

# BELongDead - Fungal Functional Diversity - Halle/Zittau/Grafenau (BLD-FFD-HZG)

## Pilzdiversität und Aktivitäten „oxidativer und hydrolytischer Verdauungsenzyme“ im Totholz von 13 Baumarten



*Björn Hoppe<sup>1</sup>, Sabrina Leonhardt<sup>2</sup>, François Buscot<sup>1</sup>, Lisa Noll<sup>3</sup>,  
Egbert Matzner<sup>3</sup>, Martin Hofrichter<sup>2</sup>, Harald Kellner<sup>2</sup>*

<sup>1</sup> UFZ – Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung, 06120 Halle (Saale), [bjoern.hoppe@ufz.de](mailto:bjoern.hoppe@ufz.de)

<sup>2</sup> IHI Zittau, Technische Universität Dresden, 02763 Zittau

<sup>3</sup> Universität Bayreuth, 095448 Bayreuth

# BELongDead Experiment

- 2008 initialisiertes Langzeitprojekt zur Beobachtung des Totholzabbaus (E.D. Schulze - MPI Jena, W. Weisser - TUM)
- 13 Baumarten (*Acer* sp. *Betula* sp. *Carpinus betulus*, *Fagus sylvatica*, *Fraxinus excelsior*, *Larix decidua*, *Picea abies*, *Pinus sylvestris*, *Populus* sp., *Prunus avium*, *Pseudotsuga menziesii*, *Quercus* sp. und *Tilia* sp.)
- 3 Replikate pro VIP (30) in allen Exploratorien -> 1170 Totholzstämme



# Methoden

- Extraktion von Nukleinsäuren, Enzymen, Lignin, etc. aus Holzproben
- HPLC & Photometrie zur Enzymanalytik (lignocellulytische, hydrolytische und N-Kreislauf relevante Enzyme)
- Holzfragmente und -elemente
- NGS (MiSeq) zur molekularbiologischen Erfassung von pilzlicher u. bakterieller Diversität
- Fruchtkörperkartierungen und Sporenkollektoren

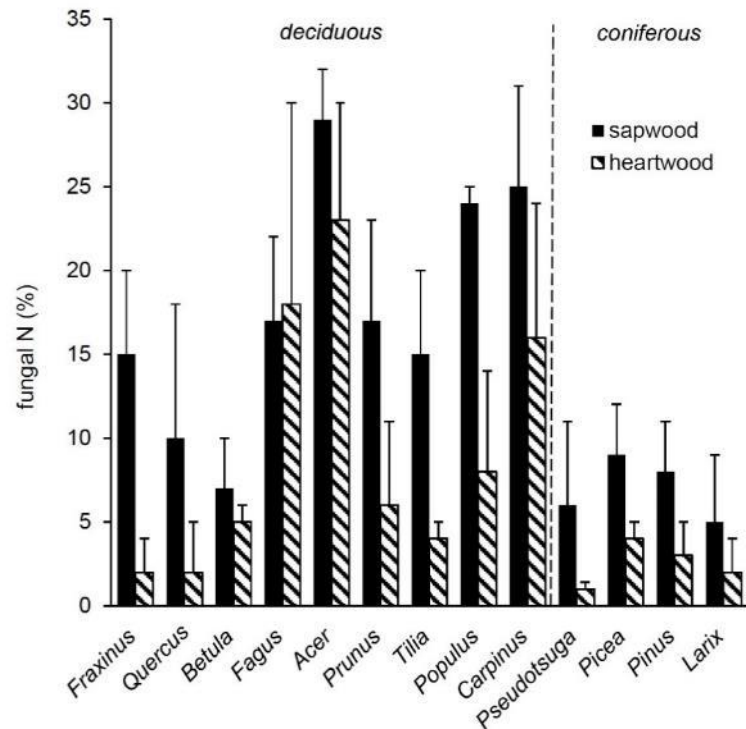
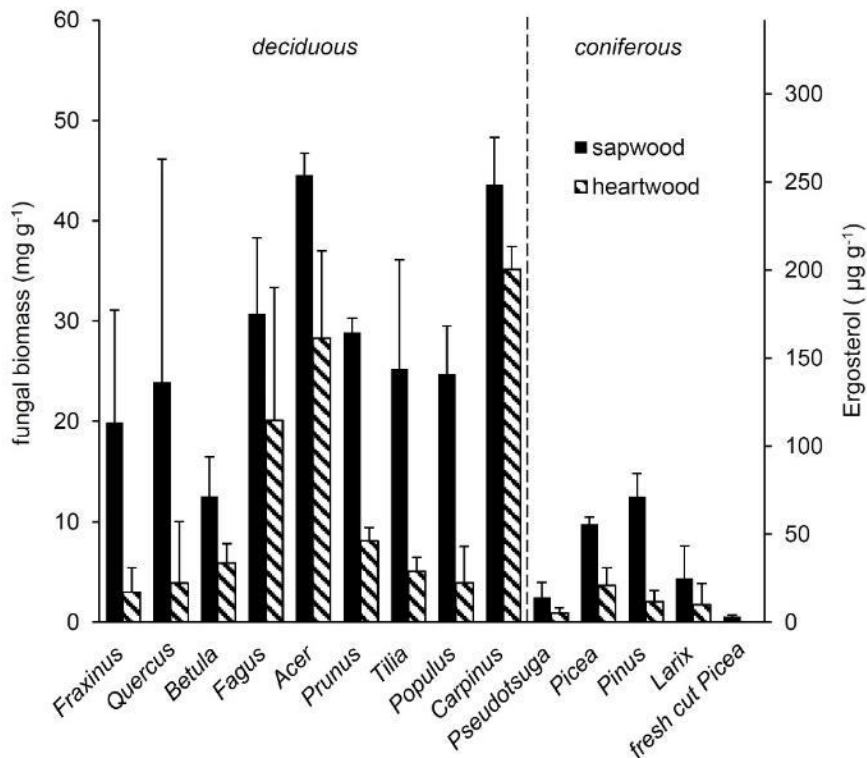
*Details siehe Poster Leonhardt et al.*



# Kooperation mit Bayreuth (Matzner)

## Pilzbiomasse & pilzlicher N-Gehalt

~7a ausgesetzt  
n=3 pro Baumart  
HEW 7,8,9  
Kern und Spinhholz  
N = 82



Daten:  
Lisa Noll

Laubholz > Nadelholz  
Splint > Kern

# Enzyme im Splint- und Kernholz

## Hydrolasen:

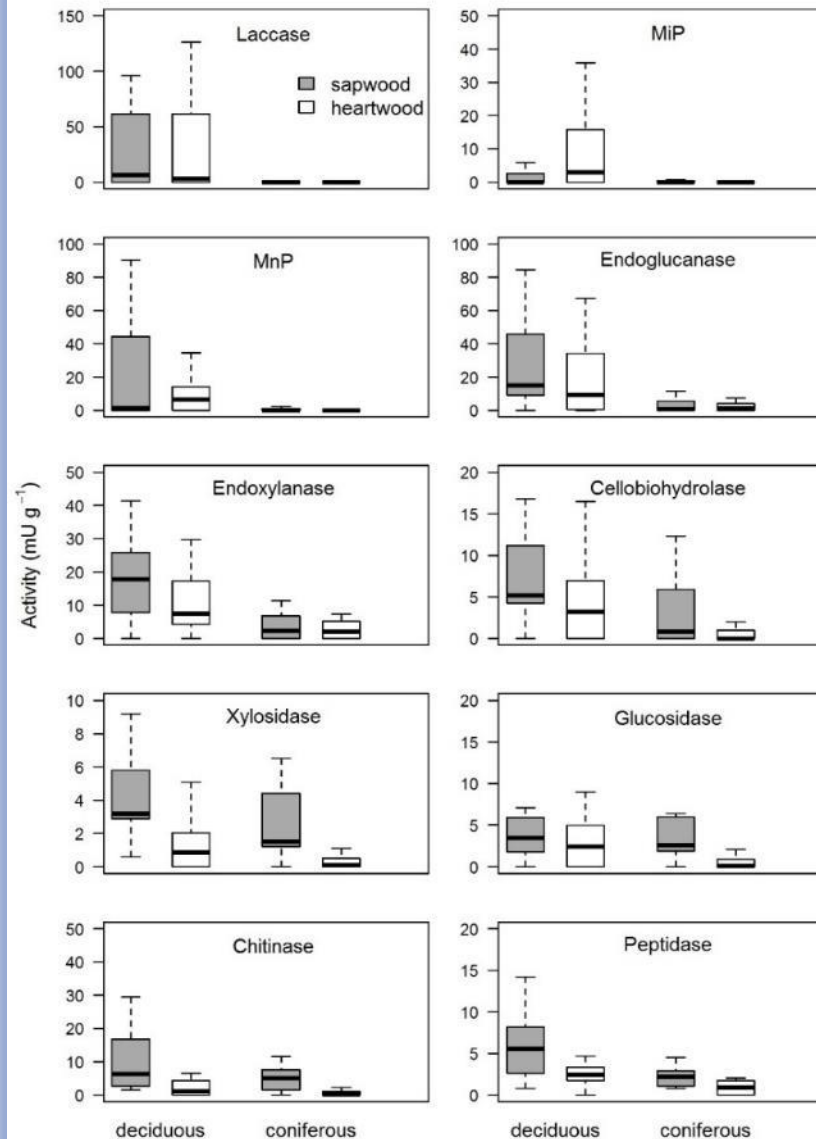
Laubholz > Nadelholz

Splint > Kern

## Ligninolytische Enzyme:

häufig höher im Kern der LH  
marginal gemessen in NH

*Poster Leonhardt et al.*



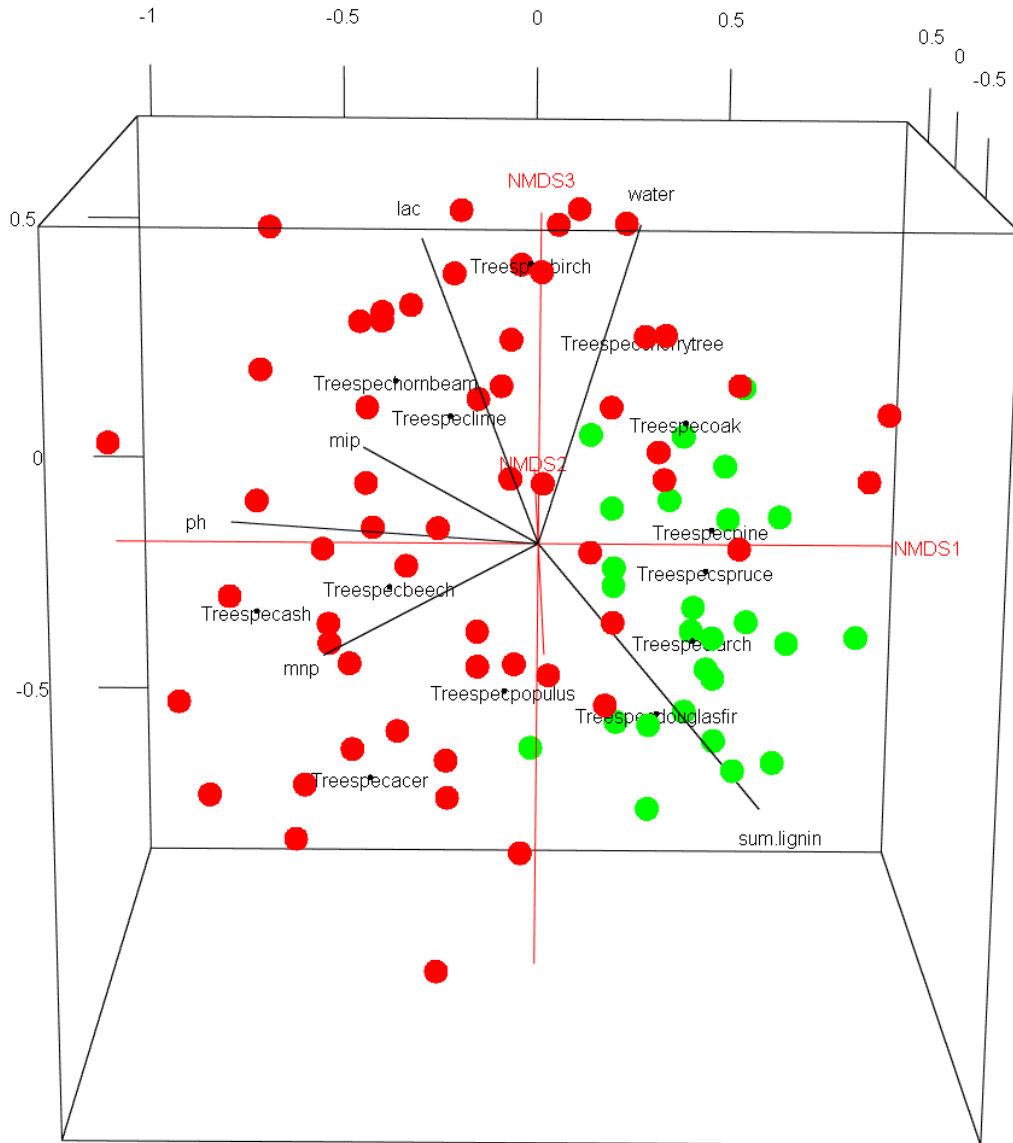
	Df	SoS	MoS	<i>F</i>	<i>R</i> <sup>2</sup>	<i>P</i>
Species	12	4.1357	0.34464	2.951	0.30998	<b>0.001</b>
Core depth	1	1.0989	1.09886	9.4091	0.08236	<b>0.001</b>
Species x						
Core depth	12	1.8009	0.15008	1.2851	0.13498	0.066
Residuals	54	6.3064	0.11679		0.47268	
Total	79	13.3419			1	

# Mikrobielle Diversität

~ 2 Mio Sequences erhalten die in 1660 OTUs „clustern“  
(1/3 Basidiomycota zu 2/3 Ascomycota)



# Mikrobielle Diversität



## 1660 OTUs

- uncultured Endophyte
- *Bjerkandera adusta*
- *Hypholoma capnoides*
- *Trametes* sp.
- *Hypoxylon rubiginosum*
- *Leptodontium* sp.
- *Lecythophora* sp.
- *Fomitopsis pinicola*
- *Mycena* sp.
- *Skeletocutis amorphia*

	Df	SoS	MoS	F	R <sup>2</sup>	P
Species	12	11.499	0.95823	2.33024	0.30787	<b>0.005</b>
Core depth	1	0.303	0.30277	0.73628	0.00811	0.930
Species x						
Core depth	12	2.52	0.20999	0.51067	0.06747	1
Residuals	56	23.028	0.41121		0.61656	
Total	81	37.349				1

## Zusammenfassend

- Erhöhte pilzliche Biomasse im Laubholz, und speziell im Splint- gegenüber Kernholz
- Variable Enzymaktivitäten, aber auch hydrolytische Aktivität höher im Laubholz und höher im Splint
  - > Gesamtkomposition enzymatischer Aktivität scheint baumartenspezifisch
- Ester „MiSeq-Lauf“ im Totholz -> komplementär zu älteren Methoden
- Pilzgemeinschaften sind baumartenspezifisch
- < 7 Jahre nach Initialisierung des Experiments scheint Übergang zur „Optimalphase“ erreicht -> keine Differenzierung zw. Splint- u. Kernholz

## Dankeschön

**DFG** Deutsche  
Forschungsgemeinschaft

Wolfgang Weisser, Claudia Seilwinder, Jürgen Bauhus, Tiemo Kahl, Constanze Stark, Britta Bittner, René Ullrich, Andreas Dahl, Ania Fracz, Renate Rudloff, Organisationskomitee Hainichtagung , and many more...

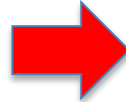


# Funktionelle Diversität - Genomik

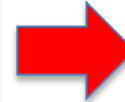


*Sistotrema brinkmannii*

Weitverbreitet in den Exploratorien



Genomsequenzierung



- 35 Mbp
- 693 contigs,
- N50 = 156 kbp
- 11405 gene models
- **653 CAZys**  
(carbohydrate active enzymes)



Annotation und Zuordnung ökologischer Funktionen (Weißfäule vs. Braunfäule)

