

Unsichtbare Helfer an der Wurzel: Wie Raps mit Mikroben mehr Stickstoff gewinnt

Gatersleben, 11.02.2026 **Nützliche Bakterien, die sich an den Wurzeln von Pflanzen ansiedeln, spielen eine entscheidende Rolle sowohl bei der Stickstoffaufnahme als auch für die allgemeine Leistungsfähigkeit der Pflanze. Ein internationales Forschungsteam unter Beteiligung des IPK Leibniz-Institutes hat am Beispiel Raps (*Brassica napus*) gezeigt, wie die genetische Variation, die Transkriptionsregulation, die Zusammensetzung der Bakteriengemeinschaft - das sogenannte Mikrobiom - und die daraus resultierenden Ernährungstypen miteinander zusammenhängen. Die Ergebnisse der Studie, die kürzlich in der Fachzeitschrift „Nature Plants“ veröffentlicht wurden, basieren auf einer groß angelegten Feldstudie unter Verwendung moderner Datenanalysetechniken (Multi-Omics) und praktischen Tests mit isolierten Bakterien.**

Stickstoff ist der wichtigste Nährstoff für Pflanzen. Weltweit wird viel Stickstoffdünger eingesetzt, was allerdings die Umwelt und das Klima belastet. Mikroben fördern die Bildung von Seitenwurzeln und helfen der Pflanze letztlich, Stickstoff besser aufzunehmen - vor allem unter Stress, also bei Nährstoffmangel. Wenn Pflanzen mithilfe ihrer natürlichen Wurzel-Mikroben den vorhandenen Stickstoff besser nutzen, können Dünger eingespart und die Erträge stabilisiert werden.

Das Forschungsteam analysierte 175 verschiedene Raps-Linien an zwei Standorten in China. Während der Blüte wurden seitliche Wurzeln und ihre Rhizosphäre beprobt, um rRNA-Profile zu erstellen, die die Bakterienzusammensetzung zeigen.

Die oberirdische Biomasse wurde getrocknet und ein Profil der Mineralstoffe erstellt, das insgesamt zwölf Elemente umfasste. Es konnten insgesamt 1.341 gekoppelte Datensätze zum Genom, zur Genaktivität, zum Mikrobiom und zu den Nährstoffprofilen statistisch verknüpft werden. Mit verschiedenen statistischen Methoden konnten die Wissenschaftler Pflanzengene und -genorte identifizieren, die die Häufigkeit bestimmter Bakterien steuern.

„Wir haben das Bakterium *Sphingopyxis* als Schlüsselbakterium identifiziert. Es unterstützt die Bildung von Seitenwurzeln durch das Pflanzenhormon Auxin, erhöht die Biomasse und verbessert die Stickstoffaufnahme - besonders bei niedrigen Stickstoffwerten“, erläutert Dr. Guoliang Li, Wissenschaftler in der Arbeitsgruppe „Quantitative Genetik“ am IPK und einer der Erstautoren der Studie. Bildlich erklärt: Mehr Seitenwurzeln sind wie zusätzliche Finger beim Greifen - die Pflanze kann Nährstoffe aus dem Boden besser „fassen“. *Sphingopyxis* liefert das Signal, diese „Finger“ wachsen zu lassen.

„Wir fanden insgesamt viele genetische Steuerungspunkte („eQTL-Hotspots“), die die Häufigkeit bestimmter Bakterien im Wurzelraum kontrollieren - besonders solche, die mit dem Kohlenstoff- und Stickstoffstoffwechsel der Pflanze verknüpft sind“, sagt Dr. Guoliang Li. Die Studie zeigt: Genaktivität und Mikrobiom-Eigenschaften erklären bis zu 45 Prozent der Unterschiede in der Stickstoffaufnahme. Gene und deren Aktivität beschreiben die Mikrobiom-Zusammensetzung besser als das reine Genom.

Wissenschaftlicher Kontakt

Prof. Dr. Jochen Reif
Tel.: +49 39482 5840
reif@ipk-gatersleben.de

Medienkontakt

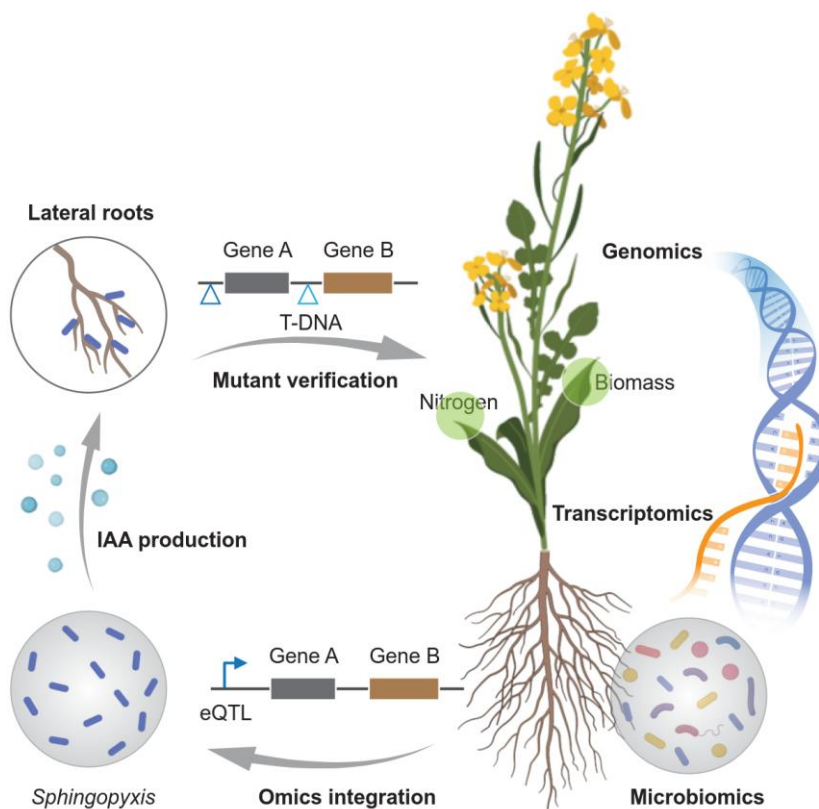
Christian Schafmeister
Tel.: +49 39482 5461
schafmeister@ipk-gatersleben.de

„Unsere jetzige Studie liefert eine gute Grundlage, um kausale Zusammenhänge zwischen Pflanzengenetik, Mikrobiom und Nährstoffaufnahme zu erkennen. Die identifizierten eQTL-Hotspots und Kandidatengene sind Ansatzpunkte für die Züchtung und weiterführende funktionelle Studien“, so Prof. Dr. Jochen Reif, Leiter der Abteilung „Züchtungsforschung“ am IPK. Wenn Sorten künftig gezielt so gezüchtet werden, dass sie förderliche Mikroben wie *Sphingopyxis* anziehen und nutzen, können sie unter wenig Dünger stabil wachsen. „Das senkt die Kosten, schont die Böden, verringert die Emissionen und trägt somit letztlich zu klimafreundlicheren und nachhaltigeren Produktionssystemen bei.“

Originalpublikation:

Li *et al.* (2025): Large-scale multi-omics unveils host-microbiome interactions driving root development and nitrogen acquisition. *Nature Plants*. DOI: [10.1038/s41477-025-02210-7](https://doi.org/10.1038/s41477-025-02210-7)

Grafik:



Ein schematisches Modell, das das Potenzial von Omics-Vorhersagen zur Identifizierung kausaler Wechselwirkungen zwischen Pflanzen und Mikroorganismen bei *Brassica napus* veranschaulicht.