



Universiteit  
Leiden  
The Netherlands

## Assemblage and functioning of bacterial communities in soil and rhizosphere

Yan, Y.

### Citation

Yan, Y. (2016, June 8). *Assemblage and functioning of bacterial communities in soil and rhizosphere*. Retrieved from <https://hdl.handle.net/1887/40026>

Version: Not Applicable (or Unknown)

License: [Licence agreement concerning inclusion of doctoral thesis in the Institutional Repository of the University of Leiden](#)

Downloaded from: <https://hdl.handle.net/1887/40026>

**Note:** To cite this publication please use the final published version (if applicable).

Cover Page



Universiteit Leiden



The handle <http://hdl.handle.net/1887/40026> holds various files of this Leiden University dissertation.

**Author:** Yan Y.

**Title:** Assemblage and functioning of bacterial communities in soil and rhizosphere

**Issue Date:** 2016-06-08

## **Samenvatting**

De biodiversiteit in de bodem is enorm en bepaalt in hoge mate het functioneren van terrestrische ecosystemen, zowel op 'macro' als op 'micro' niveau. Ondanks het feit dat de grote invloed van land gebruik en menselijke activiteiten op het verlies aan soorten algemeen geaccepteerd is, zijn de effecten van het verlies aan microbiële soorten grotendeels onbekend. Een belangrijke reden hiervoor is het gebrek aan geschikte experimentele benaderingen om de relevantie van de microbiële biodiversiteit in de bodem voor het functioneren van bodem ecosystemen vast te stellen. De primaire doelstelling van het onderzoek dat in dit proefschrift beschreven wordt, was het beter begrijpen van de vorming, diversiteit en functioneren van bacteriële gemeenschappen in de bodem en de rhizosfeer. Voor dat doel, hebben we in eerste instantie de tamelijk oude verdunningsmethode toegepast voor het manipuleren van de diversiteit van microbiële gemeenschappen in de bodem door de inoculatie van meer of minder verdunde bodem suspensies in vooraf gesteriliseerde bodems.

Om de mogelijkheden van de verdunningsmethode voor het manipuleren van de diversiteit van bacteriën te evalueren, heb ik deze methode gecombineerd met de nieuwste sequentie analyse bepalingsmethodieken en geavanceerde bioinformatica en statistische technieken. In hoofdstuk 2, heb ik deze benadering getoetst en heb ik beter zicht gekregen op de vorming van bacteriële gemeenschappen in de bodem. De resultaten die in dit hoofdstuk en het volgende hoofdstuk 3 beschreven worden, laten het overheersende effect van de bodem op de vorming van bacteriële gemeenschappen vanuit geïnoculeerde suspensies met verschillende diversiteiten zien. Door toepassing van de verdunningsmethode kon de diversiteit van bodem suspensies op soort en OTU niveau aanzienlijk gereduceerd worden. Zowel de samenstelling als de diversiteit van de uiteindelijk gevormde gemeenschappen in de bodem verschilden enorm ten opzichte van de oorspronkelijke geïnoculeerde suspensies. Dit illustreert eens te meer de selecterende kracht van de bodem gedurende de vorming van bacteriële gemeenschappen in terrestrische ecosystemen. Het was opmerkelijk dat zeldzame bacteriële soorten niet konden worden gescheiden van de veelvuldig aanwezige soorten aangezien unieke OTU's ook werden gedetecteerd in de meest verdunde suspensies en in de bodem gemeenschappen die waren gevormd uit deze meest verdunde suspensies

Ik heb ook de vorming van bacteriële gemeenschappen in de rhizosfeer als mede de functionaliteit van de gemeenschappen die waren gevormd na inoculatie van suspensies met gemeenschappen met verschillende diversiteit ( hoofdstuk 4). De diversiteit en samenstelling van de gemeenschappen en hun functionaliteit verschilden significant tussen (wortelvrije) bodem en rhizosfeer. Netwerk analyses lieten een sterkere interacties zien tussen bacteriën in de rhizosfeer dan in de bodem. De selectie in de rhizosfeer betrof vooral bacteriën met specifieke genen die voornamelijk gerelateerd waren aan transport processen, de Embden-Meyerhof-Parnas, EMP, metabole route en waterstof metabolisme. Deze selectie was niet willekeurig verspreid over alle bacterie soorten. Daaruit heb ik geconcludeerd dat de selectie processen in de rhizosfeer voornamelijk gedreven worden door de functionele eigenschappen van de bacteriën.

De potentiële effecten van bacteriële gemeenschappen in de rhizosfeer op de groei van planten is in meer detail onderzocht en beschreven in Hoofdstuk 5. De biomassa productie was gemiddeld het laagst en het meest variabel in bodems die geïnoculeerd waren met de onverdunde suspensies met de hoogste diversiteit. Door toepassing van een combinatie van niet-geleide (unsupervised) multivariate statistiek en partiële correlatie kon worden aangetoond dat *Arthrobacter* de taxonomische groep was die het meest gerelateerd was aan de planten biomassa productie. Op een zelfde manier kon worden vastgesteld dat genen die betrokken zijn bij transport processen het best correleerden met plant biomassa. De frequentie van ‘transporter’ genen was hoger in *Arthrobacter* dan in enig andere component van de bacteriële gemeenschap. Partiele correlatie wees verder uit dat de frequentie van ‘transporters’ genen belangrijker was dan de frequentie van *Arthrobacter* soorten om de effecten op plant biomassa productie te verklaren. Op basis van de resultaten die beschreven zijn in de hoofdstukken 4 en 5, kan worden geconcludeerd dat planten specifieke bacteriële soorten selecteren op basis van functionele eigenschappen die een positief effect hebben op planten groei.