

# Zusammenfassung

Die meisten Nutzpflanzen, darunter auch die Modellgetreideart Mais, nehmen Nährstoffe direkt über ihre Wurzeln aus der Rhizosphäre auf und indirekt durch mutualistische Symbiose mit arbuskulären Mykorrhizapilzen (AMF). AMF bilden extraradikale Hyphen (ERH), die über die Rhizosphäre hinaus in die Hyphosphäre wachsen und so in nährstoffreiche Bereiche gelangen, die für Wurzeln unerreichbar sind. Da AMF nur begrenzt in der Lage sind, organischen Phosphor im Boden zu mineralisieren, sind sie auf die Interaktion mit anderen Mikroben in der Hyphosphäre und auf ihrer Hyphenoberfläche angewiesen. Es ist jedoch weitgehend unbekannt, ob Wurzeln und Hyphen unterschiedliche Bakterien- und Pilzgemeinschaften rekrutieren und inwieweit Bodendüngung und genotypische Variationen der Wirtspflanzen diese Gemeinschaften beeinflussen.

Um die Wechselwirkungen zwischen Wirtsgenotyp, Mikrobiota und Boden zu analysieren, wurden die Bakterien- und Pilzgemeinschaften in Wurzel- und Hyphen-assoziierten Kompartimenten von vier genotypisch unterschiedlichen Maislinien, die in drei aufeinanderfolgenden Feldstudien unter variierender Phosphor (P)- und Stickstoffdüngung angebaut wurden, mit Hilfe der automatisierten ribosomalen intergenen Spacer Analyse (ARISA) und Amplikon-Sequenzierungen untersucht. Zur Gewinnung der Hyphen mit an der Oberfläche anhaftenden Mikroben aus natürlichen lehmigen Feldböden entwickelten wir eine halbautomatische Sieb- und Saccharose-Zentrifugationsmethode (SSC) mit hohem Probendurchlauf.

Die Bakterien- und Pilzgemeinschaften, der Wurzelendosphäre und der Rhizosphäre unterschieden sich in Diversität und Struktur deutlich von denen, die auf der Hyphenoberfläche und in der Hyphosphäre zu finden sind. Die Phosphat- und Stickstoffdüngung des Bodens und in geringerem Maße auch der Genotyp der Pflanzen wirkten sich auf die mikrobiellen Gemeinschaften in allen Kompartimenten aus, was darauf hindeutet, dass Veränderungen des Pflanzengenotyps auf die von ERH assemblierten Gemeinschaften übertragen werden. Der Knock-out des Mykorrhiza-Phosphat-Transporters PHT1;6, der zu einer Störung des Mykorrhiza-Phosphataufnahmewegs (MPU) führt, hatte unter den vier untersuchten Pflanzengenotypen die stärksten Auswirkungen auf das Wachstum und den Nährstoffgehalt von Mais sowie auf die Zusammensetzung der Bakteriengemeinschaft auf der Hyphenoberfläche. Die Dysfunktion des MPU prägte die Pilz- und Bakteriengemeinschaften in der Wurzelendosphäre stärker als in der Rhizosphäre, der Hyphenoberfläche und der Hyphosphäre, veränderte aber nicht die ERH-Länge. Die ERH-Länge wurde vielmehr durch den pH-Wert des Bodens, die Bodendüngung und das Wachstumsstadium der Pflanze beeinflusst. Darüber hinaus fanden wir eine Korrelation zwischen der ERH-Länge, der Pflanzenbiomasse, dem P-Gehalt der Pflanzen und der AMF-Wurzelbesiedlung, was erste

Hinweise auf eine Rückkopplungsschleife zwischen intraradikalen und extraradikalen Pilzhyphen als Reaktion auf die Nährstoffbedingungen im Boden liefert, die sich auf die Pflanzenbiomasse und den Nährstoffgehalt auswirkt und umgekehrt. Diese Rückkopplungsschleife könnte jedoch in der *pht1;6*-Mutante unterbrochen sein.

Darüber hinaus haben wir Bakterien- und Pilzgattungen identifiziert, die durchweg an der Hyphenoberfläche angereichert sind, und solche, die unter Bedingungen, die die arbuskuläre Mykorrhiza (AMS) begünstigen, häufiger vorkommen und daher potenziell für die Zusammensetzung der Hyphenoberflächen-Gemeinschaft und AMS relevant sind.

Insgesamt unterstreichen unsere Ergebnisse, dass Hyphen spezifische pilzliche und bakterielle Gemeinschaften zu den Hyphenoberflächen rekrutieren, deren Zusammensetzung durch die Fähigkeit des Wirts beeinflusst wird, P über den MPU aufzunehmen, sowie von der Bodendüngung.