

## Forschungsteam identifiziert genetischen Anteil an der Zusammensetzung des Mikrobioms um die Mais-Wurzeln

### Pressemitteilung

Gatersleben, 21.03.2024 **Bakterien und Pilze sind für die Funktion der Pflanzenwurzeln von großer Bedeutung. Ein internationales Forschungsteam unter Federführung der Universität Bonn und unter Beteiligung des IPK Leibniz-Institutes hat nun an Maispflanzen herausgefunden, dass nicht nur die Eigenschaften des Bodens, sondern auch die Erbanlagen der Pflanze dazu beitragen, welche der Mikroben sich an der Wurzel tummeln. Dies wurde auch durch den Einsatz des Werkzeugkastens der quantitativen Genetik ermöglicht. Die Ergebnisse, die heute im Journal „Nature Plants“ veröffentlicht wurden, könnten helfen, besser an Dürre und Nährstoffmangel angepasste Maissorten zu züchten.**

#### Wissenschaftlicher Kontakt

Dr. Yong Jiang  
Tel.: +49 39482 5843  
[jiang@ipk-gatersleben.de](mailto:jiang@ipk-gatersleben.de)

Dr. Peng Yu  
Tel.: +49 228 73-60532  
[yupeng@uni-bonn.de](mailto:yupeng@uni-bonn.de)

#### Medienkontakt

Christian Schafmeister  
Tel.: +49 39482 5461  
[schafmeister@ipk-gatersleben.de](mailto:schafmeister@ipk-gatersleben.de)

Damit Pflanzen wachsen können, nehmen sie über ihre Wurzeln Wasser und Nährstoffe auf. Dabei greifen sie auf winzige Helfer zurück: Vor allem Bakterien und Pilze befinden sich in einer dünnen Schicht um die Wurzeln herum. Diese Mikroben wehren auch für die Pflanze schädliche Organismen ab, ähnlich wie das „Mikrobiom“ im Darm des Menschen mit darüber bestimmt, ob wir krank werden oder gesund bleiben.

Ein internationales Forschungsteam unter Federführung der Universität Bonn und unter Beteiligung des IPK Leibniz-Institutes hat nun an Maispflanzen nachgewiesen, dass das Erbgut der Wirtspflanze erheblichen Einfluss auf die Zusammensetzung der Wurzelmikroben hat. „Es zeigte sich, dass das Wurzelmikrobiom stark von Stressbedingungen wie Nährstoff- oder Wassermangel abhängt“, sagt Dr. Yong Jiang, einer der Erstautoren der Studie und Wissenschaftler der IPK-Arbeitsgruppe „Quantitative Genetik“.

Das Erbgut verschiedener Maissorten ist sehr unterschiedlich. So sind regionale Sorten an ganz unterschiedliche Umweltbedingungen angepasst, je nachdem ob sie im kühleren Hochland oder wärmeren Tiefland Südamerikas angebaut werden. „Die Jahrhunderte lange Selektion von an das lokale Klima angepassten Maissorten führte dabei zu sehr unterschiedlichen Genotypen, die wir für die Studie nutzen konnten“, sagt Dr. Peng Yu, Leiter der Nachwuchsgruppe „Funktionelle Wurzelbiologie“ an der Universität Bonn.

Das Forschungsteam untersuchte nun 129 Maissorten. Diese wurden unter „normalen“ Bedingungen und unter Phosphor-, Stickstoff- und Wassermangel angezogen. Außerdem wurde die DNA von Mikroben aus 3.168 Proben sequenziert, die aus der wenige Millimeter dicken Schicht um die Wurzeln herum stammen.

Die Rolle der Erbanlagen in der Wurzel zeigte sich unter Stressbedingungen. Nährstoff- und Wassermangel hatten zwar auch Einfluss auf die Zusammensetzung der Mikroben. Doch unter gleichen Stressbedingungen zeigten sich bei den Maissorten trotzdem Unterschiede im Mikrobiom. „Wir haben nachgewiesen, dass bestimmte Maisgene mit bestimmten Bakterien interagieren“, erklärt Dr. Peng Yu.

Das internationale Forschungsteam konnte anhand von Daten zu den Wuchsbedingungen am Herkunftsort einer bestimmten Maissorte und deren Erbanlagen sogar vorhersagen,

welche Schlüsselorganismen im Mikrobiom an der Wurzel vorkommen. Dabei stachen Bakterien der Gattung *Massilia* besonders hervor: „Auffällig war, dass bei ausreichender Stickstoffversorgung nur wenige Exemplare dieser Mikroben vorkamen“, erklärt Prof. Dr. Gabriel Schaaf von der Abteilung Ökophysiologie der Pflanzenernährung am INRES und Mitglied im Exzellenzcluster PhenoRob der Universität Bonn. War dagegen der Stickstoff knapp, tummelten sich viele *Massilia* an der Wurzel. Das Team „impfte“ daraufhin Maiswurzeln mit diesem Bakterium. Dabei zeigte sich, dass die Pflanzen in der Folge viel mehr Seitenwurzeln bildeten und dadurch ihre Nährstoff- und Wasseraufnahme deutlich verbesserten.

Mit weiteren Untersuchungen fanden die Forschenden heraus, dass die Wurzel *Massilia*-Bakterien mit Flavonen anlockt. Dabei handelt es sich um einen Pflanzenfarbstoff, der mit Hilfe der Bakterien die Bildung von Seitenwurzeln stimuliert. „Voraussetzung dafür war aber, dass die Maispflanze über ein Mikrotubuli-bindendes Gen verfügte“, sagt Dr. Peng Yu.

„Wir haben für diese Studie den Werkzeugkasten der Quantitativen Genetik auch für die Mikrobiomforschung aufgeschlossen“, erklärt IPK-Wissenschaftler Dr. Yong Jiang. „Dabei waren wir überrascht, welch großen Anteil die genetische Komponente an der Ausbildung des Mikrobioms hat.“ Die Resultate können sowohl von der Wissenschaft als auch von der Züchtung genutzt werden. „Sie können als Grundlage für die Untersuchung weiterer agrarökologischer Fragestellungen und für die Entwicklung neuer, besser an den Klimawandel angepasster Maissorten anhand der Genom- und Mikrobiomdaten dienen.“

#### **Originalpublikation:**

He *et al.* (2024): Heritable microbiome variation is correlated with source environment in locally adapted maize varieties. Nature Plants. DOI: [10.1038/s41477-024-01654-7](https://doi.org/10.1038/s41477-024-01654-7)

#### **Foto:**



Maispflanzen, die in dem an der Universität Bonn durchgeführten Experiment unter Trockenstress wachsen. Foto: Dr. Peng Yu, Universität Bonn