INPLAMINT

Increasing agricultural nutrient-use efficiency by

optimizing **Pla**nt–soil-**M**icroorganism **Int**eractions

TP B (FUB)

Schlussbericht Phase III

Förderkennzeichen: 031B1062B

Zuwendungsempfänger: Freie Universität Berlin
Kaiserswerther Straße 16-18
14195 Berlin

Ausführende Stelle: Freie Universität Berlin
Institut für Biologie
Ökologie der Pflanzen
Altensteinstr. 6
14195 Berlin

Projektleiter: Prof. Dr. Matthias C. Rillig
Matthias.rillig@fu-berlin.de
030-838-53165 (Telefon)

Laufzeit & Berichtszeitraum: 01.06.2021–31.05.2024

I. Kurzdarstellung

I.1 Aufgabenstellung

Übermäßige Düngung in der Landwirtschaft führt zu einer unausgewogenen Nährstoffsituation, die wiederum unerwünschte Auswaschung von Nährstoffen aus den Böden in Oberflächen- und Grundwasser oder eine erhöhte Freisetzung von Treibhausgasen zur Folge hat. Für eine nachhaltige Landwirtschaft müssen daher Wege gefunden werden, die Nutzung von Düngemitteln effizienter zu gestalten, während gleichzeitig die Ernteerträge und -qualität auf einem hohen Niveau gehalten werden müssen.

Das Verbundvorhaben INPLAMINT basiert insgesamt auf der zentralen Hypothese, dass neue Anbaustrategien, basierend auf einer aktiven Beeinflussung der komplexen Interaktionen von Pflanzen und Mikroorganismen sowie einer optimierten zeitlichen Koordinierung von Düngung und Bodenverbesserungen, maßgeblich die Effizienz der Nährstoffnutzung erhöhen. Die übergreifenden Ziele des INPLAMINT-Projektes sind dementsprechend: (a) die Schlüsselprozesse aufzuklären, welche die Nährstoffkreisläufe und -flüsse bestimmen, (b) deren Bedeutung für eine nährstoffeffiziente landwirtschaftliche Produktion zu bewerten, (c) die kombinierte Nutzung und zeitliche Abfolge der Applikation der Hauptnährstoffe N, P und K zu optimieren und (d) geeignete Managementoptionen abzuleiten, mit deren Hilfe die Nährstoffnutzungseffizienz der landwirtschaftlichen Produktion für verschiedene Bodenbedingungen und unter verschiedenen Szenarien des Klimawandels optimiert werden kann. Die zentrale Hypothese ist, dass Pflanzen-Boden-Mikroorganismen-Interaktionen eine Schlüsselrolle in der landwirtschaftlichen Nährstoffnutzungseffizienz darstellen.

Um die Schlüsselprozesse aufzuklären, die für eine nährstoffeffiziente landwirtschaftliche Biomasseproduktion relevant sind, ist die Forschung in diesem Projekt auf die Verbesserung des Verständnisses folgender Punkte ausgerichtet:

- pflanzen- und bewirtschaftungsinduzierte mikrobielle Biodiversitäts- und Aktivitätsmuster,
- das Verhältnis zwischen den mikrobiellen Aktivitätsmustern, den Pflanzenarten (Fruchtfolgen) und dem Nährstoffstatus des Bodens,
- stöchiometrischer Nährstoffbedarf von Mikroorganismen und Pflanzen,
- Synchronie/Asynchronie und Konkurrenz der pflanzlichen und mikrobiellen Nährstoffnachfrage,
- Wege der Nährstoffverluste unter Bedingungen stöchiometrischer Ungleichgewichte,
- kurzfristige und langfristige Wechselwirkungen zwischen Pflanzen und Bodenmikroben.

Das Teilprojekt FUB trug zu diesen Zielen durch Bestimmung der Lebensgemeinschaften von arbuskulären Mykorrhizapilzen (AMF) mit Hilfe von Hochdurchsatzsequenzierung bei. Diesen Symbionten von Wurzeln von Pflanzen haben in der Stöchiometrie eine besondere Bedeutung, da sie am Nährstofftransport in die Wirtspflanze beteiligt sind.

I.2 Voraussetzungen, unter denen das Vorhaben durchgeführt wurde

Für die Bewertung langfristiger Managementeffekte auf den Kohlenstoff- und Nährstoffstatus des Ackerbodens sind landwirtschaftliche Langzeitversuche unabdingbar.

Um das Verständnis elementarer Prozesse im Boden, insbesondere der Effekt unterschiedlicher Elementverhältnisse (C:N:P) auf mikrobielle Artenzusammensetzung, zu verbessern, wurde die in der ersten und zweiten Förderphase des Projekts INPLAMINT begonnene Untersuchung der Entwicklung des Nährstoffstatus‘ und der Bodenfunktionen nach Rekultivierung eines redeponierten, kohlenstoff- und nährstoffarmen Bodensubstrates auch in der dritten Phase fortgeführt und nun zum Abschluss gebracht. Ebenso konnten wir die Arbeiten zu Fruchtfolgen zusammen mit Projektpartner Lüneburg abschließen. Neu in Angriff genommen wurden Feldversuche, die im Rahmen von Phase III angelegt werden konnten.

I.3 Planung und Ablauf des Vorhabens

Das Vorhaben ist in der dritten Förderphase in fünf Arbeitspakete untergliedert gewesen, die folgende Schwerpunkte hatten: Synthese der in den Phasen I und II gewonnen Daten und Ergebnisse (WP1), Transfer des in INPLAMINT entwickelten Managementansatzes mit Verwendung von organischen Bodenzusatzstoffen zur Bindung von überschüssigem Stickstoff auf andere Regionen und klimatische Bedingungen in Feldversuchen (WP2), Evaluierung der Effekte der Managementmaßnahmen auf Sozioökonomie und Umwelt (WP3), Entwicklung von Managementempfehlungen und Entscheidungshilfen sowie Politikberatung (WP4), und schließlich der Koordination des Vorhabens und der Datenbereitstellung für das BonaRes-Datenzentrum (WP5).

TP B trug schwerpunktmäßig zu WP2, und insbesondere zu WP2.3 bei, mit einem Fokus auf arbuskuläre Mykorrhizapilze. Außerdem trug unser TP zu WP1 bei, sowie zu WP 4.1 und 4.2.

Es wurden folgende Meilensteine unter Federführung des Partners FUB (zusammen mit anderen TPs) festgelegt, welche bis zu festgelegten Zeitpunkten erreicht werden sollten und wie nachfolgend dargestellt auch erreicht wurden:

Meilenstein 7, Monat 18: *Vorläufige bioinformatische und statistische Analyse der phylogenetischen Analyse der Pilze an den verschiedenen Feldstandorten.* Die Datenerfassung ist abgeschlossen.

Meilenstein 8, Monat 30: *Funktionelle Analysen von Pilzgemeinschaften (AMF und Pathogene)*. Die Datenerfassung ist abgeschlossen

I.4 Wissenschaftlicher und technischer Stand, an den angeknüpft wurde

Die Belastungen der Umwelt durch Nährstoffe aus der Landwirtschaft entwickeln sich zum globalen Problem. Die Aufnahme von mineralischem Stickstoffdünger durch die Pflanzen beträgt oft weniger als 70 % (Sebilo et al., 2013). Schätzungen zufolge stammen 50-70% aller Nährstoffe, die in Oberflächengewässer gelangen, aus der Landwirtschaft, wo sie in Form von Düngemitteln oder Gülle appliziert worden waren. Die Folge solcher unausgeglichenen Nährstoffbilanzen sind die Eutrophierung von Flüssen und Küstengewässern (Withers et al. 2001; Vitousek et al. 2009; Compton et al. 2011) sowie die Verstärkung der globalen Erwärmung (Canfield et al. 2010). Eine nachhaltige Form der Landwirtschaft ist auf optimiertes Management angewiesen, besonders in Bezug auf die Kopplung und Schließung von Nährstoffkreisläufen, welche wiederum auf den komplexen Interaktionen zwischen Pflanzen, Boden und Mikroorganismen beruhen (Lambers et al. 2009). Obwohl die Mineralisierung als solche von Bodenmikroorganismen bewerkstelligt wird, hängt dieser Prozess stark von leicht verfügbarem pflanzlichem Kohlenstoff (C) ab, der sowohl als frisches Photosyntheseprodukt über die Pflanzenwurzeln in den Wurzelraum abgegeben als auch von abgestorbenem Pflanzenmaterial freigesetzt wird, da mikrobielles Wachstum im Boden oft stark kohlenstofflimitiert ist (Boddy et al. 2007).

Mikroorganismen katalysieren alle wichtigen Nährstoffkreisläufe im Boden, wie z. B. die C-, N- und P-Mineralisierung von Pflanzenresten sowie die Gesteinsverwitterung, und sind das Rückgrat stabiler Nahrungsnetze im Boden (Philippot et al. 2024). Darüber hinaus spielen Mikroorganismen als labiles Nährstoffreservoir eine wesentliche Rolle bei der Versorgung der Pflanzen mit Nährstoffen. In jüngster Zeit wurden die traditionellen Theorien über die Bildung von organischer Bodensubstanz (OBS) durch schwer abbaubare pflanzliche Stoffwechselprodukte (Lehmann & Kleber, 2015) durch die Vorstellung ersetzt, dass eher chemisch labile, an Mineralien gebundene Verbindungen die dominierende Fraktion des OBS-Pools im Boden darstellen (Miltner et al., 2012; Cotrufo et al., 2013). Dies hat tiefgreifende Auswirkungen auf die Bewirtschaftung der mikrobiellen Biomassepools im Boden durch die Beeinflussung der Qualität des Streueintrags (Frasier et al., 2016; Haddix et al., 2016) und damit auf die Fähigkeit der mikrobiellen Nährstoffpools, mittelfristig N aus Ernterückständen zu binden, was sich langfristig auf die Bodenfruchtbarkeit auswirken kann. Obwohl es viele Belege dafür gibt, dass die wichtigsten Nährstoffkreisläufe eng miteinander verknüpft sind (Marklein & Houlton, 2012; Liu et al., 2013), konzentrierten sich die meisten Studien bisher auf einzelne Transformationsschritte oder einzelne Nährstoffkreisläufe. Daten über einzelne mikrobielle Genome deuten jedoch darauf hin, dass ein und derselbe Organismus für Transformationsprozesse in verschiedenen Nährstoffkreisläufen (z. B. N und P) verantwortlich sein könnte (Rodríguez-García et al., 2009; Duan et al., 2013).

In der Landwirtschaft wird ein erheblicher Teil der Pflanzenbiomasse bei der Ernte aus dem System entfernt, und die exportierten Nährstoffe müssen durch externe Zufuhr von organischem Material oder synthetischen Düngemitteln ersetzt werden. Während der Mineralisierung der verbleibenden Pflanzenreste und anderer organischer Stoffe im Boden

wird fast der gesamte Kreislauf von Kohlenstoff und Nährstoffelementen (z. B. N, P) im Boden durch einen relativ kleinen Pool mikrobieller Biomasse (d. h. Archaeen, Bakterien, Pilze) kanalisiert (Van Der Heijden et al., 2008). Da Mikroorganismen Nährstoffe viel schneller aufnehmen als Kulturpflanzen, fungiert die mikrobielle Biomasse im Boden sowohl als wichtige Nährstoffquelle als auch als Nährstoffsenke (Hodge et al., 2000; Kuzyakov & Xu, 2013), die aktiv bewirtschaftet werden kann, um die Auswaschung von Nährstoffen zu verhindern und den Aufbau von organischer Substanz zu erhöhen (Six et al., 2006). Die Freisetzungsrate von Nährstoffen durch mikrobielle Mineralisierung ist von drei Bedingungen abhängig: (i) der Verfügbarkeit von Kohlenstoffverbindungen mit niedrigem Molekulargewicht als Energiequelle für die C-limitierte Mikroflora, (ii) dem Kohlenstoff-Nährstoff-Verhältnis des Substrats und (iii) der C-Nutzungseffizienz (CUE) der Mikroben, die wiederum eine Funktion der stöchiometrischen Einschränkungen der Mikroorganismen ist (Sinsabaugh et al., 2013).

Im System Pflanze-Boden-Mikrobiom ist die mikrobielle N-Immobilisierung der Hauptprozess, der zu einer eingeschränkten Pflanzenverfügbarkeit von N innerhalb der Vegetationsperiode führt (King et al., 2001; Inselsbacher et al., 2010), und die Intensität des Immobilisierungsprozesses steigt mit der Verfügbarkeit von N (Ratjen & Kage, 2017). Es hat sich gezeigt, dass die N-Düngung starke Veränderungen in mikrobiellen Gemeinschaften hervorruft (Jangid et al., 2008; Carey et al., 2016) und die Bodeneigenschaften erheblich verändert, was sich stark auf die Ökosystemfunktionen und -dienstleistungen auswirkt (Manning et al., 2015; Mulder et al., 2015). Darüber hinaus können auch die Synchronität von N-Ausbringungsraten und N-Aufnahme durch die Pflanzen sowie die N-Form die Immobilisierung und damit die N-Rückgewinnung und N-Effizienz beeinflussen (Zebarth et al., 2007).

Unsere Untersuchungen der 1. und 2. Phase hatten gezeigt, dass Lebensgemeinschaften von Mykorrhizapilzen sensitiv auf Stöchiometrie in Agrarökosystemen reagieren. Durch neuartige Methoden der Analyse von Hochdurchsatzsequenzierungsdaten konnten wir zeigen, dass AMF-Lebensgemeinschaften sich in gerichteter Weise entlang einer Chronosequenz verändern, und zwar sehr schnell. Die ist ein sehr wichtiges Ergebnis, denn es zeigt auf, dass durch richtige Managementeingriffe auch positiv auf diese Organismengruppe eingewirkt werden kann. AMF können, wie unsere Ergebnisse zeigen, auch stark auf Fruchtfolgen reagieren. All dies weist auf die Schlüsselfunktion dieser Symbionten in Agrarökosystemen hin.

Moderne Strategien für eine nachhaltige Landwirtschaft müssen daher versuchen, das natürlich vorkommende pflanzliche Mikrobiom, insbesondere die an der FUB bearbeiteten Mykorrhizapilze, und dessen Wechselwirkungen mit dem Boden und den Pflanzen über gezielte Modifikation der C:N:P-Verhältnisse zu beeinflussen, um die Nährstoffverfügbarkeit für die Ackerpflanzen zu optimieren, die Nährstoffnutzungseffizienz zu steigern und die Nährstoffverluste zu minimieren.

I.5 Zusammenarbeit mit anderen Stellen

Aufgrund der komplexen Fragestellungen, des hohen Aufwandes bei der Organisation und Durchführung der Versuche und Probennahmen und der kooperativen Herangehensweise, erfolgte eine enge Zusammenarbeit mit allen Projektpartnern. Hierbei besonders hervorzuheben sind die Arbeitsgruppen des Sprechers am Forschungszentrum Jülich (A), des Helmholtz-Zentrums München (Partner C) und der Universitäten Köln (F), Kiel (G) und Lüneburg (H), mit denen jeweils Probennahmen organisiert und gemeinsam durchgeführt wurden.

Verwendete Literatur

Boddy, E., Hill, P.W., Farrar, J., Jones, D.L., 2007. Fast turnover of low molecular weight components of the dissolved organic carbon pool of temperate grassland field soils. Soil Biology and Biochemistry 39, 827 - 835.

Canfield, D.E., Glazer, A.N., Falkowski, P.G., 2010. The Evolution and Future of Earth's Nitrogen Cycle. Science 330, 192-196.

Carey CJ, Dove NC, Beman JM, Hart SC, Aronson EL. 2016. Meta-analysis reveals ammonia-oxidizing bacteria respond more strongly to nitrogen addition than ammonia-oxidizing archaea. Soil Biology & Biochemistry 99: 158-166.

Cleveland C, Liptzin D. 2007. C:N:P stoichiometry in soil: Is there a "Redfield ratio" for the microbial biomass? Biogeochemistry 85: 235-252.

Compton, J.E., Harrison, J.A., Dennis, R.L., Greaver, T.L., Hill, B.H., Jordan, S.J., Walker, H., Campbell, H.V., 2011. Ecosystem services altered by human changes in the nitrogen cycle: a new perspective for US decision making. Ecology Letters 14, 804-815.

Cotrufo MF, Wallenstein MD, Boot CM, Denef K, Paul E. 2013. The Microbial Efficiency-Matrix Stabilization (MEMS) framework integrates plant litter decomposition with soil organic matter stabilization: do labile plant inputs form stable soil organic matter? Global Change Biology 19: 988-995.

Duan J, Jiang W, Cheng Z, Heikkila JJ, Glick BR. 2013. The Complete Genome Sequence of the Plant Growth-Promoting Bacterium Pseudomonas sp. UW4. PLoS One 8: e5864.

Elser JJ, Sterner RW, Gorokhova E, Fagan WF, Markow TA, Cotner JB, Harrison JF, Hobbie SE, Odell GM, Weider LW. 2000. Biological stoichiometry from genes to ecosystems. Ecology Letters 3: 540-550.

Frasier I, Noellemeyer E, Figuerola E, Erijman L, Permingeat H, Quiroga A. 2016. High quality residues from cover crops favor changes in microbial community and enhance C and N sequestration. Global Ecology and Conservation 6: 242-256.

Gianinazzi S, Gollotte A, Binet MN, van Tuinen D, Redecker D, Wipf D. 2010. Agroecology: The key role of arbuscular mycorrhizas in ecosystem services. Mycorrhiza 20: 519-530.

Haddix ML, Paul EA, Cotrufo MF. 2016. Dual, differential isotope labeling shows the preferential movement of labile plant constituents into mineral-bonded soil organic matter. Global Change Biology 22: 2301-2312.

Hodge A, Robinson D, Fitter A. 2000. Are microorganisms more effective than plants at competing for nitrogen? Trends in Plant Science 5: 304-308.

Inselsbacher E, Hinko-Najera Umana N, Stange CF, Gorfer M, Schüller E, Ripka K, Zechmeister-Boltenstern S, Hood-Novotny R, Strauss J, Wanek W. 2010. Short-term competition between crop plants and soil microbes for inorganic N fertilizer. Soil Biology and Biochemistry 42: 360-372.

Jangid K, Williams MA, Franzluebbers AJ, Sanderlin JS, Reeves JH, Jenkins MB, Endale DM, Coleman DC, Whitman WB. 2008. Relative impacts of land-use, management intensity and fertilization upon soil microbial community structure in agricultural systems. Soil Biology & Biochemistry 40: 2843-2853.

Johnson NC. 2010. Resource stoichiometry elucidates the structure and function of arbuscular

mycorrhizas across scales. New Phytologist 185: 631-647.
King JA, Sylvester-Bradley R, Rochford ADH. 2001. Availability of nitrogen after fertilizer applications to cereals. Journal of Agricultural Science 136: 141-157.
Kuzyakov Y, Xu X. 2013. Competition between roots and microorganisms for nitrogen: Mechanisms and ecological relevance. New Phytologist 198: 656-669.
Lambers, H., Mougel, C., Jaillard, B., Hinsinger, P., 2009. Plant-microbe-soil interactions in the rhizosphere: an evolutionary perspective. Plant and Soil 321, 83-115.
Lehmann J, Kleber M. 2015. The contentious nature of soil organic matter. Nature 528: 60-68.
Liu L, Zhang T, Gilliam FS, Gundersen P, Zhang W, Chen H, Mo J. 2013. Interactive effects of nitrogen and phosphorus on soil microbial communities in a tropical forest. PLoS One 8: e61188.
Manning P, Gossner MM, Bossdorf O, Allan E, Zhang Y-Y, Prati D, Blüthgen N, Boch S, Böhm S, Börschig C. 2015. Grassland management intensification weakens the associations among the diversities of multiple plant and animal taxa. Ecology 96: 1492-1501.
Marklein AR, Houlton BZ. 2012. Nitrogen inputs accelerate phosphorus cycling rates across a wide variety of terrestrial ecosystems. New Phytologist 193: 696-704.
Miltner A, Bombach P, Schmidt-Brücken B, Kästner M. 2012. SOM genesis: microbial biomass as a significant source. Biogeochemistry 111: 41-55.
Mulder C, Hettelingh JP, Montanarella L, Pasimeni MR, Posch M, Voigt W, Zurlini G. 2015. Chemical footprints of anthropogenic nitrogen deposition on recent soil C : N ratios in Europe. Biogeosciences 12: 4113-4119.
Philippot L, Chenu C, Kappler A, Rillig MC, Fierer N. 2024. The interplay between microbial communities and soil properties. Nature Reviews Microbiology 22: 226–239.
Ratjen AM, Kage H. 2017. Predicting the site specific soil N supply under winter wheat in Germany. Nutrient Cycling in Agroecosystems, doi: 10.1007/s10705-017-9850-1
Rodríguez-García A, Sola-Landa A, Apel K, Santos-Beneit F, Martín JF. 2009. Phosphate control over nitrogen metabolism in Streptomyces coelicolor: direct and indirect negative control of glnR, glnA, glnII and amtB expression by the response regulator PhoP. Nucleic Acids Research 37: 3230–3242.
Sebilo M, Mayer B, Nicolardot B, Pinay G, Mariotti A. 2013. Long-term fate of nitrate fertilizer in agricultural soils. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America 110: 18185-18189.
Sinsabaugh RL, Manzoni S, Moorhead DL, Richter A. 2013. Carbon use efficiency of microbial communities: stoichiometry, methodology and modelling. Ecology Letters 16: 930–939.
Six J, Frey SD, Thiet RK, Batten KM. 2006. Bacterial and fungal contributions to carbon sequestration in agroecosystems. Soil Science Society of America Journal 70: 555-569.
Van Der Heijden MG, Bardgett RD, Van Straalen NM. 2008. The unseen majority: soil microbes as drivers of plant diversity and productivity in terrestrial ecosystems. Ecology Letters 11: 296-310.
Vitousek, P.M., Naylor, R., Crews, T., David, M., Drinkwater, L., Holland, E., Johnes, P., Katzenberger, J., Martinelli, L., Matson, P., others, 2009. Nutrient imbalances in agricultural development. Science 324, 1519.
Withers, P., Edwards, A., Foy, R., 2001. hosphorus cycling in UK agriculture and implications for phosphorus loss from soil. Soil Use and Management 17, 139-149.
Zebarth BJ, Botha EJ, Rees H. 2007. Rate and time of fertilizer nitrogen application on yield, protein and apparent efficiency of fertilizer nitrogen use of spring wheat. Canadian Journal of Plant Science 87: 709-718.

II. Eingehende Darstellung

II.1 Verwendung der Zuwendung und des erzielten Ergebnisses im Einzelnen, mit Gegenüberstellung der vorgegebenen Ziele

II.1.1 WP 1: Synthese aus vorigen Projektphasen (Task 1.1)

Im Rahmen einer gemeinschaftlichen Publikation einiger BonaRes-Projekte habe wir zu einer übergreifenden konzeptionellen Synthese beigetragen.

Wesentliche Bodenfunktionen wie die Pflanzenproduktivität, die C-Speicherung, der Nährstoffkreislauf und die Speicherung und Reinigung von Wasser hängen alle von bodenbiologischen Prozessen ab. Angesichts dieser Erkenntnis ist es bemerkenswert, dass bei der Modellierung dieser Bodenfunktionen die verschiedenen biologischen Akteure in der Regel keine explizite Rolle spielen. In einem Übersichts- und Perspektivpapier analysieren wir den Stand der Technik bei der Modellierung dieser Bodenfunktionen und wie biologische Prozesse angemessener berücksichtigt werden könnten. Dies wurde umgesetzt für sechs verschiedene biologisch angetriebene Prozessgruppen, die für das Verständnis der Bodenfunktionen von zentraler Bedeutung sind, nämlich i) Umsatz von organischer Substanz im Boden, ii) Stickstoffkreislauf, iii) P-Dynamik, iv) biologischer Abbau von Schadstoffen, v) Bekämpfung von Pflanzenkrankheiten und vi) Bildung von Bodenstrukturen. Eine wichtige Schlussfolgerung ist, dass die Entwicklung von Modellen zur Vorhersage von Veränderungen der Bodenfunktionen auf der Ebene von Bodenprofilen besser auf den zugrunde liegenden biologischen Prozessen beruhen sollte, die weitgehend bekannt sind.

Diese Synthese-Arbeit wurde publiziert:

Vogel HJ, Bonkowski M, Blagodatsky S, Müller C, Wachendorf C, Kiese R, Schulz S, Herbst M, Siebers N, Lennartz B, Koch S, Baum C, Leinweber P, König S, Pagel H, Amelung W, Grosch R, Vetterlein D, Kuhwald M, Rillig MC, Weller U, Schnepf A, Rüschhoff J, Russell D, Wollschläger U. 2024. How to adequately represent biological processes in modeling multifunctionality of arable soils. Biology and Fertility of Soils 60: 263–306.

II.1.2 WP 2.3 Bodenmikrobielle Diversität (darin Task 2.3.1 Pilzliche Diversität)

<u>Andere Eukaryonten (Protisten)</u>

Wir haben die von uns in Phase II entwickelte phylogenetische Analyse zur Identifizierung von Bioindikatoren (Roy et al. 2019, doi: 10.1111/nph.16080) nicht nur auf Pilze angewendet, sondern auch auf Cercozoa (Protisten). Diese Daten wurden in folgender Publikation gemeinsam mit Projektpartner U Köln veröffentlicht:

Roy J, Mazel F, Dumack K, Bonkowski M, Rillig MC. 2022. Hierarchical phylogenetic community assembly of soil protists in a temperate agricultural field. Environmental Microbiology 24: 5498-5508.

Pilze (Eumycota)

Im Rahmen des Abschlusses von Arbeiten aus der Phase II wurden mit Pilzen folgende Arbeiten publiziert:

Roy J, Reichel R, Brüggemann N, Rillig MC. 2023. Functional, not taxonomic, composition of soil fungi reestablishes to pre-mining initial state after 52 years of recultivation. Microbial Ecology 86: 213–223.

Roy J, van Duijnen R, Leifheit EF, Mbedi S, Temperton VM, Rillig MC. 2021. Legacy effects of pre-crop plant functional group on fungal root symbionts of barley. Ecological Applications 31: e02378.

AM Pilze (Meilenstein 7)

Wir erstellten ein Protokoll und einen bioinformatischen Arbeitsablauf für die Analyse eines 2,5-kb-Amplikons mit PacBio-Sequenzierung, das die drei ribosomalen Regionen abdeckt, die üblicherweise in ökologischen Studien über AMF verwendet werden (SSU - ITS - LSU). Das Protokoll wurde auf reine Sporenkulturen von taxonomisch beschriebenen AMF-Stämmen verschiedener Arten und auf Umwelt-DNA, einschließlich landwirtschaftlicher Böden in Deutschland aus dem INPLAMINT-Projekt, angewendet (Abbildung 1). Wir waren in der Lage, eine vielfältige AMF-Gemeinschaft in Umweltproben sowie Sequenzen von Taxa aus allen bekannten AMF-Hauptfamilien zu finden, was den Erfolg unserer Sequenzierung zeigt. Wir haben auch ökologische und biogeografische Signale in der Zusammensetzung der AMF-Gemeinschaften gefunden. Anhand des Stammdatensatzes konnten wir mehrere mutmaßliche Fälle von Artensynonymie und Stammfehlidentifikationen feststellen. Innerhalb des DNA-Datensatzes der Umwelt identifizierten wir mutmaßlich neue Arten und sogar Gattungen. Unsere Studie ist eine der wenigen, die PacBio-Sequenzierung für die Untersuchung der AMF-Taxonomie und -Ökologie einsetzt und lange Referenz-Barcodes für bekannte und unbekannte Stämme liefert. Ergebnis ist eine nachhaltige Verbesserung der Taxonomie von Referenzsequenzen und daher verbesserte Identifizierung von Bioindikator-Taxa, sowie die Zusammenführung von bislang nicht verknüpften taxonomischen und ökologischen Datenbank-Bioindikatoren. Wir erwarten eine Wirkung weit über das Projekt hinaus. Eine Publikation hierzu befindet sich in Vorbereitung.

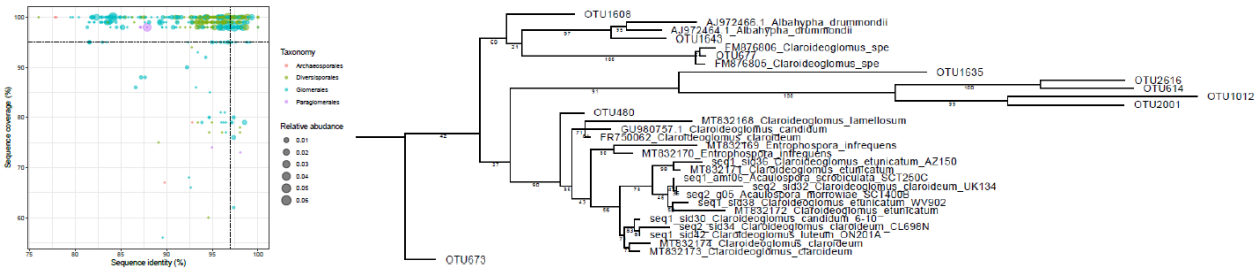

Abbildung 1. *Charakterisierung der neuen AMF-Diversität aus der Umwelt. Ähnlichkeit von AMF-Sequenzen aus der Umwelt mit Referenzsequenzen. Sequenzen mit einer Identität < 97 % und/oder*

einer Abdeckung < 95 % sind potenziell neu für die Wissenschaft. Je geringer die Identität und Abdeckung, desto höher ist der Rang der neuen Linie. Beispiel für einen mutmaßlichen neuen Stammbaum im Rang einer Gattung mit der Familie der Claroideoglomeraceae, einer in landwirtschaftlichen Böden in Deutschland und weltweit weit verbreiteten Familie. Beachten Sie auch, dass die phylogenetische Einordnung der Sequenzen von AMF-Stämmen eine falsche Stammidentifizierung erkennen lässt. Eine Korrektur ist für die Aufnahme von Referenzsequenzen in taxonomische Datenbanken erforderlich. Die Fehlidentifikation von Stämmen impliziert, dass Charaktere (d. h. Merkmale) innerhalb taxonomischer Ränge phylogenetisch konserviert sein könnten.

In einem gemeinsamen Experiment mit der Leuphana Universität zeigen wir, dass *Vicia faba* mit mehr AMF-Taxa assoziiert ist als *Avena sativa*. Dies kann erklären, warum die Rückkopplung zwischen Pflanze und Boden bei der Ackerbohne positiv ist, während sie bei Hafer negativ ist (Abbildung 2).

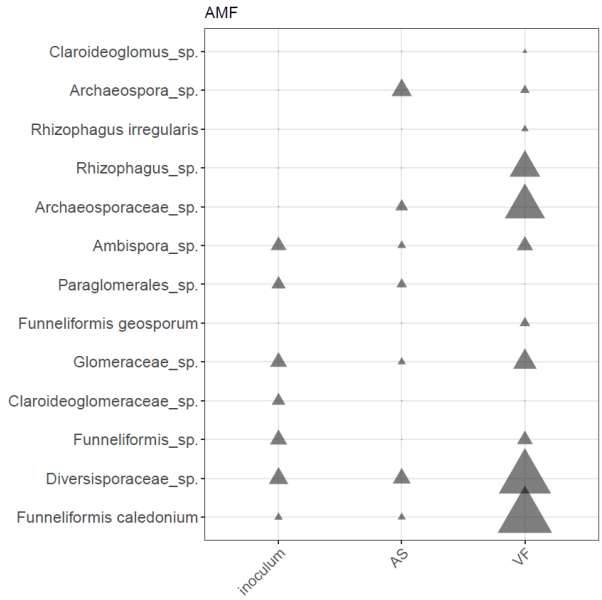

Abbildung 2. *Diversität und Abundanz von AMF-Taxa, die mit Avena sativa (AS) und Vicia faba (VF) assoziiert sind, in einem Pflanzen-Boden-Feedback-Experiment, das an der Leuphana Universität Lüneburg durchgeführt wurde.*

<u>Pathogene Pilze (Meilenstein 8)</u>

Die FUB hat Sequenzen von Pilzen erstellt. Partner haben Daten für andere mikrobielle Gruppen (Cercozoa-Protisten, Oomyceten und Bakterien) erstellt. Es wurden drei Arten von Analysen durchgeführt. Erstens ein Multitaxa-Koinzidenznetz zur Ermittlung wichtiger mikrobieller Taxa in ökologischen Clustern (Gruppen von Taxa, die positiv oder negativ häufiger zusammen auftreten als mit anderen Taxa, die Module in einem Netz sind) (Abbildung 3). Ziel war es, zu prüfen, wie diese Cluster in Böden mit unterschiedlichem zeitlichen Abstand zur Rekultivierung nach dem Tagebau variieren und wie sie in den Böden zweier Nutzpflanzenarten selektiert werden und sich dort ansammeln (Fruchtfolge in Böden,

die von Artgenossen konditioniert werden) oder nicht (Fruchtfolge in Böden, die von Heterospezialisten konditioniert werden). Zweitens: Prüfung der Korrelation zwischen den Unterschieden in der Zusammensetzung der Lebensgemeinschaften zwischen Heimat- und Fremdböden und der PSF. Drittens wurde der Zusammenhang zwischen der Akkumulation mikrobieller Krankheitserreger in heimischen oder fremden Böden und PSF genauer untersucht. Es wurden pilzliche Krankheitserreger identifiziert und ihre Häufigkeit in den verschiedenen Bodenherkünften und Behandlungen vorläufig analysiert (Abbildung 4 und Abbildung 5).

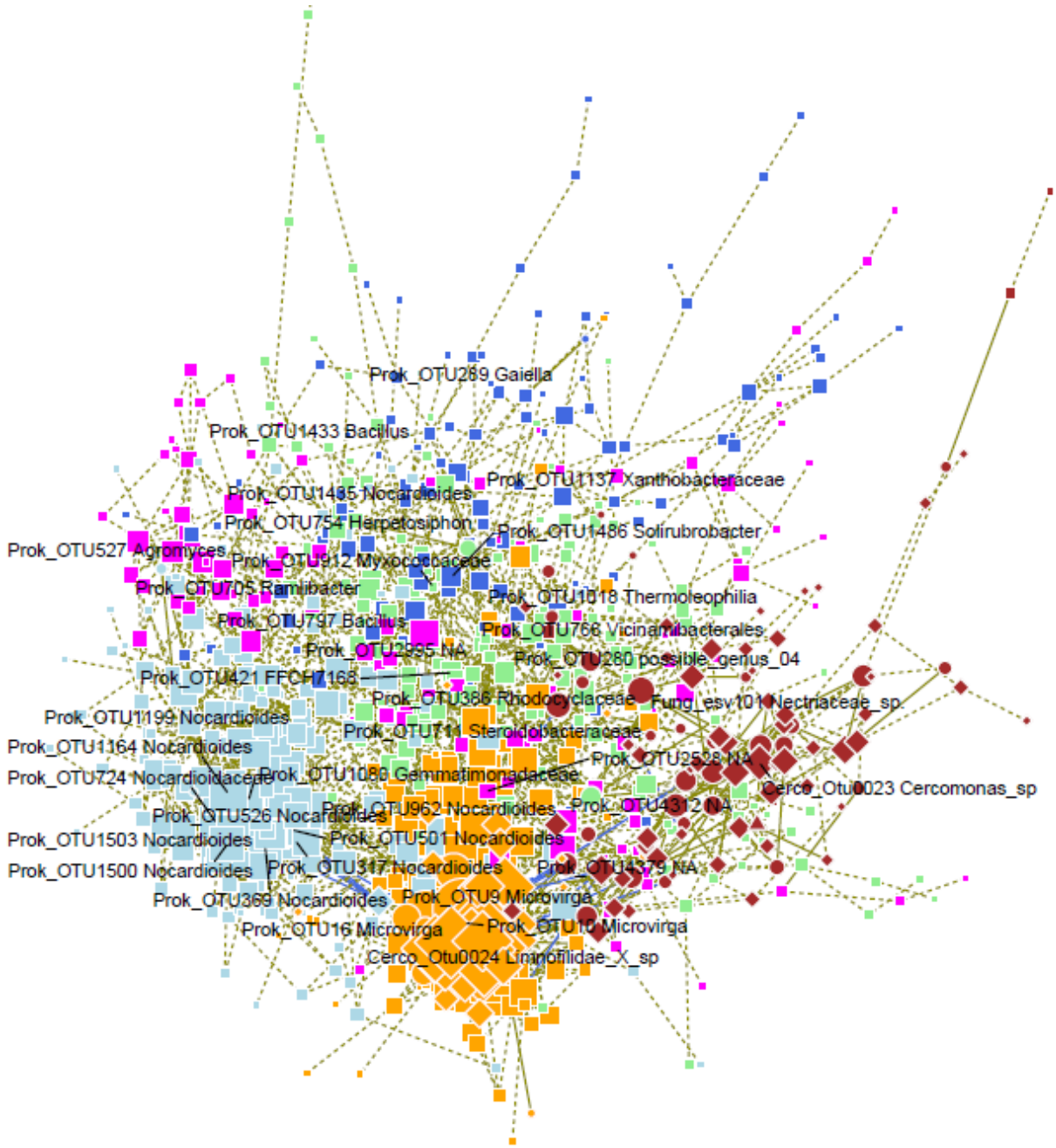

Abbildung 3. *Koinzidenznetz und seine Gliederung in Module (Farbe) der häufigsten mikrobiellen Taxa in vier taxonomischen Gruppen (Form der Symbole). Die Mikrobentaxa mit dem größten Einfluss auf die Netzwerkstruktur sind hervorgehoben.*

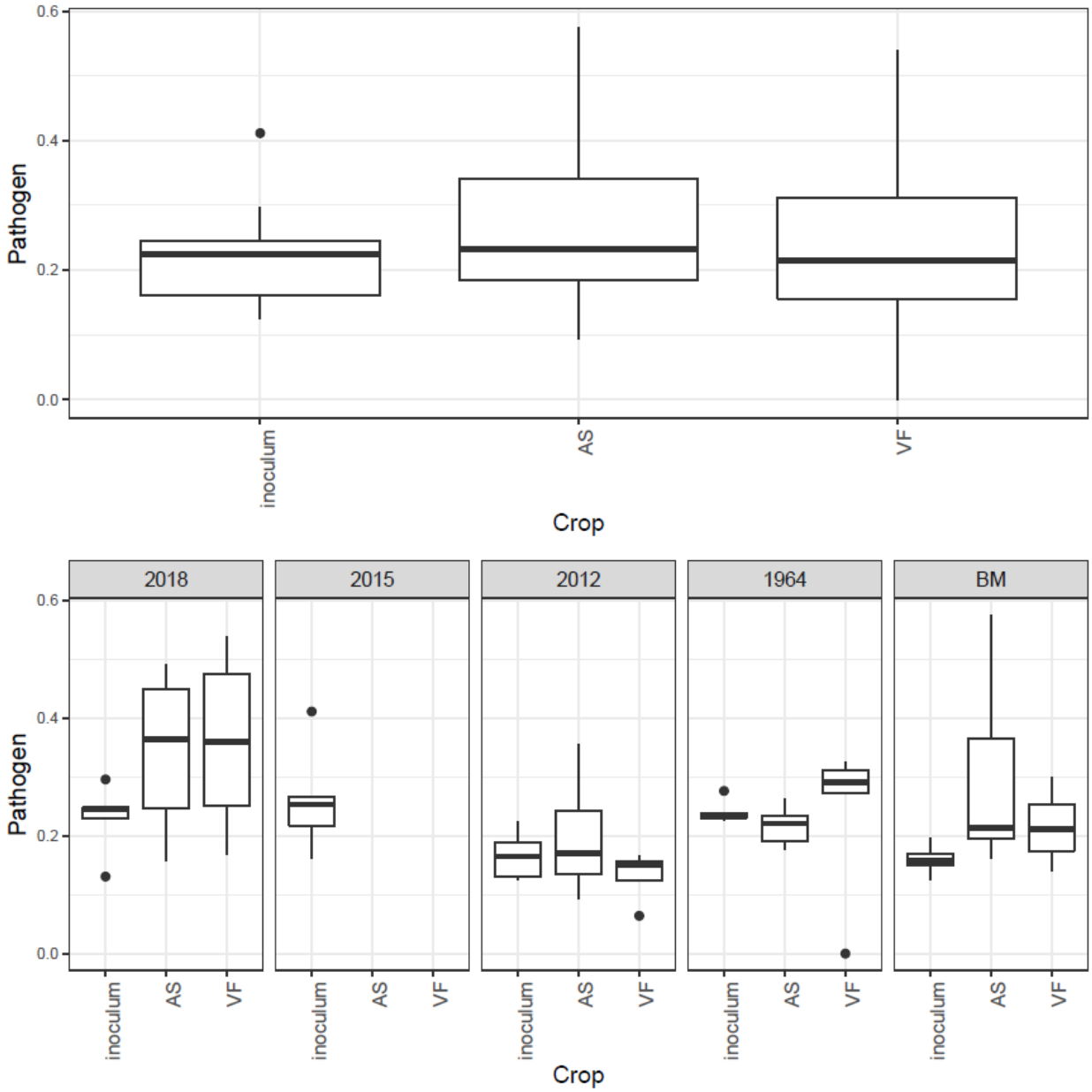

Abbildung 4. *Summe der relativen Häufigkeit (Sequenzzahlen, y-Achse) aller mutmaßlich pathogenen Pilze in den verschiedenen Kulturen und im Inokulum-Boden, insgesamt (oben) und in Abhängigkeit vom Jahr seit der Rekultivierung des Bodeninokulums (unten). Im Boden vor dem Bergbau (BM) selektiert Avena sativa (AS) mehr pilzliche Pathogene als Vicia faba (VF). In Böden nach dem Bergbau ist jedoch eine andere Dynamik zu beobachten. In jungen Böden (ab 2018) ist die Erregerbelastung bei beiden Kulturen hoch. Mit fortschreitender Rekultivierung selektiert VF in den ältesten Nachbergbauböden jedoch mehr Krankheitserreger als AS.*

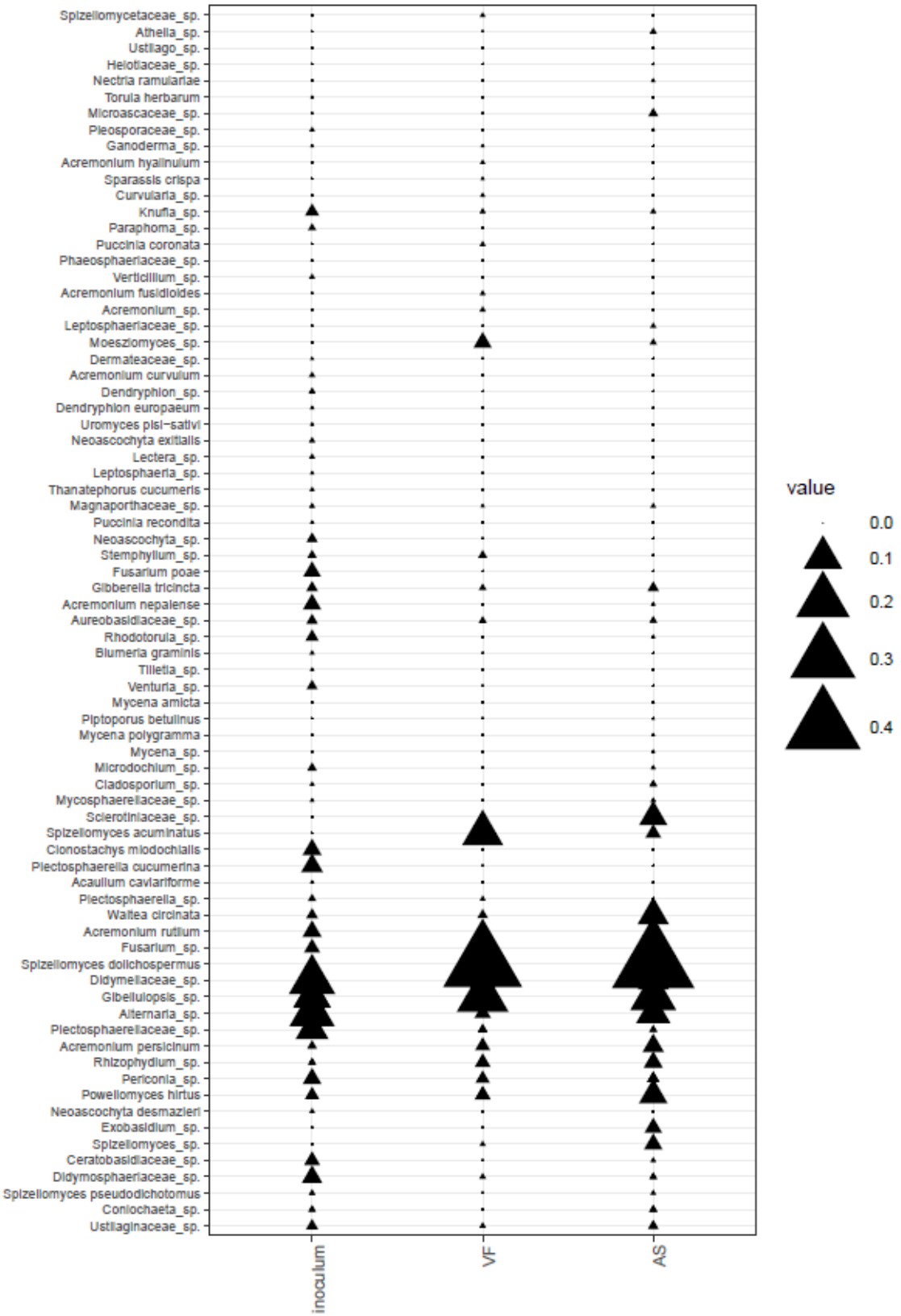

Abbildung 5. *Identität und relative Häufigkeit (Sequenzzahlen) von pathogenen Pilztaxa in verschiedenen Kulturen und im Inokulum-Boden.*

Ein Manuskript befindet sich in der Erstellung.

Feldexperiment Ergebnisse (Meilenstein 7 und 8)

Wir haben die Illumina-Sequenzierung der gesamten Pilzvielfalt auf dem Thyrow-Feldversuchsgelände für die Winter/Februar-Proben durchgeführt (Abbildung 6).

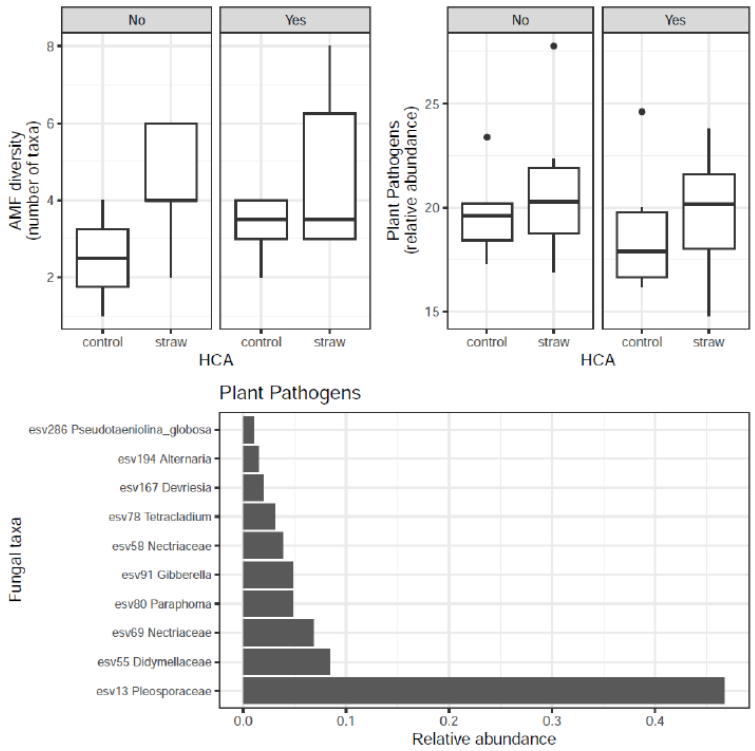

Abbildung 6. *Die Pilzgemeinschaft im Thyrow-Feldversuch wird von einem einzigen Alternaria-Pilz (esv13 Pleosporaceae) dominiert (unteres Feld). Die Ausbringung von Stroh wirkte sich nicht eindeutig auf die Pilzgemeinschaft aus: Pathogene wurden durch die Ausbringung von Stroh nicht angereichert (Bild oben rechts), aber wir beobachteten eine etwas höhere Diversität von AMF bei Ausbringung von Stroh (Bild oben links). Allerdings ist die Diversität an diesem Standort (sandiger Ackerboden) extrem gering.*

Wir setzten Nanopore-Sequenzierung mit dem tragbaren Gerät MinIon erfolgreich ein. Ein molekulares Protokoll und ein bioinformatischer Arbeitsablauf für die Analyse eines 2,5-kb-Amplikons (das die drei ribosomalen Regionen abdeckt, die üblicherweise in ökologischen Studien über AMF verwendet werden - SSU -ITS-LSU), die zuvor für die PacBio-Sequenzierung entwickelt wurden, wurden für Nanopore-Daten modifiziert. Das modifizierte Protokoll und der bioinformatische Arbeitsablauf wurden auf reine Sporenkulturen taxonomisch beschriebener AMF-Stämme verschiedener Arten und auf Umwelt-DNA, einschließlich landwirtschaftlicher Böden in Deutschland aus dem INPLAMINT BONARES-Projekt, angewandt (Abbildung 7).

In mehreren Fällen sind die Nanopore-Sequenzen von AMF-Stämmen fast identisch mit den zuvor generierten PacBio-Sequenzen und weisen eine Ähnlichkeit von 99 % mit Referenzsequenzen derselben Art auf. Aufgrund der geringen Sequenzierungstiefe und der wahrscheinlich geringen phylogenetischen Auflösung bei der Rekonstruktion von Konsenssequenzen sind wir jedoch noch nicht in der Lage, eine vielfältige Gemeinschaft von AMF in Umweltproben zu finden. Nichtsdestotrotz haben wir ökologische und biogeografische Signale in der Zusammensetzung der AMF gefunden.

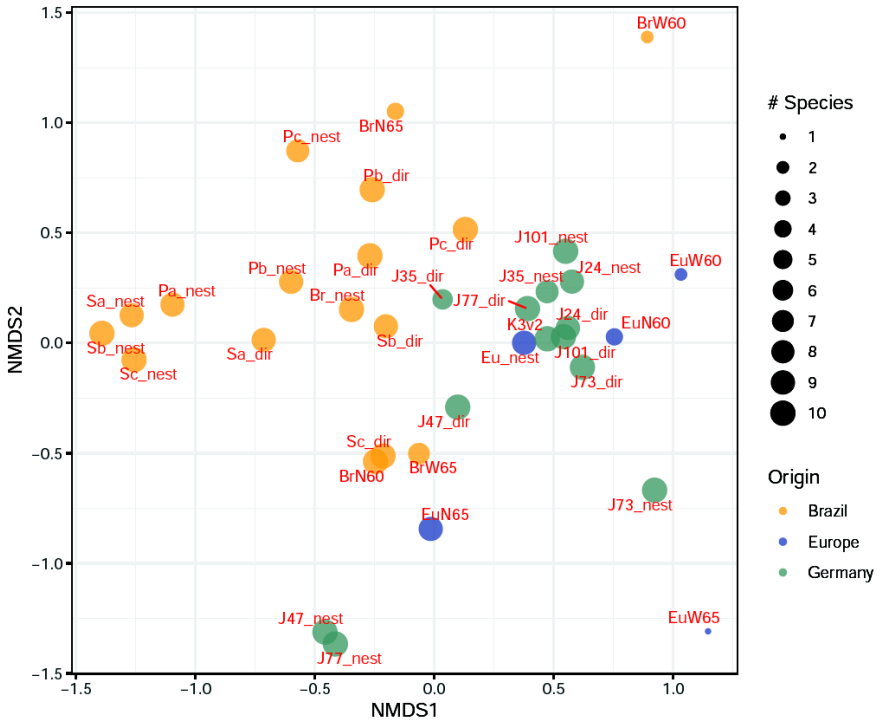

Abbildung 7. *Charakterisierung der AMF-Diversität in der Umwelt mit Hilfe der Nanopore-Sequenzierung und dem tragbaren MinIon-Gerät. Die Abbildung zeigt die NMDS-Ordination der paarweisen Bray-Curtis-Dissimilaritäten der Proben auf der Grundlage der normalisierten Sequenzanzahl. Zwischen den Proben aus Brasilien und Deutschland/Europa sind Unterschiede in der Taxazusammensetzung zu erkennen. Weitere Unterschiede in der Taxazusammensetzung sind bei Proben aus Brasilien zwischen Weide- und Sojabohnenanbau zu beobachten ("P"-Proben gegenüber "S"-Proben). Diese Proben wurden verwendet, um das Verfahren auch für größere Pilzdiversität zu testen, als in den in INPLAMINT untersuchten Böden vorhanden ist.*

Wir fanden auch eine relativ ähnliche taxonomische Zusammensetzung zwischen Nanopore- PacBio- und Illumina-Proben bei Testproben; Lebensgemeinschaften in Proben aus unterschiedlichen Bodenbewirtschaftungen konnten voneinander getrennt werden (Abbildung 9).

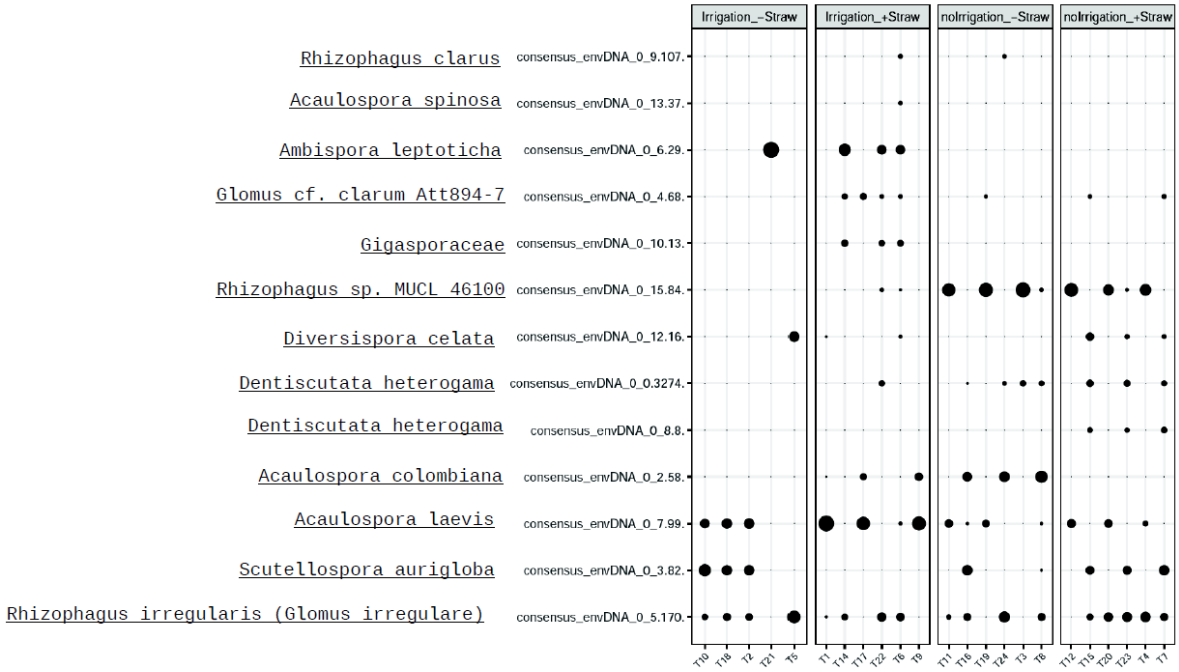

Abbildung 8. *Die Abundanz der AMF-Taxa auf dem Thyrow-Feld variiert mit der Trockenheit/Bewässerung, aber nur schwach mit der Strohausbringung (Proben von Mai 2023).*

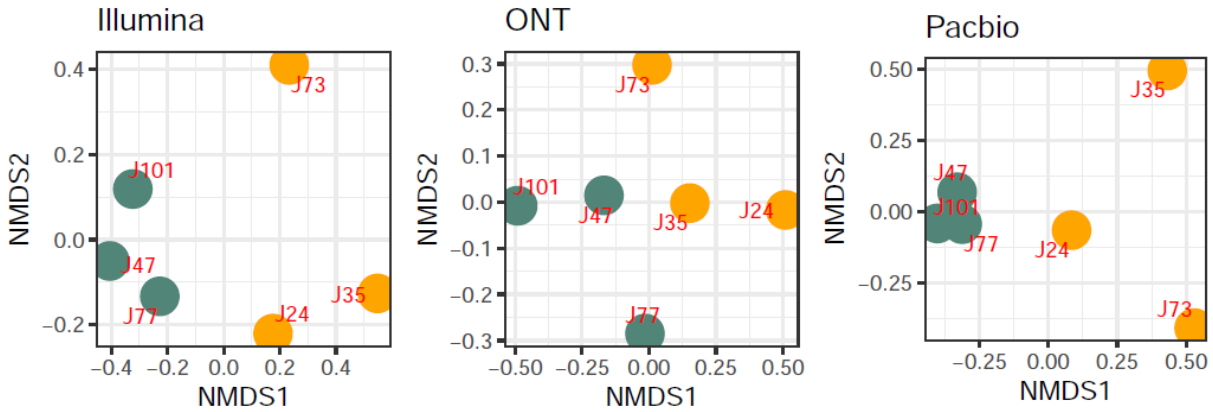

Abbildung 9. *Die Muster der AMF-Gemeinschaftszusammensetzung sind robust gegenüber Sequenzierungstechniken. Die Abbildung zeigt die NMDS-Ordination der paarweisen Bray-Curtis-Dissimilaritäten der Proben auf der Grundlage der normalisierten Sequenzanzahl für Illumina-, ONT (Nanopore)- und PacBio-Daten. Mit jeder Technik werden junge Lebensgemeinschaften aus Phase 1 einer landwirtschaftlichen Rekultivierungs-Chronosequenz (Luzerneanbau während 3 Jahren nach Bodenaushub und Neulagerung, grüne Punkte) von älteren Lebensgemeinschaften aus Phase 2 der landwirtschaftlichen Rekultivierungs-Chronosequenz (Wintergerstenanbau während 2 Jahren, 5 Jahre nach Bodenaushub und Neulagerung, gelbe Punkte) abgegrenzt.*

Die Nanopore Sequenzierung von AMF ist schon viele Jahre in der Diskussion, aber noch keiner Arbeitsgruppe gelungen. Wir arbeiten mit Hochdruck an einer Publikation; dies verzögert sich aber durch den Weggang des Postdoktoranden auf eine Dauerstelle in Frankreich.

II.1.3 WP 4.1 Management-Empfehlungen (Task 4.1.1 Empfehlungen)

Im Laufe des gesamten Projekts (alle 3 Phasen) haben wir gezeigt, dass AMF durch konventionelle landwirtschaftliche Praktiken stark und negativ beeinflusst werden. Die AMF-Vielfalt ist auf konventionellen landwirtschaftlichen Feldern gering, was auf konventionelle Praktiken wie Mineraldüngung (P) und andere Praktiken (wahrscheinlich Bodenbearbeitung) zurückgeführt werden kann. In diesem Zusammenhang wirken sich AMF tendenziell negativ auf den Ernteertrag aus. Angesichts der vielfältigen Vorteile von AMF für das Funktionieren des Ökosystems stehen diese Praktiken nicht im Einklang mit einer nachhaltigen Entwicklung und der Erhaltung der Vielfalt. Nichtsdestotrotz haben wir gezeigt, dass AMF und auch andere Pilze schnell auf sich ändernde Bodenbedingungen reagieren. Im spezifischen Kontext des Projekts konnten wir außerdem keine Auswirkungen der Strohausbringung auf die AMF-Vielfalt feststellen, was darauf hindeutet, dass es keine Kompromisse zwischen den Vorteilen der Strohausbringung und der Erhaltung der AMF-Vielfalt gibt.

II.1.4 WP 4.2 Verbreitung der Ergebnisse (Task 4.2.2 Soziale Medien)

<u>Twitter/X (@mrillig)</u>

PI Rillig hat alle Projekt-bezogenen Publikationen auf Twitter/X, sowie zeitgleich auch auf Bluesky und Mastodon angekündigt und verbreitet, mit den entsprechenden Hashtags. Auf X hat Rillig (@mrillig) derzeit über 14.000 Follower.

Beispiele:

https://x.com/mrillig/status/1557457717119356928

https://x.com/mrillig/status/1433064269369708549

https://x.com/mrillig/status/1395283949132423169

<u>Tiktok (www.tiktok.com/@rilliglab)</u>

Wir haben folgende Tiktok Videos direkt zum Thema und zu Ergebnissen des Projekts veröffentlicht (insgesamt über 2.240 Aufrufe; aufgrund des geänderten Algorithmus werden die Aufrufe durch Suche weiter ansteigen: Tiktok wird momentan von der jüngeren Generation häufiger als Suchmaschine genutzt als Google).

https://www.tiktok.com/@rilliglab/video/7195257615792803077?is_from_webapp=1&send

er_device=pc&web_id=7191178670051919366 (Thema: Stöchiometrie, allgemein; Video mit trending sound)

https://www.tiktok.com/@rilliglab/video/7195469395701812486?is_from_webapp=1&sender_device=pc&web_id=7191178670051919366 (Thema: Vorfrucht-Einflüsse auf Pilze; Video mit trending sound)

https://www.tiktok.com/@rilliglab/video/7195633202222992645?is_from_webapp=1&sender_device=pc&web_id=7191178670051919366 (Thema: Vorfrucht-Einflüsse auf Pilze; Talking Head Video)

https://www.tiktok.com/@rilliglab/video/7195817931958226182?is_from_webapp=1&sender_device=pc&web_id=7191178670051919366 (Thema: Sukzession in Bodenpilzen)

<u>YouTube</u>

Für einen neuen YouTube-Kanal wird mit professioneller Unterstützung einer Agentur (Ahnen & Enkel; Berlin) Film-Material erstellt. Das Videomaterial wurde im Sommer 2024 in einem iterativen Prozess entworfen und komplett durchgeskriptet, mit Quellen abgesichert und abgestimmt. Die Filmaufnahmen im Labor sind abgeschlossen, und die Studioaufnahmen wurden mit PI Rillig als Sprecher am 24.9.2024 in Berlin durchgeführt. Eine Veröffentlichung des ersten Videos ist zum Weltbodentag am 5.12.2024 geplant. Das Video wird bei Erscheinen breit und intensiv auf allen Sozialen Medien des Labors beworben, unter Benutzung des Hashtags #WorldSoilDay.

II.2 Wichtigste Positionen des zahlenmäßigen Nachweises

Ein Großteil der verausgabten Mittel wurde für Personal eingesetzt. Dies war erforderlich, um die anspruchsvollen Arbeiten im Projekt mithilfe eines wissenschaftlichen Mitarbeiters (Dr. Julien Roy) durchführen zu können. Die Arbeiten umfassten Probenaufbereitung, Laborarbeiten, Vorbereitung der Sequenzierung und PCR, Bioinformatik der Hochdurchsatzsequenzierung-Ergebnisse, statistische Analysen und Anfertigung von Manuskripten, auch in Kooperation mit anderen Projektpartnern.

Weiterhin wurden Mittel entsprechend des Probenumfangs für die Hochdurchsatz-Sequenzierung eingesetzt, wie im Antrag vorgesehen. Ebenso erfolgte wie geplant eine Zahlung an die Versuchsstelle in Thyrow (Humboldt-Universität), um den dortigen Versuch zu unterstützen. Durch den früheren Weggang des Postdoktoranden auf eine Dauerstelle bei CIRAD (Frankreich) wurden Mittel auf die Produktion von YouTube-Material umgewidmet.

II.3 Notwendigkeit und Angemessenheit der geleisteten Arbeit

Die durchgeführten Arbeiten waren der anspruchsvollen Aufgabenstellung des Projektes angemessen und in ihrem Umfang zur Erreichung der Projektziele allesamt notwendig.

II.4 Voraussichtlicher Nutzen, insbesondere der Verwertbarkeit des Ergebnisses im Sinne des fortgeschriebenen Verwertungsplans

Die in diesem Projekt erzielten Ergebnisse werden sowohl in wissenschaftlich begutachteten Fachzeitschriften veröffentlicht als auch über Datenbanken öffentlich verfügbar gemacht. Darüber hinaus wurden die Ergebnisse schon in den ersten Projektphasen in Stakeholder-Workshops mit Experten aus der landwirtschaftlichen Praxis und praxisnahen Bereichen diskutiert, um einerseits die vorläufigen Ergebnisse mit der Praxis zu teilen und andererseits das Projekt auch künftig gezielt auf die Belange der angewandten Landwirtschaft ausrichten zu können. Das Vorhaben konnte einen maßgeblichen Beitrag zum besseren Verständnis von Pflanze-Boden-Mikroorganismen-Interaktionen und somit zur Optimierung der landwirtschaftlichen Nährstoffnutzungseffizienz leisten.

II.5 Während der Durchführung des Vorhabens dem ZE bekannt gewordener Fortschritt auf dem Gebiet des Vorhabens bei anderen Stellen

Die Thematik der ökologischen Stöchiometrie, das heißt das Erreichen oder Abweichen von spezifischen Elementverhältnissen, die für bestimmte Organismen oder Prozesse notwendig sind, damit diese maximal aktiv sein oder optimal ablaufen können, gewinnt immer stärker an Aufmerksamkeit in der Fachwelt. Dies bedeutet, dass wir in INPLAMINT

eine sehr aktuelle Thematik bearbeitet haben, welche ein großes Potenzial im Bereich der Erhöhung der landwirtschaftlichen Nährstoffnutzungseffizienz erwarten lässt. Während der Projektlaufzeit sind aber keine Veröffentlichungen erschienen, die relevante Ergebnisse unserer Arbeit vorwegnehmen oder relativieren würden.

II.6 Erfolgte oder geplante Veröffentlichungen

In Phase III bereits veröffentlichte Artikel

Vogel HJ, Bonkowski M, Blagodatsky S, Müller C, Wachendorf C, Kiese R, Schulz S, Herbst M, Siebers N, Lennartz B, Koch S, Baum C, Leinweber P, König S, Pagel H, Amelung W, Grosch R, Vetterlein D, Kuhwald M, Rillig MC, Weller U, Schnepf A, Rüschhoff J, Russell D, Wollschläger U. 2024. How to adequately represent biological processes in modeling multifunctionality of arable soils. Biology and Fertility of Soils 60: 263–306.

Roy J, Reichel R, Brüggemann N, Rillig MC. 2023. Functional, not taxonomic, composition of soil fungi reestablishes to pre-mining initial state after 52 years of recultivation. Microbial Ecology 86: 213–223.

Roy J, Mazel F, Dumack K, Bonkowski M, Rillig MC. 2022. Hierarchical phylogenetic community assembly of soil protists in a temperate agricultural field. Environmental Microbiology 24: 5498-5508.

Kamau CW, van Duijnen R, Schmid CAO, Balàzs H, Roy J, Rillig MC, Schröder P, Radl V, Temperton V, Schloter M. 2021. Impact of high carbon amendments and pre-crops on soil bacterial communities. Biology and Fertility of Soils 57: 305-317.

Roy J, van Duijnen R, Leifheit EF, Mbedi S, Temperton VM, Rillig MC. 2021. Legacy effects of pre-crop plant functional group on fungal root symbionts of barley. Ecological Applications 31: e02378.

Artikel gegenwärtig In Vorbereitung:

Roy J,…Rillig MC. Nanopore sequencing for arbuscular mycorrhizal fungi. (in prep)

Roy J,…Rillig MC. Concatenation of different regions for identifying AM fungi (in prep)

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) **Schlussbericht**
3. Titel **BonaRes (Modul A, Phase 3): INPLAMINT – Erhöhung der landwirtschaftlichen Nährstoffnutzungseffizienz durch Optimierung von Pflanze-Boden-Mikroorganismen-Wechselwirkungen, Teilprojekt B**	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] **Rillig, Matthias C., Prof. Dr.**	5. Abschlussdatum des Vorhabens **31.05.2024**
	6. Veröffentlichungsdatum **30.11.2024**
	7. Form der Publikation **Schlussbericht**
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) **Freie Universität Berlin** **Kaiserswerther Straße 16-18** **14195 Berlin**	9. Ber. Nr. Durchführende Institution
	10. Förderkennzeichen **031B1062B**
	11. Seitenzahl **23**
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) Kapelle-Ufer 1 11055 Berlin	13. Literaturangaben **35**
	14. Tabellen **-**
	15. Abbildungen **9**
16. Zusätzliche Angaben **Keine.**	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum) **Projektträger Jülich, Bioökonomie (BIO), Ressourcenökonomie (BIO 5); Forschungszentrum Jülich GmbH, 30.11.2021**	

18. Kurzfassung

Um die Schlüsselprozesse aufzuklären, die für eine nährstoffeffiziente landwirtschaftliche Biomasseproduktion relevant sind, wurden in Phase III des Verbundvorhabens INPLAMINT im Teilprojekt B (FUB) die langfristigen Effekte verschiedener landwirtschaftlicher Managementvarianten und Umwelteinflüsse auf die Lebensgemeinschaft von arbuskulären Mykorrhizapilzen (AMF) analysiert. AMF sind Schlüssel-Symbionten von Pflanzen in Agrarökosystemen, insbesondere in Hinblick auf die Stöchiometrie (Nährstoffverhältnisse). Hierzu wurden schwerpunktmäßig Untersuchungen entlang einer Rekultivierungschronosequenz eines Braunkohletagebaus, in Fruchtfolgeversuchen, sowie in neu angelegten Feldversuchen durchgeführt. Für die Quantifizierung von AMF Lebensgemeinschaften kamen State-of-the-Art Methoden der Hochdurchsatzsequenzierung zum Einsatz, sowie neueste Bioninformatik und Statistik. Aufgrund dieser Kombination von Methoden konnten Steuergrößen, die verschiedene Aspekte von AMF Lebensgemeinschaften von AMF beeinflussen, identifiziert werden, insbesondere in Hinblick auf die phylogenetische Tiefe der Betrachtung (d.h. der Grad der Genauigkeit in der Bestimmung der pilzlichen Mitglieder der Lebensgemeinschaft). Ebenso konnten wir den Grundstein für neue molekulare Analysen von AMF mithilfe von Nanopore Sequenzierung legen.

19. Schlagwörter Nachhaltige Landwirtschaft, Nährstoffnutzungseffizienz, Pflanze-Boden-Mikroorganismen-Interaktionen, Mykorrhiza	
20. Verlag	21. Preis

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN	2. Type of document (e.g. report, publication) **Final report**
3. Title **BonaRes (Module A, Phase III): INPLAMINT – Increasing agricultural nutrient-use efficiency by optimizing plant-soil-microorganism interactions, sub-project B**	
4. Author(s) (family name, first name(s)) **Rillig, Matthias C., Prof. Dr.**	5. end of project **31.05.2024**
	6. publication date **30.11.2024**
	7. form of publication **Final report**
8. Performing organization(s) (name, address) **Freie Universität Berlin** Kaiserswerther Straße 16-18 14195 Berlin	9. originator's report no.
	10. reference no. **031B1062B**
	11. no. of pages **23**
12. Sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) Kapelle-Ufer 1 11055 Berlin	13. no. of references **35**
	14. no. of tables **-**
	15. no. of figures **9**
16. Supplementary notes **None.**	
17. Presented at (title, place, date) **Projektträger Jülich, Bioökonomie (BIO), Ressourcenökonomie (BIO 5); Forschungszentrum Jülich GmbH, 11/30/2021**	
18. Abstract In order to elucidate the key processes relevant for nutrient-efficient agricultural biomass production, the long-term effects of different agricultural management variants and environmental conditions on the community of arbuscular mycorrhizal fungi (AMF) were analyzed in subproject B (FUB) of phase II of the INPLAMINT collaborative project. AMF are key symbionts of plants in agroecosystems, especially with respect to stoichiometry (nutrient ratios). For this purpose, studies were mainly carried out along a reclamation chronosequence of a lignite open pit mine, in crop rotation experiments and in new field experiments. For the quantification of AMF communities, state-of-the-art methods of high-throughput sequencing were used, as well as the latest bioninformatics and statistics. Based on this combination of methods, control variables affecting different aspects of AMF communities were identified, especially with respect to the phylogenetic depth of consideration (i.e., the degree of precision in determining the fungal members of the community). We additionally laid the groundwork for an analysis of AMF using nanopore sequencing.	
19. Keywords Sustainable agriculture, nutrient use efficiency, plant-soil-microorganism interactions, mycorrhiza	
20. Publisher	21. Price