%).



Quelle: <https://jacksonlab.stanford.edu/sites/g/files/sbiybj20871/files/media/file/ecol07b.pdf>

14 Bodenstabilität und Immunsystem des Bodens

Das Verhältnis der Bakteriengruppen Bacteroidetes und Firmicutes zueinander ist für die Bodenstabilität bedeutsam.

Wenn die Bacteroidetes überwiegen, liegen entzündliche Prozesse im Boden vor - das Immunsystem wäre dann geschwächt. Parallel zu diesem Befund lägen dann weniger Actinomyceten vor. Beide Gruppen zusammen sollten **50%** oder mehr Anteile haben.

Ihre Probe kann nur 17-23% dieser Leistung erbringen.

	Probe 1		SOLL CHENG 2020	
Bacteroidetes	21,90 %		> 20%	Zuviel Bacteroidetes zeigt eine Immunschwäche im Boden, insbesondere wenn der Anteil der Actinomyces auch noch zu gering ist - siehe unten. Bacteroidetes produzieren bodenwichtige Säuren und bauen Zellulose ab, sie tragen also zum Abbau von Organik wesentlich bei.
Firmicutes	35,80 %		> 30%	Firmicutes sollte kleiner als Bacteroidetes sein. Firmicutes produzieren Schlüsselenzyme für den Abbau von Organik.
Gesamt	58 %	0 %	> 50 %	

Ihr Anteil entspricht der Vorgabe (50%) oder ist sogar höher?:

Ihre Anteile an den Bacteroidetes und Firmicutes entsprechen dem Sollwert 50% oder liegen sogar höher. Das bedeutet, daß ihre Gülle nach der Ausbringung eine ausgewogene und günstige Biologie für den Boden liefert.

Ihr Anteil liegt unter der Vorgabe 50%?

Die Organik in ihrer Gülle wurde noch nicht ausreichend verstoffwechselt. Es würde sich empfehlen, Maßnahmen zur GÜLLEAUFBEREITUNG zu treffen, damit ihre Gülle mit der Biologie ihres Bodens nach der Ausbringung möglichst gut umgehen kann. Aufgrund dieses Befundes fehlt es entweder an lignin- oder celluloseabbauenden Bakterien und Pilzen in ihrer Gülle oder sie sind zumindest in ihrer Aktivität gehemmt. Daraus resultiert ein mangelnder Streuabbau, der sich auch am Acker fortsetzen würde. Sofern Sie schon jetzt immer wieder feststellen können, daß ihre Böden die Streu nicht optimal abbauen, so könnte die Ursache hierfür in einer noch nicht optimal aufbereiteten Gülle liegen.

15 Pflanzenwachstumsförderer

Die richtige Form der Gülleaufbereitung kann die bakteriellen Pflanzenwachstumsförderer („plant growth promoting bacteria PGPB) stark fördern. Die Rhizosphäre ist die Region um die Pflanzenwurzeln, in der die meiste mikrobielle Aktivität stattfindet. Dort beeinflussen wachstumsfördernde und -hemmende Aktivitäten der Mikroorganismen das Wachstum und die Entwicklung der Pflanzen.

Die pflanzenwachstumsfördernden Rhizobakterien (PGPR) sind aufgrund ihrer Fähigkeit, der Pflanze auf vielfältige Weise zu helfen, sehr wichtig. Gut untersucht sind die Genera Pseudomonas, Bacillus, Azospirillum, Azotobacter, Arthrobacter, Achromobacter, Micrococcus, Enterobacter, Rhizobium, Agrobacterium, Pantoea und Serratia.

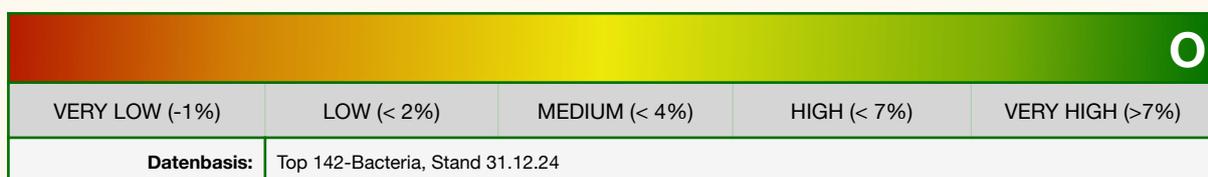
Das Rhizomikrobiom spielt eine entscheidende Rolle bei der Aufnahme und Assimilation von Nährstoffen, der Verbesserung der Bodentextur, der Sekretion und Modulation extrazellulärer Moleküle wie Hormone, sekundäre Metaboliten, Antibiotika und verschiedene Signalstoffe, die alle zu einer Verbesserung des Pflanzenwachstums und der Entwicklung führen.

Die Mikroben und die von ihnen abgesonderten Verbindungen stellen wertvolle Biostimulanzien dar und spielen eine zentrale Rolle bei der Regulierung der Stressreaktionen von Pflanzen (Bhatt 2022).

Es gibt ausgesprochen viele pflanzenwachstumsfördernde Bakterien in dieser Gülle.

IST-Wert 8,0%

Plant Growth Promoting Bacteria (%)



16 Löslichkeit von Phosphor

Bewertung:

Phosphorlösende Bakterien sind in der Lage, gebundenen Phosphor aus dem Boden für die Pflanze wieder verfügbar zu machen. Auch in der Gülle kommen diese Bakterien vor.

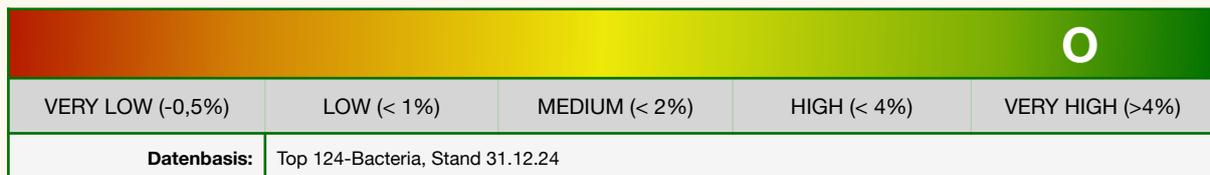
Diese Gruppe wird in Ihrer Gülle durch die Pseudomonas-Bakterien stark gefördert.

Nach der Ausbringung Ihrer Gülle mit diesem hohen Anteil an Pseudomonas-Bakterien steigt die Löslichkeit von gebundenem Phosphor im Boden und zugleich auch die Löslichkeit von Silicium im Boden.

Auf diese Weise werden die hohen Phosphorvorräte im Boden besser ausgenutzt.

Istwert 4,98%

Phosphorous Solubility



17 Pathogene Belastungen

Bakterielle Schädlinge / Pathogene im Boden sollten 1% der Gesamtzahl an Bakterien nicht überschreiten. Anteile unter diesem Schwellenwert können als geogene Hintergrundbelastung ohne pathologische Bedeutung aufgefaßt werden.

Je höher jedoch der Istwert über dem Schwellenwert 1% liegt, desto eher trifft man auf einen erhöhten Pathogendruck.

Istwert 0,17%

Pathogens



Gülle von der Kuh bringt häufig pathogene Belastungen mit Streptococcus und Clostridien mit sich. Diese haben negative Auswirkungen auf die Bodenbiologie (ZHANG 2023). Diese Gülle zeigt sich jedoch nahezu frei von Streptococcus und ohne pathogene Clostridien.

In welchem Umfang ist Ihre Gülle mit Pathogenen belastet?

Pathogene in ihrer Gülleprobe	PLOCHER	Referenz
Flavobacterium	0,05 %	0,6 %
Streptococcus	0,04 %	
Staphylococcus	0,03 %	
Escherichia-Shigella	0,03 %	0,4 %
Succinivibrio	0 %	0,03 %
Bacteroides	0 %	0,03 %
Mycobacterium	0,02 %	
Gesamt	0,17 %	1,06 %
Es liegt keine pathogene Belastung vor.		

18 Schwefel und Methan in der Gülle als Milieuzeiger

Zeitgemäße Gülleaufbereitung zielt darauf ab, das Milieu der Gülle zu konditionieren, um eine bestmögliche Verträglichkeit mit der oberflächennahen Bodenbiologie nach der Ausbringung der Gülle zu erzielen. Im Kern geht es darum, die Redoxpotentiale der Gülle mit denen des Bodens möglichst gut zu harmonisieren. Dazu ist es erforderlich, zu hohe Gehalte an Methan oder Schwefel zurückzuführen, da diese ein unerwünscht stark reduziertes Milieu liefern würden, was ungünstig für die Bodenbiologie wäre.

Die Gehalte an schwefel-oxidierenden Bakterien sind in der vorliegenden Gülle bei 0,01 %, also nahe der Nachweisbarkeitsgrenze. An anderer Stelle in diesem Report konnten wir jedoch sehr hohe Vitamin B12-Konzentrationen in der Gülle feststellen. Diese erfordern neben viel Eisen und Molybdän auch höhere Gehalte an Schwefel, damit sich das Vitamin B12 durch die Nitrogenase bilden kann. Das bedeutet, daß die hohen Schwefelgehalte beispielhaft belegt am Vit B12 Level, mikrobiell gebunden wurden und der freie Restschwefelgehalt sehr niedrig sein wird, da kaum noch schwefeloxidierende Bakterien vorliegen.

Ähnlich verhält es sich mit den methan-oxidierenden Bakterien. Untenstehende Tabelle belegt deutlich, daß methanverarbeitende Prozesse eigentlich nicht mehr stattfinden. Es liegen „oligotrophe“, also nährstoffarme Verhältnisse vor - Methan ist also quasi nicht mehr vorhanden.

Methane-oxidizing bacteria (MOB)

Genus	Soll-Anteil	Rindergülle Plocher
Eutrophe Verhältnisse mit höchster Rate CH ₄		
Methylobacter	63 %	0,00 %
Methylomonas	30 %	0,03 %
Methylocystis	1 %	0,00 %
Methylococcus	2 %	0,01 %
Methylocaldum	1 %	0,01 %
Übergangs-Verhältnisse		
Methylobacter	27 %	0,00 %
Methylomonas	21 %	0,03 %
Methylococcus	44 %	0,01 %
Methylocystis	4 %	0,00 %
Oligotrophe Verhältnisse mit geringster Rate CH₄		
Methylobacter	3 %	0,00 %
Methylococcus	26 %	0,01 %

19 Günstige Werte bei Methan, Schwefel, Eisen, Schwefelwasserstoff

Unbehandelte Gülle liefert ein stark reduzierendes Milieu, wo die Kreisläufe von Eisen, Methan, Schwefel und Schwefelwasserstoff eine bedeutsame Rolle spielen. Dieses reduzierte Milieu ist aber für einen Einsatz auf den oxidierten landwirtschaftlichen Flächen kaum geeignet.

Daher überprüfen wir an dieser Stelle, wie die Anteile dieser Stoffe im Sinne einer Eignung für die Landwirtschaft zu bewerten sind.

a) **Methanbildung**

Kennzeichnend für hohe Methangehalte ist die Gruppe der Methan-oxidierenden Bakterien (MOB).

Hohe Anteile mit vielen Arten sprechen für bedeutsamen Methanstoffwechsel, geringe Anteile mit wenig Arten für eine untergeordnete Bedeutung der Methangehalte (*CHAUHAN 2012*).

Die vorliegende Probe zeigt **eine kaum noch vorhandene Methanbildung**.

b) **Sondergruppe Halobacterota (Methanbildner)**

Die Halobacterota sind eine besondere Methanbildner-Gruppe mit Sulfatreduktion. Sie nehmen in ihrer Gülleprobe nur 0,4 % ein, haben daher keine Bedeutung. Ein Wert von 0,5% sollte nicht überschritten werden. Dieser niedrige Wert zeigt auch, daß keine erhöhten Salzgehalte in ihrer Gülle vorliegen. Diese Gruppe der Halobacterota würde unerwünscht CO₂ in Methan umwandeln, was aber hier nicht stattfindet.

c) **Schwefelbildung**

Die Summe an schwefel-oxidierenden und schwefel-reduzierenden Bakterien in ihrer Probe ist so gering, daß sich die Daten nahe an der Nachweisbarkeitsgrenze bewegen.

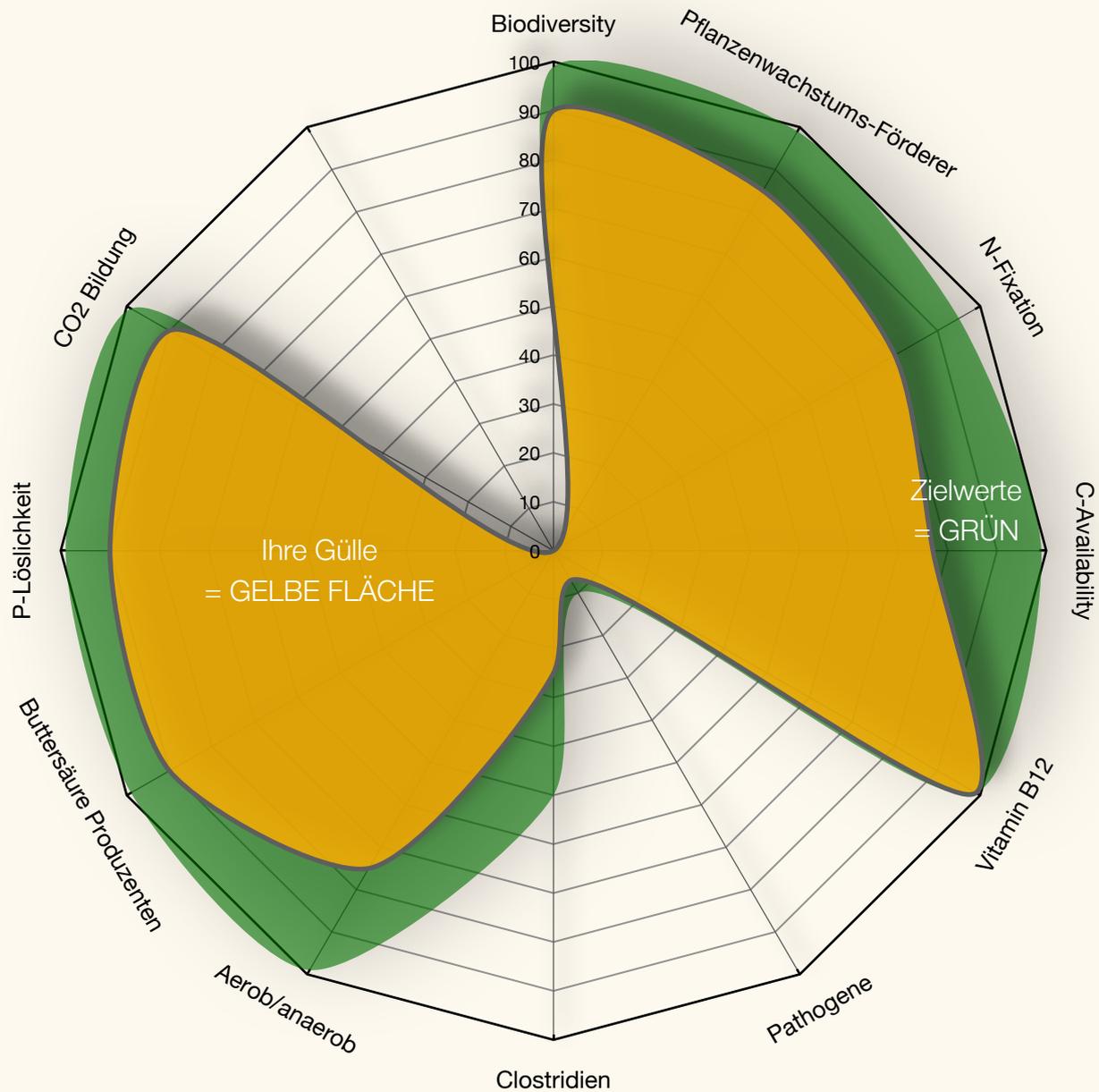
Die Werte im einzelnen sind:

SOB Schwefel-Oxidierer 0,01%

SRB Schwefel-Reduzierer 0,22%

Es ist keine aktive Schwefelverarbeitung erkennbar, jedoch sind hohe Mengen Schwefel bereits bakteriell gebunden bei den Stickstoff-Fixierern und den Vitamin B12 bildenden Bakterien.

20 Biologischer Gülle-Index (BGI) zum Stand ihrer Gülleaufbereitung



Ihr **biologischer Gülle-Index (BGI)** zeigt deutlich die Höhen und Tiefen Ihrer Probe in Bezug auf eine Anwendung in der Landwirtschaft. Die gelben Flächen enthalten Ihre Daten. Sie erhalten einen direkten Vergleich mit Zielwerten als Referenzdaten (grüne Flächen).

Schlussfolgerung: Ihr biologischer Bodenstatus ist ausgezeichnet in den dargestellten Bodenfunktionen. Nährstoffe stehen in einer gut löslichen Form zur Verfügung, der hohe Gehalt an Huminstoffen trägt auch dazu bei.



Für die Richtigkeit
Peter Flasshoff-Gockel,
Laborleitung Mikrobiom-Lab GmbH

Oberthulba, 12.02.2025

21 Literaturangaben:

BALABANOVA et al. 2021: Balabanova L, Averianova L, Marchenok M, Son O, Tekutyeva L. Microbial and Genetic Resources for Cobalamin (Vitamin B12) Biosynthesis: From Ecosystems to Industrial Biotechnology. *Int J Mol Sci.* 2021 Apr 26;22(9):4522. doi: 10.3390/ijms22094522. PMID: 33926061; PMCID: PMC8123684.

BHAT BA,et al. 2022: The role of plant-associated rhizobacteria in plant growth, biocontrol and abiotic stress management. *J Appl Microbiol.*

CAMPANARO 2020: Campanaro, S., Treu, L., Rodriguez-R, L.M. *et al.* New insights from the biogas microbiome by comprehensive genome-resolved metagenomics of nearly 1600 species originating from multiple anaerobic digesters. *Biotechnol Biofuels* **13**, 25 (2020). <https://doi.org/10.1186/s13068-020-01679-y>

CHAUHAN et al. 2012: Chauhan A, Pathak A, Ogram A. Composition of methane-oxidizing bacterial communities as a function of nutrient loading in the Florida everglades. *Microb Ecol.* 2012 Oct;64(3):750-9. doi: 10.1007/s00248-012-0058-2. Epub 2012 Apr 29. PMID: 22544346. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/22544346/>

CHEN et al. 2019: Songchao Chen, Dominique Arrouays, Denis A. Angers, Claire Chenu, Pierre Barré, Manuel P. Martin, Nicolas P.A. Saby, Christian Walter, National estimation of soil organic carbon storage potential for arable soils: A data-driven approach coupled with carbon-landscape zones, *Science of The Total Environment*, Volume 666, 2019, Pages 355-367, ISSN 0048-9697, <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2019.02.249>., (<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0048969719307478>)

CHENG et al. 2020: Hongyan Cheng, Minshu Yuan, Qianyuan Duan, Ruxiao Sun, Yufang Shen, Qiang Yu, Shiqing Li. Influence of phosphorus fertilization patterns on the bacterial community in upland farmland
DONG et al. 2023: Dong, C.; Wei, M.; Sun, F.; Bao, H.; Bao, M.; Ju, J. and Du, L. 2023. Effect of lactic acid bacteria preparations on calf fecal flora. *Revista Brasileira de Zootecnia* 52:e20210199. <https://doi.org/10.37496/rbz5220210199>

HANAJIMA et al. 2015: Hanajima Dai , Aoyagi Tomo , Hori Tomoyuki, Survival of free-living *Acholeplasma* in aerated pig manure slurry revealed by ¹³C-labeled bacterial biomass probing, *Frontiers in Microbiology*, VOLUME=6, 2015, URL=<https://www.frontiersin.org/journals/microbiology/articles/10.3389/fmicb.2015.01206>, DOI=10.3389/fmicb.2015.01206

WANG et al. 2018: Wang YT, Zhang TQ, Tan CS, Qi ZM, Welacky T. Solid Cattle Manure Less Prone to Phosphorus Loss in Tile Drainage Water. *J Environ Qual.* 2018 Mar;47(2):318-325. doi: 10.2134/jeq2017.06.0230. PMID: 29634797

ZANGERL 1989, Zangerl P., 1989. Aspekte der Clostridienproblematik und Anaerobier- Züchtung. *Milchwirtschaftliche Berichte* 101, 223–228.

ZHANG et al. 2023: Zhang YL, Guo XM, Hu H, Guo N, Xu XT, Li JL. [Effects of Cow Manure Application on Soil Microbial Community in Farmland]. *Huan Jing Ke Xue.* 2023 Mar 8;44(3):1792-1800. Chinese. doi: 10.13227/j.hj.kx.202203090. PMID: 36922239.

ZHAO et al. 2022: Zhao Chengzhen , Hu Juan , Li Qiang , Fang Yi , Liu Di , Liu Ziguang , Zhong Rongzhen. Transfer of Nitrogen and Phosphorus From Cattle Manure to Soil and Oats Under Simulative Cattle Manure Deposition, *Frontiers in Microbiology*, Vol 13, 2022, <https://www.frontiersin.org/journals/microbiology/articles/10.3389/fmicb.2022.916610>