

Band 1

Göttinger Forstwissenschaften



Christa Lang

Diversität der Ektomykorrhizen
in verschieden artenreichen
Laubbaumbeständen
im Nationalpark Hainich (Thüringen)



Universitätsverlag Göttingen

Christa Lang

Diversität der Ektomykorrhizen in verschieden artenreichen
Laubbaumbeständen im Nationalpark Hainich (Thüringen)

This work is licensed under the
[Creative Commons](#) License 2.0 “by-nd”,
allowing you to download, distribute and print the
document in a few copies for private or educational
use, given that the document stays unchanged
and the creator is mentioned.
Commercial use is not covered by the licence.



Erschienen als Band 1 in der Reihe „Göttinger Forstwissenschaften“ im
Universitätsverlag Göttingen 2008

zugleich Band 144 in der Reihe „Schriften aus der Forstlichen Fakultät der Universität
Göttingen und der Nordwestdeutschen Forstlichen Versuchsanstalt“
(Verzeichnis der Bände unter: <http://www.uni-goettingen.de/de/90630.html>)

und Band 202 in der Reihe A der „Berichte des Forschungszentrums Waldökosysteme“
(Verzeichnis der Bände unter: <http://wwwuser.gwdg.de/~fzw/homede/publ.htm>)

Christa Lang

Diversität der
Ektomykorrhizen in
verschieden artenreichen
Laubbaumbeständen im
Nationalpark Hainich
(Thüringen)

Göttinger Forstwissenschaften
Band 1



Universitätsverlag Göttingen
2008

Bibliographische Information der Deutschen Nationalbibliothek

Die Deutsche Nationalbibliothek verzeichnet diese Publikation in der Deutschen Nationalbibliographie; detaillierte bibliographische Daten sind im Internet über <http://dnb.ddb.de> abrufbar.

Global Forest Decimal Classification: GFDC 181.36, 164.3

Herausgeber der Reihe

Prof. Dr. Christian Ammer
Prof. Dr. Hermann Spellmann
Prof. Dr. Friedrich Beese
Prof. Dr. Stefan Schütz

Schriftleiter

Dr. Norbert Bartsch (n.bartsch@forst.uni-goettingen.de)
Dr. Gustav Wiedey (gwiedey@gwdg.de)

Anschrift der Autorin

Dr. Christa Lang
Abteilung Forstbotanik und Baumphysiologie
Georg-August-Universität Göttingen, Buisenweg 2, 37077 Göttingen

Dissertation Universität Göttingen 2008

Referenten: Prof. Dr. Andrea Polle, Prof. Dr. Friedrich Beese

Tag der mündlichen Prüfung: 14. Mai 2008

This work is protected by German Intellectual Property Right Law.
It is also available as an Open Access version through the publisher's homepage and the Online Catalogue of the State and University Library of Goettingen (<http://www.sub.uni-goettingen.de>). Users of the free online version are invited to read, download and distribute it. Users may also print a small number for educational or private use. However they may not sell print versions of the online book.

Satz und Layout: Christa Lang, Norbert Bartsch
Umschlaggestaltung: Wolfgang Tambour, Margo Bargheer
Titelabbildungen: Mykorrhiza *Russula raoultii* an Buche,
Laubmischwald im Nationalpark Hainich, Thüringen (Fotos: Christa Lang)

© 2008 Universitätsverlag Göttingen

<http://univerlag.uni-goettingen.de>

ISBN: 978-3-940344-31-1

ISSN: 1867-6731

Inhaltsverzeichnis

Abkürzungsverzeichnis	III
1. Einleitung.....	1
1.1 Mykorrhizen	1
1.2 Aufbau der Mykorrhizen	1
1.3 Untersuchte Baumarten	3
1.4 Bedeutung der Ektomykorrhizen für das Ökosystem Wald	4
1.5 Diversität der Mykorrhizen	5
1.6 Ziele dieser Arbeit.....	7
2. Material und Methoden	8
2.1 Untersuchungsgebiet	8
2.2 Untersuchungsflächen.....	9
2.3 Probenahme.....	9
2.4 Probenbearbeitung	11
2.4.1 Gewinnung der Wurzelproben	11
2.4.2 Sortierung der Wurzeln nach Baumarten	12
2.4.3 Bestimmung der Wurzelmasse	13
2.5 Analyse der Ektomykorrhiza an Buche, Linde und Hainbuche	13
2.5.1 Bestimmung der Mykorrhizierungsrate	13
2.5.2 Morphotyping.....	14
2.6 Molekularbiologische Bestimmung der Mykorrhizapilze.....	15
2.6.1 Verwendete Geräte und Chemikalien	16
2.6.2 DNA-Gewinnung und Sequenzierung	20
2.6.2.1 DNA-Extraktion	23
2.6.2.2 Amplifizierung der ITS-Region.....	23
2.6.2.3 Ligation	24
2.6.2.4 Transformation	24
2.6.2.5 Amplifizierung der ITS-Region nach der Transformation.....	25
2.6.2.6 Sequenzierung der ITS-Region.....	26
2.6.3 Auswertung der Sequenzen	27
2.7 Bestimmung des Elementgehaltes der Wurzeln.....	27
2.8 Auswertung.....	27
3. Ergebnisse	29
3.1 Inventur.....	29
3.1.1 Datengrundlage	29
3.1.2 Mykorrhizierungsrate.....	29
3.1.3 Beschreibung der vorkommenden Morphotypen.....	30
3.1.4 Ergebnisse der Sequenzierung	36

3.1.5 Vorkommen der Pilzarten an Buche, Linde und Hainbuche	44
3.1.6 Vorkommen der Pilzarten auf den verschiedenen Diversitätsleveln	45
3.1.7 Häufigkeitsverteilung der Pilzarten auf den verschiedenen Diversitätsleveln	45
3.1.8 Dominante Pilzarten an Buche, Linde und Hainbuche	48
3.1.9 Abhängigkeit der Häufigkeit der Pilzarten von der Anzahl der mykorrhizierten Wurzelspitzen.....	49
3.2 Diversität.....	53
3.2.1 Vergleich der Diversität der Ektoymkorrhizen	53
3.2.2 Einfluss der arbuskulären Mykorrhizen auf den Shannon-Wiener-Index der Mykorrhizen	55
3.2.3 Diversität der Ektomykorrhizen im Jahresverlauf	57
3.2.4 Vergleich der Ektomykorrhizadiversität an den verschiedenen Baumarten	57
3.2.5 Beziehung zwischen der Pilzartendiversität und der Baumartendiversität	59
3.2.6 Vergleich der verschiedenen Ektomykorrhizagesellschaften.....	63
3.3 Evaluation möglicher Funktionen der Ektomykorrhizen.....	69
3.3.1 Elementgehalt der Wurzeln der verschiedenen Baumarten in Relation zu den Pilzarten	69
3.3.2 Beziehung zwischen Bodenparametern und relativer Häufigkeit der Pilzarten.....	75
3.3.3 Vorkommende Explorationstypen	78
4. Diskussion	81
4.1 Bedeutung der verwendeten Methoden für die Erfassung der ECM ...	81
4.2 Inventur.....	82
4.3 Diversität der Mykorrhizen	85
4.4 Evaluation möglicher Funktionen der Ektomykorrhizen.....	88
4.5 Ausblick.....	90
5. Zusammenfassung	92
Summary	94
6. Literatur	96
Anhang A.....	105
Anhang B.....	109
Anhang C.....	155

Abkürzungsverzeichnis

Abb.	Abbildung
Al	Aluminium
ANOVA	Analyse of Variance
°C	Grad Celsius
C	Kohlenstoff
Ca	Kalzium
CMN	common mycelia network
d. h.	das heißt
deion. Wasser	Deionisiertes Wasser
DL	Diversitätslevel
DNA	Desoxyribonucleinsäure
E	Evenness
<i>E.coli</i>	Escherichia coli
ECM	Ektomykorrhiza
et al.	et alii (und andere)
evtl.	eventuell
Fe	Eisen
g	Gramm
h	Stunde
ha	Hektar
HNO ₃	Salpetersäure
ICP	Inductively Coupled Plasma (Elementanalysen)
IGS-Region	Intergenic Spacer region
IPTG	Isopropyl-β-D-thiogalactopyranosid
ITS-Region	Internal Transcribed Spacer Region
K	Kalium
k. A.	keine Angaben vorhanden
kg	Kilogramm
K. S.	keine Sequenz erhalten
kV	Kilovolt
LB-Medium	Luria Bertani-Medium
LÖWE	Langfristige Ökologische Waldentwicklung
m	Meter
M	Molar
M1-145	Morphotypnummer 1-145
MC	Morphotypen an Hainbuchenwurzeln
MF	Morphotypen an Buchenwurzeln
mg	Milligramm
Mg	Magnesium
min	Minute
ml	Milliliter
mm	Millimeter

mM	millimolar
Mn	Mangan
μl	Mikroliter
MT	Morphotypen an Lindenwurzeln
N	Stickstoff
NCBI	National Center for Biotechnology Information
P	Phosphor
PCR	Polymerase Chain Reaction (Polymerasekettenreaktion)
rpm	rounds per minute
S	Schwefel
s.	siehe
SD	Standardabweichung
SWI	Shannon-Wiener-Index
Tab.	Tabelle
Taq	DNA-Polymerase von <i>Thermos aquaticus</i>
TM	Trockenmasse
Tris	Tris-(hydroxymethyl)-amino methan
u. a.	unter anderem
U/min	Umdrehungen pro Minute
UDB-Nummer	UNITE accession number
UECM	Uncultured Ectomycorrhiza
ü NN	über Normal Null
UNITE	A molecular database for the identification of ectomycorrhizal fungi (http://unite.ut.ee)
V	Volt
vgl.	vergleiche
X-Gal	5-Brom-4-Chlor-3-Indolyl-β-D-Galaktosid
z. B.	zum Beispiel
z. T.	zum Teil

1. Einleitung

1.1 Mykorrhizen

Mykorrhizen sind eine Symbiose zwischen höheren Pflanzen und Pilzen. Der Pilz verbessert die Nährstoffversorgung der Pflanzen, indem er Phosphat, Stickstoffverbindungen und andere Nährstoffe sowie Wasser aus dem Boden aufnimmt und zur Pflanze transportiert; er erhält im Gegenzug von der Pflanze Kohlenstoffverbindungen aus der Photosynthese (Smith und Read 1997). Der Pilz schützt die Pflanze auch gegen schädliche Faktoren wie z. B. Schwermetalle (Schützendübel und Polle 2002) und Trockenstress (Shi et al. 2002).

Die ersten bekannten Fossilien einer Mykorrhiza stammen von einer arbuskulären Mykorrhiza aus der Zeit von vor 400 Mio. Jahren (Remy et al. 1994). Die ersten bekannten Fossilien der Ektomykorrhiza sind 50 Mio. Jahre alt (LePage et al. 1997). Molekulare Untersuchungen zeigten aber, dass die Ektomykorrhiza bereits vor 180 Mio. Jahren entstanden ist (Berbee und Taylor 2001). Die Ektomykorrhizen wurden erstmals von A.B. Frank 1885 beschrieben, als er im Auftrag des damaligen Ministers für Landwirtschaft und Forsten wissenschaftliche Untersuchungen für die Verbesserung der Trüffelzucht in Preußen durchführen sollte (Frank 1885). Schon vorher wurden Strukturen der Mykorrhizen beschrieben, z. B. von Hartig 1840, der aber die Strukturen nicht als Pilzstrukturen erkannte. Erst Frank erkannte die Bedeutung der Mykorrhizen für die Verbesserung der Nährstoffversorgung der Pflanzen (Trappe 2004).

1.2 Aufbau der Mykorrhizen

Es gibt sieben verschiedene Arten der Mykorrhizen: die Ektomykorrhiza (ECM), die arbuskuläre (AM), die Ectendomykorrhiza, die ericoide, die arbutoide, die monotropoide und die Mykorrhiza an Orchideen (Smith und Read 1997, Read 2002, Peterson und Massicotte 2004, Finlay 2008). Diese Arten unterscheiden sich hauptsächlich im Aufbau, teilweise auch in den beteiligten Pilzstämmen oder Pilzarten. Da der Schwerpunkt dieser Arbeit auf den Ektomykorrhizen lag, es aber in den Beständen auch Baumarten mit arbuskulären Mykorrhizen gab, werden nur diese beiden Arten im weiteren Verlauf ausführlicher beschrieben.

Die arbuskuläre Mykorrhizen haben ein sehr weites Wirtsspektrum, werden aber nur durch wenige Pilzarten ausgebildet. Ungefähr 160 Arten aus dem Stamm der Glomeromycota bilden diese Form der Mykorrhiza aus. Die AM besteht aus zwei Hauptbestandteilen: den Hyphen, die interzellulär wachsen und in den Apoplast der Wurzelzellen eindringen können, und den Hyphen, die in den Boden wachsen und dort die Nährstoffe aufnehmen. Im Apoplast der Wurzelzellen verzweigen sich die Hyphen zu den sogenannten Arbuskeln. Je nachdem wie die Arbuskel ausgebildet werden unterscheidet man den Paris-Typ und Arum-Typ. Manche Pilzarten bilden

auch dickwandige Vesikel aus, die vermutlich eine Speicherfunktion haben (Smith und Read 1997).

Es wird heute geschätzt, dass 8.000 Pflanzen Ektomykorrhizen ausbilden; das sind nur ungefähr 3 % der Samenpflanzen (Meyer 1973). Diese relativ geringe Anzahl an Arten hat eine große ökologische und ökonomische Bedeutung, da sie die dominanten Baumarten im Wald der borealen und gemäßigten Zone stellt. Die Bedeutung der ECM in den Tropen wurde lange unterschätzt. Die Arten der Familie der Dipterocarpaceae, die einen großen Anteil des Holzhandels der tropischen Länder ausmachen, bilden ECM aus (Taylor und Alexander 2005). Verhältnismäßig wenige Pflanzenarten bilden eine ECM aus, aber es ist eine große Anzahl an Pilzarten an dieser Art der Symbiose beteiligt. Man schätzt heute, dass 7.000-10.000 Pilzarten eine ECM ausbilden (Taylor und Alexander 2005), davon 95 % Basidiomyceten, 4,8 % Ascomyceten und wenige Zygomyceten (Molina et al. 1992). Die ECM besteht aus drei Hauptbestandteilen: dem Hartig'schen Netz, dem Hyphenmantel und dem ausstrahlenden Myzel.

Die Hyphen des ECM-Pilzes dringen zwischen die Korticalzellen und umgeben sie vollständig (Hartig'sches Netz), dringen aber nicht in die Wurzelzellen ein. Durch die starke Verzweigung des Netzes wird die Oberfläche für den Nährstoffaustausch zwischen Pflanze und Pilz deutlich vergrößert. Das Hartig'sche Netz ist bei allen Ektomykorrhizen gleich aufgebaut, was eine optimale Anpassung an seine Aufgabe vermuten lässt (Kottke und Oberwinkler 1986).

Der Hyphenmantel dagegen ist von Pilzart zu Pilzart unterschiedlich. Die Hyphenmäntel unterscheiden sich sowohl in der Farbe, der Verzweigung, der Form der Hyphen, die in den Boden ausstrahlen, im Vorkommen der Rhizomorphen und der Struktur der Innenseite des Hyphenmantels (Agerer 1987-2006, Agerer 2001). Die Hyphen der Innenseite des Hyphenmantels können unterschiedlich angeordnet sein: Sie können sehr eng ineinander verwoben, aber als einzelne Hyphen noch erkennbar sein. Diese Form wird plektenchym ähnlich genannt. Sind die Hyphen so eng miteinander verwoben, dass sie nicht mehr als einzelne Hyphen erkennbar sind, wird diese Form parenchym ähnlich genannt (Agerer 1987-2006). Der Hyphenmantel kann hydrophile oder hydrophobe Eigenschaften haben, dadurch kann der Austausch von Wasser und Nährstoffen mit dem umgebenden Boden beeinflusst werden (Taylor und Alexander 2005).

Das Myzel, das vom Hyphenmantel in den Boden wächst, kann unterschiedlich aufgebaut sein. Agerer (2001) hat die verschiedenen Formen des Myzels in sogenannte Explorationstypen aufgeteilt. Es gibt den Explorationstyp „Kontakt“, dabei ist der Hyphenmantel glatt und nur wenige Hyphen wachsen in den Boden. Bei diesem Typ hat der Hyphenmantel einen direkten Kontakt mit dem umgebenden Substrat. Der Typ „geringe Distanz“ bildet viele Hyphen aus, aber keine Rhizomorphen. Rhizomorphe sind ein Zusammenschluss von mehreren Hyphen. Die Anordnung der Hyphen kann sehr unterschiedlich sein, bis hin zur Auflösung der Septen der inneren Hyphen, wodurch der Hyphendurchmesser größer und der Transport von Wasser und Nährstoffen erleichtert wird (Kottke und Oberwinkler 1986, Agerer 2006). Der Typ „mittlere Distanz“ bildet Rhizomorphen aus und kann damit Nährstoffe und Wasser aus etwas weiterer Entfernung zu den Pflanzen hin transportieren. Der Typ „lange Dis-

tanz“ bildet wenige, aber hoch differenzierte Rhizomorphe aus, die Nährstoffe über weite Strecken transportieren (Agerer 2001). Diese unterschiedliche Ausbildung des Myzels kann auch ökologisch von großer Bedeutung sein, da dadurch die verschiedenen Pilzarten im Boden verschiedene Nischen oder Nährstoffquellen erschließen können (Kottke und Oberwinkler 1986, Agerer 2006).

1.3 Untersuchte Baumarten

Diese Studie fand im Rahmen des DFG Graduiertenkolleg 1086 im Nationalpark Hainich statt. Im Hainich gibt es sehr artenreiche Waldbestände mit bis zu 14 Baumarten pro ha. Die dominierende Baumart ist die Rotbuche (*Fagus sylvatica* L.), daneben finden sich Eichen (*Quercus petraea* (Matt.) Liebl., *Q. robur* L.), Linden (*Tilia platyphyllos* Scop., *T. cordata* Mill.), Eschen (*Fraxinus excelsior* L.), Hainbuchen (*Carpinus betulus* L.), Berg-, Spitz- und Feldahorn (*Acer pseudoplatanus* L., *A. platanoides* L., *A. campestre* L.), Elsbeeren (*Sorbus torminalis* L.), Vogelkirschen (*Prunus avium* (L.) L.), Pappeln (*Populus spec.*) und Ulmen (*Ulmus spec.*).

In Mitteleuropa ist die Buche die konkurrenzstärkste Baumart und daher auf den meisten Standorten potentiell die dominante, bestandesbildende Baumart (Ellenberg 1996). Sie ist eine schattentolerante Baumart, die im atlantischen bis subkontinentalen Klima vorkommt und mittel- bis tiefgründige, nährstoff- und kalkhaltige Böden bevorzugt (Röhrig und Bartsch 1992, Ellenberg 1996). Seit Beginn des 19. Jahrhunderts wurde die Buche durch den Einfluss des Menschen hauptsächlich von der Fichte (*Picea abies* (L.) H. Karst.) verdrängt und hat heute in Deutschland nur noch einen Anteil 14,8 %. Dagegen hat die Fichte einen Anteil von 28,2 % und die Kiefer von 23,3 % (Bundeswaldinventur <http://www.bundeswaldinventur.de/>). Moderne Waldbaukonzepte haben eine ökologisch ausgerichtete, nachhaltige Waldbewirtschaftung mit der Erhöhung des Buchenanteils, als natürlich vorkommende Baumart, zum Ziel (LÖWE in Niedersachsen 1992; Ministerium für Umwelt und Forsten Rheinland-Pfalz 1997). Daher wird heute bei Aufforstungen und Umwandlungen von Nadelwaldmonokulturen in Mischwälder die Buche in großem Umfang eingesetzt.

Neben der Buche kamen auf den Untersuchungsflächen auch Linden, sowohl Sommerlinde als auch Winterlinde, Hainbuche, Esche und Berg- und Spitzahorn vor. Die Edellaubbaumarten (Esche, Ahorn und Linden) haben ein ähnliches, aber etwas schmäleres Optimum, bezogen auf die Bodenfeuchte und Säurebereich des Bodens, als die Buche. Esche, Ahorn und Sommerlinde haben aber eine geringere Säuretoleranz als die Buche. Esche, Winterlinde und Spitzahorn haben eine größere Feuchteamplitude als die Buche. Das Optimum der Hainbuche ist fast deckungsgleich mit dem der Buche mit einer etwas höheren Feuchteamplitude (Ellenberg 1996). Alle Baumarten gelten als Schattenbaumart, zumindest kann die Naturverjüngung lange im Schatten der kronenbildenden Baumarten überleben (Röhrig und Bartsch 1992). Im Hainich wurde lange Zeit die Bewirtschaftungsform des Mittelwaldes durchgeführt, wodurch Baumarten wie Linde, Hainbuche und Esche, die sich gut durch Stockausschlag regenerieren können und in der gleichaltrigen Unterschicht (Hauschicht) vorkamen, über lange Zeit gefördert wurden (Westhus 2005).

Die Baumarten unterscheiden sich in der Form ihrer Mykorrhizen. Buche, Linde und Hainbuche bilden Ektomykorrhiza aus. Esche und Ahorn dagegen bilden arbuskuläre Mykorrhizen aus (Lyr et al. 1992).

De Roman et al. (2005) erstellten eine Liste der Mykorrhizen, die ab 1961 beschrieben wurden. Für Buche wurden bis 2005 75 Morphotypen beschrieben, für Linde 4 und für Hainbuche 1. An Buche wurden folgende Pilzarten beschrieben oder identifiziert, die eine Mykorrhiza ausbilden, in Klammern sind die Anzahl der Arten angegeben: *Agaricales* spec., *Ascomycota* spec., *Byssocorticium atrivirens*, *Cenococcum geophilum*, *Clavulina cristata*, *Cortinarius* spec. (6), *Elaphomyces muricatus*, *Genea hispidula*, *Laccaria* spec. (2), *Lactarius* spec. (9), *Piloderma croceum*, *Ramaria aurea*, *Russula* spec. (8), *Sclerodermia* spec., *Tomentella* spec. (12), *Tricholoma* spec. (3), *Tuber albidum*, *Xeroconus chrysenteron*, 4 nicht identifizierte und 19 Fagirhizaarten (DeRoman et al. 2005). Die Fagirhizaarten sind Arten bei denen Hyphenmantel und Aufbau beschrieben, aber die Pilzart, die diese Mykorrhiza ausbildet, noch nicht identifiziert wurde (Agerer 1987-2006). An Linde wurden bis jetzt folgende Mykorrhizen beschrieben: *Cenococcum geophilum*, *Russula delicata*, *Sebacinoid* spec., *Tuber borchiü*, *T. magnatum* und an Hainbuche nur *Genea klotzschii*. Die Mykorrhiza an Buche wurde deutlich intensiver untersucht als die Mykorrhizen an Linde und Hainbuche.

1.4 Bedeutung der Ektomykorrhizen für das Ökosystem Wald

Durch die Arbeiten von Melin und Nilsson konnte schon in den 50er Jahren des vorigen Jahrhunderts nachgewiesen werden, dass Kohlenstoff von der Pflanze zum Pilz und Phosphat und Stickstoff vom Pilz zu der Pflanze transportiert wird (Melin und Nilsson 1950, 1953a, 1953b und 1957). Die Mykorrhizen sind eine starke Kohlenstoffsenke, bis zu 20 % der Nettoprimärproduktion der Photosynthese werden von der Pflanze an die Pilze abgegeben (Smith und Read 1997). Der Pilz nimmt hauptsächlich Glucose und Fructose auf, keine Saccharose (Chen und Hampf 1993). Die Kohlenstoffverbindungen gelangen über die Wurzel und das Myzel der Mykorrhizen in den Boden und spielen vermutlich eine bedeutende Rolle im Kohlenstoffhaushalt des Bodens (Godbold et al. 2006). Söderström und Read (1987) fanden heraus, dass 30 % der gemessenen Bodenrespiration dem Myzel der Mykorrhizen zuzuordnen ist.

Es gibt verschiedene Ursachen, warum der Pilz Nährstoffe besser aufnehmen kann als Pflanzenwurzeln. Zum einen haben die Hyphen einen kleineren Durchmesser als die Pflanzenwurzeln und können dadurch kleinere Bodenporen erschließen (Finlay 2008). Insgesamt hat das Myzel auch eine viel größere Oberfläche und dadurch eine größere Absorptionsfläche. In einem Laborversuch wurde ein Verhältnis von Länge der Hyphen zu Länge der Wurzeln von 200.000:1 festgestellt (Read 1992). Wallander et al. (2001) schätzten die Masse des Myzels im Boden in einem borealen Bestand auf 125-200 kg/ha und mit Hyphenmantel auf 700-900 kg/ha Waldboden. Viele Ektomykorrhizapilze können Enzyme in den Boden abgeben, durch die Stickstoffverbindungen und Phosphate aus organischem Material wie z. B. Laub, Mikroorganismen und Resten von Insekten mobilisiert werden können (Leake und Read 1997). Die Mykorrhizapilze sind durch diese Fähigkeit nicht nur auf die Demineralisierung durch sapro-

phytischen Pilze angewiesen, sondern tragen selber auch einen Teil zum Nährstoffkreislauf bei (Leake und Read 1997).

Das Myzel hat aber nicht nur die Aufgabe den Boden zu erschließen, Nährstoffe aufzunehmen und zum Wirt zu transportieren. Es erschließt außerdem neue Kohlenstoffquellen für den Pilz, d. h. das Myzel infiziert neue Wurzeln (Read 1992). Eine weitere ökologisch bedeutende Funktion ist die Mobilisierung von Nährstoffen aus der organischen Auflage (Leak und Read 1997, Perez-Moreno und Read 2000) und die Vernetzung verschiedener Pflanzen über das Myzel. Es konnte nachgewiesen werden, dass Kohlenstoffverbindungen und Nährstoffe zwischen den Pflanzen ausgetauscht wurden (Finlay und Read 1986a und 1986b, Graves et al. 1997, Simard et al. 1997, Simard et al. 2002). Heute wird die Bedeutung der Vernetzung der Pflanzen über das Myzel (common mycelia network CMN) diskutiert und in Frage gestellt (Simard und Durall 2004, Taylor 2006, Peter 2006, Hodge 2006, Johnson et al. 2005, Selosse et al. 2006), da es auch Studien gibt, die den Transport von Kohlenstoffverbindungen innerhalb des Myzels, aber nicht in die verbundene Pflanze zeigen (Robinson und Fitter 1999, Wu et al. 2001, Pfeffer et al. 2004). Auch die Bedeutung des CMN für die Entwicklung der Naturverjüngung wird heute diskutiert. Jonsson et al. (1999) konnten in einem Kiefernbestand nachweisen, dass die Altbäume und die Nachkommenschaften die gleiche ECM-Gesellschaft ausbildeten. Nara (2006) konnte auch zeigen, dass die Weidennachkommenschaften sich in der Nähe eines älteren Baumes mit etablierter ECM-Gesellschaft besser entwickeln. Kytöyiita et al. (2003) zeigten aber bei einer anderen Studie mit krautigen Gewächsen das Gegenteil.

1.5 Diversität der Mykorrhizen

Es wurde ausführlich erforscht, wie die Pflanzendiversität die oberirdische Produktivität beeinflusst und wie Biodiversität, Ökosystemfunktionen und abiotische Faktoren miteinander agieren (Loreau und Hector 2001, Loreau et al. 2001). In den letzten Jahren werden verstärkt die Zusammenhänge zwischen der ober- und unterirdischen Diversität, untersucht (De Deyn und van der Putten 2005, Wardle et al. 2004, Van der Putten et al. 2001). Hier spielen besonders die Mykorrhizen eine große Rolle. Sie verbinden die Pflanzen, mit den heterogen verteilten Nährstoffen im Boden, die für das Pflanzenwachstum notwendig sind und ermöglichen den Fluss von energiereichen Kohlenstoffverbindungen in den Boden, die u. a. für das Pilzwachstum, aber auch für die Nährstoffmobilisierung und den Transport der mobilisierten Produkte zur Pflanze benötigt werden (Finlay 2008).

Van der Heijden et al. (1998) sähten in einem Makrokosmosexperiment 15 verschiedene Pflanzen und impften sie mit unterschiedlichen Kombinationen von AM Pilzen (1, 2, 4, 8 und 14 Pilzarten) an. Die Pflanzendiversität und die oberirdische und unterirdische Pflanzenbiomasseproduktion stieg mit zunehmender Artenanzahl der AM-Pilze. Sie konnten dadurch zeigen, dass AM Einfluss auf die Diversität und Produktivität der Pflanzen hat. Klironomos et al. (2000) zeigten ebenfalls in ihrem Experiment, dass AM die Pflanzenbiomasseproduktion beeinflussen. Die Pflanzen mit AM erreichten schon bei einer Diversität von 10 Pflanzen das Biomassemaximum, die

Höhe des Maximums hing aber von der Pilzart ab, die mit der Pflanze eine Symbiose einging.

Wenn AM die Pflanzendiversität und -produktivität beeinflussen können, müssten auch die ECM einen Einfluss haben, da sie eine viel größere Pilzartenanzahl als die AM und außerdem eine größere Struktur- und Funktionsvielfalt haben (Leak 2001). Die vielen verschiedenen Arten, die an der ECM beteiligt sind, können Nährstoffe aus unterschiedlichen Orten und Substraten im Boden mobilisieren. Es gibt bis jetzt nur wenige Studien die zeigen, welchen Einfluss die Diversität und die verschiedenen Pilzarten der ECM auf Pflanzenproduktivität, -wachstum und Nährstoffversorgung haben (Baxter und Dighton 2001, Jonsson et al. 2001).

Der Artenreichtum der ECM steht im starken Kontrast zu den oft artenarmen Wäldern der borealen und gemäßigten Zone (Taylor et al. 2000, Erland und Taylor 2002). Die Anzahl der mykorrhizierten Wurzelspitzen im Boden eines borealen Nadelwaldes wurde auf $0,25\text{-}6 \times 10^6 \text{ m}^{-2}$ geschätzt (Taylor und Alexander 2005). In vielen Studien wurde festgestellt, dass meistens ein oder zwei Pilzarten stark dominieren und viele andere Arten selten vorkommen. Die häufigste Art scheint gut an die vorhandenen Bedingungen angepasst zu sein (Erland und Taylor 2002). Aber auch wenn eine Art nur an z. B. 0,1 % der mykorrhizierten Wurzelspitzen vorkommt, kommt sie immer noch an $2\text{-}4 \times 10^3 \text{ m}^{-2}$ Wurzelspitzen vor (Erlander und Taylor 2002). Mögliche Ursachen für die hohe Diversität der ECM sind Ressourcenteilung, Verteilung, Konkurrenz und Interaktionen mit anderen Mikroorganismen im Boden (Bruns 1995). Aber auch verschiedene Bodenparameter wie pH-Wert, Bodenfeuchte und -temperatur können die Pilzarten verschieden beeinflussen (Cairney 1999). Für viele Pilzarten der Ektomykorrhizen wurde eine Wirtsspezifität oder zumindest eine Wirtspräferenz festgestellt (Molina et al. 1992).

Jonsson et al. (2000) stellt die Vermutung auf, dass das Vorkommen von Kohlenhydraten die Wurzelichte und damit auch die Mykorrhiza beeinflusst, was von der Photosyntheseleistung der Pflanzen abhängt, die wiederum von den klimatischen Bedingungen abhängt. Wenn das Klima zwischen den Jahren wechselt, verändert sich auch die ECM-Gesellschaft. Bohrer et al. (2004) konnte eine Saisonalität für AM nachweisen mit einem Maximum der Mykorrhizierungsrate im Frühjahr und einem Minimum im Spätsommer. Abiotische Faktoren hatten einen geringen Einfluss auf die AM Mykorrhizierungsrate. Diese Mykorrhizierungsrate deckt sich mit dem Wachstumsmuster der Pflanzen, also der Pflanzenphysiologie. Für Ektomykorrhizen ergab sich nach Wallander et al. (2001) ein anderes Muster. Das maximale Wachstum des Myzels fand er im Juli bis September, auch fand er in einer früheren Studie das maximale Ergosterol:Chitin-Verhältnis (ein Indikator für Myzel) bei *Pinus sylvestris* im Oktober (Wallander et al. 1997). Dies deckt sich mit der Zeit des maximalen Wurzelwachstums (Stober et al. 2000). Je mehr Wurzeln vorhanden sind, umso größer ist die Möglichkeit für Pilze, eine Kohlenstoffquelle zu erschließen (Newton 1992). Buée et al. (2005) konnten nachweisen, dass sich die ECM-Gesellschaft und die metabolische Aktivität vieler Pilzarten abhängig von Jahreszeit, Temperatur und Bodenfeuchte ändert und dass viele Morphotypen im Winter aktiver sind als im Sommer. Die Funktion der ECM-Gesellschaft hängt also scheinbar vom Zeitmuster und der Spezialisierung jedes Morphotyps ab.

Es wurden schon viele Studien an verschiedenen Baumarten in unterschiedlichen Beständen durchgeführt, um die Artenanzahl und die Diversität der Ektomykorrhizen festzustellen (Dahlberg 2001, Buée et al. 2005, Kjølter 2006, Dickie 2007, Grebenc und Kraigher 2007). Kernaghan et al. (2003) konnten zeigen, dass in borealen Mischbeständen (*Abies balsamea*, *Picea glauca*, *Populus tremuloides*, *P. balsamifera*, *Betula papyrifera*, *Pinus banksiana*) die Diversität der Mykorrhizen mit der Diversität des Baumbestandes signifikant zusammenhängt. Es ist aber nichts bekannt über diesen Zusammenhang in den Wäldern der gemäßigten Zone besonders in Buchenwäldern und Laubmischbeständen.

1.6 Ziele dieser Arbeit

Um die Interaktionen und Zusammenhänge zwischen oberirdischer und unterirdischer Diversität im Ökosystem eines naturnahen Waldes der gemäßigten Zone zu untersuchen wurde das „Graduiertenkolleg 1086“ eingerichtet. In diesem Graduiertenkolleg arbeiten in drei großen Projektbereichen (A: Biodiversitätsanalyse und biotische Interaktionen, B: Stoffumsätze, C: Synthese (ökonomische Bewertung von Ökosystemfunktionen, Modellbildung, Waldgeschichte)) 14 verschiedene Projekte zusammen. Im vorliegenden Projekt (A1) lag der Schwerpunkt auf der Bestimmung und Analyse der Ektomykorrhizen auf den Versuchsflächen.

Ziele dieser Arbeit waren:

1. Die Beschreibung und Bestimmung der vorkommenden Ektomykorrhizaarten in den verschiedenen Beständen an Buche, Linde und Hainbuche
2. Die Untersuchung der Diversität der ECM in den verschiedenen Beständen und des Zusammenhangs zwischen der Diversität der Mykorrhizen und der Baumartendiversität
3. Untersuchung möglicher Zusammenhänge zwischen verschiedenen Pilzarten und der Nährstoffversorgung der Baumwurzeln und zwischen den Pilzarten und verschiedenen Bodenparametern

2. Material und Methoden

2.1 Untersuchungsgebiet

Die Untersuchungen wurden in den Jahren 2006 und 2007 in Laubmischwäldern im Nationalpark Hainich, Thüringen (<http://www.nationalpark-hainich.de>) durchgeführt. Der Hainich ist ein Muschelkalkhöhenzug mit geringmächtiger bis mächtiger Lößauflage am westlichen Rand des Thüringer Beckens. Das Gebiet ist seit dem 31.12.1997 Nationalpark. Von 1964-1997 waren Teile des Hainichs militärisches Sperrgebiet (Truppenübungsplätze „Weberstedt“ und „Kindel“). Daher wurden diese Gebiete des heutigen Nationalparks seit 44 Jahren nicht mehr forstwirtschaftlich genutzt. Heute werden 90 % der Fläche (7600 ha) der Natur überlassen. Die Hauptbaumart ist die Rotbuche (*Fagus sylvatica* L.).



Abb. 2.1.1. Blick auf den Nationalpark Hainich vom Baumkronenpfad nahe Weberstedt im Mai 2006.

2.2 Untersuchungsflächen

Im Nationalpark Hainich wurden insgesamt 12 Flächen von je 50 x 50 m Größe ausgesucht, die folgende Kriterien erfüllen:

- geringer direkter menschlicher Einfluss in den letzten Jahrzehnten
- gleich alte Bestände mit geschlossenem Kronendach
- homogene Bestandesstruktur
- ähnliche Bodenmorphologie

Die 12 Flächen wurden in drei verschiedene Diversitätslevel eingeteilt. Als Diversitätslevel 1 wurden vier Buchenreinbestände mit geringer Beimischung anderer Baumarten, wie Traubeneiche (*Quercus petraea* (Matt.) Liebl.), Stieleiche (*Quercus robur* L.) und Esche (*Fraxinus excelsior* L.) ausgewählt, im Weiteren als DL1 a, b, c, oder d bezeichnet.

Als Diversitätslevel 2 wurden vier Mischbestände mit Buche (*Fagus sylvatica* L.), Sommerlinde (*Tilia platyphyllos* Scop.), Winterlinde (*Tilia cordata* Mill.) und Esche festgelegt, im Weiteren DL2 a, b c, oder d bezeichnet.

Als Diversitätslevel 3 wurden vier Mischbestände mit Buche, Sommerlinde, Winterlinde, Esche, Hainbuche (*Carpinus betulus* L.), Bergahorn (*Acer pseudoplatanus* L.), Spitzahorn (*Acer platanoides* L.) und Feldahorn (*Acer campestre* L.) bestimmt, im Weiteren als DL3 a, b, c oder d bezeichnet.

Die Flächen liegen alle auf ca. 350 m ü. NN bei ungefähr 51°10' Nord, 10°50' Ost (s. Karte 1 im Anhang A). Die Versuchsflächen hatten eine Lößauflage von 60-120 cm. Der Bodentyp war überwiegend Parabraunerde, der sich aus Löß über Muschelkalk entwickelte (Guckland et al. 2008).

Am Wasserturm Weberstedt in der Nähe der Versuchsflächen wurde für die Jahre 2005 und 2006 eine Freilandniederschlagjahressumme von 878,9 mm bzw. 720,1 mm gemessen (Tab. 2.1.). Die Jahresdurchschnittstemperatur betrug am Wasserturm im Jahr 2005 8,1 °C und in 2006 8,6 °C (Tab. 2.1.). Für 2007 lagen noch keine Daten vor.

Mit Ausnahme der Flächen DL1 d, DL2 d und DL3 d wurden alle Flächen im Mai 2005 gezäunt.

2.3 Probenahme

Auf allen Flächen wurden je drei 30 m lange Transekte angelegt. Der Anfangspunkt und die Richtung wurden zufällig ausgesucht. Folgende Bedingungen mussten erfüllt sein: die Transekte durften nicht aus den 50 x 50 m Flächen ragen und sie mussten einen Mindestabstand von 1 m zueinander haben. Waren diese Bedingungen nicht erfüllt, wurden ein neuer Anfangspunkt und eine neue Richtung bestimmt. Auf einer Seite der Transekte wurde ein 1 m breiter Streifen markiert, auf dem die Proben genommen wurden. Die Probenahmepunkte auf den Transekten wurden zufällig bestimmt.

Tab. 2.1. Klimadaten vom Wasserturm Weberstedter Holz vom Max-Planck-Institut für Biogeochemie, Jena, zur Verfügung gestellt aus dem Forschungsbericht 2007 des

Nationalparks Hainich (<http://www.nationalpark-hainich.de>). Die Daten geben Monatsmittelwerte für die Lufttemperatur und Monatssummen für den Freilandniederschlag an.

Zeit	2005		2006	
	Luft- temperatur [°C]	Freiland- niederschlag [mm]	Luft- temperatur [°C]	Freiland- niederschlag [mm]
Januar	0,68	65,20	-3,76	17,70
Februar	-2,45	60,40	-1,79	42,90
März	2,48	42,40	0,12	88,60
April	8,65	43,70	7,11	61,00
Mai	11,76	93,00	12,09	100,00
Juni	15,07	64,40	15,99	30,70
Juli	16,92	93,60	21,53	34,50
August	14,72	63,60	14,06	120,40
September	15,04	62,30	16,69	20,20
Oktober	10,71	40,90	11,41	53,00
November	3,55	38,10	6,37	60,00
Dezember	-0,29	68,40	3,42	31,40

Die Mykorrhizauntersuchungen wurden nicht auf allen 12 Flächen durchgeführt, sondern nur auf:

- DL1 a und b
- DL2 b und c
- DL3 a und c.

Da die Fläche DL3 a im Januar 2007 durch den Sturm Kyrill zerstört wurde, wurde sie durch die Fläche DL3 b ersetzt. Im weiteren Text werden diese Flächen als DL3 a_b bezeichnet.

Es wurden am 24. April 2006, 10. Juli 2006, 18. September 2006, 9. November 2006, 23. April 2007, 5. Juli 2007 und 25. September 2007 Proben genommen. Die Bodenproben wurden mit einem Bohrstock genommen, dessen Probenahmezylinder einen Durchmesser von 8 cm und eine Länge von 20 cm hatte. Auf jeder Fläche wurden jeweils 15 Bodenkerne genommen. Ab November 2006 wurden zusätzlich auf den DL3-Flächen je fünf Hainbuchenproben genommen. Die Bodenkerne wurden in Plastikbeutel gegeben und bei 4 °C bis zur Aufarbeitung gelagert. Die Proben wurden innerhalb von vier Wochen aufgearbeitet.



Abb. 2.3.1. Transekt auf der DL2 b im Juli 2006. Auf der rechten Seite der 1 m breite Streifen für die Wurzelprobenahme, auf der linken Seite Streusammler und Niederschlagsmesser aus anderen Projekten des Graduiertenkollegs 1086.

2.4 Probenbearbeitung

2.4.1 Gewinnung der Wurzelproben

Die Wurzeln wurden aus den Bodenkernen ausgewaschen. Dazu wurden die Proben eine halbe bis eine Stunde in Leitungswasser eingeweicht und dann die Wurzeln unter fließendem Wasser mit Hilfe eines Siebes (Maschenweite 1 x 1mm) ausgewaschen. Anschließend wurden die Wurzeln in feuchten Zellstoff gewickelt, wieder in eine Plas-

tiertüte gelegt und bis zur weiteren Verarbeitung innerhalb von drei Tagen bei 4 °C gelagert.

2.4.2 Sortierung der Wurzeln nach Baumarten

Die Wurzeln wurden unter einer Stereolupe (Stemi SV11 Zeiss, Jena) nach den Schlüsseln von Hölscher et al. (2002) und Korn (2004) - im Folgenden aufgeführt - nach Baumarten sortiert.

Buche:

„Die Wurzeln sind braunrot bis dunkelrot. Die Grobwurzeln sind längsgefurcht, die Feinwurzeln haben eine feine Querriefung, teilweise tritt ein glasiger Überzug auf. Die Wurzeln sind regelmäßig verzweigt und haben viele Endverzweigungen mit vielen Wurzelspitzen. Bei Buche treten ausschließlich Ektomykorrhizen auf“ (Korn 2004, S. 16 Tab 3.1).

Lindenarten:

„Die Wurzeln sind dunkel oder rot-braun aber nie rot. In den Rillen der Längsstrukturierung der Grobwurzeln sind Zellstrukturen erkennbar. Die Feinwurzeln sind kaum strukturiert, können auch einen glasigen Überzug aus älteren Peridermschichten haben, sind aber insgesamt sehr variabel. Die Wurzeln sind gleichmäßig, aber nicht häufig verzweigt“ (Korn 2004, S. 16 Tab 3.1).

In der vorliegenden Untersuchung wurden an Lindenwurzeln nur Ektomykorrhizen gefunden. Die Wurzeln von Buche und Linde waren schwer zu unterscheiden. Die Zellstruktur an den Grobwurzeln der Linde wurde als wichtigstes Unterscheidungsmerkmal genommen. Die Wurzeln der beiden Lindenarten konnten morphologisch nicht unterschieden werden, darum wurden beide Arten zusammengefasst und im Weiteren als Linde bezeichnet.

Hainbuche:

„Die Wurzeln sind rot. Die Grobwurzeln sind grob längsstrukturiert, die Feinwurzeln haben eine feinere Längsstruktur und teilweise sind Zellstrukturen erkennbar. Die Wurzeln sind gleichmäßig und reich verzweigt. Es kommen nur Ektomykorrhizen vor“ (Korn 2004, S. 16 Tab 3.1).

Ahornarten:

„Der Spitzahorn hat dunkelbraune Wurzeln, der Bergahorn braun-beigefarbene. Die Verzweigung ist fein, unregelmäßig und sehr häufig. Am Ahorn kommt nur arbuskuläre Mykorrhiza vor“ (Korn 2004, S. 16 Tab 3.1).

Durch seine vielen feinen Wurzelspitzen mit arbuskulärer Mykorrhiza waren die Wurzeln leicht zu erkennen. Typisch für die Ahornwurzeln waren auch die Einschnürungen an der Wurzelspitze (Abb. 2.4.1.). Da in dieser Studie hauptsächlich die Ektomykorrhizen untersucht wurden, wurden die Ahornarten nicht weiter unterschieden, sondern zusammengefasst und im Weiteren als Ahorn bezeichnet.

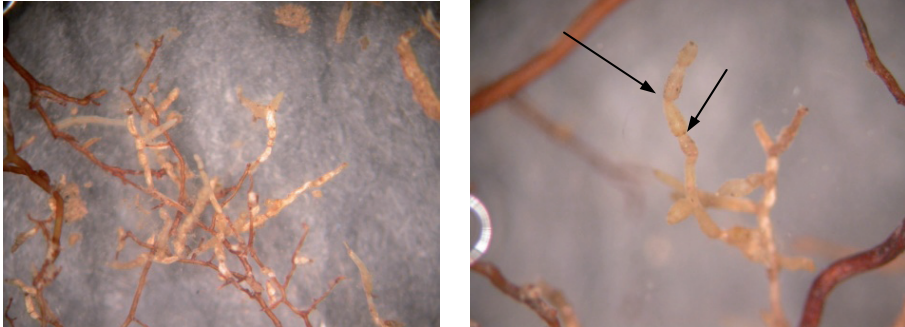


Abb. 2.4.1. Wurzelspitzen von Ahorn. Ein Merkmal für Ahorn waren die Einschnürungen an der Wurzelspitze (s. Pfeil).

Esche:

„Die Wurzeln sind hell, d. h. hellbraun oder fast gelb. Die Feinwurzeln sind kaum strukturiert. Die Verzweigung ist gleichmäßig. Die Wurzelspitzen haben im Vergleich zu den anderen Baumarten, besonders im Vergleich zum Ahorn, noch einen relativ großen Durchmesser“ (Korn 2004, S. 16 Tab 3.1).

An Esche wurde keine Ektomykorrhiza gefunden. Die Wurzeln konnten durch ihre auffällige Färbung und ihren relativ großen Durchmesser meistens schon ohne Lupe aus den Proben aussortiert werden.

2.4.3 Bestimmung der Wurzelmasse

Die Wurzelfrischmasse wurde direkt nach dem Morphotyping (s. 2.5.2) bzw. nach der Sortierung der Wurzeln nach Baumarten bestimmt. Anschließend wurden die Wurzeln nach Baumarten sortiert in Papiertüten gefüllt, bei 37 °C im Wärmeschrank bis zur Gewichtskonstanz getrocknet und danach die Trockenmasse bestimmt.

2.5 Analyse der Ektomykorrhiza an Buche, Linde und Hainbuche

2.5.1 Bestimmung der Mykorrhizierungsrate

Aus jeder Probe wurden vier Wurzeln entnommen. Kamen in den Mischbeständen in einer Probe Wurzeln von mehreren Baumarten vor, wurden von jeder Baumart soweit möglich vier Wurzeln ausgezählt. Dazu wurden alle mykorrhizierten Wurzelspitzen, alle nichtmykorrhizierten vitalen Wurzelspitzen und alle trockenen Wurzelspitzen unter der Stereolupe gezählt. Als tote Wurzelspitzen wurden Spitzen definiert, die eingetrocknet und faltig aussahen. Es konnte so allerdings nicht festgestellt werden, ob diese Wurzelspitzen noch vital waren oder bereits abgestorben.

Die Mykorrhizierungsrate wurde nach folgender Formel berechnet:

$$\text{Mykorrhizierungsrate} = \frac{\text{mykorrhizierte Wurzelspitzen}}{\text{mykorrhizierte} + \text{nichtmykorrh. Wurzelspitzen}}$$

Der Anteil der toten Wurzelspitzen wurde wie folgt berechnet:

$$\text{Anteil toter Wurzelspitzen} = \frac{\text{tote Wurzelspitzen}}{\text{Gesamtzahl aller ausgezählten Wurzelspitzen}}$$

2.5.2 Morphotyping

An jeder Wurzel wurde ein Morphotyping in Anlehnung an Agerer (1987-2006) durchgeführt. Dazu wurden die verschiedenen Morphotypen unter der Stereolupe nach Farbe, Verzweigung, vorkommenden Hyphen und sichtbaren Rhizomorphen sortiert. Die vorkommenden Morphotypen wurden nummeriert und fotografiert (Nikon Coolpix 4500). Von jedem Morphotyp wurden 10 - 20 Spitzen abgeschnitten, in ein Reaktionsgefäß (Eppendorf, Hamburg, Deutschland) gegeben und für die spätere DNA-Analyse bei -80 °C eingefroren. Die Morphotypen wurden nach folgendem Schema nummeriert: MF = Morphotypen an Buchenwurzeln (MF1 - MF500), MT = an Linde (MT1 - MT127) und MC = an Hainbuche (MC1 - MC25). Ein Problem bei der Methode des Morphotypings ist, dass manche Pilzarten verschieden aussehende Morphotypen ausbilden können. Besonders bei den ersten Probenahmen wurden viele Morphotypen gezählt, die nach der Sequenzierung zusammengefasst werden konnten (Tab. 2.2.). Nachdem die Sequenzierung abgeschlossen war, wurden die Morphotypen deshalb zusammengefasst, neu nummeriert und mit den Nummern M1 - M145 für alle Baumarten durchgehend versehen.

Tab 2.2. Anzahl der Morphotypen an den verschiedenen Baumarten, die nach der Sequenzierung zu einer Art zusammengefasst wurden.

Pilzart	Morphotypenanzahl		
	Buche	Linde	Hainbuche
<i>Amanita rubescens</i>	3		
<i>Clavulina cristata</i>	12	1	
<i>Craterellus cornucopioides</i>	9	1	
<i>Genea bispidula</i>	2		
<i>Humaria hemisphaerica</i>	1	1	
<i>Hydnotrya tulasnei</i>	2		
<i>Inocybe glabripes</i>	1		1
<i>Inocybe maculata</i>	1	5	3
<i>Inocybe geophylla</i>		3	
<i>Inocybe spec.</i>		2	
<i>Inocybe umbrina</i>	2		
<i>Laccaria maritima</i>	1	1	
<i>Lactarius blennius</i>	3		
<i>Lactarius subdulcis</i>	8	2	
<i>Piloderma lanatum</i>		1	2
<i>Russula chloroides</i>	1	1	
<i>Russula delicata</i>	1	8	2
<i>Russula fellea</i>	2		
<i>Russula ochroleuca</i>	10	1	
<i>Russula raoultii</i>	2		
<i>Sebacina spec.</i>		4	2
<i>Thelephoraceae spec.</i>	2		1
<i>Tomentella coerulea</i>		1	1
<i>Tomentella spec.</i>	1	3	
<i>Tomentella stipitata</i>	2	1	
<i>Tomentella sublilacina</i>	3	2	
<i>Tomentella viridula</i>	1	1	
<i>Tuber puberulum</i>	3		1
<i>Xerocomus chrysenteron</i>	3	1	
<i>Xerocomus badius</i>	2		
<i>Xerocomus pruinatus</i>	3	2	
Uncultured ectomycorrhiza (<i>Atheliceae</i>)	2		
Uncultured ectomycorrhiza (<i>Pezizaceae</i>)	1	1	
Uncultured ectomycorrhiza (<i>Pezizaceae</i>)	1	1	1
Uncultured ectomycorrhiza (<i>Thelephoraceae</i>)		2	
Uncultured ectomycorrhiza (<i>Tomentella</i>)	1	1	
Uncultured ectomycorrhiza (<i>Tomentella</i>)	2		
Uncultured ectomycorrhiza (<i>Trichocomaceae</i>)		4	1
Uncultured ectomycorrhizal fungus		2	1

2.6 Molekularbiologische Bestimmung der Mykorrhizapilze

2.6.1 Verwendete Geräte und Chemikalien

Alle häufig verwendeten Geräte und Chemikalien sind in Tab. 2.3. und 2.4. aufgeführt.

Tab. 2.3. Liste der Geräte

Geräte	Firma	Stadt, Land
ABI Prism 3100 Genetic Analyser, 36 cm Kapillare Matrix Pop 6	Applied Biosystems	Foster City, USA
Concentrator 5301	Eppendorf	Hamburg, Deutschland
<i>E.coli</i> Pulser	Bio Rad	München, Deutschland
Elektroporationsküvetten	Bio Rad	München, Deutschland
Fluor-S TM MultiImager (Gel-scanner)	Bio Rad	München, Deutschland
Gelelektrophoreseeinheit	BioRad	München, Deutschland
Laborschüttler 3015	GFL	Burgwedel, Deutschland
Mastercyclergradient (PCR)	Eppendorf	Hamburg, Deutschland
Biophotometer	Eppendorf	Hamburg, Deutschland
pH-Meter	WTW	Weilheim, Deutschland
Retschmühle	Retsch	Haan, Deutschland
Satorius Arium 611 (Bidest-Wasser-Anlage)	Satorius	Göttingen, Deutschland
Microflow Biological Safety Cabinet (Sterilbank)	Nunc	Wiesbaden-Biebrich, Deutschland
Thermomixer comfort	Eppendorf	Hamburg, Deutschland
Wärmeschrank	Memmert	Büchenbach, Deutschland
Zentrifuge 5417 R	Eppendorf	Hamburg, Deutschland
Zentrifuge J2-HS	Beckmann Coulter	Fullerton, USA

Tab. 2.4. Bezugsquellen der Chemikalien

Chemikalie	Firma	Stadt, Land
Agarose	Biozym	Hess.Oldendorf, Deutschland
Ampicillin	Duchefa Biochemie B.V.	Haarlen, Niederlande
Bacto™ Agar	Becton, Dickinson and Company	Sparks, USA
Bacto™ Hefeextrakt	Becton, Dickinson and Company	Sparks, USA
Bacto™ Trypton	Becton, Dickinson and Company	Sparks, USA
Big Dye Terminator 3.1 Cycle Sequencing Kit	Applied Biosystems	Foster City, USA
Borsäure	Roth	Karlsruhe, Deutschland
Bromphenolblau	Roth	Karlsruhe, Deutschland
D (+)-Glucose-Monohydrat	Merck	Darmstadt, Deutschland
dNTPs-Mix	Fermentas	St-Leon-Rot, Deutschland
DNAeasy Mini Plant Kit	Qiagen	Hilden, Deutschland
Ethylendiamin-Tetraessigsäure Dinatriumsalz Dihydrat (EDTA)	Sigma	Steinheim, Deutschland
Ethanol Rotisolv HPLC Gradient Grade	Roth	Karlsruhe, Deutschland
Ethidiumbromid	Roth	Karlsruhe, Deutschland
Glycerin	Merck	Darmstadt, Deutschland
2-Propanol (Isopropanol)	Roth	Karlsruhe, Deutschland
Isopropyl-thio-galaktosid (IPTG)	Roth	Karlsruhe, Deutschland
Kaliumchlorid (KCl)	Merck	Darmstadt, Deutschland
Magnesiumchlorid Hexahydrat (MgCl ₂ * 6 H ₂ O)	Merck	Darmstadt, Deutschland
Magnesiumsulfat Heptahydrat (MgSO ₄ *7 H ₂ O)	Merck	Darmstadt, Deutschland
Natriumacetat	Merck	Darmstadt, Deutschland
Natriumchlorid	Merck	Darmstadt, Deutschland
N, N-Dimethylformamid (DMF)	Merck	Darmstadt, Deutschland
PCR-Purification Kit	Qiagen	Hilden, Deutschland
pGEM-T Vektor System I	Promega	Madison, USA
RNase freies Wasser	Abmion	Austen, USA
Dodecylsulfat Natriumsalz (SDS)	Roth	Karlsruhe, Deutschland
Tetracyclin HCl	Duchefa Biochemie B.V.	Haarlen, Niederlande
Tris Ultra	Roth	Karlsruhe, Deutschland
Triton X-100	Serva	Heidelberg, Deutschland
5-Brom-4-Chlor-3-Indolyl-β-D- Galaktosid (X-Gal)	Duchefa Biochemie B.V	Haarlen, Niederlande

Soweit nicht anders erwähnt, wurde deionisiertes Wasser (Satorius Arium 611) zum Herstellen der Lösungen verwendet.

Tab. 2.5. Puffer für die Durchführung der PCR und der Gelelektrophorese

Konzentration	Chemikalien
10 x PCR Puffer	
100 mM	Tris pH 8,8
500 mM	KCl
1 %	Triton X-100 flüssig
Lagerung bei -20 °C	
TBE-Puffer	
89 mM	Tris Ultra
89 mM	Borsäure
2 mM	EDTA
pH sollte zwischen 8,0 und 8,3 liegen, bei Raumtemperatur lagern	
10 x DNA Loading Buffer	
57,5 % (w/v)	Glycerin
1 % (w/v)	SDS
100 mM	EDTA
89 mM	Tris Ultra
89 mM	Borsäure
2 mM	EDTA
0,01 %	Bromphenolblau
auf 1L mit demineralisiertem Wasser auffüllen, im Kühlschrank bei 4 °C lagern	

Tab. 2.6. Medien für die Herstellung elektrokompenter Zellen und für die Durchführung der Transformation. Die Medien wurden zur Herstellung der kompetenten Zellen frisch angesetzt. Für die Durchführung der Transformation wurden die Medien (LB-Platten und SOC-Medium) im Kühlschrank bei 4 °C gelagert.

Einwaage	Chemikalien
LB-Medium	
10 g	Bacto TM Trypton
5 g	Bacto TM Hefeextrakt
10 g	NaCl
15 g	Bacto-Agar
100 µg/ ml	Ampicillin (erst nach der Sterilisation dazugeben)
in 1 L demineralisiertem Wasser lösen	
SOB-Medium	
20 g	Bacto TM Trypton
5 g	Bacto TM Hefeextrakt
0,6 g	NaCl
0,2 g	KCl
15 g	Bacto-Agar (Agar wird nur dazugegeben, wenn SOB-Platten hergestellt werden)
1 ml	Tetracyclin (erst nach der Sterilisation dazugeben)
10 ml	1M MgCl ₂ /MgSO ₄ (erst nach der Sterilisation dazugeben)
in 1 L demineralisiertem Wasser lösen	
SOC-Medium	
20 g	Bacto TM Trypton
5 g	Bacto TM Hefeextrakt
0,6 g	NaCl
0,2 g	KCl
40 ml	0,5M Glucose (erst nach der Sterilisation dazugeben)
10 ml	1M MgCl ₂ /MgSO ₄ (erst nach der Sterilisation dazugeben)
in 1 L demineralisiertem Wasser lösen	

Herstellung elektrokompenter Zellen für die Transformation

E.coli Bakterien (TOP 10 Stamm, Invitrogen, Carlsbad, USA) wurden auf SOB-Platten, die Tetracyclin enthielten (Tab. 2.6.), mit einer Impföse ausgestrichen und über Nacht bei 37 °C inkubiert. Am nächsten Tag wurde von diesen Platten mit einer Impföse eine Bakterienkolonie genommen und mit dieser Kolonie 50 ml flüssiges SOB-Medium (mit Tetracyclin) (Tab. 2.6.) angeimpft. Diese Kultur wurde über Nacht bei 37 °C geschüttelt. Am nächsten Tag wurden 5 ml der Übernachtskultur in 500 ml SOB-Medium (ohne Tetracyclin) (Tab. 2.6.) gegeben und bei 37 °C geschüttelt, bis eine optische Dichte von 0,46 - 0,48 bei 600 nm (Biophotometer, Eppendorf, Hamburg) erreicht wurde (Küvetten, Brand, Wertheim). Als Nullwert wurde reines SOB-Medium eingesetzt. In der Regel wurde die erforderliche optische Dichte nach 2 - 2,5 Stunden erreicht. Wenn diese Dichte erreicht war, wurden die Kolben für 10 Minuten

auf Eis gestellt und anschließend die Suspension auf zwei 250 ml Zentrifugenbecher (Nalgene, New York, USA) umgefüllt und 15 Minuten in der Zentrifuge (J2-HS) bei 6000 U/min (Rotor JLA-16.250) bei 4 °C zentrifugiert. Der Überstand wurde verworfen; das Pellet in 250 ml eiskaltem sterilem Wasser aufgenommen und erneut bei 6000 U/min zentrifugiert. Dieser Vorgang wurde mit 125 ml sterilem eiskaltem Wasser wiederholt. Nach der Zentrifugation wurde das Pellet in 12,5 ml 10 % sterilem, kaltem Glycerin wieder aufgenommen, in 50 ml - Zentrifugenbecher (Nalgene, New York, USA) umgefüllt und wieder 15 Minuten bei 6000 U/min (Rotor JA-20) zentrifugiert. Der Überstand wurde verworfen; das Pellet in 1 ml eiskaltem sterilem 10 %igem Glycerin aufgenommen und in 40 µl Aliquots in 1,5 ml Reaktionsgefäße (Eppendorf, Hamburg) überführt. Die Aliquots wurden in flüssigem Stickstoff eingefroren und bei -80 °C gelagert.

2.6.2 DNA-Gewinnung und Sequenzierung

Um die ITS-Bereiche der verschiedenen Pilze sequenzieren zu können, sind mehrere Zwischenschritte notwendig. Diese Schritte sind schematisch in Abb. 2.6.1. dargestellt. Im Folgenden wird eine kurze Übersicht über den Ablauf der molekularbiologischen Methoden gegeben:

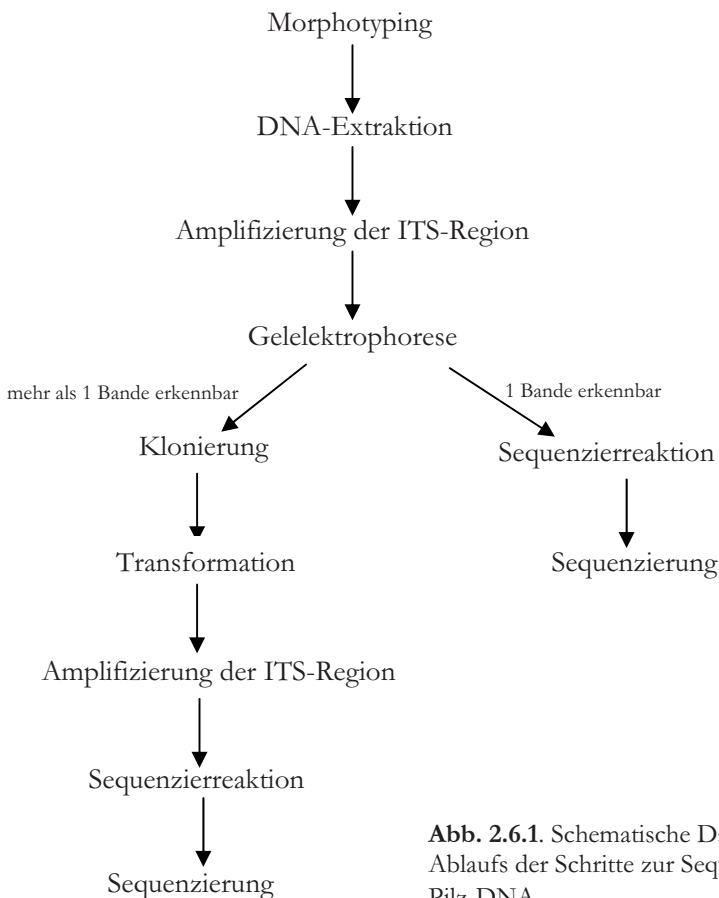


Abb. 2.6.1. Schematische Darstellung des Ablaufs der Schritte zur Sequenzierung der Pilz-DNA.

Nach dem Morphotyping wurde die DNA aus den eingefrorenen Mykorrhizaprobe extrahiert. Danach wurde die ITS-Region mit Hilfe der Primer ITS1 oder ITS5 und ITS4 amplifiziert (Tab. 2.7.).

Die ITS-Region ist die Internal Transcribed Spacer Region (Abb. 2.6.2.). Ihre Sequenz ist zur Identifizierung verschiedener Pilzarten geeignet, da sie variabel ist und daher Unterschiede zwischen den Arten aufweist (Viaud et al. 2000, Alvaréz und Wendel 2003). Ein weiterer Vorteil ist, dass die ITS-Sequenz im Genom der Pilze sehr häufig vorkommt (Viaud et al. 2000). Raidl et al. (2005) fanden in unterschiedlichen Ektomykorrhizapilzen 120 - 197 ITS-Kopien pro Zelle.

Die S-Region ist eine codierende DNA-Region und daher konservativ, zwischen den verschiedenen Arten gibt es keine Unterschiede.

Die IGS-Region (Intergenic Spacer Region) dagegen ist ein nicht-codierender Bereich der DNA und stark variabel (Viaud et al. 2000).

In der vorliegenden Arbeit wurden die Primer ITS1, ITS5 und ITS4 verwendet. Das Primerpaar ITS1 und ITS4 ergab nicht immer PCR-Produkte, dann wurde auch das Primerpaar ITS5 und ITS4 verwendet, das dann teilweise trotzdem PCR-Produkte ergab.

Für die Untersuchungen wurde eine Taq-Polymerase verwendet, die von Dr. Patrik Hoegger vom Büsingen-Institut Abteilung Molekulare Holzbiotechnologie und technische Mykologie, Göttingen, hergestellt wurde. Dabei handelt es sich um eine DNA-Polymerase von *Thermus aquaticus*, die in *E.coli* exprimiert wurde.

Tab. 2.7. Sequenzen der Primer ITS 1, ITS 5 und ITS 4 aus White et al. (1990)

ITS1 (forward)	5' - TCCGTAGGTGAACCTGCGG - 3' (5' Primer)
ITS 5 (forward)	5' - GGAAGTAAAAGTCGTAACAAGG - 3' (5' Primer)
ITS 4 (reverse)	5' - TCCTCCGCTTATTGATATGC - 3' (3' Primer)

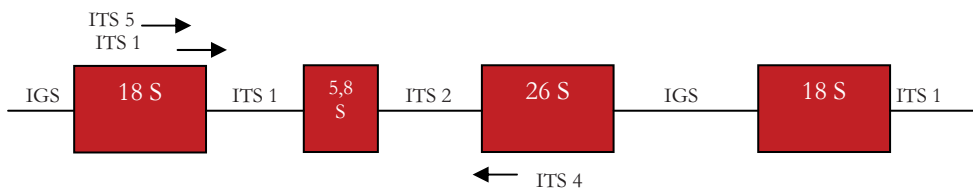


Abb. 2.6.2. schematische Darstellung der ribosomalen DNA:

S-Region: kodierende Regionen, extrem konservativ

IGS (Intergenic Spacer Region): eine nicht-kodierende Region, sehr variabel

ITS (Internal Transcribed Spacer): eine nicht-kodierende Region mit geringer Variabilität.

Die amplifizierten PCR-Produkte wurden auf ein Agarosegel aufgetragen und durch Gelelektrophorese aufgetrennt. War nur eine Bande auf dem Agarosegel zu erkennen, wurde dieses Produkt direkt für die Sequenzierung verwendet. Waren mehrere Banden erkennbar, lag ein Gemisch aus verschiedenen PCR-Produkten vor. Ein Gemisch ergibt bei der Sequenzierung keine Aussage, die PCR-Produkte mussten zunächst vereinzelt werden. Das PCR-Produkt wurde in einen Vektor eingebracht und dieser Vektor dann in *E.coli* Bakterien transformiert. Da jeder Vektor nur ein DNA-Stück und jedes Bakterium wiederum nur einen Vektor aufnehmen kann, werden so die PCR-Produkte vereinzelt. Die Transformation erfolgte durch Elektroschock (1,8 kV). Der Elektroschock macht die Membran der elektrokompentenen Zellen für kurze Zeit durchlässig, so dass der Vektor mit dem eingebauten DNA-Stück aus der Ligation in die Zelle gelangen kann.

Nach der Transformation der Bakterien wurden die Bakterien auf LB-Platten ausgestrichen. Die Platten enthielten Ampicillin, IPTG und X-Gal für eine Blau-weiß-Selektion der *E.coli* Kolonien. Bei der Blau-Weiß-Selektion wird ein Vektor verwendet, der die DNA-Sequenz für die Ampicillinresistenz und eine funktionsfähige β -Galaktosidase enthält. β -Galaktosidase ist ein Enzym, das X-Gal in Galaktose und den blauen Farbstoff 5-Brom-4-Chloro-3-Indol umsetzt, IPTG ist ein Induktor für das Enzym. Nimmt ein Bakterium bei der Transformation einen Vektor auf wird es Ampicillin-resistent. Wurde außerdem in den Vektor bei der Ligation ein DNA-Stück eingebaut, wurde die DNA-Sequenz der β -Galaktosidase zerstört, der Farbstoff kann nicht mehr umgesetzt werden und die Kolonie bleibt weiß (positive Klone).

Es kann passieren, dass sich der Vektor während der Ligation schließt, ohne dass ein DNA-Stück eingebaut wurde und die Sequenz für die β -Galaktosidase wurde trotzdem zerstört. Es gibt also auch weiße Klone, die nicht das gewünschte DNA-Fragment enthalten (negative Klone). Um die Anzahl dieser negativen Klone abzuschätzen, sollte bei der Ligation eine Negativkontrolle angesetzt werden, bei der in dem Ligationsansatz statt einer DNA-Probe Wasser dazugegeben wird. Weiterhin sollte bei der Ligation eine Positivkontrolle durchgeführt werden. Dabei wird bei der Ligation statt der eigenen DNA-Probe eine sogenannte Kontroll-DNA der Firma Promega dazugegeben. Anhand dieser Probe kann man abschätzen, ob die Ligation erfolgreich war. Entstehen bei den eigenen Proben keine positiven Klone, aber bei der Positivkontrolle, kann man davon ausgehen, dass es Probleme mit den eigenen Proben gab, z. B. zu geringe DNA-Konzentration und Verunreinigungen in den Proben.

Die positiven Klone werden gepickt, die ITS-Region noch einmal amplifiziert und mit diesen PCR-Produkten die Sequenzierreaktion durchgeführt.

Die Sequenzierung beruht auf dem Kettenabbruchverfahren. Bei der Sequenzierungsreaktion befindet sich im Ansatz ein Mix aus modifizierten Nukleotiden (Big-Dye, Tab. 2.4.). Sie enthalten sowohl eine unterschiedliche Fluoreszenzmarkierung als auch eine Modifizierung, die zum Abbruch der DNA-Synthese beim Einbau dieser Nukleotide führt. Es entstehen unterschiedlich lange und unterschiedlich endständig markierte DNA-Fragmente, die mittels einer Kapillarelektrophorese nach ihrer Größe getrennt werden. Die Fluoreszenzfarbstoffe werden durch einen Laser angeregt und detektiert (Sanger et al. 1977).

2.6.2.1 DNA-Extraktion

Die DNA-Extraktion erfolgte mit dem DNAeasy Mini Plant Kit. Zunächst wurden die eingefrorenen Morphotypenproben (10 - 20 mykorrhizierte Wurzelspitzen) mit der Retschmühle für 1 Minute bei 50 % der maximalen Mahlgeschwindigkeit bei Raumtemperatur gemahlen. Danach wurde die vorgegebene Menge Extraktionspuffer aus dem DNAeasy Mini Plant Kit auf die gemahlenen Proben gegeben und in ein neues Reaktionsgefäß umgefüllt. Anschließend wurde die DNA-Extraktion weiter nach der Vorschrift von Qiagen durchgeführt. Die DNA-Extrakte wurden bei -80 °C gelagert.

2.6.2.2 Amplifizierung der ITS-Region

Mit den DNA-Extrakten wurde zur Amplifizierung der ITS-Region eine PCR mit den Primern ITS1 oder ITS5 (im weiteren Text ITS1/5 genannt) und ITS4 durchgeführt. Dazu wurde ein sogenannter Mastermix nach dem folgenden Schema angesetzt: Sollten mehrere PCR-Reaktionen durchgeführt werden, wurde der Mastermix für die gewünschte Anzahl Reaktionen angesetzt und dann zu je 24 µl auf die 0,2 ml Reaktionsgefäße aufgeteilt und anschließend die 1 µl DNA-Extrakt dazugegeben. Die Reaktion wurde auf Eis angesetzt. Anschließend wurden die Reaktionsgefäße gut verschlossen, in den Mastercyclergradient gestellt und das untenstehende PCR-Programm gestartet.

Lösungen	Konzentrationen	Menge für eine Probe
10 x PCR-Puffer (Tab. 2.5.)		2,5 µl
MgCl ₂	25 mM	1,5 µl
dNTPs	10 mM	0,5 µl
ITS1/5	5 mM	2,0 µl
ITS4	5 mM	2,0 µl
deion. Wasser		15,4 µl
Taq-Polymerase	>10 u/µl	0,1 µl
DNA-Extrakt		1,0 µl
		Insgesamt: 25,0 µl

Die Amplifizierung lief nach folgendem Programm:

1.	94 °C	60 Sekunden
2.	94 °C	30 Sekunden
3.	55 °C	30 Sekunden
4.	72 °C	45 Sekunden
35 Zyklen (Schritt 2.-4.)		
	72 °C	10 Minuten
	4 °C	bis die Proben entnommen werden, bis zur Weiterverarbeitung bei 4 °C im Kühlschrank gelagert werden

Zur Kontrolle, ob die ITS-Region amplifiziert wurde, wurde ein 1 %iges Agarosegel mit TBE-Puffer (Tab. 2.5.) und 2 µl Ethidiumbromid hergestellt. Ethidiumbromid lagert sich an die DNA-Doppelhelix an, wodurch die DNA unter ultraviolettem Licht als helle Bande sichtbar wird.

Je 5 µl der PCR-Produkte wurden mit 1 µl 10 x Loadingpuffer (Tab. 2.5.) vermischt und in die Ladetaschen des Agarosegels gegeben. An das Gel wurde für 40 Minuten eine elektrische Spannung von 80 V angelegt. Anschließend wurde das Gel mit dem Fluor-STMMultiImager gescannt. War auf dem Gel deutlich nur eine Bande zu erkennen, wurde als nächster Schritt die Sequenzierreaktion durchgeführt (Kapitel 2.6.2.6). Waren mehrere Banden erkennbar, mussten die Proben zunächst kloniert werden, um die verschiedenen amplifizierten PCR-Produkte zu trennen.

2.6.2.3 Ligation

Für die Ligation wurde der Vektor pGEM-T System I von Promega verwendet. In dem Vektor Kit ist neben dem Vektor auch der notwendige Puffer, die Ligase und die Control-Insert DNA enthalten. Das PCR-Produkt aus dem vorherigen Schritt wurde vor der Ligation mit dem PCR-Purification Kit von Qiagen aufgereinigt.

Erfahrungsgemäß verläuft die Ligation besser, wenn das Verhältnis Vektor:Insert 1:3 beträgt. Zur Bestimmung der DNA-Konzentration wurden nach der Aufreinigung noch einmal 5 µl des PCR-Produktes und 5 µl der Control-Insert DNA (aus dem pGEM-T-System I) auf ein Gel aufgetragen. Die DNA-Konzentration der Control-Insert DNA wird vom Hersteller mit 4 ng/µl angegeben. Durch einen Vergleich der Intensität der Banden, die die Control-DNA und die PCR-Produkte auf dem Gel ergeben, kann man ungefähr die DNA-Konzentration der PCR-Produkte abschätzen.

Die Ligation wurde nach der Vorschrift von Promega nach folgendem Pipetierschema durchgeführt:

Lösungen	Proben	Negativkontrolle	Positivkontrolle
2 x Puffer	5 µl	5 µl	5 µl
Vektor	1 µl	1 µl	1 µl
DNA	X µl		2 µl (Kontroll-DNA)
Ligase	1 µl	1 µl	1 µl
RNAse freies Wasser	auf 10 µl auffüllen	auf 10 µl auffüllen	auf 10 µl auffüllen

2.6.2.4 Transformation

Auf die LB-Platten (Tab. 2.6.) wurden 6 µl 200 mg/ml IPTG und 60 µl X-Gal 20 mg/ml in DMF gelöst gegeben und mit einem Spatel gleichmäßig verteilt. Zum Trocknen wurden die Platten wenige Minuten offen unter der Sterilbank stehen gelassen.

Die Elektroporationsküvetten (BioRad, München, Deutschland) wurden auf Eis vorgekühlt und die elektrokompenten Zellen (s. 2.6.1. Herstellung elektrokompenten Zellen für die Transformation) auf Eis aufgetaut. Es wurden 2 µl des Ligationsansatzes zu den elektrokompenten Zellen zugegeben, 30 - 60 Sekunden auf Eis inku-

biert und dann in die Küvetten gefüllt. Die Küvetten wurden in den Schlitten des Elektroporationsgeräts gestellt und der Elektroschock (1,8 kV) ausgelöst.

War die Elektroporation erfolgreich, war ein Ton zu hören und es wurde sofort 1 ml SOC-Medium (Tab. 2.6.) zu den Zellen gegeben, die Mischung in ein Reaktionsgefäß gefüllt und eine Stunde bei 37 °C bei 400 rpm im Thermomixer inkubiert. Anschließend wurden die Zellen auf die LB-Platten (Tab. 2.6.), die vorher mit IPTG und X-Gal vorbereitet wurden, aufgetragen und gleichmäßig verteilt. Da man nicht den ganzen ml SOC-Medium mit den Zellen auf eine LB-Platte auftragen kann - dann würden die LB-Platten zu lange trocknen - wurden die Zellen vorher aufkonzentriert. Das Reaktionsgefäß mit dem ml SOC-Medium mit den Zellen wurde für 30 Sekunden bei 13000 rpm (Rotor F 45-30-11) abzentrifugiert. Die transformierten Zellen setzen sich als Pellet am Boden des Reaktionsgefäßes ab. 800 µl des Überstandes wurden verworfen, mit dem restlichen 200 µl Medium wurde das Zellpellet wieder gelöst und erst anschließend auf die LB-Platten aufgetragen.

Zum Trocknen blieben die Platten wieder ein paar Minuten unter der Sterilbank offen stehen. Anschließend wurden die Platten über Nacht bei 37 °C inkubiert und am nächsten Tag für mindestens 24h in den Kühlschrank gestellt.

2.6.2.5 Amplifizierung der ITS-Region nach der Transformation

Es wurde ein Mastermix nach dem unten stehend Pipettierschema für mehrere Proben hergestellt und je 25 µl in ein 0,2 ml Reaktionsgefäß gefüllt und auf Eis gestellt.

PCR- Pipettierschema:

Lösungen	Konzentrationen	Menge für eine Probe
10 x PCR-Puffer (Tab.2.5.)		2,5 µl
MgCl ₂	25 mM	1,5 µl
dNTPs	10 mM	0,5 µl
ITS 1 (forward Primer)	5 mM	2,0 µl
ITS 4 (reverse Primer)	5 mM	2,0 µl
sterilisiertes deionisiertes Wasser		16,4 µl
Taq-Polymerase	>10 u/µl	0,1 µl
		Insgesamt: 25 µl

Unter der Sterilbank wurden weiße Kolonien von den LB-Platten mit sterilen 2,5 µl Pipettenspitzen aufgenommen und in die vorbereiteten Reaktionsgefäße gegeben, kurz mit der Pipette vermischt und verschlossen. Pro Platte wurden acht weiße Klone gepickt. Danach wurden die Reaktionsgefäße in den Mastercycler gestellt und eine PCR nach folgendem Programm gestartet:

1.	94 °C	5 Minuten
2.	94 °C	30 Sekunden
3.	55 °C	30 Sekunden
4.	72 °C	45 Sekunden
	35 Zyklen (Schritt 2.-4.)	
	72 °C	10 Minuten
	4 °C	Bis die Proben entnommen werden

Nach der PCR wurden 5 µl der Proben mit 1 µl 10 x Loadingpuffer (Tab. 2.5.) gemischt und auf ein 1 %iges Agarosegel mit Ethidiumbromid aufgetragen. Bei den positiven Klonen (s. Kap. 2.6.2) ist auf dem Gel eine Bande zu erkennen, bei den negativen Klonen (s. Kap. 2.6.2) ist keine Bande vorhanden. Es werden nur die Proben der positiven Klone weiter bearbeitet, die Proben der negativen Klone werden verworfen.

2.6.2.6 Sequenzierung der ITS-Region

Bevor die Sequenzierreaktion durchgeführt werden konnte, mussten die PCR-Produkte, die im vorherigen Schritt eine Bande auf dem Agarosegel ergeben hatten, aufgereinigt werden. Von den Proben waren noch 20 µl übrig, dazu wurden 28 µl Isopropanol gegeben, der Ansatz eine Stunde bei Raumtemperatur gefällt und anschließend 30 Minuten bei 13000 rpm (Rotor F 45-30-11) zentrifugiert. Der Überstand wurde verworfen, das Pellet 15 Minuten im Konzentrator getrocknet und in 30 µl sterilisiertem deionisiertem Wasser wieder aufgenommen. Anschließend wurde die Sequenzierreaktion nach folgendem Schema in 0,2 ml Reaktionsgefäßen auf Eis angesetzt:

Lösungen	Menge für eine Probe
Big Dye	1 µl
Primer (je Reaktion ITS1 oder ITS4)	1 µl
5 x Sequenzierpuffer	1,5 µl
Wasser	4,5 µl
DNA (PCR-Produkt)	2,0 µl
	Insgesamt: 10 µl

Die Reaktionsgefäße wurden verschlossen, in den Mastercycler gestellt und die Sequenzierreaktion nach folgendem Programm gestartet:

1.	96 °C	1 Minute
2.	96 °C	10 Sekunden
3.	45 °C	10 Sekunden
4.	60 °C	4 Minuten
		2.-4. Schritt 34 x wiederholen
	4 °C	bis die Proben entnommen werden

Nach der PCR wurden die Produkte der Sequenzierreaktion aufgereinigt. Dafür wurden sie zunächst in 1,5 ml-Reaktionsgefäße umgefüllt, mit 40 µl deionisiertem Wasser, 5 µl 3 M Natrium-Acetat-Lösung (pH 6,0) und 150 µl 100 %igem Ethanol versetzt, kurz geschüttelt und 25 Minuten bei 13000 rpm (Rotor F 45-30-11) zentrifugiert. Der Überstand wurde verworfen. Das Pellet wurde in 250 µl 100 %igem Ethanol

nol gewaschen und 10 Minuten bei 13.000 rpm (Rotor F 45-30-11) zentrifugiert. Der Überstand wurde wieder verworfen und das Pellet bei 37 °C getrocknet und zur Sequenzierung in die Abteilung für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung des Buisen-Institutes der Fakultät für Forstwissenschaften und Waldökologie Göttingen gegeben.

2.6.3 Auswertung der Sequenzen

Bei der Sequenzierung wurde jeweils ein Ansatz mit ITS1 und ein Ansatz mit ITS4 sequenziert, so dass von jeder Probe zwei DNA-Sequenzen je einmal vom 5'-Ende und einmal vom 3'-Ende erhalten wurden. Diese beiden DNA-Stränge wurden mit dem Programm Staden-Package (Version 4.10) (<http://staden.sourceforge.net>) zusammengebaut. Die erhaltene DNA-Sequenz wurde mit Hilfe des Programms Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) (nach Altschul et al. 1997) mit Einträgen in den Datenbanken NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>) und UNITE (<http://unite.ut.ee>) verglichen.

NCBI ist eine allgemeine Datenbank für DNA und Aminosäuresequenzen. UNITE ist eine spezielle Datenbank für DNA-Sequenzen der ITS-Region von Ektomykorrhizen. Nur wenn bestimmte Voraussetzungen erfüllt sind, können Sequenzen in diese Datenbank gestellt werden, z. B. müssen alle Pilzarten vorher von einem Experten bestimmt worden sein (Køljug et al. 2005).

Ergab der Sequenzvergleich mit NCBI und UNITE ähnliche Ergebnisse mit ähnlicher Übereinstimmung, wurden die Ergebnisse von UNITE bevorzugt, da diese Datenbank speziell für Ektomykorrhizen entwickelt wurde. Es mussten trotzdem beide Datenbanken verwendet werden, da nicht alle sequenzierten DNA-Proben Pilz-DNA, sondern auch Sequenzen von den Baumarten waren. Die NCBI-Datenbank zeigte dann auch die entsprechende Baumart an, wogegen UNITE Ektomykorrhizapilze anzeigte, allerdings mit entsprechend geringer Übereinstimmung.

2.7 Bestimmung des Elementgehaltes der Wurzeln

Der Kohlenstoff- und Stickstoffgehalt in den Wurzeln wurde mit dem C/N Analysegerät Elemental Analyzer EA 1108 (Carlo Erba Instruments, Mailand, Italien) bestimmt. Der Gehalt der Wurzel an unterschiedlichen Elementen wurde nach einer Veraschung mit 65 %iger HNO₃ für 12 Stunden bei 170 °C (nach Heinrichs et al. 1986) im ICP-AES Spectro Analytic Instruments, Kleve, Deutschland, in der Abteilung Ökopedologie der gemäßigten Zone des Buisen-Institutes der Fakultät für Forstwissenschaften und Waldökologie der Universität Göttingen gemessen.

2.8 Auswertung

Für die Bestimmung der Diversität wurde der Shannon-Wiener-Index (SWI) nach folgender Formel mit Excel (2000) berechnet:

$$\text{SWI} = \sum_{i=1}^S p_i \ln p_i \quad p_i = \frac{n_i}{N} \quad \sum_{i=1}^S p_i = 1$$

SWI = Diversität bezogen auf Artenzahlen; auch als H_s bezeichnet

S = Gesamtzahl der Arten

p_i = Wahrscheinlichkeit des Auftretens der Art 1, d. h. die relative Häufigkeit der i -ten Art von der Gesamtindividuenzahl gemessen von 0 bis 1

N = Gesamtindividuenzahl

n_i = Individuenzahl der Art i

(aus Mühlenberg 1993)

Um den Shannon-Wiener-Index (SWI) für die Gesamtfläche zu berechnen, wurden die 15 Proben der jeweiligen Flächen zusammengerechnet. Um den SWI der verschiedenen Baumarten oder Flächen vergleichen zu können, musste die Datengrundlage mitunter angeglichen werden, da auf den Buchenreinbeständen meistens mehr Wurzelspitzen ausgezählt werden konnten als auf den anderen Flächen. Um diese Datengrundlage anzupassen wurden die 15 Proben einer Fläche von 1-15 durchnummeriert und dann nach folgendem Schema aus der Berechnung entnommen, bis das vorher festgesetzte Minimum an Wurzelspitzen erreicht wurde: Probenummer 3 – 6 – 9 – 12 – 15 – 2 – 5 – 8 – 11 – 14 – 1 – 7 – 13. Mit dem reduzierten Probensatz wurde dann der Shannon-Wiener-Index berechnet.

Das Minimum für die Berechnung des SWI an Buche lag zwischen 11.000 und 12.000 Wurzelspitzen, bei Linde zwischen 9.000 und 10.000 und bei der Einrechnung der arbuskulären Mykorrhizen in den SWI der Mykorrhizen bei 7.000 Wurzelspitzen.

Da durch die Berechnung des SWI nicht deutlich wird ob die Diversität auf einer hohen Artenanzahl oder durch die gleichmäßige Verteilung der Individuen auf wenige Arten beruht wird die Evenness als Maß der Gleichverteilung der Arten berechnet. Die Evenness (E_s) wurde nach folgender Formel mit Excel (2000) berechnet

$$E_s = \frac{H_s}{\ln S}$$

(aus Mühlenberg 1993).

Zum Vergleich der Zusammensetzung der ECM-Gesellschaften wurde eine Clusteranalyse durchgeführt. Die Clusteranalyse ist ein Verfahren zur Ermittlung von Gruppen deren Eigenschaften bestimmte Ähnlichkeiten aufweisen. Es wurde hier der Ward's Algorithmus, Euklidische Quadrate verwendet. Die Ward's Methode bildet aggregative Cluster, d. h., Gruppen mit ähnlicher Zusammensetzung bilden ein Cluster. Nur die Daten können zusammenclustern welche den geringsten Heterogenitätsfaktor haben. Dieser kann aus verschiedenen Distanzfunktionen (z. B. Korrelationskoeffizienten, Euclidean Distanz) berechnet werden (Naumann 2000).

Die ANOVA, Kruskal-Wallis-Test, Mann-Whitney-Test zum Vergleich der ICP-Daten der Wurzeln und die Clusteranalysen wurden mit Statgraph Version 5.0 und die Regressionsanalysen mit Origin Version 7.0 durchgeführt.

3. Ergebnisse

3.1 Inventur

3.1.1 Datengrundlage

Im Nationalpark Hainich wurden sechs Versuchsflächen beprobt. Die DL1-Flächen waren Buchenreinbestände. Die DL2-Flächen waren Mischbestände aus hauptsächlich Buche, Linde und Esche und die DL3-Flächen waren Mischbestände aus hauptsächlich Buche, Linde, Esche, Ahorn und Hainbuche. Pro Fläche wurden 15 Bodenkerne im April, Juli, September und November 2006 sowie im April, Juli und September 2007 entnommen. Da in den Proben der Zufallstransecte die Anzahl der Hainbuche zu gering war, wurden ab November 2006 auf den DL3-Flächen fünf zusätzliche Proben für die Hainbuche entnommen.

Aus den Bodenkernen wurden die Wurzeln ausgewaschen, nach Baumarten sortiert und ein Morphotyping durchgeführt. Insgesamt wurden 442.285 Wurzelspitzen ausgezählt, davon waren 217.659 mykorrhizierte Spitzen und 224.626 trockene bzw. nicht-mykorrhizierte Spitzen. Die Anzahl der trockenen Spitzen war sehr hoch, sie machte meistens mehr als 40 % der ausgezählten Wurzelspitzen aus. Die genauen Zahlen nach Baumart und Probenahmetermin aufgeteilt stehen in Tabelle A.1 in Anhang A und im Anhang C (Tab. C.1-C.78) in der online Version.

Auf den DL2- und DL3-Flächen kommen Esche und Ahorn vor. An beiden Baumarten wurden keine Ektomykorrhizen gefunden. Die folgenden Ergebnisse beziehen sich auf die Analyse der Ektomykorrhizen und damit nur auf Wurzeln von Buche, Linde und Hainbuche.

3.1.2 Mykorrhizierungsrate

Ab November 2006 wurden nicht-mykorrhizierte und trockene Spitzen getrennt ausgezählt und die Mykorrhizierungsrate und der Anteil der trockenen Spitzen nach den Formeln im Abschnitt 2.5.1 berechnet. Für eine Übersicht wurde der Mittelwert über alle Flächen für jede Baumart gebildet. Im November 2006 lag die Mykorrhizierungsrate zwischen 85 % und 90 %, an den anderen Probenahmeterminen immer zwischen 95 % und 100 % (Abb. 3.1.1. A). Der Anteil der trockenen Spitzen schwankte zwischen den Probenahmeterminen und je nach Baumart. Die trockenen Spitzen machten zwischen 38 % und 54 % der ausgezählten Wurzelspitzen aus (Abb. 3.1.1. B).

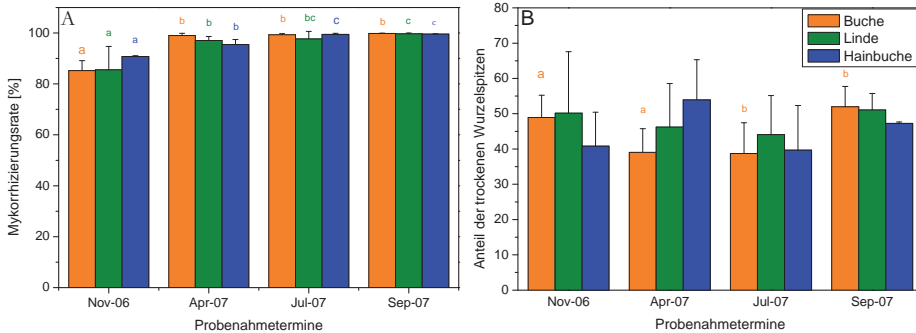


Abb. 3.1.1. Mykorrhizierungsrate (A) und Anteil der trockenen Spitzen (B) der drei Baumarten an den verschiedenen Probenahmeterminen. Es wurden die Spitzen aller 15 Proben pro Fläche zusammengerechnet und dann der Mittelwert für eine Baumart über alle Flächen gebildet (\pm SD, $n = 6$ für Buche, $n = 4$ für Linde, $n = 2$ für Hainbuche, n entspricht der Anzahl der Flächen, auf denen die Baumarten beprobt wurden). Es wurde geprüft ob signifikante Unterschiede zwischen den Baumarten an den verschiedenen Probenahmen gaben (ANOVA) und wenn es Unterschiede gab diese mit den Buchstaben a-c in der Farbe der Baumarten dargestellt. Die Daten befinden sich in der Tab. A2 im Anhang A.

3.1.3 Beschreibung der vorkommenden Morphotypen



Die Beschreibung der Mykorrhizen wurde in Anlehnung an Agerer (1987-2006) durchgeführt. An Buche wurden 88, an Linde 76 und an Hainbuche 44 verschiedene Morphotypen gefunden. Manche Morphotypen wurden auch an zwei oder allen drei Baumarten gefunden. Auf allen sechs Versuchsflächen wurden insgesamt 145 verschiedene Morphotypen (M1 - M145) an allen drei Baumarten gefunden. Im folgenden Text werden die fünf häufigsten jeweils an Buche, Linde und Hainbuche beschrieben. Eine Kurzbeschreibung der restlichen Morphotypen befindet sich in Anhang B.



In den Beschreibungen (Abb. 3.1.2. - 3.1.11.) werden neben Farbe, Verzweigung und dem Vorhandensein von Hyphen und Rhizomorphen auch der Explorationstyp der verschiedenen Morphotypen angegeben, soweit er bekannt war. Der Explorationstyp ist eine Einteilung des Myzels bezüglich der Länge der Hyphen, die vom Hyphenmantel in den Boden ausstrahlen (nach Agerer 2001, <http://www.deemy.de>).


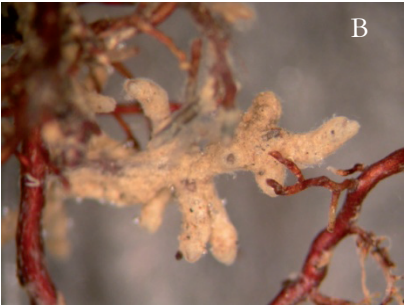
Wenn alle Probenahmen und Baumarten zusammengerechnet wurden, waren die häufigsten Morphotypen:

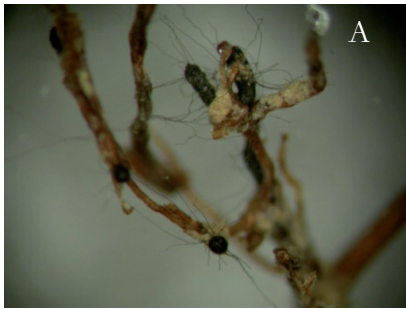

- an Buche: M27 (*Clavulina cristata*), M10 (*Cenococcum geophilum*), M30 (*Lactarius subdulcis*), M4 (*Russula ochroleuca*), M1 (*Tomentella sublilacina*)
- an Linde: M27 (*Clavulina cristata*), M10 (*Cenococcum geophilum*), M21 (*Inocybe maculata*), M68 (*Russula delicata*), M102 (UECM (*Trichocomaceae*))
- an Hainbuche: M10 (*Cenococcum geophilum*), M21 (*Inocybe maculata*), M68 (*Russula delicata*), M5 (*Thelphoraceae spec.*), M137 (UECM)

Aus der oben genannten Aufzählung ergibt sich, ohne Mehrfachnennungen, folgende Aufstellung der 10 häufigsten Arten nach Morphotypennummer sortiert. Die Morphotypennummer ist die Nummer, die die verschiedenen Morphotypen nach Abschluss der Sequenzierung erhalten haben (Tab. 3.1.). Die GenBank accession number wird angegeben, sofern die Sequenzen dieser Arbeit in der NCBI Datenbank veröffentlicht wurden.

M 1: <i>Tomentella sublilacina</i>		
	Farbe	braun
	Verzweigung	dichotom (gegabelt)
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche und Linde
	GenBank accession number	EU816604
	Bemerkung viele weiße und braune Hyphen entlang des ganzen Hyphenmantels Oberfläche wirkt leicht eingetrocknet mit vielen Falten	
	Abb. 3.1.2. <i>Tomentella sublilacina</i> an Buche. A: 12fache Vergrößerung B: 40fache Vergrößerung	

M 4: <i>Russula ochroleuca</i>		
	Farbe	hellorange bis gelb, ältere Teile grau, deutliche gelbe Punkte auf Hyphenmantel
	Verzweigung	monopodial-pinnat oder einfach gegabelt
	Unverzweigte Enden	gerade oder gebogen
	Rhizomorphe	selten
	Explorationstyp	Kontakt
	Baumarten	Buche und Linde
	GenBank accession number	EU350580
	<p>Bemerkung</p> <p>typisches Erkennungsmerkmal sind gelbe Punkte auf der sonst glatten Oberfläche, die durch eine große Anzahl an Punkten auch rau wirken kann, Hyphen selten</p> <p>Abb. 3.1.3. <i>Russula ochroleuca</i> an Buche. A: 12fache Vergrößerung B: 16fache Vergrößerung</p>	

M 5: <i>Thelphoraceae</i> spec.		
	Farbe	grau oder hellbraun (an Bruchstellen erkennbar)
	Verzweigung	monopodial-pinnat oder auch pyramidal
	Unverzweigte Enden	gerade bis leicht gebogen
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche und Hainbuche
	GenBank accession number	EU816607
	<p>Bemerkung</p> <p>Bodenteilchen klebten stark an Hyphenmantel und können nicht abgewaschen werden, was ein Merkmal dieses Morphotyps ist</p> <p>Abb. 3.1.4. <i>Thelphoraceae</i> spec. A: an Buche 12fache Vergrößerung B: an Hainbuche 16fache Vergrößerung</p>	

M 10: <i>Cenococcum geophilum</i>		
	Farbe	schwarz
	Verzweigung	unverzweigt, wenn verzweigt dann einfach
	Unverzweigte Enden	kurz und gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	kurze Distanz
	Baumarten	Buche, Linde, Hainbuche
	GenBank accession number	EU346870
	Bemerkung Oberfläche etwas rau bis trocken dicke schwarze Hyphen gehen vom Hyphenmantel aus kann an einer Wurzel gehäuft vorkommen an allen Baumarten sehr häufig Abb. 3.1.5. <i>Cenococcum geophilum</i> . A: an Linde 32fache Vergrößerung B: an Buche 50fache Vergrößerung	
		








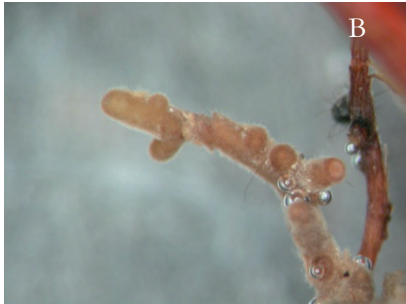


M 21: <i>Inocybe maculata</i>		
	Farbe	dunkelbraun
	Verzweigung	monopodial oder unregelmäßig gefiedert
	Unverzweigte Enden	gerade bis leicht gebogen
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche, Linde, Hainbuche
	GenBank accession number	EU816617
	Bemerkung Oberfläche glatt glänzend, teilweise kupferfarben Wurzelspitzen deutlich verdickt nicht komplett von Hyphen umgeben, nur an der Spitze mittellange weiße Hyphen	
		

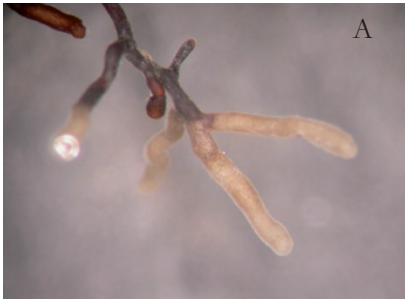

Abb. 3.1.6. *Inocybe maculata* an Linde.
 A: 8fache Vergrößerung
 B: 25fache Vergrößerung

M 27: <i>Clavulina cristata</i>		
	Farbe	Spitzen weiß, ältere Teile sind braun bis grau
	Verzweigung	monopodial-pinnat oder unregelmäßig-pinnat
	Unverzweigte Enden	gerade bis leicht gebogen
	Rhizomorphe	selten
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche, Linde, Hainbuche
	GenBank accession number	EU816621
	Bemerkung	Oberfläche glatt, häufig von vielen kurzen Hyphen umgeben Form und Farbe können stark variieren, teilweise waren die Bodenteilchen so stark mit den Hyphen verbunden, dass sie nicht entfernt werden konnten
	Abb. 3.1.7. <i>Clavulina cristata</i> an Buche.	
	A: 16fache Vergrößerung B: 20fache Vergrößerung	

M 30 : <i>Lactarius subdulcis</i>		
	Farbe	gelb bis orange, ältere oder abtrocknende Teile braun
	Verzweigung	unregelmäßig pyramidal
	Unverzweigte Enden	gerade oder leicht gebogen
	Rhizomorphe	kommen selten vor; sind braun, orange oder weiß
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche, selten bei Linde
	GenBank accession number	EU346875
	Bemerkung	Oberfläche glatt, wenige Hyphen, bei Buche häufig geklumpstes Vorkommen, dann meistens schon ohne Lupe erkennbar
	Abb. 3.1.8. <i>Lactarius subdulcis</i> an Buche .	
	A: 12fache Vergrößerung B: 32fache Vergrößerung	

M 68: <i>Russula delica</i>		
	Farbe	orange
	Verzweigung	monopodial oder unregelmäßig gefiedert, kann sehr stark verzweigt sein
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	selten
	Explorationstyp	mittlere Distanz
	Baumarten	Buche, Linde, Hainbuche
	GenBank accession number	EU816643
	<p>Bemerkung von vielen kurzen Hyphen umgeben, Oberfläche des Mantels wirkt dadurch pelzartig, teilweise klebten die Bodenpartikel so stark am Hyphenmantel, dass sie nicht entfernt werden konnten</p> <p>Abb. 3.1.9. <i>Russula delica</i> . A: an Linde 10fache Vergrößerung B: an Buche 32fache Vergrößerung</p>	

M 102: UECM (<i>Trichocomaceae</i>)		
	Farbe	weiß oder leicht rötlich
	Verzweigung	monopodial-pinnat, selten monopodial-pyramidal
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Linde und Hainbuche
	GenBank accession number	EU816665
	<p>Bemerkung Oberfläche glatt, selten von einer dunkleren, leicht rötlichen pelzartigen Schicht überlagert, am glatten Hyphenmantel keine Hyphen, wenn pelzartige Schicht vorhanden, gehen mittel-lange weiße Hyphen ab</p> <p>Abb. 3.1.10. UECM (<i>Trichocomaceae</i>) an Linde. A: 25fache Vergrößerung B: 25fache Vergrößerung</p>	

M 137: UECM		
	Farbe	weiß-grau, die unteren Enden dunkelgrau
	Verzweigung	unverzweigt oder einfach gegabelt
	Unverzweigte Enden	gerade bis gebogen
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Hainbuche
	GenBank accession number	EU816686
	Bemerkung	Oberfläche von vielen kurzen weißen Hyphen umgeben, pelzartig
		<p>Abb. 3.1.11. UECM (Agaricales) an Hainbuche . A: 20fache Vergrößerung B: 25fache Vergrößerung</p>

3.1.4 Ergebnisse der Sequenzierung

Ziel war es, die vorkommenden Ektomykorrhizaarten weitestgehend zu identifizieren oder zumindest anhand ihrer ITS-Sequenzen zu charakterisieren. Da viele Morphotypen extrem selten waren und der Sequenzierungsaufwand hoch war, wurde festgelegt, dass die Arten identifiziert werden sollten, die 75 % des Vorkommens - alle Baumarten und Probenahmen zusammengerechnet - ausmachten. Von den 145 verschiedenen Morphotypen wurden 94 sequenziert und mit den Datenbanken NCBI und UNITE verglichen. Die PCR-Produkte hatten eine Fragmentlänge zwischen 400 und 720 Basenpaaren (die einzelnen Ergebnisse werden hier nicht gezeigt). Es wurden insgesamt 886 Sequenzierungen durchgeführt (Tab. A3 im Anhang A). Die Ergebnisse der Sequenzierung stehen in Tab. 3.1.. Es konnten nicht alle Morphotypen bis zur Artebene bestimmt werden, aber es gab doch so deutliche Unterschiede in den Sequenzen, dass man annehmen kann, dass es sich um unterschiedliche Arten handelt. Nur 1/3 der Morphotypen wurde oder konnte nicht sequenziert werden. Diese werden im Folgenden als einzelne Arten behandelt, auch wenn dies im Einzelfall einer Überprüfung bedarf, da manche Arten mehrere verschiedene Morphotypen ausbilden können wie in Kapitel 2.5.2 (Tab. 2.2.) gezeigt.

Tab. 3.1. Inventar der Mykorrhizapilzarten. Die Identifizierung erfolgte durch den Vergleich der Sequenzen mit den Datenbanken NCBI und UNITE. Es wird das Ergebnis angegeben, dass die höchste Übereinstimmung mit den Sequenzen in der Datenbank ergab. Kamen bei NCBI und UNITE Ergebnisse mit ähnlicher Übereinstimmung vor, wurde das Ergebnis von UNITE genommen (s. Kap. 2.6.3). Lag die Übereinstimmung unter 95 % und war die Länge der Übereinstimmung unter 900 Score wurden die hier ermittelten Sequenzen als Uncultured ectomycorrhiza in die NCBI Datenbank gestellt. Für die hier aufgeführten Pilzarten für die das zutrifft steht in der Tabelle [UECM].

Die MT-Nr. ist die fortlaufende Morphotypennummer, die nach Abschluss der Sequenzierung vergeben wurde.

MF, MT und MC sind ursprünglichen Nummerierungen, die während des Morphotypings vergeben wurden: Morphotypen an Buche (MF), Morphotypen an Linde (MT), Morphotypen an Hainbuche (MC)

Accession-Nr.: UDB-Nummern werden von der Datenbank UNITE vergeben. Kommen diese Nummern in der Tabelle vor, weist dies auf ein Ergebnis der Datenbanken UNITE hin. Die anderen Nummern werden von der Datenbank NCBI vergeben, treten diese Nummern auf stammt das Vergleichsergebnis aus NCBI.

U 75 : Morphotypen, die weniger als 75 % des Vorkommens ausmachten und darum nicht sequenziert wurden.

K. S. Morphotypen, die nicht sequenziert werden konnten

Si =Similarity zeigt an, wie viel % der neuen Sequenz mit der Sequenz in der Datenbank übereinstimmt

E = E-Value Wahrscheinlichkeit eines Zufallstreffers

Score ist eine Angabe über die Länge der übereinstimmenden Sequenz.

Vorkommen der verschiedenen Pilzarten an Buche, Linde und Hainbuche und auf den verschiedenen Diversitätslevel: 1= diese Pilzart kam vor, 0 = kam nicht vor

Bu= Buche; Li = Linde; Hb = Hainbuche

MT-Nr.	Pilzart	Ergebnisse Sequenzierung				Vorkommen					
		Accession- Nr.	Si	E	Score	Baumarten			DL		
						Bu	Li	Hb	1	2	3
M1	<i>Tomentella sublimacina</i>	UDB000033	99 %	0	1125	1	1	0	1	1	1
M2	<i>Craterellus cornucopioides</i>	UDB000053	98 %	0	967	1	1	0	1	1	1
M3	<i>Lactarius fluens</i>	UDB000023	98 %	0	1106	1	0	0	1	1	1
M4	<i>Russula ochroleuca</i>	UDB000772	99 %	0	1273	1	1	0	1	1	1
M5	<i>Thelphoraceae spec.</i>	gb AY751561.1	97 %	0	1079	1	0	1	1	1	1

MT-Nr.	Pilzart	Ergebnisse Sequenzierung				Vorkommen					
		Accession- Nr.	Si	E	Score	Baumarten			DL		
						Bu	Li	Hb	1	2	3
M6	UECM (<i>Tomentella</i>)	emb AM161537.1	99 %	0	1166	1	0	1	1	1	1
M7	MF 20	U 75				1	0	0	1	1	1
M8	<i>Lactarius blennius</i>	UDB000363		0	1277	1	0	0	1	1	1
M9	<i>Humaria hemisphaerica</i>	UDB000988	97 %	0	1098	1	1	0	1	1	1
M10	<i>Cenococcum geophilum</i>	UDB002301	99 %	0	983	1	1	1	1	1	1
M11	<i>Genea hispidula</i>	UDB001408	100 %	0	1070	1	0	0	1	1	1
M12	<i>Inocybe asterospora</i>	UDB000098	99 %	0	1051	1	0	0	1	1	1
M13	UECM (<i>Russula</i>) [UECM]	emb AM161527.1	100 %	5e-155	555	1	0	0	1	1	1
M14	<i>Hydnotrya tulasnei</i> [UECM]	UDB000095	92 %	0	819	1	0	0	1	1	1
M15	MF 35	U 75				1	0	1	1	0	1
M16	MF 39	U 75				1	0	0	1	1	0
M17	MF 40	U 75				1	0	0	1	1	1
M18	UECM (<i>Atbeliaceae</i>) [UECM]	emb AM161526.1	95 %	0	725	1	0	0	1	1	1
M19	UECM (<i>Pezizaceae</i>) [UECM]	gb AY299221.1	98 %	0	872	1	1	0	1	1	1
M20	MF 44	U 75				1	0	0	1	1	1
M21	<i>Inocybe maculata</i>	UDB000765	98 %	0	1104	1	1	1	1	1	1
M22	<i>Xerocomus pruinatus</i>	UDB000018	100 %	0	1255	1	1	0	1	1	1
M23	<i>Tomentella stuposa</i>	UDB002428	99 %	0	1037	1	1	0	1	1	1
M24	<i>Tuber puberulum</i>	UDB000122	99 %	0	1055	1	0	1	1	1	1
M25	<i>Inocybe glabris</i>	UDB000099	99 %	0	1146	1	0	1	1	1	1
M26	<i>Xerocomus chrysenteron</i>	UDB001403	99 %	0	1209	1	1	1	1	1	1

MT-Nr.	Pilzart	Ergebnisse Sequenzierung				Vorkommen					
		Accession- Nr.	Si	E	Score	Baumarten			DL		
						Bu	Li	Hb	1	2	3
M27	<i>Clavulina cristata</i>	UDB000073	99 %	0	1212	1	1	1	1	1	1
M28	UECM fungus	dbj AB219151.1	98 %	0	937	1	0	0	1	1	1
M29	<i>Russula fellea</i>	UDB000345	100 %	0	1176	1	0	0	1	1	1
M30	<i>Lactarius subdulcis</i>	UDB000048	100 %	0	1384	1	1	0	1	1	1
M31	MF 103					1	0	0	1	1	1
M32	UECM	dbj AB219151.1	98 %	0	824	1	0	0	1	0	0
M33	MF 106	U 75				1	0	1	1	1	1
M34	MF 112	U 75				1	0	0	1	1	1
M35	<i>Cortinarius anomalus</i>	UDB001008	99 %	0	1020	1	0	0	1	1	1
M36	MF 132	U 75				1	0	0	1	0	0
M37	<i>Xerocomus badius</i>	UDB002408	99 %	0	1116	1	0	0	1	1	1
M38	MF 134	U 75				1	0	0	1	1	1
M39	<i>Laccaria amethystina</i>	bestimmt nach Agerer (2006)				1	0	1	1	1	1
M40	UECM (<i>Tomentella</i>)	AM159590.1	99 %	0	1020	1	1	0	1	1	1
M41	<i>Russula puellaris</i>	UDB000352	99 %	0	1039	1	0	1	1	1	1
M42	UECM (<i>Trichocomaceae</i>)	gb AY351631.1	98 %	0	904	1	0	1	1	1	1
M43	<i>Amanita rubescens</i>	UDB001478	99 %	0	848	1	1	1	1	1	1
M44	UECM (<i>Pezizaceae</i>) [UECM]	gb DQ974687.1	94 %	0	948	1	0	0	1	1	1
M45	UECM	dbj AB219857.1	99 %	0	907	1	0	0	1	1	1
M46	MF 200	U 75				1	0	0	1	1	1
M47	MF 201	U 75				1	0	0	1	1	1
M48	UECM fungus	dbj AB218157.1	96 %	0	782	1	0	0	1	0	0
M49	<i>Laccaria maritima</i>	UDB001495	99 %	0	1129	1	1	0	1	1	1
M50	MF 213	U 75				1	0	0	1	1	1

MT-Nr.	Pilzart	Ergebnisse Sequenzierung				Vorkommen					
		Accession- Nr.	Si	E	Score	Baumarten			DL		
						Bu	Li	Hb	1	2	3
M51	<i>Russula raoultii</i>	UDB000328	99 %	0	1095	1	0	0	1	1	1
	Uncultured soil										
M52	fungus clone [UECM]	gb DQ420844.1	100 %	0	1046	1	1	0	1	1	1
M53	MF 218	U 75				1	0	0	1	1	0
M54	<i>Russula solaris</i>	UDB000302	100 %	0	989	1	0	0	1	1	1
M55	MF 222	U 75				1	0	0	1	1	1
M56	Uncultured (<i>Pezizomycotina</i>)	gb DQ273333.1	100 %	0	1007	1	0	0	1	1	1
M57	<i>Tomentella</i> spec.	gb AY635173.1	95 %	0	869	1	1	0	1	1	1
M58	MF 309	U 75				1	0	1	1	0	1
M59	MF 314	U 75				1	0	0	1	0	0
M60	MF 319	U 75				1	0	0	1	1	0
M61	<i>Tomentella</i> spec. [UECM]	emb AJ534913.1 TOM534913	98 %	0	1061	1	0	0	1	1	1
M62	MF 323	U 75				1	0	0	1	0	0
M63	<i>Inocybe rimosa</i> [UECM]	UDB000645	94 %	0	629	1	1	0	1	1	1
M64	MF 326	U 75				1	0	0	1	0	1
M65	MF 328	U 75				1	0	0	1	0	1
M66	<i>Inocybe umbrina</i>	UDB000608	99 %	0	985	1	1	0	1	1	1
M67	<i>Russula chloroides</i>	gb AF418604.1	100 %	0	1055	1	1	0	1	1	1
M68	<i>Russula delica</i>	UDB001625	100 %	0	1104	1	1	1	1	1	1
M69	<i>Tomentella pilosa</i>	UDB000241	98 %	0	909	1	0	1	1	1	1
M70	<i>Inocybe glabripes</i>	emb AM882902.1	99 %	0	953	1	0	0	1	1	1
M71	MF 402	U 75				1	0	0	1	1	1
M72	MF 403	U 75				1	0	0	0	1	1
M73	UECM (<i>Pezizaceae</i>) [UECM]	gb DQ974749.1	86 %	0	651	1	1	1	0	1	1
M74	<i>Tomentella viridula</i>	UDB000261	99 %	0	1048	1	1	0	0	1	1

MT-Nr.	Pilzart	Ergebnisse Sequenzierung				Vorkommen					
		Accession- Nr.	Si	E	Score	Baumarten			DL		
						Bu	Li	Hb	1	2	3
M75	<i>Melanogaster broomeianus</i>	emb AJ555517.1 MBR555517	98 %	0	1116	1	0	1	1	1	1
M76	MF 407	U 75				1	0	0	0	1	1
M77	<i>Tomentella terrestris</i>	UDB000222	99 %	0	983	1	1	0	1	1	1
M78	MF 409	U 75				1	0	0	1	0	1
M79	MF 414	U 75				1	0	0	1	0	0
M80	MF 415	U 75				1	0	0	1	0	0
M81	MF 419	U 75				1	0	0	1	1	0
M82	UECM fungus	dbj AB218113.1	96 %	0	963	1	1	0	1	1	1
M83	UECM (<i>Tomentella</i>) [UECM]	gb EF218827.1	93 %	0	854	1	1	1	1	1	1
M84	UECM fungus	gb EU375706.1	98 %	0	1044	1	1	1	1	1	1
M85	UECM (<i>Thelephoraceae</i>)	emb AJ893317.1 	97 %	0	1005	1	1	1	1	1	1
M86	<i>Tomentella bryophila</i> [UECM]	UDB000035	93 %	0	858	1	1	1	1	1	1
M87	UECM (<i>Thelephoraceae</i>) [UECM]	gb DQ974791.1	94 %	0	891	1	1	1	1	1	1
M88	<i>Inocybe</i> spec.	emb AJ534923.1 INO534923	99 %	0	1020	1	1	0	0	1	1
M89	<i>Inocybe geophylla</i>	emb AM882874.1 	99 %	0	1123	0	1	0	0	1	1
M90	<i>Sebacina</i> spec.	UDB000773	99 %	0	1177	0	1	1	0	1	1
M91	UECM (<i>Inocybe</i>)	gb DQ068957.1	99 %	0	979	0	1	0	0	1	1
M92	UECM (<i>Peziiza-les</i>) [UECM]	AJ969438.1	100 %	3e ⁻¹³¹	475	0	1	0	0	1	1
M93	Uncultured <i>Thelephoraceae</i> [UECM]	gb EF619818.1	96 %	0	885	0	1	0	0	1	1
M94	MT 21	U 75				0	1	0	0	1	0
M95	<i>Inocybe actuella</i> [UECM]	UDB000609	92 %	e ⁻¹³¹	462	0	1	0	0	1	1
M96	MT 33	U 75				0	1	0	0	1	0

MT-Nr.	Pilzart	Ergebnisse Sequenzierung				Vorkommen					
		Accession- Nr.	Si	E	Score	Baumarten			DL		
						Bu	Li	Hb	1	2	3
M97	<i>Russula cyanoxantha</i>	UDB001483	98 %	0	945	0	1	0	0	1	1
M98	MT 42	U 75				0	1	0	0	0	1
M99	<i>Tomentella coerulesca</i> [UECM]	UDB000266	93 %	0	843	0	1	1	0	1	1
M100	<i>Cortinarius infractus</i>	UDB000147	99 %	0	1189	0	1	1	0	1	0
M101	MT 63	U 75				0	1	0	0	1	0
M102	UECM (<i>Trichocomaceae</i>)	AY351631.1	98 %	0	905	0	1	1	0	1	1
M103	<i>Rhizopogon</i> spec. gb DQ680180.1		99 %	0	1022	0	1	1	0	1	1
M104	MT 67	U 75				0	1	0	0	1	1
M105	<i>Russula pectinatoides</i>	UDB002506		0	1128	0	1	0	0	1	1
M106	UECM (<i>Hydnobolites</i>) [UECM]	gb EF417805.1	86 %	6e-142	512	0	1	0	0	1	1
M107	MT 76	U 75				0	1	0	0	1	1
M108	UECM fungus	dbj AB218177.1	91 %	0	784	0	1	0	0	1	1
M109	UECM (<i>Terfeziaceae</i>)	gb AF440666.1	99 %	0	946	0	1	0	0	1	1
M110	MT 84	U 75				0	1	0	0	1	1
M111	MT 85	U 75				0	1	0	0	1	0
M112	MT 88	U 75				0	1	0	0	1	1
M113	<i>Tuber borchii</i>	emb AJ557542.1 TOL557542	99 %	0	1011	0	1	0	0	1	1
M114	MT 90	U 75				0	1	0	0	1	1
M115	UECM (<i>Thelephoraceae</i>)	emb AJ893311.1	99 %	0	961	0	1	0	0	1	1
M116	<i>Sebacina aff. epigaea</i>	gb AF490393.1	99 %	0	1014	0	1	0	0	1	1
M117	MT 97	U 75				0	1	0	0	1	1
M118	<i>Piloderma lanatum</i>	UDB001744		0	890	0	1	1	0	1	1

MT-Nr.	Pilzart	Ergebnisse Sequenzierung				Vorkommen					
		Accession- Nr.	Si	E	Score	Baumarten			DL		
						Bu	Li	Hb	1	2	3
M119	UECM (<i>Pezizaceae</i>) [UECM]	emb AM159603.1	99 %	0	756	0	1	0	0	1	1
M120	MT 103	U 75				0	1	0	0	1	1
M121	<i>Peziza succosa</i>	UDB000984	99 %	0	997	0	1	0	0	1	1
M122	MT 106	U 75				0	1	0	0	1	1
M123	<i>Inocybe cookei</i>	emb AM882955.1	99 %	0	998	0	1	0	0	1	1
M124	<i>Peziza michelii</i>	UDB000986	99 %	0	1059	0	1	0	0	1	1
M125	UECM (<i>Sebacinaeae</i>) [UECM]	gb EF218814.1	96 %	0	874	0	1	1	0	1	1
M126	<i>Inocybe</i> spec. [UECM]	gb EU523580.1	89 %	2e ⁻¹⁶⁶	593	0	1	0	0	1	1
M127	<i>Tomentella</i> spec.	gb DQ974780.1	95 %	0	885	0	1	0	0	1	1
M128	<i>Tomentella</i> spec. [UECM]	gb EU444541.1	99 %	0	893	0	1	0	0	1	1
M129	MT 126	U 75				0	1	0	0	0	1
M130	MT 128	K. S.				0	1	1	0	0	1
M131	MT 129	U 75				0	1	0	0	1	1
M132	MT 130	U 75				0	1	0	0	1	1
M133	MT 131	U 75				0	1	0	0	1	1
M134	<i>Inocybe corydalina</i>	UDB000640	99 %	0	1106	0	0	1	0	0	1
M135	UECM (<i>Sebacinaeae</i>) Vouchered	gb AY825519.1	97 %	2e ⁻¹⁷⁰	606	0	0	1	0	0	1
M136	mycorrhizae (<i>Humaria</i>)	gb EU024888.1	99 %	0	1057	0	0	1	0	0	1
M137	UECM (<i>Agaricales</i>) [UECM]	gb AY299219.1	95 %	0	874	0	0	1	0	0	1
M138	UECM (<i>Tuber</i>)	gb DQ355246.1	99 %	0	979	0	0	1	0	0	1
M139	MC 19	U 75				0	0	1	0	0	1
M140	MC 22	U 75				0	0	1	0	0	1
M141	MC 24	K. S.				0	0	1	0	0	1
M142	<i>Hymenoscyphus ericae</i> [UECM]	UDB000506	93 %	0	630	0	0	1	0	0	1

MT-Nr.	Pilzart	Ergebnisse Sequenzierung				Vorkommen					
		Accession- Nr.	Si	E	Score	Baumarten			DL		
						Bu	Li	Hb	1	2	3
	Uncultured soil										
M143	fungus [UECM]	gb DQ420844.1	99 %		1037	0	0	1	0	0	1
M144	<i>Inocybe birtella</i>	UDB000642		0	1047	0	0	1	0	0	1
M145	MC 31	U 75				0	0	1	0	0	1

3.1.5 Vorkommen der Pilzarten an Buche, Linde und Hainbuche

Von den insgesamt 88 Pilzarten, die an Buchen gefunden wurden, kamen 45 (51 %) ausschließlich an Buche vor. Bei Linde kamen 37 (49 %) der insgesamt 76 Pilzarten und bei Hainbuche 12 (27 %) der insgesamt 44 Pilzarten ausschließlich an der jeweiligen Baumart vor. Nur wenige Pilzarten (35 % der insgesamt 145 Pilzarten) wurden an allen drei oder an zwei unterschiedlichen Baumarten gefunden (Abb. 3.1.12., Tab. 3.1.). Daher scheinen sich viele Pilzarten auf eine bestimmte Baumart spezialisiert zu haben. Zum Beispiel kamen *Lactarius fluens*, *L. blennius*, *Russula fellea*, *R. raoultii* und *R. solaris* nur an Buche vor, hauptsächlich Arten aus der Familie der Russulaceae. Ausschließlich an Linde kamen u. a. *Inocybe geophylla*, *I. cookei*, *Sebacina aff. epigaea*, *Peziza michelii* vor. Ein Teil der baumspezifischen Morphotypen wurde nicht sequenziert, da sie durch ihre Spezialisierung seltener vorkamen und damit unter 75 % des Vorkommens lagen.

Nur 12 Pilzarten (9 %) sind universell und können mit allen hier untersuchten Baumarten eine Ektomykorrhiza ausbilden (Abb. 3.1.12.). Diese Pilzarten waren: *Cenococcum geophilum* (M10), *Xeroconus chrysenteron* (M26), *Inocybe maculata* (M21), *Clavulina cristata* (M27), *Amanita rubescens* (M43), *Russula delicata* (M68), UECM (M73), UECM (M83), UECM (M84), UECM (*Thelephoraceae*) (M85), UECM (M86), UECM (M87).

Nur zur Vollständigkeit sei hier erwähnt, dass auf den DL2- und DL3-Flächen auch Esche (*Fraxinus excelsior*) und Ahorn (*Acer pseudoplatanus* und *Acer platanoides*) vorkommen. An diesen Baumarten wurden keine Ektomykorrhizen, sondern nur arbuskuläre Mykorrhizen gefunden. Im Rahmen einer Masterarbeit wurde das Artenmuster der Mykorrhizen dieser Baumarten untersucht und sieben verschiedene Sequenzen gefunden: *Glomus* spec. 0151, *Glomus* spec. 0161, *Glomus* spec. 0171, Uncultured fungus, *Glomus mycorrhizal symbiont*, Uncultured *Glomus* und *Glomus mycorrhizal symbiont* (Weiße 2008).

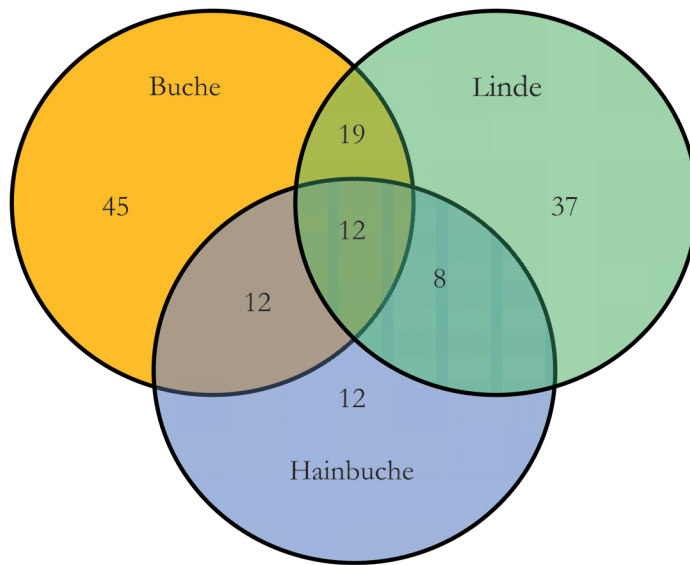


Abb. 3.1.12. Venn-Diagramm über die Anzahl und Schnittmenge der an Buche, Linde und Hainbuche gefundenen Pilzarten. Das Diagramm wurde auf Basis der Daten aus Tab. 3.1 erstellt.

3.1.6 Vorkommen der Pilzarten auf den verschiedenen Diversitätsleveln

Auf den DL1-Flächen wurden insgesamt 93 verschiedene Pilzarten gefunden, auf den DL2-Flächen 118 und auf den DL3-Flächen 129 Pilzarten. Eine hohe Zahl an Pilzarten, insgesamt 67 (das sind 46 % aller vorkommenden Pilzarten) kamen auf allen drei Diversitätsleveln vor (Abb. 3.1.13.). Nur wenige Arten kamen nur auf einem Bestandestyp vor. Welche Pilzarten auf welchem Diversitätslevel vorkamen, ist aus Tabelle 3.1 (Vorkommen auf den DL) ersichtlich. Die verschiedenen Diversitätslevel scheinen nur einen geringen Einfluss auf das Vorkommen der Pilzarten zu haben, da der größte Teil der Pilzarten auf allen drei Diversitätsleveln vorkam.

3.1.7 Häufigkeitsverteilung der Pilzarten auf den verschiedenen Diversitätsleveln

Um zu untersuchen, ob das Verteilungsmuster der verschiedenen Pilzarten durch das Diversitätslevel oder andere flächenspezifische Parameter beeinflusst wurde, wurde für jedes Diversitätslevel eine Häufigkeitsverteilung erstellt.

Auf den Flächen DL1 a und DL1 b wurden über alle Probenahmeterminale 72 verschiedene Pilzarten gefunden. Die Gesamtzahl der mykorrhizierten Wurzelspitzen wurde gleich 1 gesetzt und die relative Häufigkeit des Vorkommens jeder Art bestimmt. In Abb. 3.1.14. A ist die Häufigkeitsverteilung der Pilzarten auf diesen Flächen dargestellt. Es wird deutlich, dass drei Arten häufig vorkamen und über 30 % der mykorrhizierten Wurzelspitzen ausmachten. Auf DL2 b wurden über alle Probenahmeterminale 90 verschiedene Pilzarten an Buche und Linde gefunden, auf DL2 c waren es 109 Pilzarten. Bei DL2 b verläuft die Kurve ähnlich den Kurven der DL1-Flächen

(Abb. 3.1.14. B und A). Zwei Arten, *Lactarius subdulcis* (M30) *Clavulina cristata* (M27) (Tab. 3.2.), waren sehr häufig und dann folgen viele Pilzarten, die relativ selten vorkamen. Bei DL2 c war die Häufigkeitsverteilung anders. Hier gab es keine deutlich dominanten Arten wie bei der DL2 b. Drei Arten (*Russula delica* (M68), *Lactarius subdulcis* (M30), *Cenococcum geophilum* (M10)) (Tab. 3.2.) kamen häufiger vor als die anderen, aber mit einem deutlich geringeren Anteil an der Wurzelspitzenanzahl als die dominanten Arten der DL2 b.

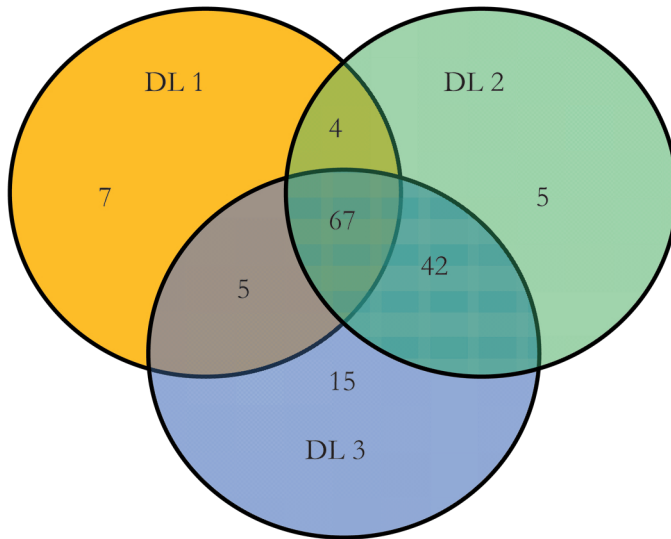


Abb. 3.1.13. Venn-Diagramm über die Anzahl und Schnittmenge der auf den DL1-, DL2- und DL3-Flächen gefundenen Pilzarten. Das Diagramm wurde auf Basis der Daten aus Tab. 3.1 erstellt.

Auf DL3 a_b wurden an allen drei Baumarten über alle Probenahmeterminale 117 und auf DL3 c 100 verschiedene Pilzarten gefunden. Hier zeigte sich ein ähnliches Bild wie bei den DL2-Flächen (Abb. 3.1.14. B und C). Während auf der DL3 a_b zwei Pilzarten (*Cenococcum geophilum* (M10) *Clavulina cristata* (M27)) (Tab. 3.2.) dominant waren, so war bei DL3 c keine Art dominant, sondern sieben Pilzarten traten relativ häufig auf, aber mit einem deutlich geringeren Anteil an der Gesamtanzahl der mykorrhizierten Wurzelspitzen als die dominanten Arten auf der DL3 a_b (Abb. 3.1.14. C).

Fasst man die Ergebnisse zusammen, wird deutlich, dass es auf vier Flächen sehr dominante Pilzarten gab, die bis zu 50 % der mykorrhizierten Wurzelspitzen ausmachten. Auf DL2 c und DL3 c wich dieses Muster der Häufigkeitsverteilung etwas ab. Hier gab es eine hohe Anzahl von Arten, die etwas häufiger vorkamen, aber nie einen so deutlichen Anteil an den mykorrhizierten Wurzelspitzen hatten, wie auf den anderen Flächen. In Tab. 3.2. sind die Pilzarten angegeben die 50 % des Vorkommens auf den verschiedenen Flächen ausmachten. Auf fast allen Flächen traten die gleichen Arten sehr häufig auf. Von diesen Arten kamen M10, M21, M27, M68 und M84 an allen drei Baumarten, M1, M2, M4, M22, M30, M67 und M77 nur an Buche und Linde, M102 nur an Linde und Hainbuche, und M29 und M51 nur an Buche vor.

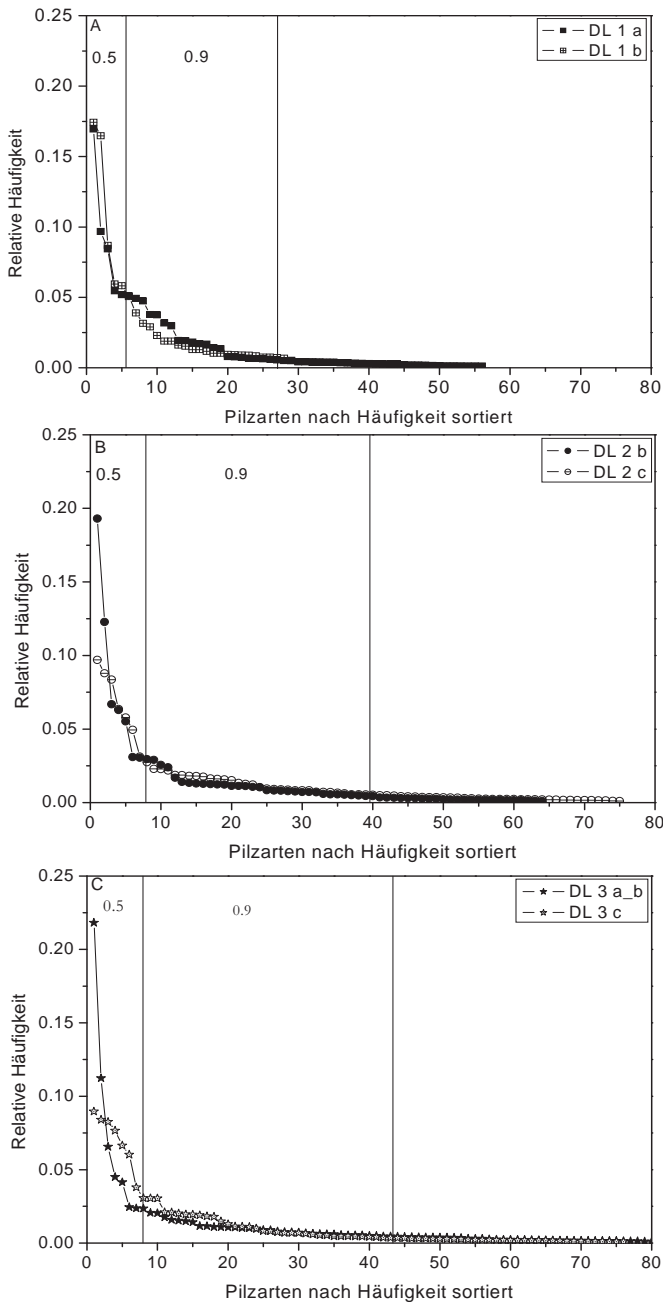


Abb. 3.1.14. Relative Häufigkeit der Pilzarten auf den DL1, DL2 und DL3. Es wurden alle Probe-nahmen zusammengenommen, die Pilzarten nach Häufigkeit sortiert und die Anzahl der mykorrhizierten Wurzelspitzen zur Bestimmung der relativen Häufigkeit normiert. Die Linien markieren die mittlere Anzahl der Pilzarten, die 50 bzw. 90 % der Häufigkeit ausmachen. Die Datengrundlage für diese Grafiken befindet sich in Anhang C (Tab.C.1-C.78) in der Online-Version dieser Arbeit.

Tab 3.2. Die Pilzarten die 50 % des Vorkommens auf den verschiedenen Flächen ausmachten. Es wurden für die jeweiligen Flächen alle Probenahmen berücksichtigt. Die Pilze wurden nach der relativen Häufigkeit sortiert. Die Prozentzahl in der Klammer gibt an, welchen Anteil diese Pilzart an der Gesamtanzahl der mykorrhizierten Wurzelspitzen hatte. In der letzten Zeile ist die Summe angegeben, welchen Anteil diese Pilzarten zusammen an den mykorrhizierten Wurzelspitzen hatten.

	DL1 a	DL1 b	DL2 b	DL2 c	DL3 a_b	DL3 c
1	<i>Clavulina cristata</i> (M27)(17,0 %)	<i>Lactarius subdulcis</i> (M30)(17,4 %)	<i>Lactarius subdulcis</i> (M30)(19,3 %)	<i>Russula delicata</i> (M68)(9,7 %)	<i>Cenococcum geophilum</i> (M10)(21,8 %)	<i>Clavulina cristata</i> (M27)(9,0 %)
2	<i>Tomentella sublilacina</i> (M1)(9,7 %)	<i>Russula ochroleuca</i> (M4)(16,5 %)	<i>Clavulina cristata</i> (M27)(12,3 %)	<i>Lactarius subdulcis</i> (M30)(8,8 %)	<i>Clavulina cristata</i> (M27)(11,2 %)	<i>Russula delicata</i> (M68)(8,4 %)
3	<i>Cenococcum geophilum</i> (M10)(8,4 %)	<i>Clavulina cristata</i> (M27)(8,7 %)	<i>Russula ochroleuca</i> (M4)(6,7 %)	<i>Cenococcum geophilum</i> (M10)(8,4 %)	<i>Inocybe maculata</i> (M21)(6,6 %)	<i>Cenococcum geophilum</i> (M10)(8,3 %)
4	<i>Craterellus cornucopioides</i> (M2)(5,5 %)	<i>Xerocomus pruinatus</i> (M22)(5,9 %)	<i>Craterellus cornucopioides</i> (M2)(6,3 %)	<i>Craterellus cornucopioides</i> (M2)(6,4 %)	<i>Tomentella sublilacina</i> (M1)(4,5 %)	<i>Tomentella sublilacina</i> (M1)(7,7 %)
5	<i>Lactarius subdulcis</i> (M30)(5,2 %)	<i>Russula chloroides</i> (M67)(5,8 %)	<i>Cenococcum geophilum</i> (M10)(5,5 %)	<i>Clavulina cristata</i> (M27)(5,8 %)	UECM (<i>Trichocomaceae</i>) (M102)(4,1 %)	<i>Lactarius subdulcis</i> (M30)(6,6 %)
6	<i>Xerocomus pruinatus</i> (M22)(5,1 %)			<i>Tomentella sublilacina</i> (M1)(4,9 %)	UECM (M84)(2,5 %)	<i>Inocybe maculata</i> (M21)(6,0 %)
7				<i>Russula raoultii</i> (M51)(3,1 %)		<i>Craterellus cornucopioides</i> (M2)(3,8 %)
8				<i>Tomentella terrestis</i> (M77)(2,7 %)		<i>Russula ochroleuca</i> (M4)(3,1 %)
9				<i>Russula fellea</i> (M29)(2,3 %)		
Σ	50,9 %	54,4 %	50,1 %	52,1 %	50,7 %	52,9 %

3.1.8 Dominante Pilzarten an Buche, Linde und Hainbuche

In diesem Kapitel soll untersucht werden, ob an Buche, Linde und Hainbuche immer die gleichen Pilzarten dominant waren oder ob sich das Muster in Abhängigkeit von den Diversitätsleveln ändert.

Der Vollständigkeit halber werden hier auch die DL1-Flächen aufgeführt, obwohl auf diesen Flächen die dominanten Pilzarten nur an Buche vorkamen. Wie schon im

vorigen Kapitel beschrieben, waren auf der DL1 a M27 und M1 und auf der DL1 b M30 und M4 die dominanten Pilzarten (Abb. 3.1.15.).

Auf den DL2-Flächen kam neben Buche auch Linde als ektomykorrhiza-bildende Baumart vor. Auf DL2 c waren an Buche die dominanten Pilzarten M30 und M27, und an Linde M68 und M10. Diese Pilzarten kamen aber auch in geringem Umfang an der jeweils anderen Baumart vor (Abb. 3.1.16.). Auf DL2 b konnten insgesamt nur wenige Lindenwurzeln ausgezählt werden. Die häufigste Pilzart an Buche war M30 und an Linde M10. Beide Arten kamen aber auch an der jeweils anderen Baumart vor (Abb. 3.1.16.).

Auf den DL3-Flächen kam neben Buche und Linde auch die Hainbuche als ektomykorrhiza-bildende Baumart vor. Auf der DL3 a_b war M10 die dominante Pilzart an allen drei Baumarten. Nur bei Buche kam M27 etwas häufiger vor (Abb. 3.1.17.). Auf der DL3 c waren an Buche M27 und M1 die häufigsten Pilzarten, beide Arten kamen aber auch mit deutlich geringerer Anzahl an Linde und Hainbuche vor. An Linde war M68 und an Hainbuche M21 die dominante Pilzart. Alle dominanten Pilzarten kamen auch in geringerem Umfang an den anderen Baumarten vor (Abb. 3.1.17.).

An Buche, Linde und Hainbuche dominierten unterschiedliche Pilzarten. Diese Pilzarten waren nicht auf eine Baumart spezialisiert, sie konnten mit allen drei Baumarten Ektomykorrhizen ausbilden, sie scheinen aber mit einer bestimmten Baumart bevorzugt eine Interaktion einzugehen. Deutlich wird auch, dass es im Gegensatz zu den dominierenden Pilzarten auch viele Pilzarten gab, die nur an einer Baumart vorkamen.

3.1.9 Abhängigkeit der Häufigkeit der Pilzarten von der Anzahl der mykorrhizierten Wurzelspitzen

Auf den sechs Flächen wurden immer zwischen 20.000 und 40.000 mykorrhizierte Wurzelspitzen ausgezählt, aber es entfielen unterschiedlich viele auf die drei Baumarten. Es stellte sich daher die Frage, ob es einen Zusammenhang zwischen der Anzahl der ausgezählten mykorrhizierten Spitzen und der Anzahl der gefundenen Pilzarten gab.

Mit zunehmender Anzahl mykorrhizierter Wurzelspitzen stieg die Anzahl neu auftretender Pilzarten und erreichte in Abhängigkeit von der untersuchten Baumart bei unterschiedlicher Pilzartenanzahl eine Sättigung (Abb. 3.1.18. A-C). Dieser Sättigungspunkt, d. h. die Zahl an mykorrhizierten Wurzelspitzen, die untersucht werden musste bis keine neue Pilzarten mehr gefunden wurden, war für jede Baumart unterschiedlich und betrug für Buche zwischen 25.000 und 28.000 (Abb. 3.1.18. A), für Linde zwischen 15.000 und 18.000 (Abb. 3.1.18. B) und für Hainbuche ungefähr 6.000 Wurzelspitzen (Abb. 3.1.18. C).

Wenn alle Probenahmen zusammengerechnet werden, konnte bei der Buche auf fast allen Flächen dieser Sättigungspunkt erreicht werden. Nur auf der DL3 a_b konnten nur knapp 12.000 Wurzelspitzen ausgezählt werden (Abb. 3.1.18. A).

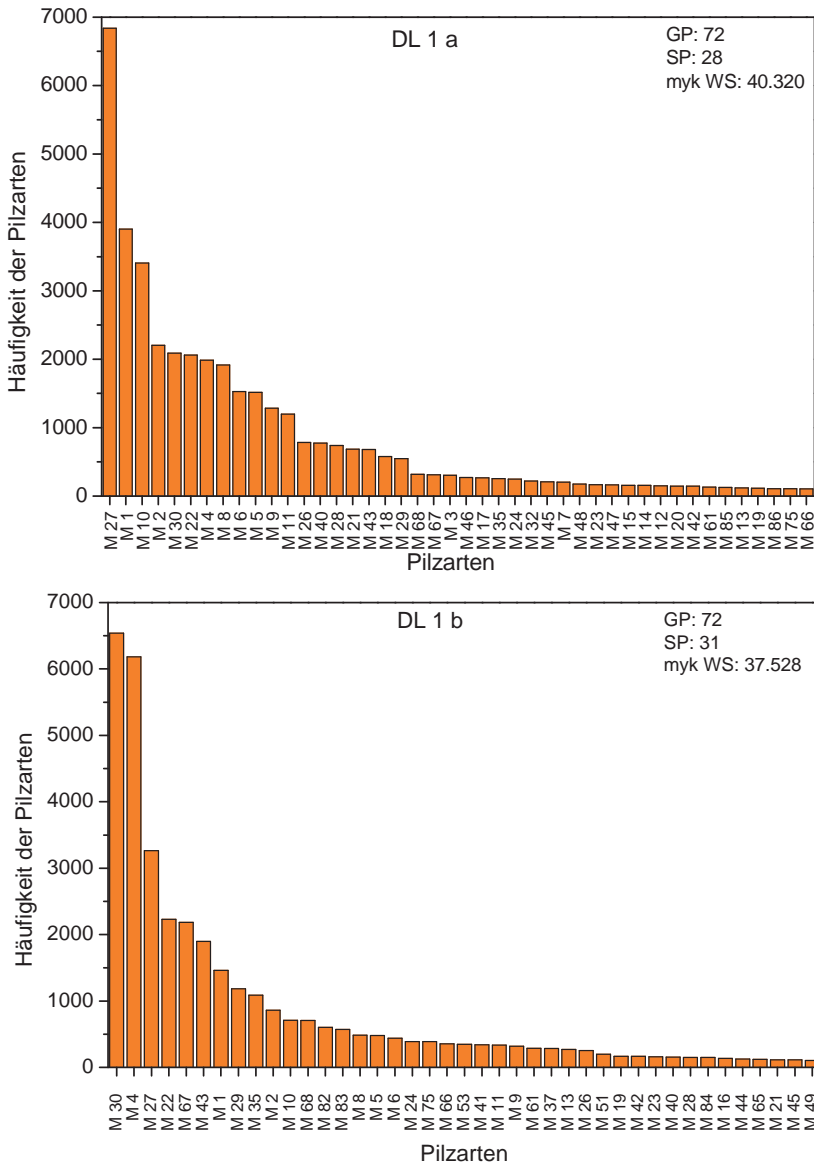


Abb 3.1.15. Häufigkeit der verschiedenen Pilzarten auf den DL1-Flächen. Alle Probenahmen wurden zusammengerechnet und die Pilzarten nach Häufigkeit sortiert. Es werden nur die Pilzarten dargestellt, die an mehr als 100 Wurzelspitzen vorkamen. Die Anzahl der seltenen Morphotypen ist angegeben.

GP = Gesamtzahl der gefundenen Pilzarten; SP = Anzahl der seltenen Pilzarten, die nicht im Diagramm dargestellt werden; myk WS = Anzahl der ausgezählten mykorrhizierten Wurzelspitzen. Die Datengrundlage für diese Grafiken befindet sich in Anhang C (Tab.C.1-C.78) in der Online-Version dieser Arbeit.

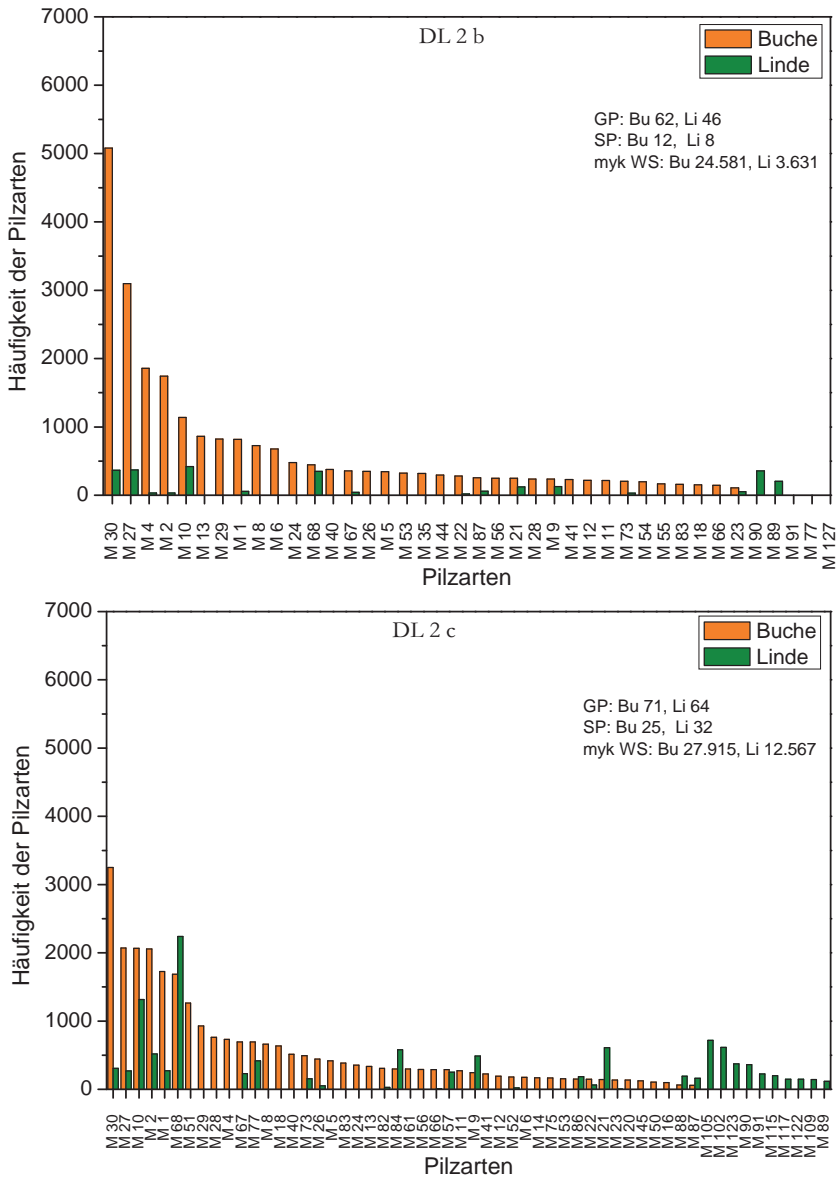


Abb 3.1.16. Häufigkeit der verschiedenen Pilzarten auf den DL2-Flächen. Alle Probenahmen wurden zusammengerechnet und die Pilzarten nach Häufigkeit sortiert. Es werden nur die Pilzarten dargestellt, die an mehr als 100 Wurzelspitzen vorkamen. Die Anzahl der seltenen Morphotypen ist angegeben. GP= Gesamtzahl der gefundenen Pilzarten; SP= Anzahl der seltenen Pilzarten, die nicht im Diagramm dargestellt werden; myk WS= Anzahl der ausgezählten mykorrhizierten Wurzelspitzen; Bu= Buche; Li = Linde. Die Datengrundlage für diese Grafiken befindet sich in Anhang C (Tab.C.1- C.78) in der Online-Version dieser Arbeit.

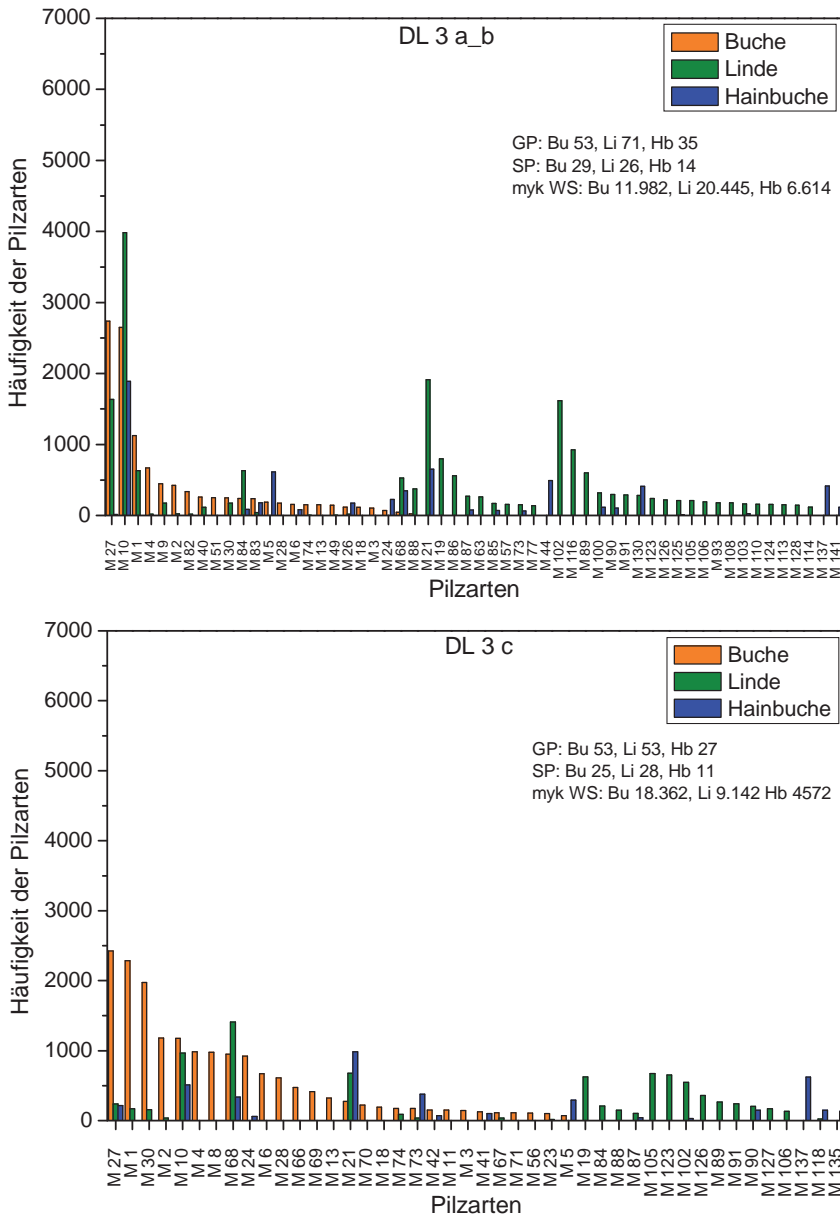


Abb. 3.1.17. Häufigkeit der verschiedenen Pilzarten auf den DL3-Flächen an Buche, Linde und Hainbuche. Alle Probenahmen wurden zusammengerechnet und die Pilzarten nach Häufigkeit sortiert. Es werden nur die Pilzarten dargestellt, die an mehr als 100 Wurzelspitzen vorkamen. Die Anzahl der seltenen Morphotypen ist angegeben.

GP = Gesamtzahl der gefundenen Pilzarten; SP = Anzahl der seltenen Pilzarten, die nicht im Diagramm dargestellt werden; myk WS = Anzahl der ausgezählten mykorrhizierten Wurzelspitzen; Bu= Buche; Li= Linde; Hb = Hainbuche. Die Datengrundlage für diese Grafiken befindet sich in Anhang C (Tab.C.1-C.78) in der Online-Version dieser Arbeit.

Für Linde konnte auf zwei Flächen die Sättigung nicht erreicht werden: auf DL2 b wurden insgesamt nur 3631 und auf DL3 c nur 9142 mykorrhizierte Wurzelspitzen ausgezählt (Abb. 3.1.18. B).

Die Hainbuchen wurden nur auf den DL3-Flächen beprobt. Auf DL3 a_b konnte die Sättigung erreicht werden, es wurden 6.614 Wurzelspitzen ausgezählt. Auf DL3 c konnten nur 4.572 Wurzelspitzen ausgezählt werden (Abb. 3.1.18. C)

Werden alle Baumarten zusammengerechnet, wird der Sättigungspunkt nur für die Reinbestände erreicht, für die Mischbestände konnte kein Sättigungspunkt erreicht werden (Abb. 3.1.18. D).

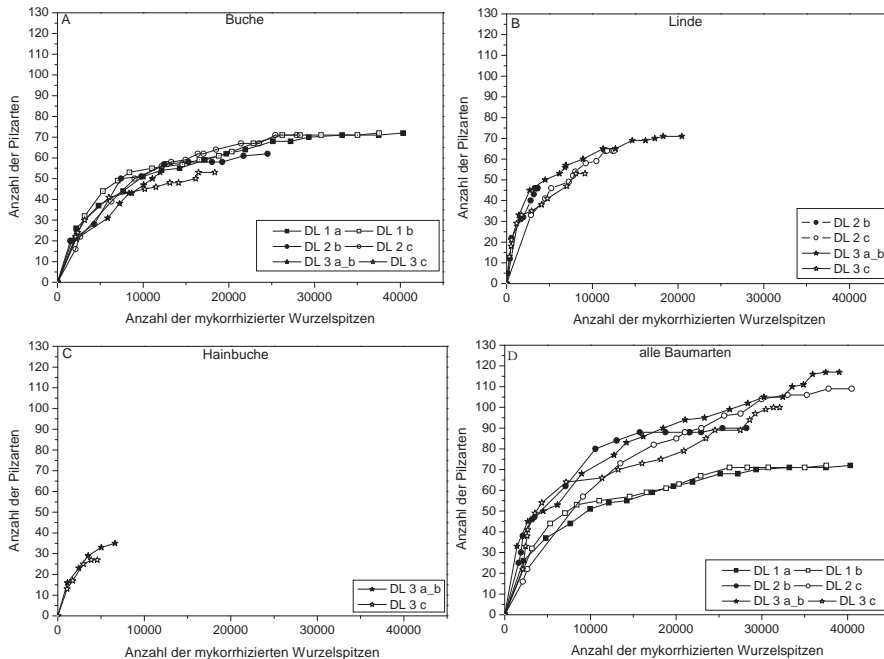


Abb. 3.1.18. Anzahl der Pilzarten in Abhängigkeit von der Anzahl der ausgezählten mykorrhizierten Wurzelspitzen.

A: an Buche **B:** an Linde **C:** an Hainbuche und **D:** an allen Baumarten zusammengerechnet

3.2 Diversität

3.2.1 Vergleich der Diversität der Ektoymkorrhizen

Ein häufig verwendeter Indikator zur Beschreibung von Diversität ist der Shannon-Wiener-Index (SWI) (Berechnung s. Kap. 2.8). Da die einzelnen hier untersuchten Wurzelproben, wie in Kap. 3.1. bereits dargestellt, eine hohe Anzahl verschiedener Mykorrhizaarten beherbergen, kann der SWI verwendet werden um die Diversität der

Einzelproben oder - unter Einbeziehung aller Proben auf einer Fläche - die Gesamtdiversität der Ektomykorrhizen auf dieser Fläche zu beschreiben.

In Abb. 3.2.1. ist die mittlere Diversität der Einzelproben der Gesamtdiversität gegenübergestellt. Die mittlere Diversität der Einzelproben ist auf allen Flächen ähnlich. Die Werte der mittleren Diversität der Einzelproben streuten sehr stark, weil Mykorrhizen nicht gleichverteilt auf den Flächen vorkommen, sondern geklumpt (Taylor 2002). Es kam vor, dass in einer Probe fast ausschließlich eine Pilzart gefunden wurde. Die Diversität dieser Probe ist sehr gering, dadurch kann der Mittelwert der SWI der Fläche deutlich abnehmen. In anderen Proben können mehrere verschiedene Arten vorkommen, ohne dass eine Art dominiert. Daher ist die mittlere Diversität der Proben nicht geeignet, die Diversität der Mykorrhizen auf einer Fläche darzustellen.

Ein weiterer Grund für die Verwendung der Gesamtdiversität ist, dass wenn alle Proben einer Fläche und die Probenahmeterminale zusammen genommen werden, in den meisten Fällen genügend Wurzelspitzen ausgezählt wurden um damit die Abhängigkeit der Pilzartenanzahl von der Anzahl der ausgezählten Wurzelspitzen auszuschließen (Kap. 3.1.9). Daher wird im weiteren Verlauf der Berechnungen immer die Gesamtdiversität verwendet.

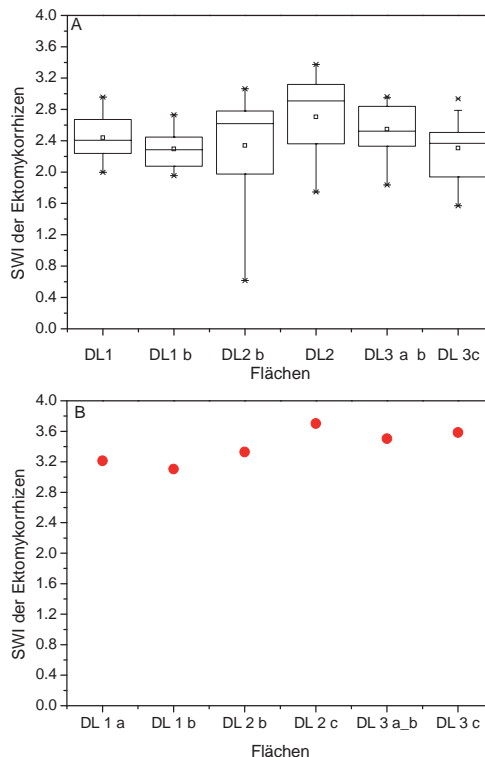


Abb. 3.2.1 Vergleich der verschiedenen Berechnungsarten für den Shannon-Wiener-Index für die Ektomykorrhizen der Wurzelproben (A) (\pm SD, für DL1 und 2: $n = 15$, für DL3: $n = 20$) und die Ektomykorrhizen der Fläche (B). Für die Berechnung des SWI wurden die 7 Probenahmeterminale zusammengenommen (B). Für die Berechnung des SWI der Ektomykorrhizen der Wurzelproben wurden die 15 bzw. 20 Proben der jeweiligen Fläche von den sieben Probenahmeterminen einzeln zusammengerechnet (A).

3.2.2 Einfluss der arbuskulären Mykorrhizen auf den Shannon-Wiener-Index der Mykorrhizen

Für die Ermittlung des SWI spielen alle Mykorrhizen, d. h. auch die AM eine Rolle. In diesem Kapitel soll daher geprüft werden, welchen Einfluss die arbuskulären Mykorrhizen auf den SWI der Mykorrhizen insgesamt haben. Esche und Ahorn machen einen Großteil der Wurzelmasse (29 %-59 %) in den Proben der Flächen DL2 und DL3 aus (Abb. 3.2.2.). Diese Wurzeln besitzen nur arbuskuläre Mykorrhizen. Es stellte sich daher die Frage, ob die Werte des SWI durch die Einbeziehung von arbuskulären Mykorrhizaarten grundsätzlich verändert würden.

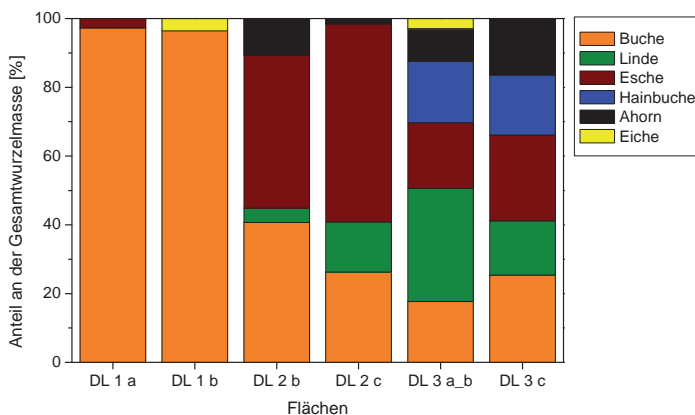


Abb. 3.2.2. Anteil der Wurzeltrockenmasse der verschiedenen Baumarten an der Gesamtwurzelmasse. Es wurden die Wurzelmasse-daten aller Probenahmeterminen gemittelt ($n = 7$) und aus diesen Mittelwerten wurden die relativen Anteile berechnet. Die Datengrundlage für diese Berechnung befindet sich in Anhang C (Tab. C.79-C.85) in der Online-Version dieser Arbeit.

Im Juli 2007 wurden Eschen- und Ahornwurzeln untersucht und jeweils hohe Mykorrhizierungsraten in der Größenordnung von 95-100 % sowie mittels PCR das Vorkommen von sieben verschiedenen Glomussequenzen festgestellt (Weiße 2008). Für die Abschätzung der Diversität wurde angenommen, dass die Häufigkeit der gefundenen Glomussequenzen der Häufigkeit der arbuskulären Mykorrhizen in den Wurzelspitzen entsprach (Abb. 3.2.3.). Damit konnte ein SWI für alle Mykorrhizen (Arbuskuläre und Ektomykorrhiza) berechnet werden und mit dem SWI für Ektomykorrhizen allein verglichen werden (Abb. 3.2.4.).

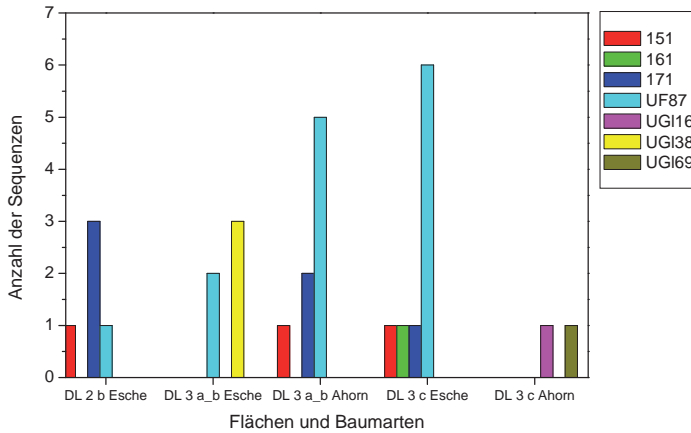


Abb. 3.2.3. Häufigkeit der arbuskulären Mykorrhizasequenzen nach Flächen und Baumarten sortiert (aus Weiße 2008). In der Legende sind die Namen der Sequenzen die gefunden wurden angegeben, vgl Kap. 3.1.5.

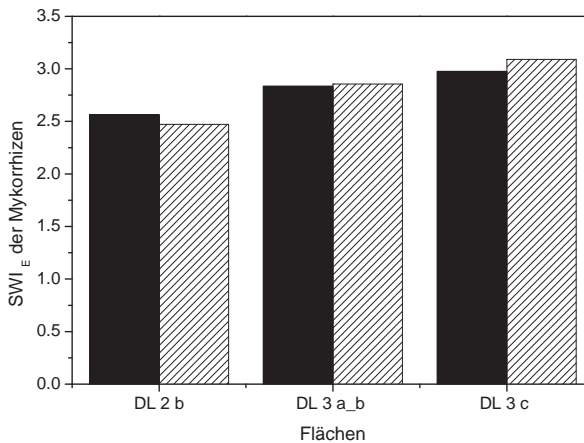


Abb. 3.2.4. Shannon-Wiener-Index der Ektomykorrhizen (schwarze Balken) und der Ektomykorrhizen + arbuskuläre Mykorrhizen (gestreifte Balken). Es wurde der flächenbezogene SWI ermittelt. Die Untersuchung erfolgte mit den Daten der Probenahme Juli 2007.

Die Einrechnung der arbuskulären Mykorrhizen in den Shannon-Wiener-Index der Mykorrhizen hat kaum Einfluss auf die Höhe des SWI (Abb. 3.2.4.). Die Unterschiede lagen zwischen 0,02 und 0,12. Die arbuskulären Mykorrhizen haben nach dieser Abschätzung einen geringen Einfluss auf die Mykorrhizadiversität. Insgesamt wurden 145 verschiedene Ektomykorrhizaarten gefunden, auf jeder Fläche mindestens 72 verschiedene. Bei den arbuskulären Mykorrhizen wurden nur sieben verschiedene Sequenzen gefunden, von denen einige sehr ähnlich waren, so dass möglicherweise sogar weniger Pilzarten vorkamen. Diese sieben „Arten“ kamen auch nicht auf allen

Flächen vor, sondern es wurden max. sechs pro Fläche gefunden. Da der direkte Einfluss der arbuskulären Mykorrhizen auf die Gesamtmykorrhizadiversität gering erscheint, kann davon ausgegangen werden, dass die 145 Ektomykorrhizaarten auch die Gesamtdiversität reflektieren. Darum werden die arbuskulären Mykorrhizen in den folgenden Kapiteln bei der Berechnung der Pilzartendiversität nicht berücksichtigt.

Esche und Ahorn haben jedoch möglicherweise einen indirekten Einfluss auf die Diversität der Ektomykorrhizen, da ihre Wurzeln einen Großteil der Wurzelmasse ausmachen und somit Nischen besetzen, die damit nicht mehr für die Ektomykorrhizen zur Verfügung stehen.

3.2.3 Diversität der Ektomykorrhizen im Jahresverlauf

In diesem Kapitel soll untersucht werden, ob die SWI-Werte der Ektomykorrhizapilze saisonalen Veränderungen unterliegen. Da an den einzelnen Probenahmeterminen auf den einzelnen Flächen nicht genügend Wurzelspitzen ausgezählt wurden um die Sättigung der Pilzarten zu erreichen (s. Kap. 3.1.9), wurden für den Vergleich des SWI der Ektomykorrhizen im Jahresverlauf an einem Probenahmetermin alle Flächen zusammengefasst (Abb. 3.2.5. A).

Der SWI der Buche lag um 0,2 - 0,4 unterhalb des SWI von Buche und Linde zusammen. Ab November 2006 wurde zusätzlich die Hainbuche beprobt, der SWI stieg dadurch maximal um 0,1.

Man konnte Schwankungen des SWI im Laufe der Probenahmen erkennen. Der Unterschied zwischen dem höchsten SWI im Juli 2006 und dem niedrigsten SWI im April 2006 betrug 0,48. Auch die Artenanzahl schwankte im Laufe der Probenahmen (Abb. 3.2.5. C), die niedrigste Artenanzahl wurde auch im April 2006 gefunden, das Maximum lag im November 2006 mit 106 Arten an Buche, Linde und Hainbuche zusammen. Betrachtet man die Evenness der Ektomykorrhizen, eine Maßzahl für die Gleichverteilung der Arten, konnte man auch da Schwankungen im Laufe der Probenahmen erkennen (Abb. 3.2.5. B). Die Evenness wird weniger von der Artenanzahl beeinflusst, wodurch die Unterschiede zwischen den Baumarten sehr gering sind.

Es konnte aber keine eindeutige jahreszeitliche Dynamik der Diversität und der Artenanzahl der Mykorrhizen nachgewiesen werden.

3.2.4 Vergleich der Ektomykorrhizadiversität an den verschiedenen Baumarten

In diesem Kapitel soll untersucht werden, ob Buche, Linde und Hainbuche unterschiedliche SWI der Ektomykorrhizen hatten. Da an den drei Baumarten an den einzelnen Probenahmeterminen auf den einzelnen Flächen nicht genügend Wurzelspitzen ausgezählt wurden, um die Sättigung der Pilzarten zu erreichen (s. Kapitel 3.1.9), wurden für den Vergleich des SWI der Ektomykorrhizen alle Probenahmen ab November 2006, zusammengefasst. Außerdem wurden die Flächen zusammengefasst. Buche kam auf allen DL vor, Linde und Hainbuche nicht. Wurden für die Berechnung des SWI der Buche alle 6 Flächen zusammengefasst, hatte sie deutlich mehr mykorrhizierte Wurzelspitzen als die Linde auf 4 Flächen und die Hainbuche auf 2 Flächen. Darum wurde für die Buche drei verschiedene SWI berechnet: alle DL, DL2+3 und nur DL3.

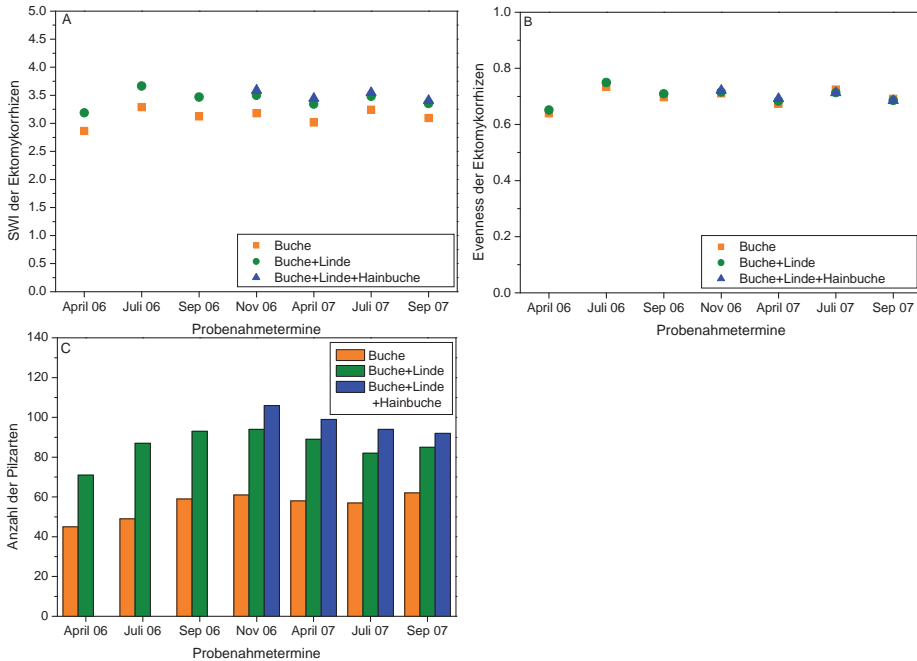


Abb. 3.2.5. Vergleich des SWI (A), der Evenness (B) und die Artenzahl der Ektomykorrhizen (C) im Jahresverlauf. Für die Berechnung wurden alle Flächen des jeweiligen Probenahmetermins zusammengerechnet und die Gesamtdiversität der Ektomykorrhizen berechnet ($n = 1$). Für die Berechnung der Artenzahl wurden ebenfalls alle Flächen des jeweiligen Probenahmetermins zusammengerechnet.

Vergleicht man den SWI für DL3, besaß die Linde den höchsten SWI und Hainbuche den geringsten, der Unterschied betrug 0,29. Vergleicht man den SWI an Buche und Linde, berechnet als DL2+DL3, besaß die Linde einen etwas höheren SWI als Buche, der Unterschied betrug nur 0,05. Es scheint, dass verschiedene Baumarten eine unterschiedliche Diversität an Ektomykorrhizen haben. Die Linde hat nach diesem Vergleich die höchste Diversität und die Hainbuche die geringste Diversität an Ektomykorrhizen (Abb. 3.2.6). Betrachtet man die Evenness an den verschiedenen Baumarten, so sind die Unterschiede sehr gering, Buche hat die geringste Evenness mit 0,73 und Linde wiederum die höchste mit 0,76. Die Baumarten haben trotz der geringen unterschiedlichen Diversität der Ektomykorrhizen doch eine ähnliche Gleichverteilung der Pilzarten.

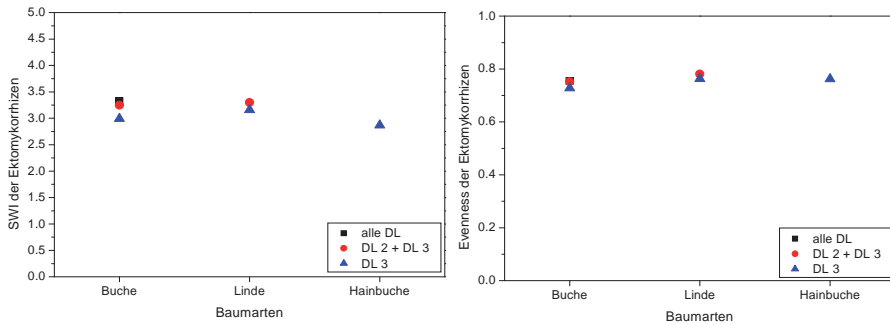


Abb. 3.2.6 Vergleich des SWI und der Evenness an den verschiedenen Baumarten. Für die Berechnung wurden alle Probenahmen ab November 2006 zusammengefasst und für die Berechnung an Buche einmal alle Flächen, einmal die Flächen von DL2+DL3 und einmal nur DL3 zusammengefasst. Für Linde wurde DL2+DL3 und nur DL3 zusammengefasst.

3.2.5 Beziehung zwischen der Pilzartendiversität und der Baumartendiversität

Eine Kernfrage war, ob ein Zusammenhang zwischen der Artenanzahl oder den Diversitätsindizes der Ektomykorrhizen und den verschiedenen Diversitätsleveln bestand.

Trägt man die gefundene Pilzartenanzahl gegen den Shannon-Wiener-Index der Grundfläche der Baumarten auf, ergibt sich eine statistisch signifikante Beziehung (Abb. 3.2.7). Mit steigender oberirdischer Diversität steigt die Anzahl der Ektomykorrhizapilzarten. Dieses Ergebnis entspricht den Ergebnissen in den Kapiteln 3.1.5 und 3.1.8, in denen die Wertspezialisierung vieler der gefundenen Pilzarten vermutet wurde. Je mehr verschiedene Bäume auf den Flächen stehen, umso mehr spezialisierte Pilzarten kommen dazu. Trägt man die Pilzarten nur an Buche gegen den SWI (Grundfläche Bäume) auf, so nimmt die Anzahl der Pilzarten signifikant mit zunehmender Baumartendiversität ab (Abb. 3.2.7). Insgesamt steigt die Pilzartenanzahl, aber an Buche sinkt die Artenanzahl. Dies verdeutlicht, welche Bedeutung die Einbringung anderer Baumarten für die Artenvielfalt der Ektomykorrhizen hat.

Wie in Kapitel 3.1.9 beschrieben wurde, hing die Anzahl der gefundenen Pilzarten von der Anzahl der ausgezählten Wurzelspitzen ab. Bei Buche wurde eine Sättigung zwischen 25.000-28.000, bei Linde zwischen 15.000-18.000 und bei Hainbuche bei ungefähr 6.000 Wurzelspitzen erreicht (Abb. 3.1.18.). Diese Anzahl an Wurzelspitzen wurde nur erhalten, wenn alle Probenahmen zusammengefasst wurden. Wie Abb. 3.2.8. zeigt, hing nicht nur die Artenanzahl sondern auch der SWI der Ektomykorrhizen von der Anzahl der mykorrhizierten Wurzelspitzen ab. Da im weiteren Verlauf aber auch der SWI der Ektomykorrhizen verschiedener Baumarten untersucht wird, musste die Datengrundlage, d. h. die Anzahl der ausgezählten Wurzelspitzen, auf ein gemeinsames Maß normiert werden (Kapitel 2.8). Da auf den Flächen DL1 sehr viel mehr Wurzelspitzen der Buche vorhanden waren als auf den Flächen DL2 und 3, konnte die Normierung nur durch Reduktion der Daten erfolgen. Wie Abb. 3.2.8. zeigt, sank der SWI der Ektomykorrhizen der Buche durch die Normierung ab und zwar auf das Maß das Buche auf den Flächen mit anderen Baumarten besaß.

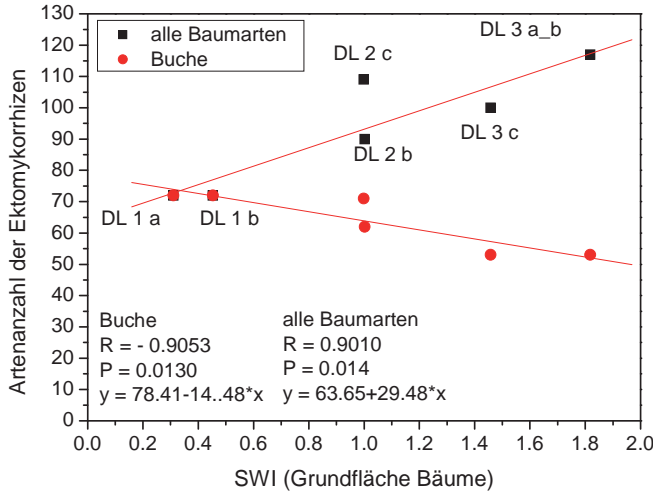


Abb. 3.2.7. Anzahl der Ektomykorrhizapilzarten an allen Baumarten und an Buche in Relation zum SWI (Grundfläche Bäume) auf den verschiedenen Flächen (n = 1). Der SWI (Grundfläche Bäume) wurde anhand der Stammdurchmesser für jede Fläche ermittelt (Danner 2008). Für die Anzahl der Ektomykorrhizen wurden alle 7 Probenahmetermine zusammengefasst. Die berechneten SWI sind in der Tab. A4 im Anhang A angegeben.

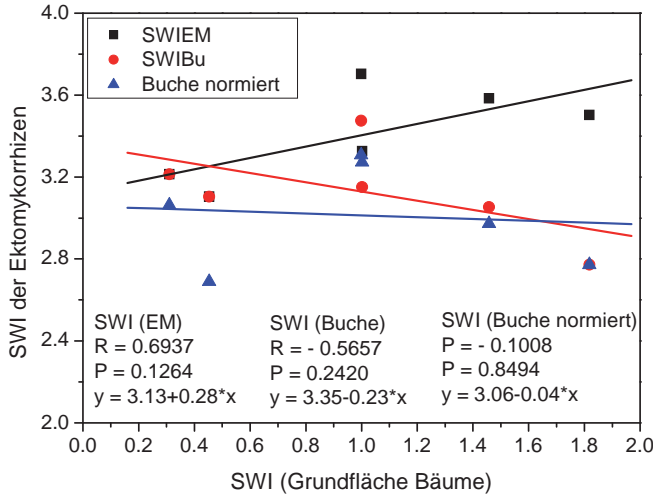


Abb. 3.2.8. SWI der Ektomykorrhizen an allen Baumarten (schwarze Quadrate), SWI der Ektomykorrhizen an Buche (rote Punkte) und SWI der ECM an Buche normiert (blaue Dreiecke) in Relation zum SWI (Grundfläche Bäume) (n = 1). Die SWI sind in Tab. A4 im Anhang A angegeben.

Trägt man den SWI der Ektomykorrhizen gegen den Shannon-Wiener-Index der Grundfläche der Bäume auf, wurde kein signifikanter Zusammenhang mit der Baumartendiversität nachgewiesen (Abb. 3.2.8).

Es stellt sich die Frage, ob die oberirdisch bestimmte Standfläche eine geeignete Bezugsgröße für die unterirdische Erfassung der Ektomykorrhizen darstellt. Um dies zu untersuchen, wurde der SWI der Wurzeln aus den Wurzelmasseanteilen der verschiedenen Baumarten an der Gesamtwurzelmasse berechnet.

Falls die oberirdische und unterirdische SWI sich genau gleich verhalten, muß eine Gerade mit der Steigung 1 erwartet werden. Trägt man den SWI der Wurzeln gegen den SWI der Grundfläche der Baumarten auf, erhält man einen signifikanten Zusammenhang aber die Steigung ist nicht gleich 1, wie erwartet (Abb. 3.2.9. A). Die DL1 Flächen und die DL3 a_b hatten eine etwas höhere oberirdische als unterirdische Diversität.

Trägt man den SWI der Ektomykorrhizen aller Baumarten gegen den SWI der Wurzeln auf, konnte kein signifikanter Anstieg festgestellt werden (Abb. 3.2.9. B).

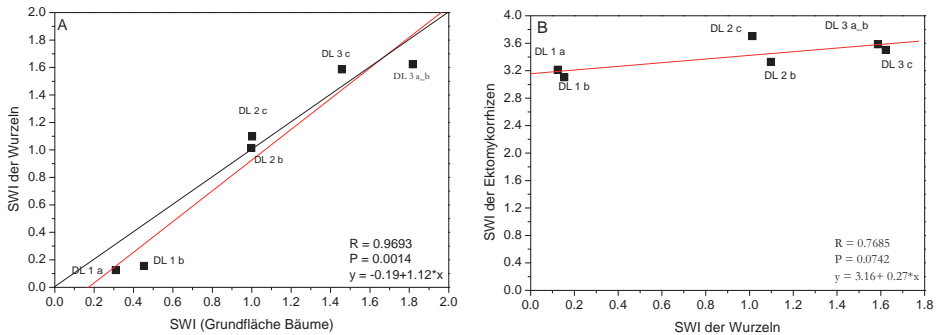


Abb. 3.2.9.

A: SWI der Wurzeln in Relation zum SWI (Grundfläche Bäume) ($n = 1$). Schwarze Linie, die Gerade mit der Steigung 1; rote Linie berechnete Regressionsgerade.

B: SWI der Ektomykorrhizen aller Baumarten in Relation zum SWI der Wurzeln ($n = 1$).

Die SWI sind in Tab. A4 im Anhang A angegeben.

Wie in Kapitel 3.2.2 beschrieben wurde, hatte die Diversität der arbuskulären Mykorrhizen auf den SWI der Ektomykorrhizen nur einen sehr geringen direkten Einfluss. Die Baumarten Esche und Ahorn machten aber einen großen Anteil der Wurzelmasse aus (Abb. 3.2.2.). Diese Wurzelmasse in den Proben stand in keinem signifikanten Zusammenhang zur oberirdischen Diversität (Abb. 3.2.10.).

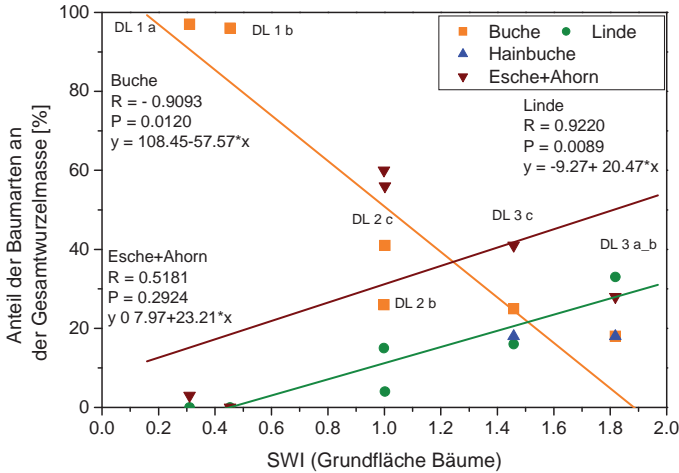


Abb. 3.2.10. Anteile der Wurzeln der einzelnen Baumarten an der Gesamtwurzelmasse in Relation zum SWI (Grundfläche Bäume) ($n = 1$).

Die Diversität der Ektomykorrhizen könnte im direkten Zusammenhang stehen mit der Diversität der Wurzeln der Baumarten, die Ektomykorrhizen ausbilden. Es wurde daher ein SWI mit den Wurzelmasseanteilen von Buche, Linde und Hainbuche berechnet, hier als SWI Wurzel 3 bezeichnet, da drei Baumarten in der Berechnung vorkamen (s. Tab A4 Anhang A)

Trägt man den SWI der Ektomykorrhizen gegen den SWI Wurzel 3 auf, erhält man einen signifikanten Zusammenhang zwischen der Diversität der Ektomykorrhizaarten und der Diversität der Wurzeln der Baumarten, die Ektomykorrhizen ausbilden (Abb. 3.2.11. A). Das heißt, die Diversität der Ektomykorrhizaarten stieg mit zunehmender Diversität der Wurzeln der Baumarten, die Ektomykorrhizen ausbilden. Die Höhe des Anstiegs war allerdings relativ flach, da die Buche eine relativ diverse Ektomykorrhiza hatte und Buche auf den DL3 einen extrem geringen Anteil an der Wurzelmasse hatte (Abb. 3.2.10.). Trägt man die Evenness der Ektomykorrhizen gegen den SWI Wurzel 3 auf, konnte man keinen Zusammenhang erkennen. Die Evenness ist relativ hoch und auf allen Flächen sehr ähnlich, d. h. es konnten kaum Unterschiede in der Gleichverteilung der Pilzarten festgestellt werden.

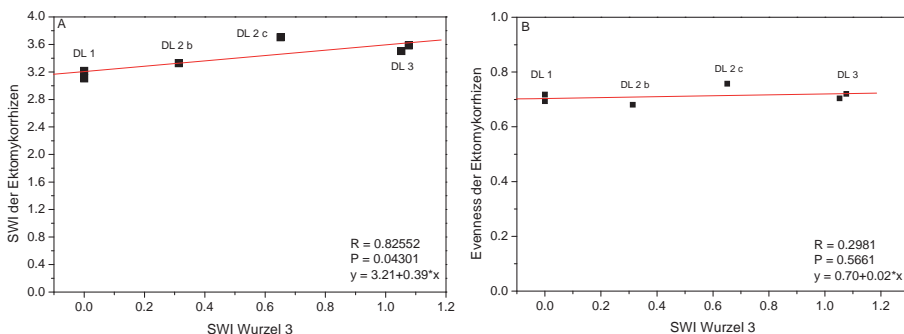


Abb. 3.2.11. SWI (A) und Evenness (B) der Ektomykorrhizen in Relation zum SWI Wurzel 3 ($n = 1$).

Es stellte sich die Frage, ob die Zunahme der Diversität der Ektomykorrhizen nur von der Zunahme der Pilzartenanzahl abhing oder ob auch die Diversität der Ektomykorrhizen an den einzelnen Baumarten mit steigender Baumartendiversität zunimmt. Trägt man den SWI der Ektomykorrhizen an Buche (normiert) gegen den SWI Wurzel 3 auf, konnte kein Zusammenhang festgestellt werden (Abb. 3.2.12.). Ein ähnliches Ergebnis ergab die Korrelation zwischen dem SWI der Ektomykorrhizen an Linde (normiert) und dem SWI Wurzel 3 (Abb. 3.2.12.).

Die Diversität der Ektomykorrhizen an den einzelnen Baumarten war unabhängig von der Diversität der Wurzeln der Baumarten die Ektomykorrhizen ausbilden. Die Diversität der Ektomykorrhizen aller Baumarten zusammen genommen stieg aber mit zunehmender Diversität der Wurzeln ECM bildender Baumarten. Die Steigerung der Diversität hing daher wahrscheinlich mit der Zunahme der baumartenspezifischen Pilzarten zusammen.

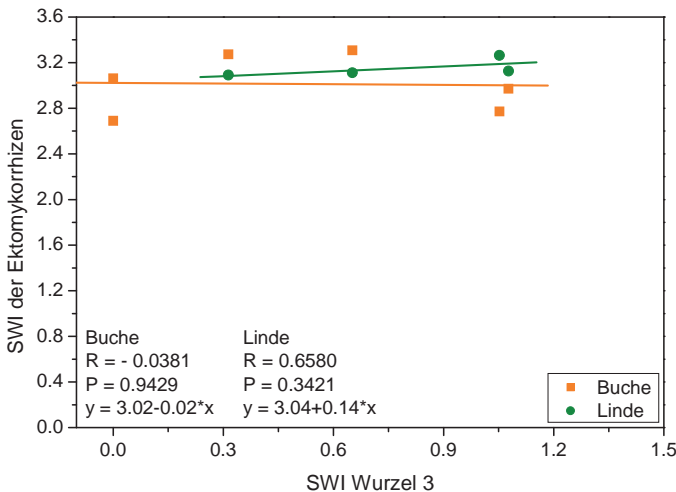


Abb. 3.2.12. SWI der Ektomykorrhizen an Buche (normiert) (orange Quadrate) und an Linde (normiert) (grüne Punkte) in Relation zum SWI Wurzel 3 (n = 1). Die SWI sind in Tab. A4 im Anhang A angegeben.

3.2.6 Vergleich der verschiedenen Ektomykorrhizagesellschaften

In diesem Kapitel sollten mit Hilfe der Clusteranalyse die Ektomykorrhizagesellschaften (ECM-Gesellschaften) auf den verschiedenen Flächen und an Buche, Linde und Hainbuche verglichen werden. Die Clusteranalyse ist ein Verfahren zur Ermittlung von Gruppen deren Eigenschaften bestimmte Ähnlichkeiten aufweisen, Gruppen mit ähnlicher Zusammensetzung bilden ein Cluster. Es wurde die relative Häufigkeit der verschiedenen Pilzarten auf den Flächen und an den Baumarten berechnet.

Werden alle Probenahmen zusammengefaßt und die ECM-Gesellschaften an den Baumarten auf den verschiedenen Flächen verglichen, kann man zwei Cluster erkennen: eines, das die ECM-Gesellschaften an Buche auf allen Flächen enthält und ein zweites, das die ECM-Gesellschaft von Hainbuche und Linde enthält (Abb. 3.2.13.).

Eine Ausnahme ist die ECM-Gesellschaft der Linde auf der DL2 b, sie liegt mit im Cluster der Buche, bildet dort jedoch einen eigenen Arm. Deutlich wird hier, dass die Baumarten unterschiedliche ECM-Gesellschaften ausbilden. Dies untermauert die Ergebnisse von Kapitel 3.1.5 und Kapitel 3.1.8, in denen bereits vermutet wurde, dass viele der gefundenen Pilzarten jeweils eine bestimmte Baumart als Wirt bevorzugen. Offenbar ähnelt sich die Zusammensetzung der ECM-Gesellschaften an Linde und Hainbuche.

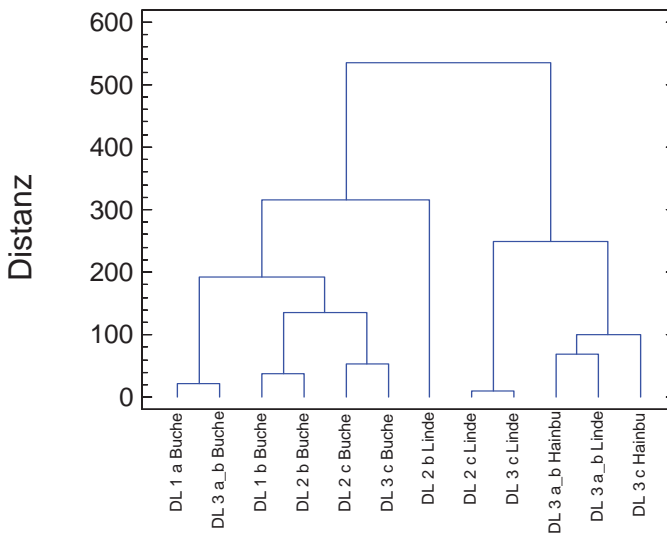


Abb. 3.2.13. Dendrogramm der ECM-Gesellschaften auf den verschiedenen Flächen, an den verschiedenen Baumarten. Es wurden alle Probenahmetermine zusammengerechnet und die relative Häufigkeit der Pilzarten als Basis für die Berechnung herangezogen. Es wurde der Algorithmus Ward's, Euklidisches Quadrat für die Berechnung der Cluster und der Distanzfunktion genommen.

Die ECM-Gesellschaft an Linde auf der DL2 b stellte eine Ausnahme dar, da sie mit im Cluster der Buche liegt (Abb. 3.2.13.). Auf dieser Fläche ähnelt die ECM-Gesellschaft der Linde mehr der ECM-Gesellschaften der Buche als den Linden ECM-Gesellschaften auf den anderen Flächen. An Linde kamen auf dieser Fläche kaum lindenspezifische Pilzarten vor, die meisten Pilzarten wurden an beiden Baumarten gefunden (Abb. 3.1.16.). Außerdem hatte M30 (*Lactarius subdulcis*) einen ungewöhnlich hohen Anteil an den Lindenwurzeln. Auf den anderen Flächen kam diese Pilzart selten an Linde vor, hier war sie die dritt häufigste mit 10 %. Bei Buche war diese Pilzart auf der DL2 b die häufigste Art mit 20 %. Eine mögliche Ursache für diese Ausnahmestellung der ECM-Gesellschaft an Linde auf der DL2 b könnte sein, dass die Linde auf dieser Fläche selten vorkam. Sie machte nur 4 % der Wurzelmasse

in den Proben aus (Abb. 3.2.2.). Zum einen konnten dadurch deutlich weniger Wurzelspitzen auf dieser Fläche ausgezählt werden als auf den anderen Flächen, so dass die Sättigung nicht erreicht werden konnte (Abb. 3.1.18. B). Möglicherweise konnte sich keine typische Linden ECM- Gesellschaft ausbilden, sondern viele Pilze, die sonst überwiegend an Buche vorkamen, bildeten hier mit Linde eine ECM aus.

Werden alle Baumarten zusammengenommen zeigte die Clusteranalyse, dass sich die ECM-Gesellschaften der Flächenpaare DL1 a/DL3 a_b, DL2 c/DL3 c und DL1 b/DL2 b ähnlicher waren als die Flächen der gleichen Diversitätslevel (Abb. 3.2.14.). Es stellte sich die Frage, ob diese Ähnlichkeiten auf ähnlichen Bodenparameter beruhen. Führt man eine Clusteranalyse mit den Bodenparametern Kohlenstoff-, Stickstoff-, Phosphat-, org. Phosphat- und anorgan. Phosphatkonzentration, Tongehalt, Bodenfeuchte und pH-Wert des Bodens durch, kann man erkennen, dass sich die Flächen zum einen in diesen Parametern nur gering unterscheiden und sich auch andere Cluster (Abb. 3.2.15.) ergeben als bei der Clusteranalyse der ECM-Gesellschaften (Abb. 3.2.14.). Die pH-Werte, der C und der N-Gehalt des Bodens wurden von A. Guckland zur Verfügung gestellt, die Bodenfeuchte von I. Krämer, die Temperaturen von C. Meinen und die anderen Bodenparameter von U. Talkner.

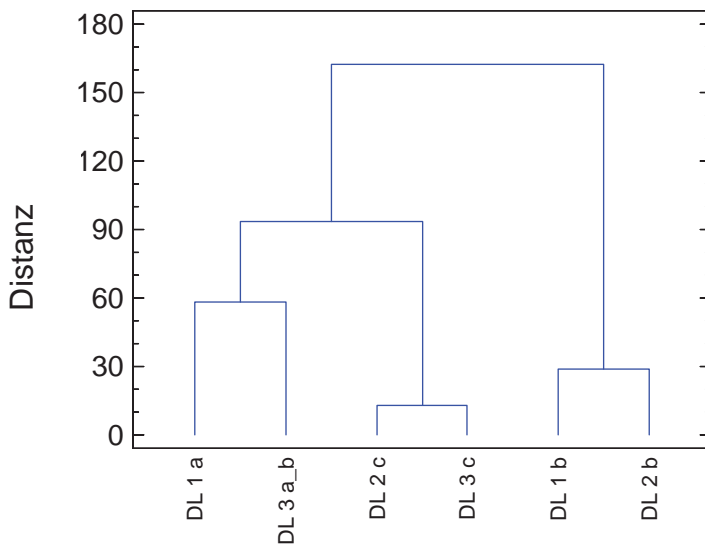


Abb. 3.2.14. Dendrogramm der ECM-Gesellschaften auf den verschiedenen Flächen, alle Baumarten zusammengenommen. Es wurden alle Probenahmeterminale zusammengerechnet und die relative Häufigkeit der Pilzarten als Basis für die Berechnung herangezogen. Es wurde der Algorithmus Ward's, Euklidisches Quadrat für die Berechnung der Cluster und der Distanzfunktion genommen.

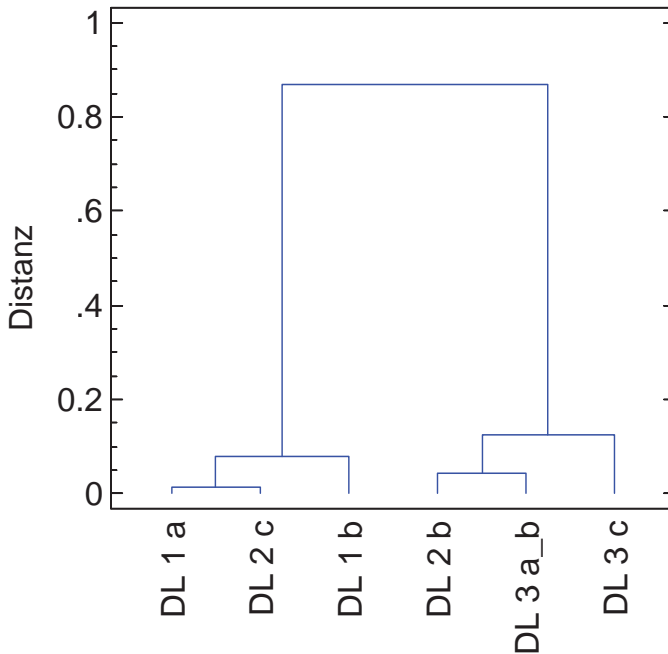


Abb. 3.2.15. Dendrogramm der Bodenparameter (Kohlenstoff-, Stickstoff-, Phosphat-org., Phosphat- und anorgan. Phosphatkonzentration, Tongehalt, Bodenfeuchte und pH-Wert) auf den verschiedenen Flächen. Es wurde der Algorithmus Ward's, Euklidisches Quadrat für die Berechnung der Cluster und der Distanzfunktion genommen.

Die Clusterung der Flächen kann also nicht durch die untersuchten Bodenparameter erklärt werden. Eine mögliche Erklärung ist die unterschiedliche Zusammensetzung der ECM-Gesellschaft, die bereits in Kap. 3.1.8 beschrieben wurde. Auf den Flächen DL1 a und DL3 a_b waren die gleichen Pilzarten dominant: *Clavulina cristata* M27, *Cenococcum geophilum* M10 und *Tomentella sublilacina* M1 (Abb. 3.1.15. und Abb. 3.1.17.). Auf den Flächen DL1 b und DL2 b waren *Lactarius subdulcis* M30, *Russula ochroleuca* M4 und *Clavulina cristata* M27 deutlich dominierende Pilzarten (Abb. 3.1.15. und 3.1.16.). DL2 c und DL3 c hatten beide keine deutlich dominanten Pilzarten im Gegensatz zu den anderen Flächen (Abb. 3.1.16. und 3.1.17.). Die Häufigkeitsverteilung und die Dominanz der einzelnen Pilzarten könnte einen Einfluss auf die ECM-Gesellschaft zu haben.

Vergleicht man die ECM-Gesellschaften an Buche von jeder Fläche an den verschiedenen Probenahmeterminen kann man erkennen, dass die ECM-Gesellschaft auf DL1 b an allen Probenahmeterminen ein Subcluster bildet. Alle anderen Flächen und

Probenahmetermine clustern nicht zusammen (Abb. 3.2.16. A). Die DL1 b ist eine Fläche, auf der *Lactarius subdulcis* (M30), *Russula ochroleuca* (M4) sehr dominante Pilzarten waren; sie machten zwischen 24 % und 46 % der vorkommenden Pilzarten aus. Außerdem liegt diese Fläche etwas weiter weg von den anderen Versuchsflächen (s. Karte im Anhang A). Jedoch ist eine Gruppierung der Probenahmetermine nicht zu erkennen.

Vergleicht man die ECM-Gesellschaften an Linde auf den Flächen zu den verschiedenen Probenahmeterminen, bildet die Fläche DL2 b ein Subcluster, alle anderen Flächen und Probenahmetermine bilden keine Subcluster (Abb. 3.2.16. B). Die möglichen Gründe warum DL2 b ein eigenes Subcluster bildet, wurden bereits oben beschrieben.

Bei den ECM-Gesellschaften der Hainbuche auf den verschiedenen Flächen an den verschiedenen Probenahmeterminen bildet jede Fläche ein eigenes Subcluster (Abb. 3.2.16. C). Insgesamt ist aber die berechnete Distanz (Ward's Algorithmus, Euklidische Distanz) zwischen den Flächen deutlich geringer als bei Buche und Linde, d. h. die ECM-Gesellschaften an Hainbuche auf den beiden Flächen sind sich ähnlicher als bei den anderen Baumarten.

Weder die Flächen noch die Probenahmen bilden Subcluster bei Buche und Linde, abgesehen von den oben beschriebenen Ausnahmen. Das bedeutet, dass die ECM-Gesellschaft nicht nur zwischen den Flächen unterschiedlich ist, sondern auch, dass sich die ECM-Gesellschaft zwischen den Probenahmen verändert. Die Zusammensetzung der ECM-Gesellschaft scheint sehr variabel und dynamisch zu sein, die Unterschiede zwischen den Baumarten bleiben aber trotzdem erhalten (Abb. 3.2.13.).

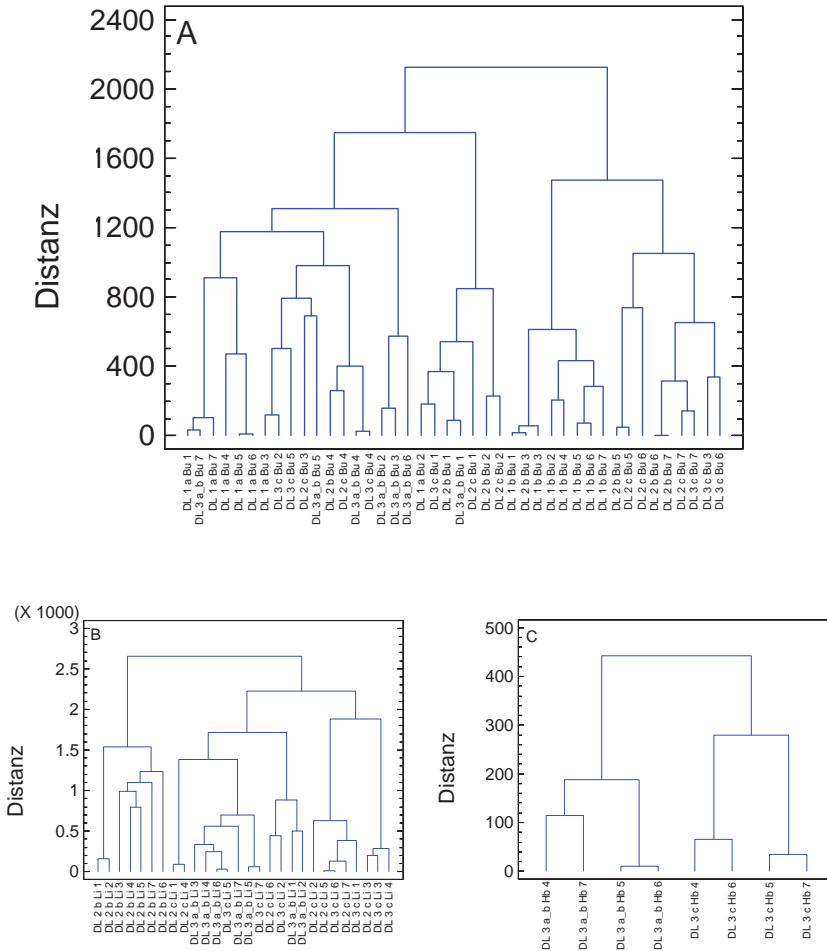


Abb. 3.2.16. Dendrogramme der ECM-Gesellschaften Buche (A), Linde (B) und Hainbuche (C). Die Analysen erfolgen für Flächen und Probenahmen getrennt. Es wurde die relative Häufigkeit der Pilzarten als Basis für die Berechnung herangezogen. Es wurde der Algorithmus Ward's, Euklidisches Quadrat zur Berechnung der Cluster und der Distanz genommen. 1 = Probenahme im April 2006, 2 = Juli 2006, 3 = Sep. 2006, 4 = Nov. 2006, 5 = April 2007, 6 = Juli 2007, 7 = Sep. 2007

3.3 Evaluation möglicher Funktionen der Ektomykorrhizen

3.3.1 Elementgehalt der Wurzeln der verschiedenen Baumarten in Relation zu den Pilzarten

Um zu untersuchen, ob zwischen den verschiedenen Pilzarten und der Nährstoffversorgung der Baumarten ein Zusammenhang besteht, wurde der Elementgehalt der Wurzeln der verschiedenen Baumarten untersucht.

Um die Elementgehalte der verschiedenen Baumarten zu vergleichen, wurde für jedes Element der Mittelwert der Flächen pro Baumart berechnet. Beim Kohlenstoff-(C) und Stickstoff (N)-Gehalt unterschieden sich die Baumarten kaum (Abb. 3.3.1. A und B), eine Ausnahme war hier die Esche, eine Baumart die AM ausbildet. Sie hatte einen signifikant geringeren C- und einen höheren N-Gehalt als die anderen Baumarten (Abb. 3.3.1. A und B). Auch beim Phosphat-Gehalt gab es Unterschiede. Esche hatte einen signifikant höheren P-Gehalt als alle andere Baumarten, Buche dagegen einen niedrigeren als Linde und Ahorn (Abb. 3.3.1.C). Die Buche hatte bei vielen Elementen eine niedrigere Konzentration als die Linde und bei Kalium, Magnesium und Schwefel auch einen niedrigeren Gehalt als die Hainbuche (Abb. 3.3.1. C-G). Die Linde und Hainbuche hatten nur bei Magnesium und Schwefel unterschiedliche Konzentrationen (Abb. 3.3.1. F und G). Bei der Aluminiumkonzentration konnten keine signifikanten Unterschiede zwischen den Baumarten festgestellt werden (Abb. 3.3.2. D). Bei Esche konnte bei fast allen Elementen ein signifikant höherer Gehalt festgestellt werden, außer bei Ca (Abb. 3.3.1. E). Die Unterschiede waren teilweise sehr deutlich, so hatte Esche eine zweifach größere Kalium- und Schwefelkonzentration als Buche und Hainbuche (Abb. 3.3.1. D und G) und bei Na hatte sie sogar eine sechsfach größere Konzentration (Abb. 3.3.2. C). Ahorn bildet arbuskuläre Mykorrhizen aus wie die Esche, unterschied sich aber nur in der K-Konzentration signifikant von den Baumarten mit Ektomykorrhiza (Abb. 3.3.1. D). Auffallend ist auch der sehr ähnliche Verlauf der Schwefel und Mg-Konzentration in den verschiedenen Baumarten (Abb. 3.3.1. F und G). Es könnte ein Hinweis darauf sein, dass die Konzentration dieser beiden Elemente im Zusammenhang steht.

Eine mögliche Erklärung für die teilweise sehr unterschiedlichen Elementgehalte der Wurzeln der verschiedenen Baumarten könnten zum einen die unterschiedlichen Nährstoffansprüche der Baumarten sein, aber auch unterschiedliche Pilzarten der Mykorrhiza. In Kapitel 3.1.5 und 3.1.8 wurde eine Wirtspräferenz einiger Pilzarten vermutet. Es könnte sein, dass Pilzarten, die z. B. sehr häufig nur an einer Baumart vorkommen bestimmte Nährstoffe zur Wurzel transportieren. Um dies genauer zu untersuchen, müssten die verschiedenen Pilzarten isoliert werden und kontrollierte Stofftransportversuche durchgeführt werden.

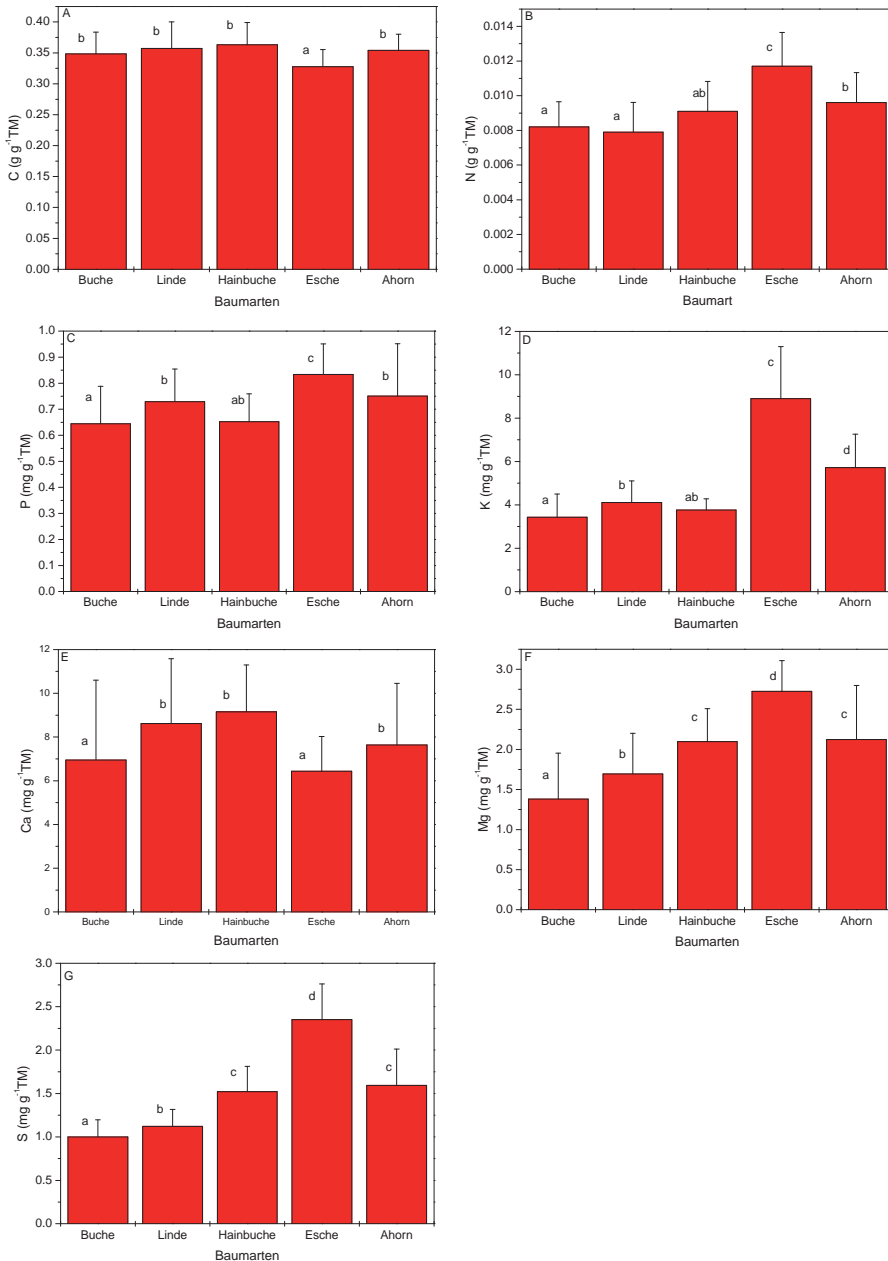


Abb. 3.3.1 Konzentration verschiedener Makronährelemente in den Wurzeln der verschiedenen Baumarten im November 2006. Nur mit den C-, N- und P-Konzentrationen konnte eine ANOVA durchgeführt werden, da die Daten annähernd gleichverteilt waren. Bei den anderen Elementen wurde ein Mann-Whitney-Test ($P < 0,05$) durchgeführt. n war für jede Baumart unterschiedlich zwischen $n = 10$ und $n = 46$. Die Datengrundlage für dieses Diagramm befindet sich im Anhang C (Tab. C.86-C.95) in der Online-Version dieser Arbeit.

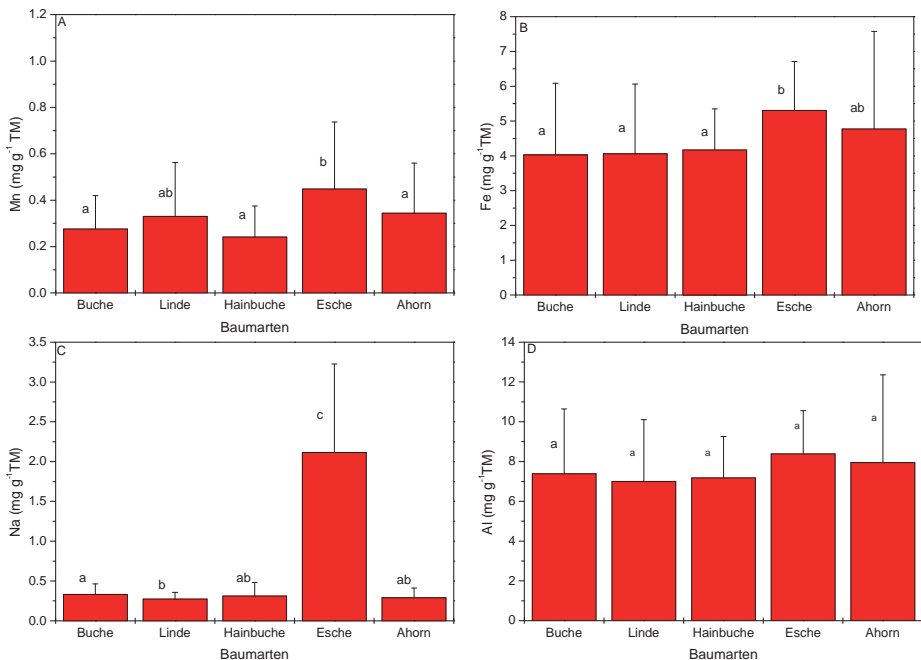


Abb. 3.3.2. Konzentration Mn, Fe, Na und Al in den Wurzeln der verschiedenen Baumarten im November 2006. Da die Daten nicht gleichverteilt waren wurde ein Mann-Whitney-Test durchgeführt ($P < 0,05$). n war für jede Baumart unterschiedlich zwischen $n = 10$ und $n = 46$. Die Datengrundlage für dieses Diagramm befindet sich in Anhang C (Tab. C.86-C.95) in der Online-Version dieser Arbeit.

Vergleicht man die einzelnen Baumarten auf den unterschiedlichen Flächen, so zeigte die Buche bei fast allen Elementen Unterschiede zwischen den Flächen (Abb. 3.3.3. und Abb. 3.3.4.) mit Ausnahme von Mn (Abb. 3.3.4. A). Bei Linde konnte nur bei Kohlenstoff, Stickstoff, Magnesium und Schwefel signifikante Unterschiede zwischen den Flächen festgestellt werden (Abb. 3.3.3. A, B, F und G). Bei Esche gab es Unterschiede zwischen den Flächen für C, N, K, Mn, Fe und Al. Auch die Hainbuche hat unterschiedliche Konzentrationen auf den beiden Flächen bei vier Elementen (Mg, S, Mn, Fe) und Ahorn bei zwei Elementen (Mn, Al). Ahorn ist anscheinend in der Lage, auf allen Flächen die gleiche Konzentration an Nährelementen in die Wurzeln aufzunehmen. Buche dagegen unterscheidet sich zwischen den Flächen. Der Ahorn bildet arbuskuläre Mykorrhizen aus, an der nur wenige Pilzarten beteiligt sind. Die Buche dagegen hatte sehr unterschiedliche ECM-Gesellschaften, die evtl. in der Lage sind, die Nährstoffe in verschiedenen Mengen zu dem Baum hin zu transportieren. Dies kann ein Vorteil der Buche sein, da sie sich mit einer passenden ECM-Gesellschaft auf jedem Standort genügend versorgen kann. Die Unterschiede in der Kohlenstoffkonzentration deuten darauf hin, dass die Baumarten auf den verschiedenen Flächen unterschiedlich große Mengen an Zuckerverbindungen in den Wurzeln haben, was auf unterschiedlichen Verbrauch von Zuckerverbindungen von den verschiedenen Pilzarten deuten kann, aber auch mit einer Ursache für unterschiedliche

ECM-Gesellschaften sein könnte. Um diese Vermutungen genauer zu untersuchen, wären jedoch weitere Experimente erforderlich.

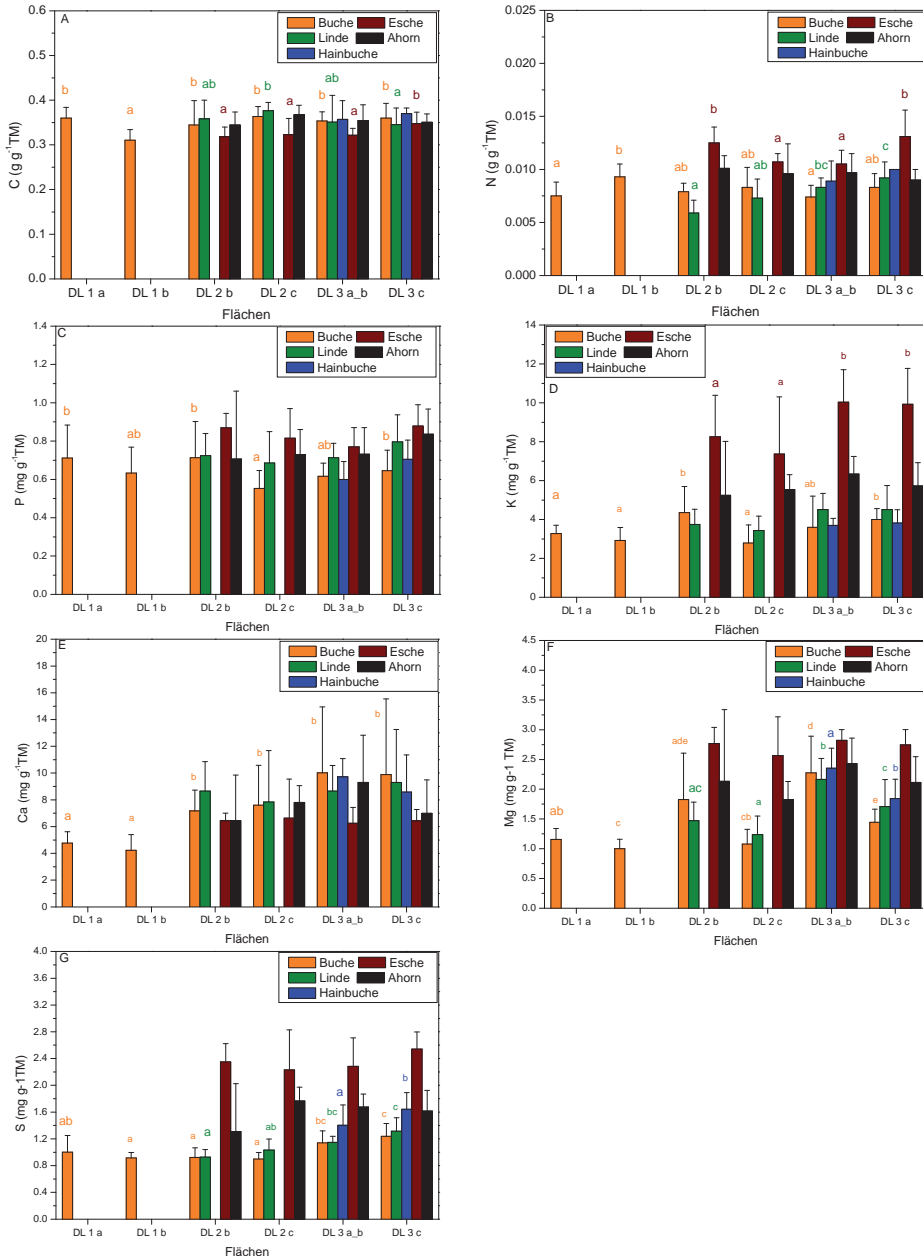


Abb. 3.3.3. Vergleich der Konzentration verschiedener Makronährelemente in den Wurzeln verschiedener Baumarten auf den verschiedenen Flächen im November 2006. Nur mit den C-, N- und P-Konzentration konnte eine ANOVA durchgeführt werden, da die Daten annähernd normalverteilt waren. Mit einem Kruskal-Wallis-Test wurde untersucht ob die gleichen Baumarten auf den verschiedenen Flächen eine unterschiedliche Elementkonzentration hatten ($P < 0,05$). Traf das zu, wurde für die Baumart ein Mann-Whitney-Test ($P < 0,05$) durchgeführt und signifikante Unterschiede in der Farbe der Baumarten markiert. n war für jede Baumart und zwischen den verschiedenen Flächen unterschiedlich zwischen $n = 5$ und $n = 10$. Die Datengrundlage für dieses Diagramm befindet sich in Anhang C (Tab. C.86-C.95) in der Online-Version dieser Arbeit.

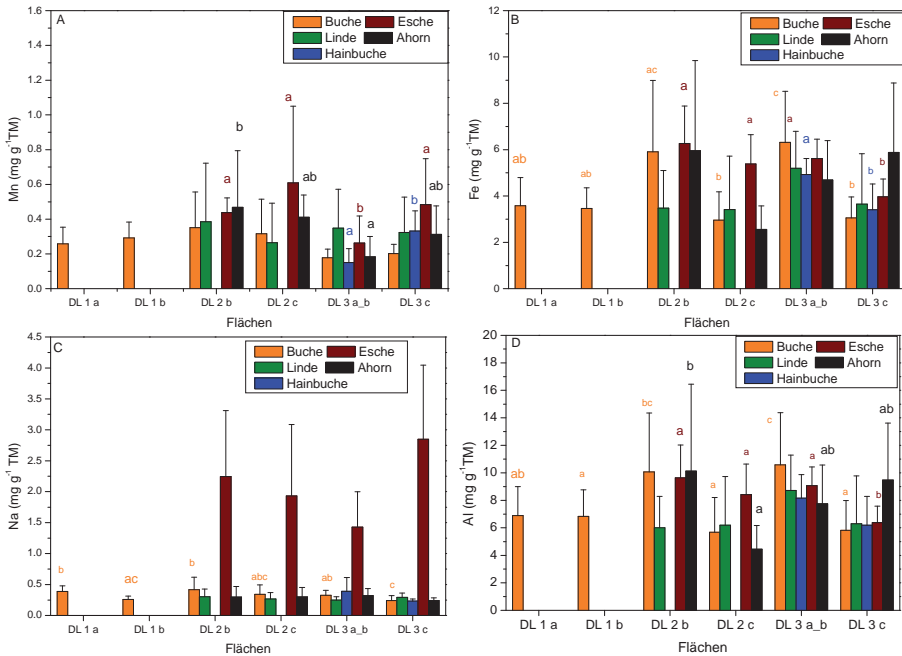


Abb. 3.3.4. Vergleich der Konzentration Mn, Fe, Na und Al in den Wurzeln verschiedener Baumarten auf den verschiedenen Flächen im November 2006. Da die Daten nicht normalverteilt waren wurde mit einem Kruskal-Wallis-Test untersucht ob die gleichen Baumarten auf den verschiedenen Flächen einen unterschiedliche Elementkonzentrationen hatten ($P < 0,05$). Traf das zu, wurde für die Baumart ein Mann-Whitney-Test durchgeführt und signifikante Unterschiede in der Farbe der Baumarten angegeben ($P < 0,05$). n war für jede Baumart und zwischen den verschiedenen Flächen unterschiedlich zwischen $n=5$ und $n=10$. Die Datengrundlage für dieses Diagramm befindet sich in Anhang C (Tab. C.86-C.95) in der Online-Version dieser Arbeit.

Um die Beziehungen zwischen dem Elementgehalt der Wurzeln und dem Vorkommen der Pilzarten im Detail zu untersuchen wurden die Ergebnisse des Morphotypings (Nov. 2006) und dabei nur die Pilzarten, die auf mindestens 3 der 6 Versuchsflächen bzw. bei Linde auf 2 der 4 Versuchsflächen vorkamen verwendet. Bei Buche waren die *Tomentella sublilacina* (M1), *Russula ochroleuca* (M4), *Thelephoraceae* spec. (M5), *Cenococcum geophilum* (M10), *Clavulina cristata* (M27), *Tuber puberulum* (M24), *Xerocomus chrysenteron* (M26) und *Lactarius subdulcis* (M30). M5, M24 und M26 waren Pilzarten, die nicht so häufig an Buche vorkamen; die anderen Arten kamen sehr häufig vor und waren auch dominante Arten an Buche auf den verschiedenen Flächen. Bei Linde waren es die Arten *Cenococcum geophilum* (M10), *Russula delica* (M68), UECM (*Thelephoraceae*) (M85), *Inocybe geophylla* (M89), UECM (*Inocybe*) (M91), UECM (*Trichocomaceae*) (M102), UECM (M126) und UECM (M128). M10 und M68 kamen sehr häufig an Linde vor.

Für jede Art wurde eine Korrelationsanalyse mit den jeweiligen Elementgehalten der Wurzeln durchgeführt. Bei einigen Pilzarten konnte ein signifikanter Zusammen-

hang zwischen der relativen Häufigkeit der oben genannten Pilzarten und der Elementkonzentration in den Wurzeln erkannt werden (Abb. 3.3.5.).

Bei Buche stieg mit zunehmender relativer Häufigkeit von *Russula ochroleuca* (M4) die Schwefel-, Kalium-, Kalzium- und Magnesiumkonzentration der Wurzeln (Abb. 3.3.5. A-C). Mit zunehmender relativer Häufigkeit von *Tomentella sublilacina* (M1) stieg auch der Schwefel-, Kalzium- und Magnesiumgehalt, aber es fiel der Mangangehalt (Abb. 3.3.5. A-C und E). Je höher die relative Häufigkeit von *Cenococcum geophilum* M10 an den Wurzeln war, umso höher war die Schwefel- und Kalzium-Konzentration in den Wurzeln (Abb. 3.3.5.B und C). Dagegen nahm die relative Häufigkeit von *X. chrysenteron* mit abnehmender Schwefel- und zunehmenden Mangan-Konzentration in den Wurzeln zu (Abb. 3.3.5. B und E). Für *Tuber puberulum* (M24), *Clavulina cristata* (M27) und *Lactarius subdulcis* (M30) konnte keine Korrelationen zwischen der relativen Häufigkeit dieser Pilzarten und der Elementkonzentration der Wurzeln festgestellt werden. Dies deutet darauf hin, dass es scheinbar Pilzarten gibt, die den Elementgehalt der Wurzeln beeinflussen können und Pilzarten, die darauf einen geringeren Einfluss haben. Es könnte auch sein, dass bestimmte Elementgehalte (z. B. Schwefel) auch einen Einfluss auf das Vorkommen bestimmter Pilzarten haben.

Es konnte weder bei Buchen- noch bei Lindenwurzeln eine Korrelation für die oben genannten Pilzarten und dem C-, N-, P- und Fe- Gehalt der Wurzeln festgestellt werden.

Für Pilzarten an Linde konnten keine Zusammenhänge zwischen der relativen Häufigkeit der oben genannten Pilzarten und dem Elementgehalt der Lindenwurzeln festgestellt werden.

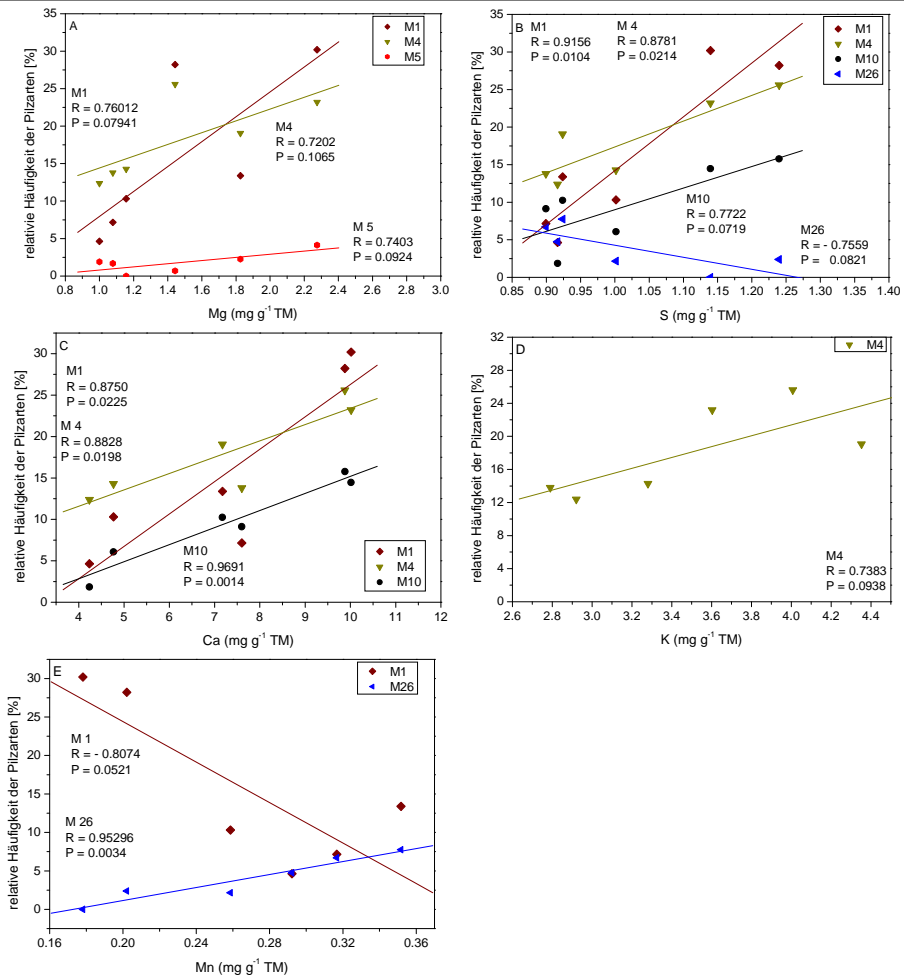


Abb. 3.3.5. Die relative Häufigkeit verschiedener Pilzarten an Buchenwurzeln in Relation zu den Elementkonzentrationen in den Wurzeln. Die Anzahl der Proben zur ICP-Analyse war je Fläche unterschiedlich (n = 5 bis n = 10). Es wurden zur Berechnung der relativen Häufigkeit der Pilzarten nur die Proben verwendet, die auch zur Analyse des Elementgehaltes genommen wurden. Es wurden die mykorrhizierten Wurzelspitzen der jeweiligen Pilzart summiert und durch die Anzahl aller Wurzelspitzen in diesen Proben dividiert. Für die Elementkonzentration wurde der Mittelwert aus den Proben benutzt.

3.3.2 Beziehung zwischen Bodenparametern und relativer Häufigkeit der Pilzarten

In diesem Kapitel soll untersucht werden, ob Zusammenhänge zwischen verschiedenen Bodenparametern und der relativen Häufigkeit der Pilzarten gefunden werden können.

Tab. 3.3.1. Bodenparameter der beprobten Flächen, es sind jeweils die Mittelwerte für die Flächen angegeben. Die pH-Werte, der C- und der N-Gehalt wurden von A. Guckland zur Verfügung gestellt, die Bodenfeuchte von I. Krämer, die Temperaturen von C. Meinen und die anderen Bodenparameter von U. Talkner. Bodenfeuchte und Temperatur wurden im November 2006 bestimmt.

	DL1 a	DL1 b	DL2 b	DL2 c	DL3 a_b	DL3 c
pH-Werte	4,43	4,16	5,49	5,37	5,65	5,32
C [mg/g TM]	15,35	16,38	23,40	16,76	21,27	27,80
N [mg/g TM]	1,08	0,99	1,93	1,27	1,52	1,96
P [mg/g TM]	0,30	0,18	0,45	0,25	0,35	0,43
P _{org.} [mg/g TM]	0,13	0,09	0,28	0,14	0,19	0,25
P _{anorg.} [mg/g TM]	0,16	0,10	0,18	0,11	0,16	0,18
Tongehalt [%]	17,65	15,52	30,32	19,93	24,91	30,56
Bodenfeuchte [%]	26,00	23,40	29,80	27,00	26,10	30,00
Temperatur [°C]	11,22	11,64	11,46	11,34	11,71	10,89

Für einige Bodenparameter konnten Zusammenhänge mit den Pilzarten an Buche festgestellt werden. Die relative Häufigkeit von *Russula ochroleuca* (M4) stieg mit zunehmendem Tongehalt und mit steigender P_{org.-}, C- und N-Konzentration im Boden (Abb. 3.3.6. A-C und E). Die relative Häufigkeit von *Cenococcum geophilum* (M10) stieg mit zunehmender P_{anorg.-} Konzentration im Boden und mit zunehmenden pH-Wert (Abb. 3.3.6. D und F). *Clavulina cristata* (M27) hatte dagegen eher abnehmende Tendenzen mit zunehmender Konzentration von N, P_{org.}, P_{anorg.} und Bodenfeuchte (Abb. 3.3.6. B-D und G). Für M1, M5 und M26 konnten keine Zusammenhänge zwischen den verschiedenen Bodenparametern festgestellt werden, ihr Vorkommen schien von diesen Faktoren nicht oder nur gering beeinflusst zu werden.

Es konnte für die relative Häufigkeit der Pilzarten an Linde kein Zusammenhang mit den Bodenparametern festgestellt werden.

Fasst man die Ergebnisse aus Kapitel 3.3.1 und 3.3.2 zur Verdeutlichung noch einmal in einer Tabelle zusammen (Tab. 3.3.2.), kann man erkennen, dass die relative Häufigkeit der Pilzart *Russula ochroleuca* (M4) von den Bodenparametern beeinflusst wird und scheinbar einen Einfluss auf den Elementgehalt der Buchenwurzeln hat. Für *Tomentella subclacina* (M1) konnte eine Korrelation mit den Elementgehalten der Wurzeln, aber keine mit den Bodenparametern festgestellt werden. Bei *Clavulina cristata* (M27) konnten nur Zusammenhänge mit den Bodenparametern nachgewiesen werden, aber keine mit dem Elementgehalt der Wurzeln. Alle drei Pilzarten wurden sehr häufig und an allen Probenahmeterminen gefunden. *Lactarius subdulcis* (M30) ist eine Pilzart, die sehr häufig an Buche zu finden und auf manchen Flächen auch die dominante Pilzart war. Bei dieser Pilzart konnte keine Korrelation mit dem Elementgehalt der Wurzeln nachgewiesen und es konnte auch keine signifikante Korrelation mit den Bodenparametern festgestellt werden.

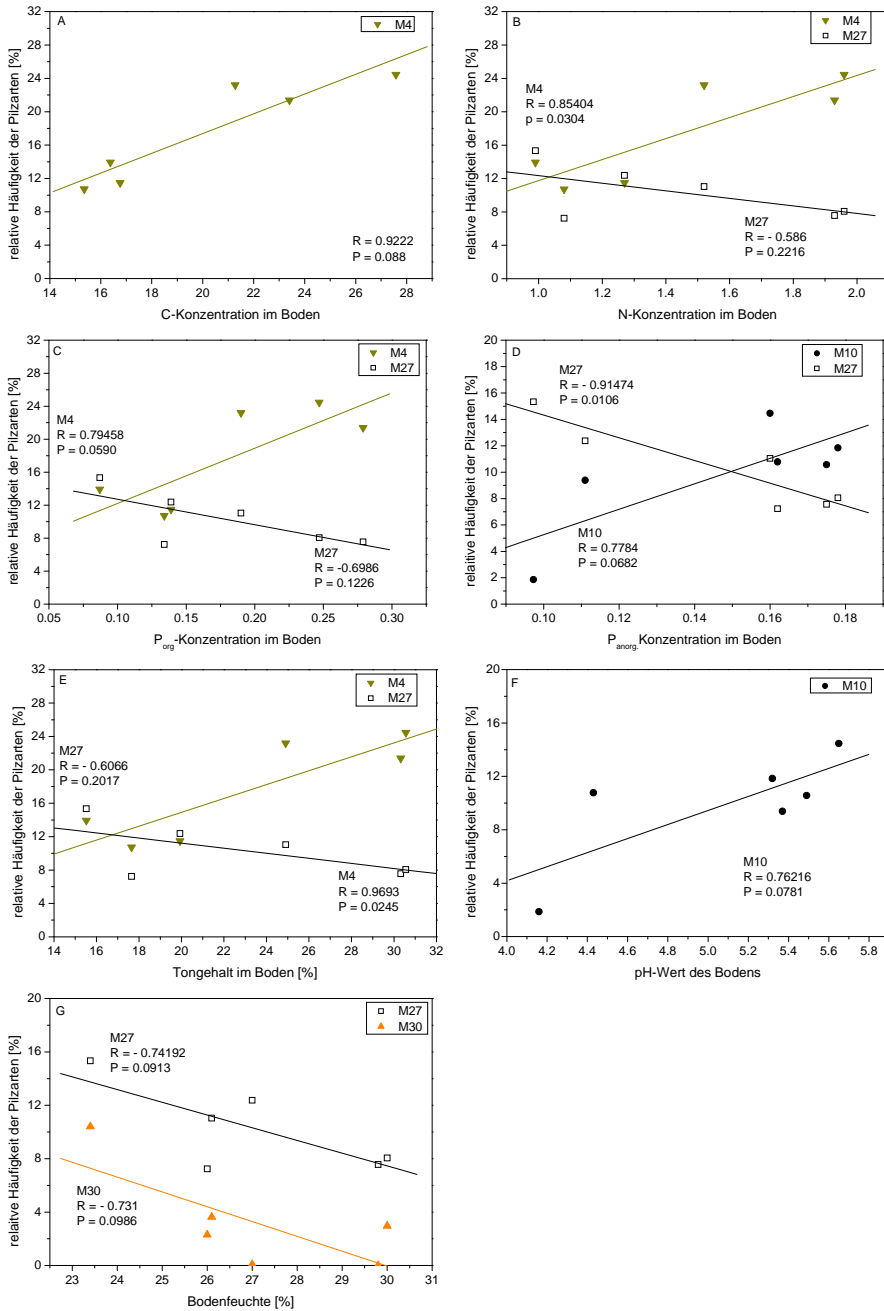


Abb. 3.3.6. Die relative Häufigkeit der Pilzarten an Buchenwurzeln im November 2006 in Relation zu verschiedenen Bodenparametern. Da die Bodenparameter Mittelwerte für die ganze Fläche sind, wurden zur Berechnung der relativen Häufigkeit alle Proben der Flächen zusammengenommen ($n=1$ und $P<0,05$).

Bei Linde konnten keine Zusammenhänge zwischen dem Elementgehalt der Wurzeln und der relativen Häufigkeit der Pilzarten und zwischen den Bodenparametern und der relativen Häufigkeit der Pilzarten festgestellt werden. Da Linde nur auf vier Flächen beprobt wurde und im November 2006 nur wenige Pilzarten auf allen vier Flächen vorkamen, liegen zu wenige Daten für eine Korrelationsanalyse vor. Die Pilzarten an Linde könnten aber auch von anderen Faktoren beeinflusst werden. *Cenococcum geophilum* (M10) und *Russula delica* (M68) sind z. B. Pilzarten, die auf allen Flächen häufig an Linde vorkamen, aber trotzdem konnten keine Korrelationen festgestellt werden, obwohl bei Buche bei *C. geophilum* (M10) Zusammenhänge feststellbar waren. Interessant wäre es auch, Versuche mit den deutlich selteneren Pilzarten durchzuführen, um so eine besser Datengrundlage für die selteneren Arten zu haben. Möglicherweise sind gerade diese Arten wichtig bei Veränderungen der Bodenparameter.

Tab. 3.3.2. Ergebnisse aus den Kapiteln 3.3.1 und 3.3.2 zusammengefasst. + = mit steigender Konzentration der Elemente steigt auch die relative Häufigkeit der Pilzart; - = die relative Häufigkeit der Pilzart sinkt bei steigender Konzentration des Parameters; * = es wurde ein signifikanter Zusammenhang festgestellt; ohne * = es wurden Tendenz festgestellt

	M4	M10	M1	M5	M26	M27	M30
<i>Wurzeln</i>							
S	+*	+	+*		-		
K	+						
Ca	+*	+*	+*				
Mg	+		+	+			
Mn			-		+*		
<i>Boden</i>							
C	+						
N	+*					-	
P _{org.}	+					-	
P _{anorg.}		+				.*	
Tongehalt	+*					-	
pH		+					
Feuchte						-	-

3.3.3 Vorkommende Explorationstypen

Unterschiedliche Pilzarten haben charakteristische Hyphenlängen, dies ermöglicht die Nährstoffaufnahme aus unterschiedlichen Bodenkompartmenten (Agerer 2001). Es gab nur für wenige in dieser Untersuchung gefundenen Arten Angaben zum Explorationstyp (Agerer 2001, <http://www.deemy.de>). In Tab. 3.3.3. sind die Arten, für die der Explorationstyp bekannt war, aufgeführt. In Abb. 3.3.5. sind die bekannten Explorationstypen auf den verschiedenen Flächen an den verschiedenen Baumarten dargestellt. Abb. 3.3.5. A zeigt, dass der Explorationstyp „Kontakt“ auf allen Flächen

tanzen“ kam überwiegend an Linde vor. Der Explorationstyp „lange Distanz“ kam relativ selten vor und meistens nur an Buche (Abb. 3.3.7. B-C).

An Linde wurde hier hauptsächlich der „kurze“ und „mittlere“ Explorationstyp festgestellt, wogegen an Buche verschiedene Typen gefunden wurden. Dies könnte ein Hinweis darauf sein, dass die ECM-Gesellschaft der Buche besser an verschiedene Standorte angepasst sein könnte, da sowohl Nährstoffe direkt aus der Humusschicht aufgenommen als auch über längere Strecken transportiert werden können (Agerer 2001).

Diese Ergebnisse beziehen sich nur auf wenige Pilzarten unter den vielen die in dieser Studie gefunden wurden. Drei dieser Arten (*Russula ochroleuca*, *Cenococcum geophilum*, *Russula delica*) kamen an allen Probenahmeterminen häufig vor, die anderen Arten waren seltener. Die Aussagen über bestimmte Explorationstypen auf bestimmten Flächen oder an bestimmten Baumarten könnten sich deutlich verschieben, wenn die Explorationstypen anderer Pilzarten bekannt wären. Die Diagramme zeigen somit nur eine erste Einschätzung der hier gefundenen Ergebnisse.

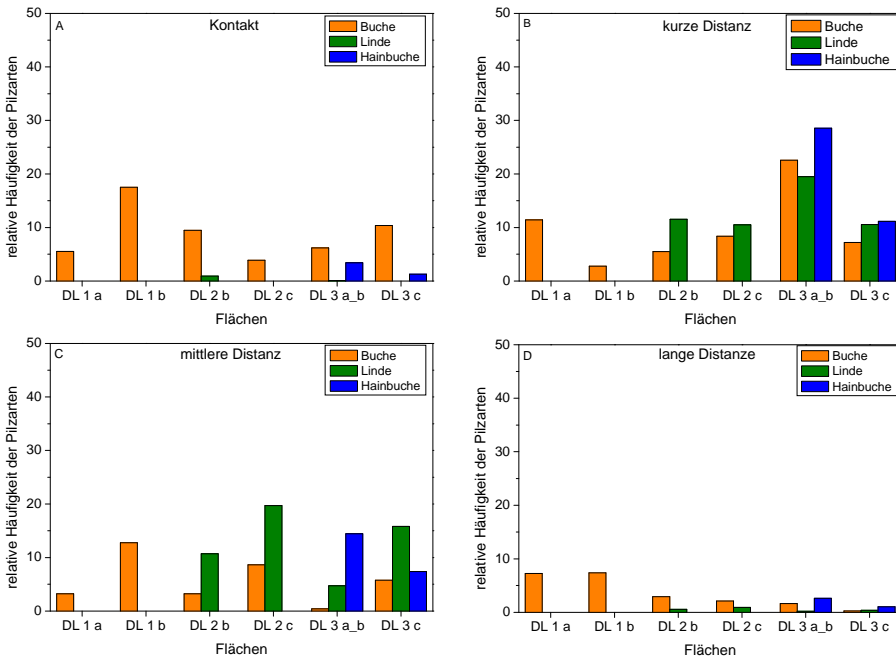


Abb. 3.3.7. Relative Häufigkeit der verschiedenen Explorationstypen auf den verschiedenen Flächen an den verschiedenen Baumarten. Es wurden alle Probenahmen zusammengefasst. Die mykorrhizierten Wurzelspitzen der einzelnen Arten des entsprechenden Explorationstyps wurden addiert und die relative Häufigkeit berechnet.

Tab. 3.3.3. Gefundene Pilzarten für die ein Explorationstyp in der Literatur angegeben war, nach Explorationstyp sortiert.

Kontakt	kurze Distanz	mittlere Distanz	lange Distanz
<i>Russula ochroleuca</i>	<i>Cenococcum geophilum</i>	<i>Amanita rubescens</i>	<i>Xerocomus badius</i>
<i>Tuber puberulum</i>	<i>Genea hispidula</i>	<i>Cortinarius infractus</i>	<i>Xerocomus chrysenteron</i>
		<i>Russula chloroides</i>	<i>Xerocomus pruinatus</i>
		<i>Russula delica</i>	

4. Diskussion

4.1 Bedeutung der verwendeten Methoden für die Erfassung der ECM

Ein wichtiges Ziel der vorliegenden Arbeit war die Erfassung der vorhandenen Pilzarten die auf den Versuchsflächen Ektomykorrhizen mit Buche, Linde oder Hainbuche ausbildeten. In älteren Studien wurde zur Bestimmung des Vorkommens der Ektomykorrhizaarten häufig die Anzahl der Fruchtkörper oder der Sporen verwendet (Dahlberg 2001). Die Bestimmung der Pilzarten durch Fruchtkörper oder Sporen ist oft bis zur Artebene möglich. Aber Arten, die viele Sporen oder Fruchtkörper bilden, müssen nicht unbedingt auch häufig an den Wurzeln der Bäume vorkommen (Dahlberg 2001, Horton und Bruns 2001). In dieser Arbeit wurden mit Hilfe einer Kombination von Morphotyping und Sequenzierung der ITS-Region die Ektomykorrhizen beschrieben und soweit wie möglich bestimmt. Die Kombination dieser beiden Methoden wird heute in vielen Studien verwendet (Dahlberg 2001). Sowohl das Morphotyping als auch die Sequenzierung haben Vor- und Nachteile.

Das Morphotyping ist eine sehr zeitaufwändige und arbeitsintensive Methode. Es ist viel Erfahrung notwendig, um die Morphotypen sicher zu bestimmen. Ohne diese Erfahrung können viele vermeintlich verschiedene Morphotypen gezählt werden, die jedoch nur eine Pilzart darstellen (s. Tab. 2.2.) oder umgekehrt werden verschiedene Pilzarten als eine Art angesprochen, da sie ähnliche Morphotypen ausbilden. Nur mit dem Morphotyping ist es problematisch die Pilzarten bis zur Artebene zu bestimmen. Dies ist oft nur bei Pilzarten möglich, die einen sehr markanten Morphotyp ausbilden, wie z. B. *Cenococcum geophilum*. Der Vorteil des Morphotypings ist, dass es, abgesehen von der Arbeitszeit, kostengünstig ist und dass man gleichzeitig Aussagen über die Mykorrhizierungsrate, die Häufigkeiten der verschiedenen Pilzarten und die Zusammensetzung der ECM-Gesellschaften treffen kann.

Um das zeitaufwändige Morphotyping zu umgehen, kann die DNA der Ektomykorrhizen direkt aus den Bodenproben extrahiert werden. Im Vorfeld dieser Arbeit wurde mit insgesamt 12 verschiedenen Methoden versucht, die DNA der Ektomykorrhizen aus dem Boden der Hainichproben zu isolieren (z. B. Moré et al. 1994, Zhou et al. 1996, Bahnweg et al. 1998, Cullen und Hirsch 1998, Yeates et al. 1998, Jasalavich C.A. et al. 2000, Vazquez-Maruffo et al. 2002, He et al. 2005). Es wurden nur wenige und qualitativ schlechtere Sequenzen von Pilzen gewonnen. Der Grund dafür ist, dass während der Extraktion auch andere organische Komponenten wie Huminsäuren und Fulvolsäuren des Bodens mitextrahiert werden. Diese Stoffe können die Taq-Polymerase hemmen (Tsai et al. 1992, Smalla et al. 1993), die Transformationsrate reduzieren (Tebben und Vahjen 1993) und die DNA-Hybridisierung behindern (Steffan und Atlas 1988). Es gibt eine große Anzahl an Extraktionsmethoden in der Literatur, aber diese Methoden werden meistens nur für einen Bodentyp angewendet und müssen für jeden neuen Bodentyp angepasst werden (Zhou et al. 1996). Es wurde auch versucht, DNA der Ektomykorrhizen direkt von den ausgewaschenen

Wurzelproben zu extrahieren, aber auch dies gelang nicht gut, da so vermutlich das Verhältnis Pflanzen-DNA zu Pilz-DNA zu groß war und phenolische Verbindungen aus den Wurzeln die PCR inhibierten. Daher wurden diese Methoden in diesem Projekt nicht weiter angewendet.

Ein Nachteil der ausschließlichen Anwendung von molekularbiologischen Methoden ist, dass nach dem heutigen Stand der Technologie noch keine Aussagen über die Häufigkeit der Pilzarten getroffen werden können. Extrahiert man die DNA direkt aus dem Boden, kann nicht sichergestellt werden, ob diese Pilze auch wirklich an den Bäumen vorkommen oder ob man DNA aus Pilzsporen mitextrahiert hat. Außerdem werden so auch viele saprophytische Pilze aus dem Boden extrahiert, die erst nach der Sequenzierung aussortiert werden können. Eine weitere Einschränkung bei molekularen Methoden besteht darin, dass nicht zwischen lebendem und totem Material unterschieden werden kann. Viele Pilzarten kommen als bi- oder multinucleotide Arten vor, die verschiedene rRNA-Kopien haben können. Folglich erhält man von einem Pilz mehr als eine ITS-Sequenz und könnte dadurch die vorkommenden Pilzartenanzahl überschätzen (Bridge und Spooner 2001). Die Vorteile der molekularbiologischen Methoden sind, dass die Mykorrhizen bis zur Art oder sogar bis zum Genotyp bestimmt werden können, die Methoden relativ schnell zu erlernen und gut reproduzierbar sind (Dahlberg 2001).

Morphotyping mit anschließender Sequenzierung der Pilzarten stellte sich für diese Studie trotz des großen Zeitaufwands als die einzig geeignete Methode heraus, da so die Mykorrhizierungsrate, die Häufigkeit vieler Pilzarten und die häufigsten Pilzarten auch bis zur Artebene bestimmt werden konnten und somit die nötigen Daten verfügbar waren, die für die Diversitätsanalysen benötigt wurden.

4.2 Inventur

In dieser Studie wurden insgesamt 88 Pilzarten an Buche, 76 an Linde und 44 an Hainbuche gefunden. Es gab Arten, die an allen drei Baumarten vorkamen, andere Pilzarten kamen nur an einer Baumart vor, so dass insgesamt 145 verschiedene Pilzarten gefunden wurden. Dickie (2007) hat Ergebnisse verschiedener Studien, die die unterirdische Pilzartendiversität untersucht haben, zusammengefasst und die geschätzte Anzahl der Pilzarten als eine Funktion der ECM-ausbildenden Pflanzen dargestellt mit der Formel: $2,4 + 49,1 \times \text{Pflanzenanzahl mit Ektomykorrhizen}$ ($P < 0,001$; adjusted $r^2 = 0,95$). Da in dieser Studie in den Beständen drei Baumarten mit Ektomykorrhizen untersucht wurden, hätten ungefähr 150 Ektomykorrhizen gefunden werden müssen. Taylor et al. (2000) fanden in Buchenreinbeständen bei 3209 ausgezählten Wurzelspitzen 19 Morphotypen. Betrachtet man die Sättigungskurven in Kap. 3.1.9 entspricht dies auch dem hier gefundenen Wert: es wurden bei 3000 mykorrhizierten Wurzelspitzen in den Buchenreinbeständen ungefähr 20 Pilzarten gefunden. In der folgenden Tabelle sind verschiedene Studien aufgeführt, in denen sowohl in Buchenreinbeständen als auch in Mischbeständen die Artenanzahl der Mykorrhizen bestimmt wurde (Tab. 4.1.)

Tab. 4.1. Beispiele aus der Literatur zur Artenanzahl der Ektomykorrhizen in Buchenreinbeständen und verschiedenen Mischbeständen

Anzahl Mykorrhizaarten	Anzahl Proben	ausgezählte Wurzelspitzen	Untersuchte Baumarten	Literatur
60	168		<i>Fagus sylvatica</i>	Buée et al. (2005)
43	12		<i>Pseudotsuga menziesii</i> Mature trees	Cline et al. (2005)
20	76	192	<i>Pseudotsuga menziesii</i> seedlings	Cline et al. (2005)
31	90	41.091	<i>Fagus sylvatica</i>	Grebenc und Kraigher (2007)
137		8.218	<i>Abies homolepis</i> , <i>Tsuga sieboldii</i> , <i>Betula maximowicziana</i> , <i>Betula grossa</i> , <i>Fagus crenata</i> , <i>Fagus japonica</i> , <i>Quercus crispula</i>	Ishida et al. (2007)
121		5.634	<i>Abies homolepis</i> , <i>Betula maximowicziana</i> , <i>Carpinus japonica</i> , <i>Fagus crenata</i> , <i>Quercus crispula</i>	Ishida et al. (2007)
101	144		<i>Abies concolor</i> , <i>A. magnifica</i> , <i>Pinus jeffreyi</i> , <i>P. lambertiana</i>	Izzo et al. (2005)
20	36		<i>Abies balsamea</i> , <i>Picea glauca</i> , <i>Populus tremuloides</i> , <i>P. balsamifera</i> , <i>Betula papyrifera</i> , <i>Pinus banksiana</i> .	Kernaghan et al. (2003)
31	20		<i>Fagus sylvatica</i>	Kjøller (2006)
27	420		<i>Pinus resinosa</i>	Koide et al. (2005)
34	120		<i>Picea abies</i>	Korkama et al. (2006)
38	54		<i>Betula ermanii</i> , <i>Larix kaempferi</i> , <i>Salix reinii</i>	Nara (2006)
16	40		<i>Pinus sylvestris</i>	Saari et al (2005)
47	108	60.294	<i>Picea abies</i> , <i>Tilia cordata</i> , <i>Betula pendula</i> , <i>Populus tremula</i> , <i>Sorbus aucuparia</i>	Tedersoo et al. (2003)
66	50	2.442	<i>Picea abies</i> , <i>Pinus sylvestris</i> , <i>Betula pubescens</i>	Toljander et al. (2006)
75	259		<i>Quercus rubra</i> , <i>Q. prinus</i>	Walker et al. (2005)

Anhand dieser wenigen Beispiele wird deutlich, dass ein direkter Vergleich durch die unterschiedliche Anzahl der Proben und ausgezählten Wurzelspitzen und die verschiedenen Baumarten in den Studien schwierig ist. Wie auch in dieser Arbeit gezeigt wurde, hängt die Anzahl der gefunden Mykorrhizaarten von der Anzahl der ausgezählten mykorrhizierten Wurzelspitzen ab. Eine Sättigung wurde bei Buche erst zwischen 25.000-28.000, bei Linde bei zwischen 15.000-18.000 und bei Hainbuche bei ungefähr 6000 mykorrhizierten Wurzelspitzen erreicht.

Die Anzahl der Proben, die Probenahme-strategie und die Struktur der vorhandenen Mykorrhizagesellschaften haben einen starken Einfluss auf die Ergebnisse (Taylor 2002). Verschiedene Eigenheiten der ECM-Gesellschaft spielen dabei eine Rolle, z. B. die vertikale Verteilung der ECM. Es gibt Arten, die nur in der Humusaufgabe und Arten, die nur im Mineralboden vorkommen. Letztere werden je nach Tiefe der Probenahme nicht mitbeprob-t (Taylor 2002). Die Mykorrhizaarten sind nicht gleichverteilt sondern kommen häufig geklumpt vor. Das wurde auch in dieser Studie festgestellt: es gab Proben, in denen z. B. *Lactarius subdulcis* 100 % der mykorrhizierten Wurzelspitzen ausmachte, andere in denen der Pilz fehlte. Haben die Probenahmepunkte auf einer Versuchsfläche nicht genügend Abstand zueinander kann es sein, dass eine Art, die geklumpt vorkommt, mehrfach beprobt wird (Taylor 2002).

Voraussetzungen für die Berechnung der Diversitätsindizes sind eine zufällige Probenahme und die Zählung der Individuen einer Art. Bei einer zufälligen Probenahme müssen die Proben genügend Abstand zueinander haben, damit nicht wie oben beschrieben nur eine Art, die geklumpt vorkommt, beprobt wird. Die Zählung der Individuen bei Ektomykorrhizen ist problematisch, da nicht wirklich Individuen gezählt werden sondern die mykorrhizierten Wurzelspitzen. Viele mykorrhizierte Wurzelspitzen sind aber von nur einem Pilzindividuum besiedelt, werden aber als verschiedene Individuen gezählt. Die Anzahl der Individuen einer Art kann so deutlich überschätzt werden (Taylor 2002).

In dieser Studie wurden insgesamt 145 verschiedene Pilzarten festgestellt, aber nur 12 kamen an allen drei untersuchten Baumarten Buche, Linde und Hainbuche vor. Diese Pilzarten waren: *Cenococcum geophilum* (M10), *Xerocomus chrysenteron* (M26), *Inocybe maculata* (M21), *Clavulina cristata* (M27), *Amanita rubescens* (M43), *Russula delica* (M68), UECM (M73), UECM (M83), UECM (M84), UECM (*Thelephoraceae*) (M85), UECM (M86), UECM (M87). 45 Pilzarten kamen nur an Buche, 37 nur an Linde und 12 nur an Hainbuche vor. Das zeigt, dass ein Großteil der Pilzarten auf einen bestimmten Wirt spezialisiert ist oder zumindest Wirtspräferenzen ausbildet.

Die im Vergleich zu den arbuskulären Mykorrhizen (AM) große Anzahl der Pilzarten, die an der ECM beteiligt sind, hat ihre Ursache darin, dass viele Arten wirtsspezifisch sind bzw. Wirtspräferenzen haben (Allen et al. 1995). Molina et al. (1992) teilte die Pilzarten nach „wirtsspezifisch“, „mit Wirtspräferenzen“ und „Generalisten“ ein. Wenn ein Pilz mit vielen Baumarten eine Symbiose eingehen kann, hat er eine größere Möglichkeit, verschiedene Zuckerquellen zu erschließen. Pilzarten, die eine Wirtspräferenz haben, haben sich wahrscheinlich besser an Habitats und Pflanzenphysiologie bzw. -chemie des Wirtes angepasst (Molina et al. 1992). Im Laufe der Evolution haben sich Pilzarten der gleichen Familie an Baumarten der gleichen Familie angepasst (Ishida et al. 2007). Dies wäre eine Erklärung, warum sich die ECM-Gesellschaften an

den hier untersuchten Baumarten Buche, Linde und Hainbuche so deutlich unterscheiden (Kap 3.2.6). Alle drei Baumarten gehören unterschiedlichen Familien an, die Buche der Familie der Fagaceae, die Linde der Malvaceae, die Hainbuche der Betulaceae. Es kann also sein, dass man in ähnlich aufgebauten Beständen auch ähnliche ECM-Gesellschaften findet (Ishida et al. 2007). Es spielen aber auch Bodenparameter, Klima, die Geschichte des Bestandes und benachbarte Bestände eine wichtige Rolle (Horton und Bruns 1998), da sonst z. B. in fast allen Buchenbeständen ähnliche ECM-Gesellschaften vorkommen müssten. In dieser Studie waren die Unterschiede zwischen den Buchenreinbeständen deutlich: auf DL1 b war *L. subdulcis* die dominante Pilzart (17 %), auf DL1 a kam *L. subdulcis* deutlich seltener vor (5 %), während *Clavulina cristata* die dominante Art war (17 %).

Es wurden in dieser Studie Beispiele für Generalisten, insgesamt 12 (s.o), und für Pilzarten mit Wirtspräferenzen gefunden. Sowohl Generalisten wie z. B. *Cenococcum geophilum* (M10) und *Clavulina cristata* (M27) als auch Pilzarten mit Wirtspräferenzen wie z. B. *Lactarius subdulcis* (M30), konnten dominierende Arten auf der Fläche sein. *Lactarius subdulcis* (M30) gilt als Buchen spezifisch (Brand 1992, diPietro et al. 2007). In dieser Studie wurden sie auch an Linde gefunden, aber nur in sehr geringem Umfang. Wenige Arten - meist fünf bis zehn - machten auf den meisten Flächen 50-70 % der mykorrhizierten Wurzelspitzen aus. Solche Arten sind anscheinend gut an die Bedingungen angepasst und sind wichtig für die Nährstoffversorgung des Wirtes (Erland and Tylor 2002).

4.3 Diversität der Mykorrhizen

In dieser Studie wurde für die Buchenreinbestände ein SWI von 3,2 und für die Mischbestände ein Wert von 3,6 bestimmt. In anderen Buchenreinbeständen wurde z. B. ein SWI zwischen 2,3 und 3,9 (Taylor et al. 2000) und in anderen Mischbeständen mit 5 und 7 Baumarten ein SWI von 4,3 bzw. 4,4 berechnet (Ishida et al. 2007), wobei hier noch einmal erwähnt sei, dass der SWI stark von der Artenanzahl der Mykorrhizen und diese wiederum stark von der Anzahl der mykorrhizierten Wurzelspitzen abhängt. Ein direkter Vergleich ähnlicher Studien ist daher schwierig. Die Diversität der Ektomykorrhizen ist sehr hoch im Vergleich zu den eher artenarmen Baumbeständen der Wälder in der gemäßigten und der borealen Zone (Erland und Taylor 2002).

In dieser Studie konnte gezeigt werden, dass die Diversität der Ektomykorrhizen mit zunehmender Diversität der Baumarten, die Ektomykorrhizen ausbilden, zunahm von 3,2 auf 3,6. Dieses Ergebnis entspricht einer ähnlichen Studie, die 2003 im Norden Quebecs in einem Mischbestand mit *Abies balsamea*, *Picea glauca*, *Populus tremuloides*, *P. balsamifera*, *Betula papyrifera* und *Pinus banksiana* durchgeführt wurde. Auch dort nahm die Diversität der ECM mit zunehmender Baumartendiversität von 0,6 auf 1,5 signifikant zu (Kernaghan et al. 2003). Die Baumartendiversität hat scheinbar einen Einfluss auf die Diversität der Ektomykorrhizen.

Es bleibt allerdings die Frage, welche Vorteile Bäume und Pilze von dieser hohen Diversität der Ektomykorrhizen haben. Diese Frage kann bis heute nicht beantwortet

werden, aber es wurden auf Grund vieler Studien und Experimente Vermutungen aufgestellt.

Mögliche Ursachen für die hohe Diversität der ECM und die hohe Anzahl der beteiligten Pilzarten ist die Heterogenität des Bodens, eine unterschiedliche Ressourcenverteilung im Boden sowie die Konkurrenz bzw. Interaktionen mit anderen Mikroorganismen (Bruns 1995). Diese hohe Mykorrhizadiversität führt zu einer Zunahme der Effektivität der Nährstoffaufnahme von verschiedenen Orten und verschiedenen Substraten im Boden (Leake 2001). Dies geschieht zum einen dadurch, dass verschiedene Pilzarten verschiedene Mycelformen ausbilden (Agerer 2001) und dadurch verschiedene Nischen erreichen können und dass sie unterschiedliche Enzyme abgeben und dadurch verschiedene Nährstoffquellen erschließen können (Leake und Read 1997, Cairney 1999). Es wurde in einem Experiment mit *Betula populifolia* und verschiedenen Stufen der Mykorrhizadiversität festgestellt, dass die Pflanzen mit der höheren Pilzartendiversität eine höhere Phosphatkonzentration, ein geringeres Sprosswachstum aber eine höhere Wurzelbiomasse hatten (Baxter und Dighton 2001). Die Pflanzen produzierten bei höherer Pilzdiversität mehr Wurzeln, dadurch gab es mehr Wurzelspitzen, die von den Pilzen besiedelt werden konnten (Baxter und Dighton 2001). Für die Pilze erhöht sich dadurch die Anzahl der Kohlenstoffquellen (Newton 1992). Für die Pflanze entsteht eine größere Wurzeloberfläche durch die mehr Nährstoffe aufgenommen werden können. Dies geht jedoch auf Kosten des Sprosswachstums. Aufgrund dieser Studie könnte man vermuten, dass eine höhere Pilzartendiversität zu einer besseren Nährstoffversorgung für Pilz und Pflanze führt. Es ist allerdings schwierig, solche experimentellen Ergebnisse auf komplexe Ökosysteme zu übertragen. Baxter und Dighton (2001) verwendeten vier Pilzarten. Im Vergleich zu den Bedingungen im Wald ist das sehr wenig. Auch wurde in diesem Versuch mit Birkensetzlingen gearbeitet; Bäume in einem Altbestand können ganz anders reagieren (Leake 2001). Trotz dieser Nachteile gibt diese Studie Hinweise darauf, welche Vorteile die große Diversität der Mykorrhizen haben könnte (Leake 2001).

In der vorliegenden Arbeit konnten Schwankungen der Diversität der Mykorrhizen im Verlauf der Probenahmen, aber keine eindeutige saisonale Dynamik festgestellt werden. In anderen Studien konnte eine Saisonalität des Myzelwachstums (Wallander et al. 2001), des Wurzelwachstums (Stober et al. 2000) und der Enzymaktivität der Ektomykorrhizen (Buée et al. 2005) festgestellt werden.

In Laborexperimenten konnte nachgewiesen werden, dass zwischen den verschiedenen Pilzarten in Bezug auf Phosphataufnahme (Simard et al. 2002), Aufnahme von Aminosäuren (Wallenda und Read 1999), Effektivität beim Stickstofftransport zum Wirt (Colpaert et al. 1996) und die Fähigkeit, Stickstoff und Phosphat aus organischem Material zu mobilisieren (Leake und Read 1997, Erland und Taylor 2002) Unterschiede bestehen. In Mischbeständen mit Baumarten, die Ektomykorrhizen und Baumarten, die arbuskuläre Mykorrhizen ausbilden - wie die Mischbestände in dieser Studie - kann vermutet werden, dass die ECM die Nährstoffe eher aus organischen Quellen entnehmen und die AM aus mineralischen Quellen (Allen et al. 1995). Diese beiden Typen der Mykorrhizen würden vermutlich verschiedene Nischen für die Nährstoffversorgung nutzen.

Eine Erklärung für die Zunahme der Diversität könnte sein, dass sich die Ressourcen durch das Hinzukommen neuer Baumarten verändern und dadurch mehr Pilzarten Nischen finden. Eine weitere Erklärung könnte die Wirtspräferenz vieler Pilzarten sein. Je mehr Baumarten im Bestand vorkommen, umso mehr Pilzarten kommen darin vor. Eine mögliche Erklärung dafür könnte sein, dass verschiedene Baumarten unterschiedliche Wurzelexsudate abgeben (Grayston et al. 1996; Buée et al. 2000) und sich dadurch verschiedene Pilzarten ansiedeln.

Durch die Zunahme der Baumartendiversität verändert sich die Streuzusammensetzung. Sowohl saprophytische als auch ECM Pilze sind in der Lage Streu abzubauen, wobei ECM eher Streu der älteren, schon weiter zersetzten Humusschichten abbauen (Colpaert und van Tichelen 1996). Ein Einfluss der Streuzusammensetzung auf die ECM-Gesellschaft konnte von Conn und Dighton (2000) nachgewiesen werden. Pilzarten mit hoher Phosphatase-Aktivität kamen dort vor, wo die höchste Phosphatmobilisierung nachgewiesen werden konnte. Die Veränderung der Streuzusammensetzung könnte auch in dieser Studie eine mögliche Erklärung für die Zunahme der Ektomykorrhizadiversität sein. Esche und Linde haben eine nährstoffreiche und gut abbaubare Streu (Röhrig und Bartsch 1992). Weiterhin wurde deutlich, dass die Esche einen Großteil der Wurzelmasse in den Mischbeständen ausmachte. Die Wurzelkonkurrenz der Baumarten hat wahrscheinlich auch einen Einfluss auf die Zusammensetzung der ECM-Gesellschaft, da die Eschenwurzeln die Buchenwurzeln in tiefere Regionen verdrängen könnten und dort andere Mykorrhizaarten vorkommen als in der organischen Auflage (Dickie et al. 2002, Rosling et al. 2003).

Es konnte in dieser Arbeit keine Zu- oder Abnahme der Diversität der Ektomykorrhizen an den einzelnen Baumarten mit zunehmender Baumartendiversität in den Beständen festgestellt werden. Es wurde aber mit zunehmender Baumartendiversität eine Zunahme der Pilzarten festgestellt, die vermutlich auf die Wirtspräferenzen der Pilzarten zurückzuführen ist. Die Wirtspräferenz vieler Pilzarten konnte auch in der Clusteranalyse gezeigt werden. Die Baumarten bildeten über alle Flächen hinweg eigene Cluster unabhängig von den Diversitätsleveln und den Probenahmeterminen. Die Baumarten haben also einen großen Einfluss auf die Zusammensetzung der ECM-Gesellschaft und auf die Diversität der ECM. Die signifikante Steigerung der Diversität der ECM mit zunehmender Baumartendiversität ist in dieser Studie auf die hohe Anzahl wirtsspezifischer bzw. Pilzarten mit Wirtspräferenzen zurückzuführen.

Die Diversität der arbuskulären Mykorrhiza, die deutlich geringer ist als die der Ectomykorrhizen, kann die Diversität der Pflanzen beeinflussen (van der Heijden et al. 1998). Die hier vorliegende Studie zeigt, dass die Diversität der Baumarten einen Einfluss auf die Diversität der Mykorrhizen hat, eine Erklärung dafür ist die Wirtspräferenz vieler Pilzarten. Die Mykorrhizen können wahrscheinlich auch die Diversität der Bäume bzw. der Naturverjüngung beeinflussen. Durch das Myzel, das die Pilze im Boden ausbilden, können vor allem die Pflanzen in diesem Boden gut wachsen, die mit diesen Pilzarten auch eine Symbiose eingehen können (Allen et al. 1995). Ein Vorteil für die Samen, die in einem etablierten Myzel der Ektomykorrhizen keimen können, ist, dass sie schneller und mit einer größeren Diversität der ECM eine Symbiose eingehen können. Eine größere Diversität kann zu einer höheren Phosphatkonzentration in der Pflanze und zu einer höheren Wurzelbiomasse führen (Baxter und Dighton

2001). Weiterhin können sie mehr Nährstoffe und Wasser direkt vom Myzel oder durch das Myzel von anderen Pflanzen erhalten (Simard und Durall 2004). Nara (2005) zeigte, dass die Effektivität des Myzels stark von den beteiligten Pilzarten abhängig ist. Voraussetzung für die Ausbildung einer Verbindung zwischen verschiedenen Pflanzenarten über das Myzel ist, dass eine Pilzart beteiligt ist, die mit beiden Pflanzenarten eine Symbiose eingehen kann, also keine wirtsspezifische Pilzart sondern eher ein Generalist (Anderson und Cairney 2007).

Die ökologische Bedeutung der Vernetzung der Pflanzen durch das Pilzmyzel wird heute allerdings stark diskutiert (Simard und Durall 2004, Johnson et al. 2005, Taylor 2006, Peter 2006, Hodge 2006, Selosse et al. 2006), da einige Studien den Stofftransport zwischen verschiedenen Pflanzen nachweisen konnten (Finlay und Read 1986a und 1986b, Graves et al. 1997, Simard et al. 1997, Simard et al. 2002) und andere Studien den Transport von Kohlenstoffverbindungen innerhalb des Myzels, aber nicht in die verbundene Pflanze zeigten (Robinson und Fitter 1999, Wu et al. 2001, Pfeffer et al. 2004). Auch die Bedeutung des Myzels für die Entwicklung der Naturverjüngung wird heute diskutiert. Jonsson et al. (1999) konnten in einem Kiefernbestand nachweisen, dass die Altbäume und die Nachkommenschaften die gleiche ECM-Gesellschaft ausbildeten. Nara (2006) konnte auch zeigen, dass Weidennachkommenschaften sich in der Nähe eines älteren Baumes mit etablierter ECM-Gesellschaft besser entwickeln. Siedeln sich Baumarten an, die keine Symbiose mit dem Myzel eingehen können, kann das Wachstum dieser Baumarten negativ beeinflusst werden (Booth 2004). Kytöyita et al. (2003) zeigten in einer Studie mit krautigen Pflanzen, dass sich die Verjüngung in Gegenwart von mykorrhizierten älteren Pflanzen schlechter entwickelte.

4.4 Evaluation möglicher Funktionen der Ektomykorrhizen

Es wurde festgestellt, dass die Baumarten, die auf den Versuchsflächen vorkamen, einen unterschiedlich hohen Gehalt an verschiedenen Nährelementen in den Wurzeln hatten. Besonders die Esche hatte meistens einen signifikant höheren Gehalt an Nährelementen als Buche, Linde, Hainbuche und Ahorn. Weiterhin konnte bei einem Vergleich der Konzentrationen der untersuchten Elemente in den Buchenwurzeln auf den sechs Flächen festgestellt werden, dass zwischen den Flächen teilweise signifikante Unterschiede bestanden. Auch bei Linde, Esche und Hainbuche konnten bei einigen Elementen Unterschiede zwischen den Flächen gefunden werden. Nur bei Ahorn gab es kaum Unterschiede zwischen den Flächen. Die Unterschiede in der Elementkonzentration zum einen, zwischen den Baumarten, zum anderen aber auch innerhalb einer Baumart zwischen den Flächen ließen vermuten, dass es Zusammenhänge zwischen den vorkommenden Ektomykorrhizaarten und dem Elementgehalt der Wurzeln gab. Es konnten Korrelationen zwischen einigen Pilzarten und dem Elementgehalt der Buchenwurzeln und der relativen Häufigkeit dieser Pilzarten und einiger Bodenparameter festgestellt werden.

Pilzarten reagieren unterschiedlich auf Faktoren wie pH-Wert, Temperatur, Trockenstress Nährstoffversorgung, Bodenfeuchte und Dicke der organischen Auflage (Erland und Taylor 2002). Verschiedene Bodenparameter können sich aber auch ge-

gegenseitig beeinflussen. So hat der pH-Wert Einfluss auf viele andere Bodenfaktoren, wie z. B. die Al-Verfügbarkeit des Bodens, ein Anstieg der Al-Verfügbarkeit kann wiederum zu Nährstoffmangel der Pflanzen führen (Marschner 1991, Marschner 1995, Erland und Taylor 2002). Weiterhin hat der pH-Wert auch Einfluss auf das Pilzwachstum und auf die Enzymaktivität und damit indirekt auf die Fähigkeit der ECM Nährstoffe aus dem organischen Material zu lösen. Die Enzymaktivität ist aber auch abhängig von der Bodentemperatur. Es ist schwierig den Einfluss einzelner Bodenfaktoren auf die ECM-Gesellschaft zu bestimmen, da viele Bodenfaktoren sich nicht unabhängig voneinander verändern, was aber nicht ausschließt, dass auch der einzelne Faktor einen Einfluss auf die ECM hat (Erland und Taylor 2002). Cairney (1999) fasst mehrere Studien zusammen, in denen der Einfluss von Temperatur, pH-Wert, Aluminiumsensitivität, Trockenstress, und Nährstoffversorgung für einzelne Pilzarten nachgewiesen wurden. Allerdings wurden die meisten Studien, die Cairney zitiert, mit Pilzen in Reinkulturen durchgeführt, in der Natur können sich die Pilze anders verhalten. Aber trotzdem geben diese Studien Hinweise darauf, wie sich die Pilze verhalten können.

Für *Russula ochroleuca* (M4) wurde ein Zusammenhang zwischen dem Schwefel- und Kalziumgehalt der Wurzeln und dem Stickstoff- und Tongehalt des Bodens festgestellt. Diese Pilzart beeinflusst vermutlich den Elementgehalt der Wurzeln, wird aber auch selbst von Bodenparametern beeinflusst. *R. ochroleuca* bildet ein Myzel des Explorationstyps „Kontakt“ aus (Agerer 2001) und besitzt einen hydrophilen Hyphenmantel (Taylor and Alexander 2005). Da diese Form des Myzels keine Rhizomorphe ausbildet, könnten Nährstoffe nicht über längere Strecken transportiert werden. Diese Pilzart nimmt den größten Teil der Nährstoffe direkt über den Hyphenmantel auf.

L. subdulcis (M30) hat ähnliche Eigenschaften wie *R. ochroleuca*. Die relative Häufigkeit dieser Pilzart nahm mit steigender Bodenfeuchte im Trend ab. *L. subdulcis* ist eine Pilzart, bei der eine Enzymproduktion (saure Proteinase) nachgewiesen wurde (Leak und Read 1997). Dadurch kann diese Pilzart Nährstoffe durch die Hydrolyse von Proteinen gewinnen. Diese Pilzart wird als wirtsspezifisch für Buche beschrieben (Brand 1992, diPietro et al. 2007), auch in dieser Studie kam *L. subdulcis* fast ausschließlich an Buche vor, nur im ganz geringen Umfang auch an Linde.

Der Calciumgehalt und der Schwefelgehalt in den Buchenwurzeln stieg mit zunehmender Häufigkeit von *C. geophilum* (M10). Die relative Häufigkeit des Pilzes nahm mit steigendem P_{anorg} und pH-Wert im Boden zu. *C. geophilum* bildet einen markanten schwarzen melaninhaltigen Hyphenmantel aus, der vor Fraßfeinden schützt (Taylor und Alexander 2005). Dieser markante Hyphenmantel ermöglicht aber auch eine eindeutige Identifizierung. Diese Pilzart wurde in vielen Studien, in allen Bodenprofilen, Entwicklungsstadien der Bestände, allen Altersklassen und zu jeder Jahreszeit an vielen verschiedenen Baumarten und auf fast allen Kontinenten gefunden (Dickie 2007), wobei er überwiegend in der organischen Auflage gefunden wird (Jonsson et al. 2000). Auch in dieser Studie wurde *C. geophilum* an allen Baumarten und auf allen Flächen häufig gefunden. Die asexuelle Pilzart *C. geophilum* hat innerhalb und zwischen verschiedenen Beständen eine hohe genetische Diversität (LoBuglio et al. 1991, Jany et al. 2002, Douhan und Rizzo 2005). Es ist möglich, dass es sich nicht um eine Art handelt, sondern um einen Artenkomplex (Dickie 2007).

C. geophilum gilt als Mykorrhiza, die die Pflanzen vor Trockenstress schützt (Pigott 1982a, Pigott 1982b). Da sie zum Explorationstyp „kurze Distanz“ gehört (Agerer 2001), bildet sie keine Rhizomorphen aus. Ihre Fähigkeit, vor Trockenstress zu schützen beruht also nicht darauf, dass sie Wasser aus weiterer Entfernung transportieren kann, sondern darauf, dass sie im Hyphenmantel Wasser speichern kann. Im Hyphenmantel besitzt sie gelatinöse Zellen, die der Wasserspeicherung dienen (Pigott et al. 1982b, diPietro 2007). Es wurde auch in dieser Studie und in anderen Studien beobachtet (Massicotte et al. 1999), dass *C. geophilum* oft Wurzelspitzen besiedelt, die vorher von anderen Pilzarten besiedelt wurden. Häufig konnte man den alten Hyphenmantel noch erkennen. Es wurde nachgewiesen, dass bei schlechten Umweltbedingungen der Wurzelumsatz zunimmt, wodurch die Anzahl der neu zu besiedelnden Wurzelspitzen und auch das Vorkommen von *C. geophilum* zunimmt (LoBuglio 1999). Auch in dieser Pilzart konnte die Produktion verschiedener Enzyme nachgewiesen werden (saure Proteinase, Phosphatase und Phytase) für die Mobilisierung von Nährstoffen aus organischen Nährstoffquellen.

Für *Tomentella subilacina* (M1) konnte ebenfalls ein Zusammenhang mit dem Schwefel- und Kalziumgehalt in den Buchenwurzeln festgestellt werden. Diese Art kam häufig an Buche, seltener an Linde vor, sie wurde aber auch an Kiefer und Fichte gefunden (Jakucs et al. 2005). Diese Pilzart wurde oft in der organischen Auflage nachgewiesen, seltener im Mineralboden in Fichtenbeständen (Taylor und Bruns 1999).

Clavulina cristata (M27) wurde lange nicht als Mykorrhizapilz erkannt. In dieser Studie kam er sehr häufig an allen Baumarten und auf fast allen Flächen vor. Für diese Pilzart konnte kein Zusammenhang mit dem Elementgehalt der Buchenwurzeln nachgewiesen werden, sondern nur Trends für den Einfluss einiger Bodenparameter. So wurde die relative Häufigkeit dieser Pilzart durch den Stickstoff-, P_{anorg} - und dem Tongehalt und die Feuchtigkeit des Bodens beeinflusst.

Es konnten für nur sieben der 88 Pilzarten an Buche Zusammenhänge mit dem Elementgehalt der Wurzeln und einigen Bodenfaktoren festgestellt werden. Da die einzelnen Faktoren sich auch gegenseitig beeinflussen - wie oben am Beispiel des pH-Wertes beschrieben - ist es schwierig, Aussagen über einzelne Faktoren zu machen. Es wäre interessant Stofftransportversuche mit den hier beschriebenen Arten durchzuführen. Die meisten dieser Arten kamen sehr häufig an Buche vor und waren auf vielen Flächen auch dominante Arten. Dominante Pilzarten sind wahrscheinlich sehr gut an die vorhandenen Bedingungen angepasst (Molina et al. 1992, Erland und Taylor 2002). Es wäre aber auch interessant Versuche mit selteneren Arten durchzuführen, da vielleicht gerade diese Arten auf veränderte Umweltbedingungen reagieren können.

4.5 Ausblick

Die molekulare Weiterentwicklung hat einen großen Fortschritt in der Analyse der ECM-Gesellschaften gebracht (Horton und Bruns 2001). Durch die große Artenanzahl und hohe Diversität ist es aber immer noch unmöglich, die gesamte ECM-Gesellschaft eines Bestandes zu beschreiben (Erland und Taylor 2002). Das Morphotyping ist eine zeitaufwändige, aber bis jetzt immer noch die beste Methode, Aussagen über die Häufigkeit der Mykorrhizarten und die Struktur der Bestände zu treffen. Es wäre wichtig, andere Methoden zu entwickeln, die es erlauben eine größere Anzahl an Proben schneller zu bearbeiten.

Interessant wäre auch, die Funktionen der Pilzarten für die Baumarten genauer zu untersuchen. Die häufigsten Pilzarten könnten isoliert werden um Stofftransportversuche in Topfexperimenten durchzuführen. Dies würde zumindest Hinweise auf die Funktionsweise der Pilze geben, auch wenn diese Experimente nicht die Realität in einem Bestand wiedergeben (Read 2002). Wichtig wäre auch, Möglichkeiten zu finden, Stofftransportversuche im Bestand an bestandesbildenden Bäumen durchzuführen.

Ein weiterer wichtiger Punkt in der Mykorrhizaforschung ist die Erforschung der Rolle, die das Myzel im Boden hat. Das Myzel macht einen Großteil der Pilzmasse im Boden aus, es wurde auf 700-900 kg/ha Waldboden geschätzt (Wallander et al. 2001) und macht ungefähr 30 % der Bodenrespiration aus (Söderström und Read 1986). Es gibt zumindest Hinweise darauf, dass es Einfluss auf die Entwicklung der Naturverjüngung hat.

Es wäre auch interessant zu untersuchen, ob und wie AM und ECM miteinander konkurrieren oder ob sie wirklich verschiedene Nischen im Boden besiedeln.

5. Zusammenfassung

In den letzten Jahren hat sich die Erforschung des Zusammenhangs der oberirdischen und unterirdischen Diversität zu einem Schwerpunkt der Diversitätsforschung entwickelt. Dabei spielt die Interaktion zwischen Mykorrhizapilzen und Pflanzen eine besonders wichtige Rolle. Die meisten Untersuchungen in diesem Bereich fanden bisher auf Grund der einfacheren Handhabung der Pflanzen im Grünland statt. Es gibt nur wenige Studien, in denen diese Zusammenhänge in naturnahen Laubmischwäldern der gemäßigten Zone untersucht wurden. Ziel der vorliegenden Arbeit war es, die vorkommenden Ektomykorrhizaarten in verschiedenen artenreichen Laubmischwäldern im Nationalpark Hainich (Thüringen) zu bestimmen, den Zusammenhang zwischen Baumartendiversität und der Diversität der Ektomykorrhizen (ECM) sowie mögliche Zusammenhänge zwischen der Nährstoffversorgung der Baumwurzeln, den Pilzarten und verschiedenen Bodenparametern zu untersuchen.

Im Nationalpark Hainich wurden Versuchsflächen mit drei verschiedenen Diversitätsleveln (DL) der Baumarten ausgesucht: Buchenreinbestände (*Fagus sylvatica* L.) (DL1); Mischbestände mit Buchen, Linden (*Tilia platyphyllos* Scop. und *Tilia cordata* Mill.) und Eschen (*Fraxinus excelsior* L.) (DL 2) und Mischbestände mit Buchen, Linden, Eschen, Hainbuchen (*Carpinus betulus* L.) und Ahorn (*Acer pseudoplatanus* L. und *Acer platanoides* L.) (DL 3). Linden- und Ahornarten wurden im Rahmen dieser Studie nicht unterschieden und wurden jeweils unter der Bezeichnung „Linde“ und „Ahorn“ zusammengefaßt. Für jedes Diversitätslevel wurden zwei Flächen ausgewählt und auf jeder Fläche an sieben Probenahmeterminen, die sich über 2 Vegetationsperioden erstreckten, je 15-20 Bodenproben genommen. Nach dem Auswaschen der Wurzeln wurden die Mykorrhizen mit Hilfe des Morphotypings und anschließender DNA-Sequenzierung bestimmt. Zu einem ausgewählten Zeitpunkt wurden außerdem Nährlementanalysen der Wurzeln durchgeführt.

Die Wurzelspitzen der untersuchten Baumarten waren zu allen Zeitpunkten von April bis November durchweg zu mehr als 85 % mykorrhiziert. Insgesamt wurden 145 verschiedene ECM-Pilzarten auf allen Flächen gefunden. 88 davon wurden an Buche, 76 an Linde und 44 an Hainbuche gefunden. Es gab nur 12 Pilzarten, die an allen drei Baumarten (Buche, Linde, Hainbuche) vorkamen; der Großteil der Pilzarten kam fast ausschließlich an einer Baumart vor. Für viele Pilzarten muss daher eine Wirtsspezialisierung oder zumindest eine Wirtspräferenz vermutet werden. Es gab auch auf fast allen Flächen eine geringe Anzahl dominanter Pilzarten, die 30-50 % der mykorrhizierten Wurzeln ausmachten. Dies waren unter anderem sowohl Generalisten wie z. B. *Cenococcum geophilum* als auch Pilzarten mit Wirtspräferenzen wie z. B. *Lactarius subdulcis*.

Die Diversität der Mykorrhizen wurde durch die Berechnung des Shannon-Wiener-Index (SWI) und der Evenness dargestellt. Die ECM hatten eine hohe Diversität. Die arbuskulären Mykorrhizen, hatten keinen Einfluss auf den SWI der Mykorrhizen. Die Artenzahl der ECM-bildenden Pilze nahm mit zunehmender Baumartenzahl deutlich zu. Der SWI der ECM stieg aber nur geringfügig von 3,1 auf 3,6. Dieser

Anstieg war mit zunehmender Diversität der Baumarten im Wurzelbereich signifikant, wenn nur die Wurzeln der ECM-bildenden Baumarten berücksichtigt wurden.

Mit zunehmender Baumartendiversität im Bestand veränderte sich die Diversität der ECM an den einzelnen Baumarten aber nicht. Der Anstieg der Gesamtdiversität der ECM ist daher vermutlich hauptsächlich durch die Wirtspräferenzen der Pilzarten zu erklären. Es konnte kein Anstieg der Evenness mit zunehmender Baumartendiversität festgestellt werden. Es konnte aber mit Hilfe der Clusteranalyse festgestellt werden, dass sich die ECM-Gesellschaften an Buche, Linde und Hainbuche deutlich unterscheiden, was die Vermutung der Wirtsspezialisierung bzw. Wirtspräferenz untermauert. Die ECM-Gesellschaften variierten auch deutlich zwischen den Probenahmeterminen und den verschiedenen Flächen was vermuten lässt, dass die ECM-Gesellschaften sehr variabel und dynamisch sind.

Es konnten für wenige Pilzarten (*Cenococcum geophilum*, *Clavulina cristata*, *Lactarius subdulcis*, *Russula ochroleuca*) an Buchenwurzeln signifikante Zusammenhänge zwischen der relativen Häufigkeit der jeweiligen Pilzart und einigen Bodenparametern (pH-Wert, Bodenfeuchte, Phosphat-, Kohlenstoff-, Stickstoff- und Tongehalt des Bodens) ermittelt werden. Weiterhin wurde eine Korrelationen zwischen der Konzentration einiger Elemente (Mg, S, Ca, K, Mn) in den Buchenwurzeln und den Pilzarten *Cenococcum geophilum*, *Russula ochroleuca*, *Tomentella sublilacina*, *Thelephoraceae* spec. und *Xerocomus chrysenteron* nachgewiesen. Das lässt vermuten, dass bestimmte Ektomykorrhizen von Bodenfaktoren beeinflusst werden und dass verschiedene Ektomykorrhizaarten wiederum den Nährstoffgehalt der Wurzeln beeinflussen können. Um die einzelnen Funktionen der hier untersuchten Pilzarten weiter zu untersuchen, wäre die Durchführung von Stofftransportversuchen sowohl unter kontrollierten Bedingungen im Gewächshaus als auch im Bestand interessant.

Summary

In the last years the research of the relationship between the above and belowground diversity became a focus of the diversity research. The interaction between the mycorrhiza fungi and the plants plays an important role in this context. The most experiments were done with plants in the grassland. There are only a few studies in natural deciduous forests in the temperate zone. The objectives of this project were to determine the occurrence of ectomycorrhiza species in different deciduous forests in the National Park Hainich (Thuringia), to analyze the relationship between diversity of ectomycorrhiza (ECM) and tree diversity and to analyze the relationship between nutrient accumulation of tree roots, mycorrhiza species and different soil parameters.

In the National Park Hainich plots with three different diversity levels (DL) of tree species were selected: only with beech (*Fagus sylvatica* L.) (DL1); mixed forest with beech, lime (*Tilia platyphyllos* Scop., *Tilia cordata* Mill) and ash (*Fraxinus excelsior* L.) (DL2) and mixed stands with beech, lime, ash, hornbeam (*Carpinus betulus* L.) and maple (*Acer pseudoplatanus* L. and *Acer platanoides* L.) (DL3). The two different lime and maple species were not distinguished during this study and were summarized as “lime” and “maple”. For every diversity level, two plots were chosen and on every plot on 7 different dates reaching about 2 vegetation periods 15-20 soil samples were collected. After the roots were washed out with water, the mycorrhizas were determined by morphotyping and afterwards DNA-sequencing. On one sampling date, nutrient concentrations of the roots were analyzed.

The mycorrhizal infection rate was always about 85%. All together 145 different ECM-fungi species were found, 88 on beech, 76 on lime and 44 on hornbeam. Only 12 fungi species occurred on all three tree species; most of the fungi species were found only on one tree species. So that can be suggested a host specify or host preference of the fungi. On most of the plots, only a few fungi species were dominant, accounted 30-50% of the mycorrhizal root tips. This dominant species could be generalist like e.g. *Cenococcum geophilum* or fungi with host preferences like e.g. *Lactarius subdulcis*.

To describe the diversity Shannon-Wiener-Indices (SWI) and Evenness were used. The ECM has a high diversity. The arbuscular mycorrhizas had no influence on the SWI of the mycorrhiza. The number of ECM fungi increased with the increasing tree diversity. The SWI of the ECM increased slightly from 3.1 to 3.6 with increasing tree diversity. The relationship of the diversity of ECM and diversity of tree species was significant, if the SWI of tree species was calculated only with roots ectomycorrhiza-forming tree species.

However, with increasing tree diversity, the diversity of ECM on one tree species did not increase. So the increasing of the diversity of ECM on all three tree species can be explained with the host preference of the most fungi species. There was no increase of the Evenness with increasing tree diversity. With a cluster analyses, it could be shown that the composition of the ECM community on beech, lime and hornbeam is different, which supports the suggestion of host preference. The ECM community

varied between sampling dates and between the different plots, which suggest a high dynamic and variability of the ECM community.

For only a few fungi species (*Cenococcum geophilum*, *Clavulina cristata*, *Lactarius subdulcis*, *Russula ochroleuca*) on beech roots, a significant relationship between the relative frequency of this fungi and some soil parameters (pH, soil moisture, phosphate-, carbon-, nitrogen and clay-concentration in the soil) could be shown. In addition to that there were some correlation between the concentration of some elements (Mg, S, Ca, K, Mn) in the beech roots and the relative frequency of *Cenococcum geophilum*, *Russula ochroleuca*, *Tomentella sublilacina*, *Thelephoraceae* sp. and *Xerocomus chrysenteron*. This suggests, that some ECM are influenced by soil parameters, and - vice versa - some ECM influence the concentration of several elements in the tree roots. For further analyses of the function of these fungi species, additional test of nutrient transport under controlled conditions in a greenhouse as well as in a natural grown old forest are necessary.

6. Literatur

- Agerer R. 1987-2006. Colour Atlas of Ectomycorrhizae. EinhornVerlag+Druck GmbH, Schwäbisch Gemünd
- Agerer R. 2001. Exploration types of ectomycorrhizae a proposal to classify ectomycorrhizal mycelial systems according to their patterns of differentiation and putative ecological importance. *Mycorrhiza* 11, 107-114
- Allen E.B., Allen M.E., Helm D.J., Trappe J.M., Molina R., Rincon E. 1995. Patterns and regulation of mycorrhizal plant and fungal diversity. *Plant and Soil* 170, 47-62
- Altschul S.F., Madden T.L., Schaffer A., Zhang J., Zhang Z., Miller W., Lipman D.J. 1997. Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs. *Nucleic Acids Res.* 25, 3389-3402
- Álvarez I., Wendel J.F. 2003. Ribosomal ITS sequences and plant phylogenetic inference. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 29, 417-434
- Anderson I.C., Cairney J.W.G. 2007. Ectomycorrhizal fungi: exploring the mycelial frontier. *FEMS Microbiol Rev.* 31, 388-406
- Bahnweg G., Schulze S., Möller E.M., Rosenbrock H., Langebartels C., Sandermann H. 1998. DNA isolation from recalcitrant material such as tree roots, bark, and forest soil for the detection of fungal pathogens by Polymerase Chain Reaction. *Analytical Biochemistry* 262, 79-82
- Baxter J.W., Dighton J. 2001. Ectomycorrhizal diversity alters growth and nutrient acquisition of grey birch (*Betula populifolia*) seedlings in host-symbiont culture conditions. *New Phytologist* 152, 139-149
- Berbee M. L., Taylor J. W. 2001. Fungal molecular evolution: gene trees and geologic time. In: McLaughlin D. J., McLaughlin R. G., Lemke P. A. (Eds) *The Mycota VII. Part B. Systematics and Evolution*. Springer, Berlin, 229-245
- Bohrer K.E., Friese C.F., Amon J.P. 2004. Seasonal dynamics of arbuscular mycorrhizal fungi in differing wetland habitats. *Mycorrhiza* 14, 329-337
- Booth M.G. 2004. Mycorrhizal networks mediate overstorey-understorey competition in a temperate forest. *Ecology Letters* 7, 538-546
- Brand F. 1992. Mixed associations of fungi in ectomycorrhizal roots. In: Read D.J., Lewis D.H., Fitter A.H., Alexander I.J. (Eds) *Mycorrhizas in ecosystems*. CAB, Wallingford, UK, 142-147
- Bridge P., Spooner B. 2001. Soil fungi: diversity and detection. *Plant and Soil* 232, 147-154
- Bruns T.D. 1995. Thoughts on the processes that maintain local species diversity of ectomycorrhizal fungi. *Plant and Soil* 170, 63-73
- Buée M., Rossignol M., Jauneau A., Ranjeva R., Bécard G. 2000. The pre-symbiotic growth of arbuscular mycorrhizal fungi is induced by a branching factor partially purified from plant root exudates. *Molecular Plant-Microbe Interactions* 13, 693-698

- Buée M., Vairelles D., Garbaye J. 2005. Year-round monitoring of diversity and potential metabolic activity of the ectomycorrhizal community in a beech (*Fagus sylvatica*) forest subjected to two thinning regimes. *Mycorrhiza* 15, 235-245
- Bundeswaldinventur. <http://www.bundeswaldinventur.de/>
- Cairney J.W.G. 1999. Intraspecific physiological variation: implications for understanding functional diversity in ectomycorrhizal fungi. *Mycorrhiza* 9, 125-135
- Chen X.-Y., Hampp R. 1993. Sugar uptake by protoplasts of the ectomycorrhizal fungus, *Amanita muscaria* (L. ex Fr.) Hooker. *New Phytologist* 125, 601-608
- Cline E.T., Ammirati J.F., Edmonds R.L. 2005. Does proximity to mature trees influence ectomycorrhizal fungus communities of Douglas-fir seedlings? *New Phytologist* 166, 993-1009
- Colpaert J.V., Van Tichelen K.K. 1996. Decomposition, nitrogen and phosphorus mineralization from beech leaf litter colonized by ectomycorrhizal or litter-decomposing basidiomycete. *New Phytologist* 134, 123-132
- Colpaert J.V., van Laere A., van Assche J.A. 1996. Carbon and nitrogen allocation in ectomycorrhizal and non-mycorrhizal *Pinus sylvestris* L. seedlings. *Tree Physiol.* 16, 787-793
- Conn Ch., Dighton J. 2000. Litter quality influences on decomposition, ectomycorrhizal community structure and mycorrhizal root surface acid phosphatase activity. *Soil Biology and Biochemistry* 32, 48-496
- Cullen D.W., Hirsch P.R. 1998. Simple and rapid method for direct extraction of microbial DNA from soil for PCR. *Soil Biol. Biochem.* 30, 983-993
- Dahlberg A. 2001. Community ecology of ectomycorrhizal fungi: an advancing interdisciplinary field. *New Phytologist* 150, 555-562
- DeDeyn G.B., Van der Putten W.H. 2005. Linking aboveground and belowground diversity. *TRENDS in Ecology and Evolution* 20, 625-633
- DeRoman M., Claveria V., DeMiguel A.M. 2005. A revision of the descriptions of ectomycorrhizas published since 1961. *Mycological Research* 109, 1063-1104
- Dickie I. A., Xu B., Koide R. T. 2002. Vertical niche differentiation of ectomycorrhizal hyphae in soil as shown by T-RFLP analysis. *New Phytologist* 156, 527-535
- Dickie I. A. 2007. Host preference, niches and fungal diversity. *New Phytologist* 174, 230-233
- Di Pietro M., Churin J.-L., Garbaye J. 2007. Differential ability of ectomycorrhizas to survive drying. *Mycorrhiza* 17, 547-550
- Douhan G.W., Rizzo D.M. 2005. Phylogenetic divergence in a local population of the ectomycorrhizal fungus *Cenococcum geophilum*. *New Phytologist* 166, 263-271
- Ellenberg, H. 1996. *Vegetation Mitteleuropas mit den Alpen: in ökologischer, dynamischer und historischer Sicht.* 5. Aufl. Eugen Ulmer, Stuttgart
- Erland S., Taylor A.F.S. 2002. Diversity of ecto-mycorrhizal fungal communities in relation to the abiotic environment. In: van der Heijden M.G.A., Sanders I.R. (Eds) *Ecological Studies 157 Mycorrhizal Ecology.* Springer, Berlin Heidelberg, 163-200
- Frank A.B. 1885. Ueber die auf Wurzelsymbiose beruhende Ernährung gewisser Bäume durch unterirdische Pilze. *Bericht der deutschen botanischen Gesellschaft Band III*, 128-145

- Finlay R.D. 2008. Ecological aspects of mycorrhizal symbiosis: with special emphasis on the functional diversity of interactions involving the extraradical mycelium. *Journal of Experimental Botany* 59, 1115-1126
- Finlay R.D., Read D.J. 1986a. The structure and function of the vegetative mycelium of ectomycorrhizal plants. I. Translocation of ¹⁴C- labeled carbon between plants interconnected by a common mycelium. *New Phytologist* 103, 143-156
- Finlay R.D., Read D.J. 1986b. The structure and function of the vegetative mycelium of ectomycorrhizal plants. II. The uptake and distribution of phosphorus by mycelial strands interconnecting host plants. *New Phytologist* 103, 157-165
- Forschungsbericht 2007 Berichtszeitraum bis 31.12.2006, Nationalparkverwaltung Hainich, Freistaat Thüringen, März 2007 S. 34 Download auf <http://www.nationalpark-hainich.de>
- Godbold D.L., Hoosbeek M.R., Lukac M., Cotrufo M. F., Janssens I.A., Ceulemans R., Polle A., Velthorst E.J., Scarascia-Mugnozza G., De Angelis P., Miglietta F., Peressotti A. 2006. Mycorrhizal hyphal turnover as a dominant process for carbon input into soil organic matter. *Plant and Soil* 281, 15-24
- Graves J.D., Watkins N.K., Fitter A.H., Robinson D., Scrimgeour C. 1997. Intraspecific transfer of carbon between plants linked by a common mycorrhizal network. *Plant and Soil* 192, 153-159
- Grayston S.J., Vaughan D., Jones D. 1996. Rhizosphere carbon flow in trees, in comparison with annual plants: the importance of root exudation and its impact on microbial activity and nutrient availability. *Applied Soil Ecology* 5, 29-56
- Grebenc T., Kraigher H. 2007. Types of ectomycorrhiza of mature beech and spruce at ozone-fumigated and control forest plots. *Environmental Monitoring and Assessment* 127, 47-59
- Guckland A., Brauns M., Flessa H., Thomas F., Leuschner Ch. Acidity, nutrient stocks and organic matter content in soils of a temperate deciduous forest with different abundance of European beech (*Fagus sylvatica* L.), *Journal of Plant Nutrition and Soil Science*, in press
- He J., Xu Z., Hughes J. 2005. Analyses of soil fungal communities in adjacent natural forest and hoop pine plantation ecosystems of subtropical Australia using molecular approaches based on 18S rRNA genes. *FEMS Microbiology Letters* 247, 91-100
- Heinrichs H., Brumsack H.J., Loftfield N., König N. 1986. Verbessertes Druckaufschlussystem für biologische und anorganische Materialien. *Zeitschrift für Pflanzenernährung und Bodenkunde* 149, 350-353
- Hodge A. 2006. Plastic plants and patchy soils. *Journal of Experimental Botany* 57, 401-411
- Horton T.R., Bruns T.D. 1998. Multiple – host fungi are the most frequent and abundant ectomycorrhizal types in a mixed stand of Douglas fir (*Pseudotsuga menziesii*) and Bishop pine (*Pinus muricata*). *New Phytologist* 139, 331-339
- Horton T.R., Bruns T.D. 2001. The molecular revolution in ectomycorrhizal ecology: peeking into the black-box. *Molecular Ecology* 10, 1855-1871

- Hölscher D., Hertel D., Leuschner C., Hottkowitz M. 2002. Tree species diversity and soil patchiness in a temperate broad-leaved forest with limited rooting space. *Flora* 197, 118-125
- Ishida T.A., Nara K., Hogetsu T. 2007. Host effects on ectomycorrhizal fungal communities: insight from eight host species in mixed conifer–broadleaf forests. *New Phytologist* 174, 430-440
- Izzo A., Agbowo J., Bruns T.D. 2005. Detection of plot-level changes in ectomycorrhizal communities across years in an old-growth mixed-conifer forest. *New Phytologist* 166, 619-630
- Jakucs E., Kovács G.M., Agerer R., Romsics C., Erős-Honti Z. 2005. Morphological-anatomical characterization and molecular identification of *Tomentella stiposa* ectomycorrhizae and related anatomotypes. *Mycorrhiza* 15, 247-258
- Jany J.-L., Garbaye J., Martin F. 2002. *Cenococcum geophilum* populations show a high degree of genetic diversity in beech forests. *New Phytologist* 154, 651-659
- Jasalavich C.A., Ostrofsky A., Jellison J. 2000. Detection and identification of decay fungus in spruce wood by restriction fragment polymorphism analysis of amplified gene encoding rRNA. *Applied and Environmental Microbiology* 66, 4725-4734
- Johnson D., Ijdo M., Genney D.R., Anderson I.C., Alexander I.J. 2005. How do plants regulate the function, community structure, and diversity of mycorrhizal fungi? *Journal of Experimental Botany* 56, 1751-1760
- Jonsson L., Dahlberg A., Nilsson M.-C., Karén O., Zackrisson O. 1999. Continuity of ectomycorrhizal fungi in self-regenerating boreal *Pinus sylvestris* forests studied by comparing mycobiont diversity on seedlings and mature trees. *New Phytologist* 142, 151-162
- Jonsson L., Dahlberg A., Brandrud T.E. 2000. Spatiotemporal distribution of an ectomycorrhizal community in an oligotrophic Swedish *Picea abies* forest subjected to experimental nitrogen addition: above- and below-ground views. *Forest Ecology and Management* 132,143-156
- Jonsson L.M., Nilsson M.-C., Wardle D.A., Zackrisson O. 2001. Context dependent effects of ectomycorrhizal species richness tree seedling productivity. *OIKOS* 93, 353-364
- Kernaghan G., Widden P., Bergeron Y., Légaré S., Paré D. 2003. Biotic and abiotic factors affecting ectomycorrhizal diversity in boreal mixed-woods. *Oikos* 102, 497-504
- Kjøller R. 2006. Disproportionate abundance between ectomycorrhizal root tips and their associated mycelia. *FEMS Microbiol. Ecol.* 58, 214-224
- Klironomos J.N., McCune J., Hart M., Neville J. 2000. The influence of arbuscular mycorrhizae on the relationship between plant diversity and productivity. *Ecology Letters* 3, 137-141
- Koide R.T., Xu B., Sharda J. 2005. Contrasting below-ground views of an ectomycorrhizal fungal community. *New Phytologist* 166, 251-262
- Köljalg U., Larsson K.-H., Abarenkov K., Nilsson R.H., Alexander I.J., Eberhardt U., Erland S., Høiland K., Kjøller R., Larsson E., Pennanen T., Sen R., Taylor A. F.S., Tedersoo L., Vrålstad T., Ursing B. M. 2005. UNITE: a database provid-

- ing web-based methods for the molecular identification of ectomycorrhizal fungi. *New Phytologist* 166, 1063-1068
- Korkkama T., Pakkanen A., Pennanen T. 2006. Ectomycorrhizal community structure varies among Norway spruce (*Picea abies*) clones. *New Phytologist* 171, 815-824
- Korn S. 2004. Experimentelle Untersuchung der Wasseraufnahme und der hydraulischen Eigenschaften des Wurzelsystems von sechs heimischen Baumarten, Göttingen Dissertation zur Erlangung des Doktorgrades der Mathematisch-Naturwissenschaftlichen Fakultäten der Georg-August-Universität zu Göttingen
- Kottke I., Oberwinkler F. 1986. Review article Mycorrhiza of forest trees - structure and function. *Trees*, 1-24
- Kytöviita M.-M., Vestberg M., Tuomi J. 2003. A test of mutual aid in common mycorrhizal networks: Established vegetation negates benefit in seedlings *Ecology*. 84, 898-906
- LoBuglio K.F., Rogers S.O., Wang C.J.K. 1991. Variation in ribosomal DNA among isolates of the mycorrhiza fungus *Cenococcum geophilum*. *Canadian Journal of Botany* 69, 2331-2343
- Loreau M., Hector A. 2001. Partitioning selection and complementarity in biodiversity experiments. *Nature* 412, 72-75
- Loreau M., Naeem S., Inchausti P., Bengtsson J., Grime J.P., Hector A., Hooper D.U., Huston M.A., Raffaelli D., Schmid B., Tilman D., Wardle D.A. 2001. Biodiversity and ecosystem functioning: current knowledge and future challenges. *Science* 294, 804-808
- Leake J.R., Read D.J. 1997. Mycorrhizal fungi in terrestrial habitats. In: Wicklow D., Söderström B., (Eds) *The Mycota IV environmental and microbial relationships*. Springer, Berlin, 281-301
- Leake J.R. 2001. Is diversity of ectomycorrhizal fungi important for ecosystem function? *New Phytologist* 152, 1-8
- LePage B.A., Currah R., Stockey R., Rothwell, G.W. 1997. Fossil ectomycorrhiza in eocene Pinus roots. *American Journal of Botany* 84, 410-412
- Lyr H., Fiedler H.J., Tranquillini W. 1992. *Physiologie und Ökologie der Gehölze*. Gustav Fischer, Stuttgart
- Marschner H. 1991. Mechanisms of adaptation of plants to acid soils. *Plant and Soil* 134, 1-20
- Marschner H. 1995. *Mineral nutrition of higher plants*, 2nd edition Academic Press/Harcourt Brace, London
- Massicotte H.B., Molina R., Tackaberry L.E., Smith J.E., Amaranthus M.P. 1999. Diversity and host specificity of ectomycorrhizal fungi retrieved from three adjacent forest sites by five host species. *Canadian Journal of Botany* 77, 1053-1076
- Melin E., Nilsson H. 1950. Transfer of radioactive phosphorus to pine seedlings by means of mycorrhizal hyphae. *Physiologia Plantarum* 3, 88-92
- Melin E., Nilsson H. 1953a. Transfer of labeled nitrogen from glutamic acid to pine seedlings through the mycelium of *Boletus variegatus* (S. W.) Fr.. *Nature* 171, 434

- Melin E., Nilsson H. 1953b. Transport of labeled phosphorus to pine seedlings through the mycelium of *Cortinarius glaucopus* (Shaeff ex. Fr.) Fr.. Svensk Botanisk Tidskrift 48, 555-558
- Melin E., Nilsson H. 1957. Transport of C14-labeled photosynthate to the fungal associate of pine mycorrhiza. Svensk Botanisk Tidskrift 51, 166-186
- Meyer F.H. 1973. Distribution of ectomycorrhizae in native and man-made forests. In: Marks G.C., Kozlowski T.T. (Eds) Ectomycorrhizae. Academic Press, New York, 79-105
- Ministerium für Umwelt und Forsten Mainz. 1997. Aktuelle Richtlinien für den naturnahen Waldbau in Rheinland-Pfalz. Landesforstverwaltung Rheinland-Pfalz
- Molina R., Massicotte H., Trappe J. M. 1992. Specificity phenomenon in mycorrhizal symbiosis: community ecological consequences and practical implications. In: Allen M. F. (Eds) Mycorrhizal Functioning. Chapman and Hall, London, 357-423
- Moré M., Herrick J.B., Silva M.C., Ghiorse W.C., Madsen E.L. 1994. Quantitative cell lysis of indigenous microorganisms and rapid extraction of microbial DNA from sediment. Applied and Environmental Microbiology, 60, 1572-1580
- Mühlenberg M. 1993. Freilandökologie. 3. Aufl. Uni-Taschenbücher 595. Quelle & Meyer, Heidelberg
- Nara K. 2005. Ectomycorrhizal networks and seedlings establishment during early primary succession. New Phytologist 169, 169-178
- Nara K. 2006. Pioneer dwarf willow may facilitate tree succession by providing late colonizers with compatible ectomycorrhizal fungi in a primary successional volcanic desert. New Phytologist 71, 187-198
- Nationalpark Hainich (<http://www.nationalpark-hainich.de>)
- Naumann D. 2000. Infrared spectroscopy in microbiology. In: Mayers R.A. (Eds) Encyclopedia of analytical chemistry. John Wiley and Sons Ltd, Chichester, 192-131
- Newton A.C. 1992. Towards a functional classification of ectomycorrhizal fungi. Mycorrhiza 2, 75-79
- Niedersächsisches Ministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten, ABT. 4 Forsten 1992. Niedersächsisches Programm zur langfristigen ökologischen Waldentwicklung in den Landesforsten (LÖWE). Niedersächsisches Forstplanungsamt
- Peter M. 2006. Ectomycorrhizal fungi – fairy-rings and the wood-wide-web. New Phytologist 171, 688-693
- Peterson R.L., Massicotte H.B. 2004. Exploring structural definition of mycorrhizas, with emphasis on nutrient-exchange interfaces. Canadian Journal of Botany 82, 1074-1088
- Perez-Moreno J., Read D.J. 2000. Mobilization and transfer of nutrients from litter to tree seedlings via the vegetative mycelium of ectomycorrhizal plants. New Phytologist 145, 301-309
- Pfeffer P.E., Douds D.D. Jr., Bücking H., Schwartzand D.P., Shachar-Hill Y. 2004. The fungus does not transfer carbon to or between roots in an arbuscular mycorrhizal symbiosis. New Phytologist 163, 617-627

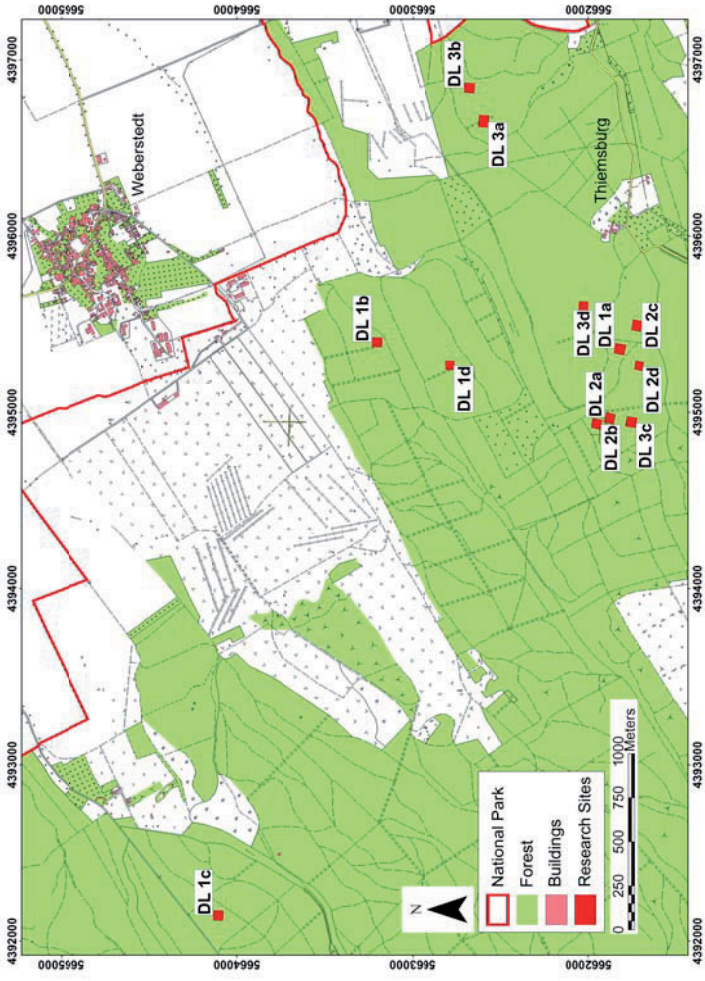
- Pigott C.D. 1982a. Fine structure of mycorrhiza formed by *Cenococcum geophilum* Fr. on *Tilia cordata* Mill. New Phytologist 92, 501-512
- Pigott C.D. 1982b. Survival of mycorrhiza formed by *Cenococcum geophilum* Fr. in dry soil. New Phytologist 92, 513-517
- Raidl S., Bonfigli R., Agerer R. 2005. Calibration of Quantitative Real-Time Taqman PCR by correlation with hyphal biomass and ITS copies in mycelia of *Piloderma croceum*. Plant Biology 7, 713-717
- Read D.J. 1992. The mycorrhizal mycelium In: Allen M. F. (Eds) Mycorrhizal Functioning. Chapman and Hall, London, 102-133
- Read D.J. 2002. Towards ecological relevance-progress and pitfalls in the path towards an understanding of mycorrhizal functions in nature. In: van der Heijden M.G.A., Sanders I.R. (Eds) Ecological Studies, Vol 157 Mycorrhizal Ecology, Springer, Berlin, 3-29
- Röhrig E., Bartsch N. 1992. Waldbau auf ökologischer Grundlage. Erster Band: Der Wald als Vegetationsform und seine Bedeutung für den Menschen. 6. Aufl. Paul Parey, Hamburg und Berlin
- Robinson D., Fitter A. 1999. The magnitude and control of carbon transfer between plants linked by a common mycorrhizal network. Journal of Experimental Botany 50, 9-13
- Remy W., Taylor N.T., Hass H., Kerp H. 1994. Four hundred-million-year-old vesicular arbuscular mycorrhizae. Plant Biology 91, 11841-11843
- Rosling A., Landeweert R., Lindahl B.D., Larsson K.-H., Kuyper T. W., Taylor A.F. S., Finlay R.D. 2003. Vertical distribution of ectomycorrhizal fungal taxa in a podzol soil profile. New Phytologist 159, 775-783
- Saari S.K., Campbell C.D., Russell J., Alexander I.J., Anderson I.C. 2005. Pine microsatellite markers allow roots and ectomycorrhizas to be linked to individual trees. New Phytologist 165, 295-304
- Sanger F., Nicklen S., Coulson A.R. 1977. DNA Sequencing with chain-termination inhibitors. Proceedings of the National Academy of Science USA 74, 5463-5467
- Schützendübel A., Polle A. 2002. Plant responses to abiotic stresses: heavy metal-induces oxidative stress and protection by mycorrhization. Journal of Experimental Botany 53, 1351-1365
- Selosse M.-A., Richard F., He X., Simard S. W. 2006. Mycorrhizal networks: des liaisons dangereuses? Trends in Ecology and Evolution 21, 621-628
- Shi L., Guttenberger M., Kottke I., Hampp R. 2002. The effect of drought on mycorrhizas of beech (*Fagus sylvatica* L.): changes in community structure, and the content of carbohydrates and nitrogen storage bodies of the fungi. Mycorrhiza 12, 303-311
- Simard S.W., Durall D.M., Jones M. 1997. Carbon allocation and carbon transfer between *Betula papyrifera* and *Pseudotsuga menziesii* seedlings using a ¹³C pulse labeling method. Plant and Soil 191, 41-55
- Simard S.W., Durall D.M., Jones M. 2002. Carbon and nutrient fluxes within and between mycorrhizal plants. In: van der Heijden M.G.A., Sanders I.R. (Eds) Ecological Studies 157. Mycorrhizal Ecology. Springer, Berlin, 33-74

- Simard S.W., Durall D.M. 2004. Mycorrhizal networks: a review of their extent, function, and importance. *Canadian Journal of Botany* 82, 1140-1165
- Smalla K., Cresswell N., Mendonca-Hagler L.C., Wolters A., van Elsas J.D. 1993. Rapid DNA extraction protocol from soil for polymerase chain reaction-mediated amplification. *Journal of Applied Bacteriology* 74, 78-85
- Smith S.E., Read D.J. 1997. *Mycorrhizal Symbiosis*. 2nd Edition. Academic Press, London
- Söderström B., Read D.J. 1987. Respiratory activity of intact and excised ectomycorrhiza mycelial systems growing in unsterilized soil. *Soil Biol. Biochem.* 19, 231-236
- Steffan R.J., Atlsa R.M. 1988. DNA amplification to enhance detection of genetically engineered bacteria in environmental samples. *Applied and Environmental Microbiology* 54, 2908-2915
- Stober C., George E., Persson H. 2000. Root growth and response to nitrogen In: Schulze E-D. (Eds) *Ecological Studies* 142. Carbon and Nitrogen Cycling in European Forest Ecosystems. Springer, Berlin, 99-121
- Taylor A.F.S. 2002. Fungal diversity in ectomycorrhizal communities: sampling effort and species detection. *Plant and Soil* 244, 19-28
- Taylor A.F.S. 2006. Common mycelial networks: life-lines and radical addictions. *New Phytologist* 169, 6-8
- Taylor D.L., Bruns T.D. 1999. Community structure of ectomycorrhizal fungi in a *Pinus muricata* forest: minimal overlap between the mature forest and resistant propagule communities. *Molecular Ecology* 8, 1837-1850
- Taylor A.F.S., Alexander I. 2005. The ectomycorrhizal symbiosis: life in the real world *Mycologist*. Volume 19, 102-112
- Taylor A.F.S., Martin F., Read D.J. 2000. Fungal diversity in ectomycorrhizal communities of Norway spruce (*Picea abies* [L.] Karst.) and beech (*Fagus sylvatica* L.) along north-south transects in Europe. In: Schulze E-D. (Eds) *Ecological Studies* 142. Carbon and Nitrogen Cycling in European Forest Ecosystems. Springer, Berlin, 343-365
- Tebben C.C., Vahjen W. 1993. Interference of humic acids and DNA extracted directly from soil in detection and transformation of recombinant DNA from bacteria and yeast. *Applied and Environmental Microbiology* 59, 2657-2665
- Tedersoo L., Kõljalg U., Hallenberg N., Larsson K.-H. 2003. Fine scale distribution of ectomycorrhizal fungi and roots across substrate layers including coarse woody debris in a mixed forest. *New Phytologist* 159, 153-165
- Toljander J.F., Eberhardt U., Toljander Y.K., Paul L.R., Taylor A.F. S. 2006. Species composition of an ectomycorrhizal fungal community along a local nutrient gradient in a boreal forest. *New Phytologist* 170, 873-884
- Trappe J.M. 2005. A.B. Frank and mycorrhizae: the challenge to evolutionary and ecologic theory. *Mycorrhiza* 15, 277-281
- Tsai Y.L., Ohlson B.H. 1992. Rapid method for separation of bacterial DNA from humic substances in sediments for polymerase chain reaction. *Applied and Environmental Microbiology* 58, 2292-2295

- Van der Heijden M.G.A., Klironomos J.N., Ursic M., Moutoglis P., Streitwolf-Engel R., Boller T., Wiemken A., Sanders I.R. 1998. Mycorrhizal fungal diversity determines plant biodiversity, ecosystem variability and productivity. *Nature* 396, 69-72
- Van der Putten W.H., Vet L.E.M., Harvey J.A., Wäckers F.L. 2001. Linking above- and belowground multitrophic interactions of plants, herbivores, pathogens and their antagonists. *Trend in Ecology and Evolution* 16, 547-554
- Vazquez-Marrufo G., Vazquez-Garciduenas M.S., Gomez-Luna B.E., Olalde-Portugal V. 2002. DNA isolation from forest soil suitable for PCR assays of fungal and plant rRNA genes. *Plant Molecular Biology Reporter* 20, 379-390
- Viaud M., Pasquier A., Brygoo Y. 2000. Diversity of soil fungi studied by PCR-RFLP of ITS. *Mycol. Res.* 104, 1027-1032
- Walker J.F., Miller O.K. Jr., Horton J.L. 2005. Hyperdiversity of ectomycorrhizal fungus assemblages on oak seedlings in mixed forests in the southern Appalachian Mountains. *Molecular Ecology* 14, 829-838
- Wallenda T., Read D.J. 1999. Kinetics of amino acid uptake by ectomycorrhizal roots. *Plant, Cell and Environment* 22, 179-187
- Wallander H., Massicotte H. B., Nylund J.-E. 1997. Seasonal variation in protein, ergosterol and chitin in five morphotypes on *Pinus sylvestris* L. ectomycorrhizae in a mature Swedish forest. *Soil Biology Biochemistry* 29, 45-53
- Wallander H., Nilsson L. O., Hagerberg D., Bååth E. 2001. Estimation of the biomass and seasonal growth of external mycelium of ectomycorrhizal fungi in the field. *New Phytologist* 151, 753-760
- Wardle D.A., Bardgett R.D., Klironomos J.N., Setälä H., van der Putten W.H., Wall D.H. 2004. Ecological linkages between aboveground and belowground biota. *Science* 304, 1629-1633
- Weiß J. 2008. Charakterisierung von arbuskulärer Mykorrhizapilze bei Esche (*Fraxinus excelsior*) und Ahorn (*Acer spec.*) im Nationalpark Hainich. Masterarbeit Bösgen-Institut Abteilung Forstbotanik u. Baumphysiologie Univ. Göttingen
- White T.J., Bruns T., Lee S., Taylor J.W. 1990. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: Innis M. A., Gelgard D. H., Sninsky J. J., White T. J. (Eds) *PCR Protocols: A guide to methods and applications*. Academic Press, New York, 315-322
- Westhus W. 2005. Überblick über die Waldvegetation des Hainichs. Thüringer Landesanstalt für Wald, Jagd und Fischerei (Eds.): *Exkursionsführer zur Tagung der AG Forstliche Standorts- und Vegetationskunde vom 18.-21. Mai 2005 in Thüringen* 20-24
- Wu B., Nara K., Hogetsu T. 2001. Can ¹⁴C-labeled photosynthetic products move between *Pinus densiflora* seedlings linked by ectomycorrhizal mycelia? *New Phytologist* 149, 137-146
- Yeates C., Gillings M.R., Davison A.D., Altavilla N., Veal D.A. 1998. Methods for microbial DNA extraction from soil for PCR amplification. *Biological Procedures Online* 1, www.biologicalprocedures.com
- Zhou J., Bruns M.A., Tiedje J.M. 1996. DNA recovery from soils of diverse composition. *Applied and Environmental Microbiology* 62, 316-322

Anhang A

Karte 1: Lage der Versuchsflächen im Nationalpark Hainich. Die Karte wurde von M.Daenner erstellt. Die Karte wurde von der Thüringer Kataster- und Vermessungsverwaltung zur Verfügung gestellt.



Tab. A 1 Anzahl der ausgezählten Wurzelspitzen (mykorrhizierter, nicht mykorrhizierter und trockene Wurzelspitze) aufgeteilt nach Probenahmezeitpunkt, Flächen und Baumart. Maximale Anzahl mykorrhizierter Wurzelspitzen je Baumart fett gedruckt, Minimum fett und kursiv gedruckt.

Probenahme- termine	DL1 a		DL 1b		DL 2b		DL 2c		DL 3a_b		DL 3c		Σ		
	Buche	4095	Buche	3152	Buche	2150	Linde	658	Buche	3317	Linde	477		Hainbuche	Buche
April 2006	Mykorrhiziert	4095	3152	2150	658	3317	477	577	1290	3363	590	19669			
	Trockene + Nichtmykorrhiziert	3242	3341	2360	2201	3291	1056	1464	2472	3187	1430	24044			
Juli 2006	Mykorrhiziert	6431	5571	3704	588	3426	1707	1048	2578	2154	1514	28721			
	Trockene + Nichtmykorrhiziert	4021	3057	2505	427	3173	1076	1795	1943	2088	1320	21405			
September 2006	Mykorrhiziert	5702	5659	3344	538	2666	1635	744	2690	3025	1135	27138			
	Trockene + Nichtmykorrhiziert	2202	1994	712	286	870	534	176	981	469	409	37109			
November 2006	Mykorrhiziert	5557	4036	2498	217	3474	1373	1431	3066	1422	2458	1152	28307		
	Nichtmykorrhiziert	1104	629	326	85	584	180	394	270	149	304	181	4320		
	trockene Spitzen	5428	4089	2672	857	4907	758	2502	2601	1429	1905	1819	652	29619	
April 2007	Mykorrhiziert	4899	3848	2258	315	4124	2025	2500	2956	1756	2500	1274	1291	29746	
	Nichtmykorrhiziert	85	26	14	10	13	44	5	45	57	56	68	81	504	
	trockene Spitzen	4732	5893	4886	824	8018	1698	3591	2548	1056	4308	1336	1536	40426	
Juli 2007	Mykorrhiziert	6566	6163	3929	270	5484	2466	1935	3032	1573	2289	1125	782	35614	
	Nichtmykorrhiziert	77	19	45	19	0	29	13	40	13	18	2	2	277	
	trockene Spitzen	8451	5683	6460	732	8304	2386	4453	2896	1661	5805	1287	1764	49882	
September 2007	Mykorrhiziert	7070	9099	6698	1045	5424	2884	3747	4833	1863	2573	1881	1347	48464	
	Nichtmykorrhiziert	20	10	4	2	15	2	0	7	6	8	14	8	96	
	trockene Spitzen	7976	6458	5178	1136	7068	2327	3123	3996	2104	2377	2189	1488	45420	
Summe	Mykorrhiziert	40320	37528	24581	3631	27915	12567	11982	20445	6614	18362	9142	4572	217659	

Tab. A 2 Mykorrhizierungsrate und Anteil der trockenen Spitzen an der Gesamtzahl der Wurzelspitzen der drei Baumarten ab Probenahme November 2006. Es ist der Mittelwert der sechs Versuchsflächen \pm SD angegeben. Angabe in %, n = 5 – 15 Wurzelspitzen

Probenhamtermine	Mykorrhizierungsrate [%]			Anteil der trockenen Spitzen [%]		
	Buche	Linde	Hainbuche	Buche	Linde	Hainbuche
November 2006	85.24 \pm 3,90	85.53 \pm 9,23	90.76 \pm 0,34	48.94 \pm 6,32	50.19 \pm 17,39	40.81 \pm 9,64
April 2007	99.05 \pm 0,81	97.06 \pm 1,56	95.48 \pm 1,95	39.02 \pm 6,75	46.21 \pm 12,35	53.93 \pm 11,36
Juli 2007	99.33 \pm 0,46	97.70 \pm 2,89	99.46 \pm 0,40	38.71 \pm 8,73	44.10 \pm 11,06	39.70 \pm 12,66
September 2007	99.83 \pm 0,13	99.71 \pm 0,31	99.54 \pm 0,19	51.97 \pm 5,76	51.06 \pm 4,65	47.25 \pm 0,40

Tab. A 3 Anzahl der durchgeführten Sequenzierungen nach Baumarten sortiert.

Baumarten	Sequenzen insgesamt		davon	
	ECM-Arten	Baumarten	ECM-Arten	Baumarten
Buche	364	260	104	104
Linde	406	293	113	113
Hainbuche	116	66	50	50

Tab A.4 Shannon-Wiener-Indices (SWI) die in Kapitel 3.2 verwendet wurden


Flächenbe- zeichnung	SWI Gesamtdi- versität	SWI (Grund- fläche Bäume)	SWI Wurzeln	SWI Wurzel 3	SWI ECM	SWI Buche	SWI Buche normiert	SWI Linde	SWI Linde normiert
DL1 a	3.21	0.31	0.12	0	3.21	3.21	3.06		
DL1 b	3.10	0.45	0.15	0	3.10	3.10	2.69		
DL2 b	3.33	1.00	1.10	0.31	3.33	3.15	3.27	3.09	3.09
DL2 c	3.70	1.00	1.01	0.65	3.70	3.47	3.31	3.29	3.11
DL3 a_b	3.50	1.82	1.62	1.05	3.50	2.77	2.77	3.29	3.26
DL3 c	3.58	1.46	1.59	1.08	3.58	3.05	2.97	3.13	3.13


Anhang B

Beschreibung der Morphotypen nach Agerer (1987-2006).

Die GenBank accession number gibt die Nummer an, unter der die Sequenz der entsprechenden Pilzart in der NCBI-Datenbank eingetragen ist.


M1 (MF 1) *Tomentella sublilacina* s. Abschnitt 3.1.3


M2 (MF 4) <i>Craterellus cornucopioides</i>		
 <p>40fache Vergrößerung</p>	Farbe	weiß bis gelblich
	Verzweigung	sehr unterschiedlich, teilweise unverzweigt oder dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade bis gekrümmt
	Rhizomorphe	keine, von kurzen weißen Hyphen umgeben
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche und Linde
	GenBank accession number	EU816605
	Bemerkung	alte Mykorrhizen werden braun


M3 (MF 6) <i>Lactarius fluens</i>		
 <p>40fache Vergrößerung</p>	Farbe	gelb
	Verzweigung	unverzweigt
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine; kurze Hyphen umgeben den Hyphenmantel
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	EU816606
	Bemerkung	sieht manchmal behaart aus, manchmal aber auch ganz glatt


M4 (MF 14) *Russula ochroleuca* s. Abschnitt 3.1.3

M5 (MF 15) *Thelphoraceae* spec. s. Abschnitt 3.1.3


M6 (MF 16) UECM (<i>Tomentella</i>)		
 <p>12fache Vergrößerung</p>	Farbe	junge Mykorrhizen hell braun, später dunkler
	Verzweigung	dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade bis leicht gebogen
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche und Hainbuche
	GenBank accession number	EU816608
	Bemerkung	Oberfläche wirkt sehr glatt


M7 (MF 20)		
 <p>66fache Vergrößerung</p>	Farbe	weiß
	Verzweigung	unverzweigt
	Unverzweigte Enden	
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	Hyphenmantel sehr dünn, Wurzelzellen noch zu erkennen

M8 (MF 24) <i>Lactarius blennius</i>		
 <p>12fache Vergrößerung</p>	Farbe	hellbraun, beige
	Verzweigung	regelmäßig monopodial-pyramidal
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	selten, wurden kaum gesehen
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	EU816609
	Bemerkung	--


M9 (MF 26) <i>Humaria bemisphaerica</i>		
 <p>16fache Vergrößerung</p>	Farbe	dunkelbraun, die Spitzen etwas heller
	Verzweigung	stark verzweigt, pyramidal
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche und Linde
	GenBank accession number	EU816610
	Bemerkung	Abstände zwischen den Verzweigungen sehr gering, Oberfläche glatt aber von vielen weißen dickeren Hyphen umgeben

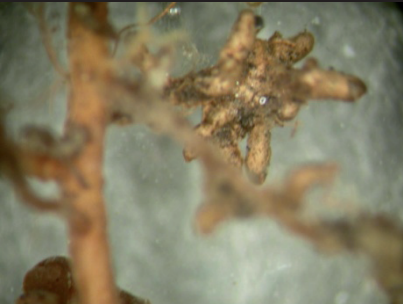
M10 (MF 27) *Cenococcum geophilum* s. Abschnitt 3.1.3




M11 (MF 28) <i>Genea bispidula</i>		
 <p>25fache Vergrößerung</p>	Farbe	braun
	Verzweigung	monopodial-pyramidal
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	kurze Distanz
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	EU816611
	Bemerkung	wenig verzweigt, nur 2-3 Abzweigungen im Gegensatz zu M9, dicke braune Hyphen

M12 (MF 29) <i>Inocybe asterospora</i>		
 <p>50fache Vergrößerung</p>	Farbe	weiß-grau
	Verzweigung	dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade bis leicht gebogen
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	EU816612
	Bemerkung	Oberfläche glänzend

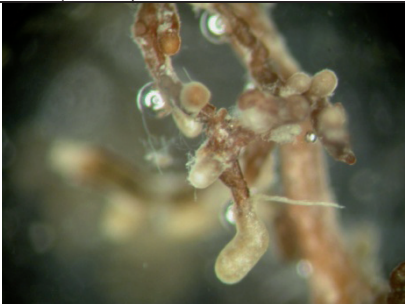
M13 (MF 32) UECM		
 <p>25fache Vergrößerung</p>	Farbe	hellbraun
	Verzweigung	dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	EU816613
	Bemerkung	selten verzweigt, max. 1-5 Verzweigungen, aber oft mehrere Wurzelspitzen hintereinander (s. Foto), umgeben von vielen weißen Hyphen

M14 (MF 34) UECM		
	Farbe	gelblich-grünlich
	Verzweigung	dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade bis leicht gebogen
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	EU816614
	Bemerkung	sehr dünner Hyphenmantel, oft durch neue Wurzelspitzen durchbrochen


M15 (MF 35)		
 <p>25fache Vergrößerung</p>	Farbe	hellbraun mit dunkelbraunen Punkten
	Verzweigung	korallenähnlich
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche und Hainbuche
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	auffallend sind die dunkelbraunen Punkte und oft noch viel Boden, der nicht abgewaschen werden konnte


M16 (MF 39)		
 <p>50fache Vergrößerung</p>	Farbe	hellbraun, beige
	Verzweigung	dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	die äußere Schicht des Hyphenmantels besteht aus vielen dünnen Hyphen und wirkt weiß bis durchsichtig
M17 (MF 40)		
 <p>25fache Vergrößerung</p>	Farbe	dunkelbraun
	Verzweigung	unverzweigt
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	Oberfläche glänzend, kommen an einer Wurzel häufig vor, aber immer einzeln und unverzweigt
M18 (MF 42) UECM		
 <p>25fache Vergrößerung</p>	Farbe	hellbraun bis beige
	Verzweigung	dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	EU816615
	Bemerkung	Oberfläche glänzend


M19 (MF 43) UECM		
 <p>16fache Vergrößerung</p>	Farbe	gelb, später dunkelbraun
	Verzweigung	korallenähnlich
	Unverzweigte Enden	gerade bis gebogen
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	EU816616
	Bemerkung	auffällig ist die Knäuelform, in der junge gelbe und alte dunkle Spitzen zusammen vorkommen.


M20 (MF 44)		
 <p>32fache Vergrößerung</p>	Farbe	dunkelbraun, Spitzen fast weiß
	Verzweigung	älterer Teil dichotom, junge Spitzen noch unverzweigt
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	vorhanden
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	--

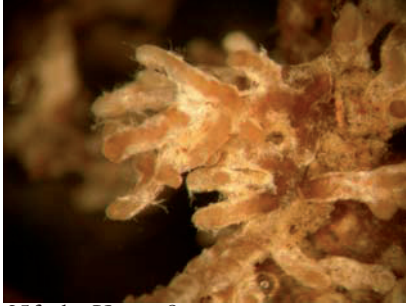
M21 (MF 47) *Inocybe maculata* s. Abschnitt 3.1.3.

M22 (MF 50) <i>Xerocomus pruinosus</i>		
 <p>20fache Vergrößerung</p>	Farbe	gelblich-grünlich mit weißem Überzug
	Verzweigung	monopodial-pinnat
	Unverzweigte Enden	gebogen
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche und Linde
	GenBank accession number	EU350582
	Bemerkung	teilweise weiß-silbern, da Luft mit in den Hyphenmantel eingeschlossen wurde

M23 (MF 52) <i>Tomentella stiposa</i>		
	Farbe	dunkelbraun
	Verzweigung	dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade bis leicht gebogen
	Rhizomorphe	selten
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	EU816618
	Bemerkung	Oberfläche sieht etwas rau aus
32fache Vergrößerung		


M24 (MF 63) <i>Tuber puberulum</i>		
	Farbe	gelb-orange
	Verzweigung	einfach oder pyramidal verzweigt
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	kurze Distanz
	Baumarten	Buche und Hainbuche
	GenBank accession number	EU816619
	Bemerkung	sieht M13 sehr ähnlich, aber deutlich von vielen kurzen Hyphen umgeben
40fache Vergrößerung		

M25 (MF 78) <i>Inocybe glabris</i>		
	Farbe	weiß, in späteren Stadien hellbraun
	Verzweigung	dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche und Hainbuche
	GenBank accession number	EU816620
	Bemerkung	viele kurze weiße Hyphen
66fache Vergrößerung		


M26 (MF 79) <i>Xerocomus chrysenteron</i>		
 25fache Vergrößerung	Farbe	gelblich orange
	Verzweigung	monopodial-pinnat oder unregelmäßig-pinnat
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	selten
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche, Linde und Hainbuche
	GenBank accession number	EU350581
	Bemerkung	Auffallend sind die Lufteinlagerungen um den Hyphenmantel, dadurch erscheint dieser Morphotyp teilweise silbern


M27 (MF 84) *Clavulina cristata* s. Abschnitt 3.1.3.


M28 (MF 94) UECM		
 32fache Vergrößerung	Farbe	dunkelbraun, fast schwarz
	Verzweigung	monopodial-pinnat
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	EU816622
	Bemerkung	an der Oberfläche sind keine Hyphen erkennbar

M29 (MF 95) <i>Russula fellea</i>		
 <p>32fache Vergrößerung</p>	Farbe	hellbraun
	Verzweigung	keine oder monopodial verzweigt
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	EU816623
	Bemerkung	Form kann sehr unterschiedlich sein, die Oberfläche wirkt grob gekörnt

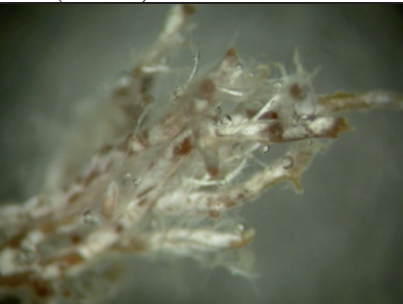
M30 (MF 100) *Lactarius subdulcis* s. Abschnitt 3.1.3

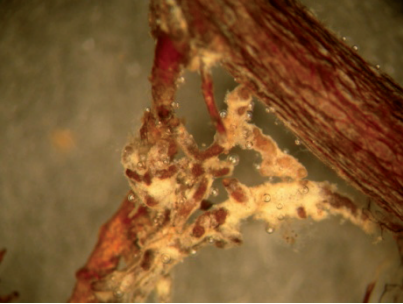


M31 (MF 103)		
 <p>12fache Vergrößerung</p>	Farbe	hellbraun bis grau
	Verzweigung	pyramidal
	Unverzweigte Enden	gerade bis gebogen
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	dünnere Hyphenmantel, oft von neuen Wurzelspitzen durchbrochen


M32 (MF 104) UECM		
 <p>10fache Vergrößerung</p>	Farbe	gelb bis braun
	Verzweigung	unregelmäßig pinnat
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	von vielen kurzen Hyphen umgeben


M33 (MF 106)		
	Farbe	braun bis grau
	Verzweigung	dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	vorhanden
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche und Hainbuche
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	--
40fache Vergrößerung		


M34 (MF 112)		
	Farbe	weiß bis leicht rötlich
	Verzweigung	Dichotom oder korallen-ähnlich
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	an den Bruchstellen rote Ränder
32fache Vergrößerung		

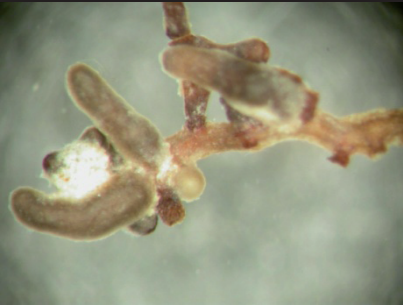
M35 (MF 121) <i>Cortinarius anomalus</i>		
	Farbe	braun mit weißem Überzug
	Verzweigung	dichotom bis unregelmäßig-pinnat
	Unverzweigte Enden	gebogen
	Rhizomorphe	häufig vorhanden
	Explorationstyp	k. A. andere Cortinariusarten: mittlere Distanz
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	EU816625
	Bemerkung	auffällig ist die große Anzahl an Rhizomorphe, der Hyphenmantel scheint silbern durch Luftabschluss im Hyphenmantel
16fache Vergrößerung		

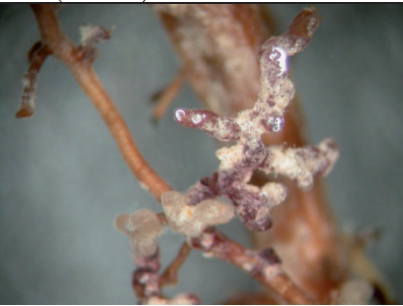
M36 (MF 132)		
 <p>16fache Vergrößerung</p>	Farbe	dunkelbraun bis gelb
	Verzweigung	dichotom
	Unverzweigte Enden	gebogen
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	von Hyphen umgeben, Bodenteile dadurch kaum abzuwaschen
M37 (MF 133) <i>Xeroconus badius</i>		
 <p>40fache Vergrößerung</p>	Farbe	gelb, von weißen Hyphen umgeben
	Verzweigung	monopodial-pyramidal
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	vorhanden
	Explorationstyp	lange Distanz
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	EU816626
	Bemerkung	Auffallend sind die vielen Lufteinlagerungen um den Hyphenmantel, dadurch erscheint dieser Morphotyp weiß-silbern
M38 (MF 134)		
 <p>32fache Vergrößerung</p>	Farbe	grau
	Verzweigung	unverzweigt
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	umgeben von vielen Hyphen, Bodenteile dadurch kaum abzuwaschen


M39 (MF 136) <i>Laccaria amethystina</i>		
	Farbe	grau-braun, Spitze violett
	Verzweigung	monopodial
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	mittlere Distanz
	Baumarten	Buche und Hainbuche
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	auffallend an jungen Mykorrhizen ist die violette Spitze
66fache Vergrößerung		


M40 (MF 138) UECM (<i>Tomentella</i>)		
	Farbe	weiß-beige, bei Linde aber braun
	Verzweigung	unverzweigt bei Buche, bei Linde dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche und Linde
	GenBank accession number	EU816627
	Bemerkung	bei Buche und Linde Aussehen sehr unterschiedlich, DNA-Sequenz jedoch fast identisch
12fache Vergrößerung		


M41 (MF 140) <i>Russula puellaris</i>		
	Farbe	braun
	Verzweigung	unverzweigt
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche und Hainbuche
	GenBank accession number	EU816628
	Bemerkung	Die Oberfläche sieht grob gekörnt aus
32fache Vergrößerung		


M42 (MF 146) UECM (<i>Trichocomaceae</i>)		
	Farbe	grau-braun
	Verzweigung	unverzweigt
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche und Hainbuche
	GenBank accession number	EU816629
	Bemerkung	--
40fache Vergrößerung		


M43 (MF 149) <i>Amanita rubescens</i>		
	Farbe	rot
	Verzweigung	unregelmäßig-pinnat
	Unverzweigte Enden	gebogen
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	an Buche, Hainbuche und Linde
	GenBank accession number	EU346872
	Bemerkung	oft bleiben Bodenpartikel am Hyphenmantel hängen
20fache Vergrößerung		


M44 (MF 150) UECM		
	Farbe	braun-beige
	Verzweigung	unregelmäßig- pinnat, dichotom-ähnlich
	Unverzweigte Enden	gerade bis gebogen
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	EU816630
	Bemerkung	kurze weiße Hyphen am unteren Ende
16fache Vergrößerung		


M45 (MF 158) UECM		
	Farbe	braun
	Verzweigung	dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	EU816631
	Bemerkung	von vielen langen, etwas dickeren Hyphen umgeben
32fache Vergrößerung		

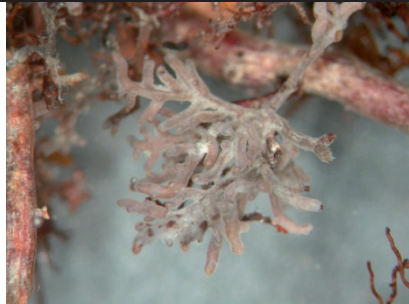
M46 (MF 200)		
	Farbe	weiß-gelb
	Verzweigung	monopodial-pinnat
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	am unteren Ende grau
26fache Vergrößerung		


M47 (MF 201)		
	Farbe	oben weiß, unten rot-grau
	Verzweigung	dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	--
32fache Vergrößerung		


M48 (MF 207) UECM		
	Farbe	braun
	Verzweigung	monopodial-pinnat
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	EU816632
	Bemerkung	sieht leicht trocken aus
20fache Vergrößerung		


M49 (MF 212) <i>Laccaria maritima</i>		
	Farbe	unteres Ende grau-braun, oben gelb-orange
	Verzweigung	unverzweigt
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche und Linde
	GenBank accession number	EU816633
	Bemerkung	von einem dünnen Mantel aus weißen Hyphen umgeben
40fache Vergrößerung		

M50 (MF 213)		
	Farbe	grau
	Verzweigung	unverzweigt
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	--
50fache Vergrößerung		


M51 (MF 216) <i>Russula raoultii</i>		
	Farbe	rötlich mit grauem Überzug
	Verzweigung	korallenähnlich
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	kontakt
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	EU816634
	Bemerkung	--
12fache Vergrößerung		

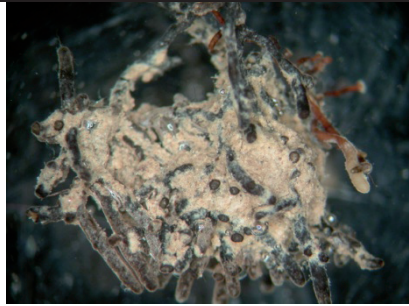
M52 (MF 217) UECM		
	Farbe	braun mit weißem Überzug
	Verzweigung	monopodial-pinnat
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche und Linde
	GenBank accession number	EU816635
	Bemerkung	--
25fache Vergrößerung		


M53 (MF 218)		
	Farbe	grau-braun
	Verzweigung	unregelmäßig-pinnat
	Unverzweigte Enden	gerade bis gebogen
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	sehr stark verzweigt
6fache Vergrößerung		


M54 (MF 219) <i>Russula solaris</i>		
	Farbe	gelb
	Verzweigung	dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	EU816636
	Bemerkung	kommt meist nur vereinzelt vor
50fache Vergrößerung		


M55 (MF 222)		
	Farbe	weiß
	Verzweigung	unverzweigt
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	von vielen Hyphen umgeben, kaum von Boden zu reinigen; kommt nur einzeln vor
20fache Vergrößerung		


M56 (MF 225) UECM (<i>Pezizomycotina</i>)		
	Farbe	rot-braun, am unteren Ende grau
	Verzweigung	korallenähnlich
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	EU816637
	Bemerkung	--
25fache Vergrößerung		

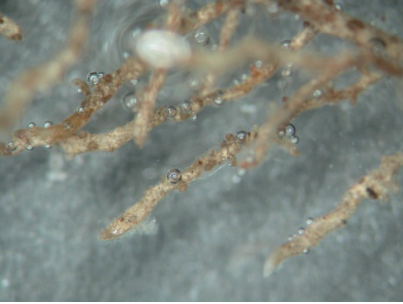
M57 (MF 226) UECM		
	Farbe	schwarz
	Verzweigung	korallenähnlich
	Unverzweigte Enden	gerade bis gebogen
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	EU816638
	Bemerkung	kommt auch vereinzelt und unverzweigt vor
	12fache Vergrößerung	

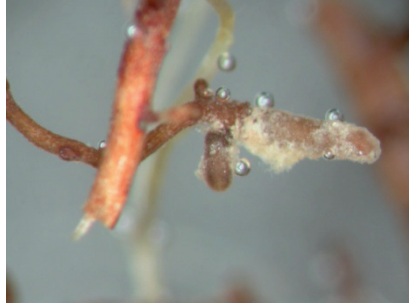
M58 (MF 309)		
	Farbe	schwarz
	Verzweigung	unverzweigt
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche und Hainbuche
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	kommt nur vereinzelt vor lange schwarze Hyphen
50fache Vergrößerung		


M59 (MF 314)		
	Farbe	braun bis beige
	Verzweigung	dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade bis gebogen
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	von vielen kurzen weißen Hyphen umgeben
	40fache Vergrößerung	


M60 (MF 319)		
 <p>25fache Vergrößerung</p>	Farbe	braun, Spitze gelblich
	Verzweigung	unverzweigt
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	Oberfläche wirkt sehr glatt


M61 (MF 320) <i>Tomentella</i> spec.		
 <p>25fache Vergrößerung</p>	Farbe	braun
	Verzweigung	dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	EU816639
	Bemerkung	von vielen kurzen Hyphen umgeben; an Bruchstellen rötlich-violett


M62 (MF 323)		
 <p>12fache Vergrößerung</p>	Farbe	braun
	Verzweigung	keine
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k.A.
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	Bodenteile kaum abzuwaschen

M63 (MF 325) UECM		
 <p>40fache Vergrößerung</p>	Farbe	braun
	Verzweigung	dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche und Linde
	GenBank accession number	EU816640
	Bemerkung	--

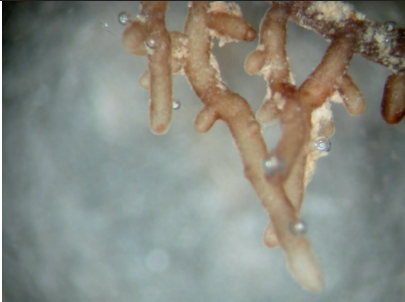
M64 (MF 326)		
 <p>32fache Vergrößerung</p>	Farbe	braun-grau
	Verzweigung	unverzweigt
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	--


M65 (MF 328)		
 <p>32fache Vergrößerung</p>	Farbe	braun
	Verzweigung	dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	--


M66 (MF 330) <i>Inocybe umbrina</i>		
	Farbe	hellbraun
	Verzweigung	dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	EU816641
	Bemerkung	Hyphen bilden weiße, durchsichtige Schicht
40fache Vergrößerung		


M67 (MF 331) <i>Russula chloroides</i>		
	Farbe	weiß
	Verzweigung	dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	selten
	Explorationstyp	Mittlere Distanz
	Baumarten	Buche und Linde
	GenBank accession number	EU816642
	Bemerkung	Bodenteilchen haften fest am Hyphenmantel
32fache Vergrößerung		


M68 (MF 332) *Russula delica* s. Abschnitt 3.1.3


M69 (MF 334) <i>Tomentella pilosa</i>		
	Farbe	hellbraun
	Verzweigung	dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche und Hainbuche
	GenBank accession number	EU816644
	Bemerkung	dünnere Hyphenmantel, oft von neuen Wurzelspitzen durchbrochen
25fache Vergrößerung		

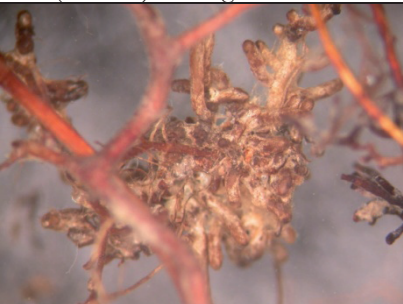
M70 (MF 401) <i>Inocybe glabripes</i>		
	Farbe	weiß bis leicht braun
	Verzweigung	dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	EU816645
	Bemerkung	--
16fache Vergrößerung		


M71 (MF 402)		
	Farbe	braun, Spitzen gelb
	Verzweigung	dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	--
25fache Vergrößerung		

M72 (MF 403)		
	Farbe	gelb-orange
	Verzweigung	unverzweigt bis dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	--
25fache Vergrößerung		


M73 (MF 404) UECM		
	Farbe	gelb-orange
	Verzweigung	gerade bis dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche, Linde, Hainbuche
	GenBank accession number	EU816646
	Bemerkung	--
32fache Vergrößerung		


M74 (MF 405) <i>Tomentella viridula</i>		
	Farbe	braun, Spitzen gelb
	Verzweigung	dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche und Linde
	GenBank accession number	EU816647
	Bemerkung	Spitze von vielen kurzen Hyphen umgeben
25fache Vergrößerung		


M75 (MF 406) <i>Melanogaster broomeianus</i>		
	Farbe	braun, mit silbernem Überzug
	Verzweigung	korallenähnlich
	Unverzweigte Enden	gerade bis gebogen
	Rhizomorphe	vorhanden
	Explorationstyp	Lange Distanz
	Baumarten	Buche und Hainbuche
	GenBank accession number	EU816648
	Bemerkung	die silberne Farbe entsteht durch Luft einschüsse im Hyphenmantel
16fache Vergrößerung		


M76 (MF 407)		
	Farbe	braun, Spitzen weiß
	Verzweigung	dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade bis gebogen
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	--
60fache Vergrößerung		


M77 (MF 408) <i>Tomentella terrestris</i>		
	Farbe	gelb
	Verzweigung	unregelmäßig-pinnat, dichotom-ähnlich
	Unverzweigte Enden	gerade bis gebogen
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche und Linde
	GenBank accession number	EU816649
	Bemerkung	an den Bruchstellen rot
10fache Vergrößerung		


M78 (MF 409)		
	Farbe	braun
	Verzweigung	vereinzelt
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	leicht angetrocknet
25fache Vergrößerung		


M79 (MF 414)		
	Farbe	braun
	Verzweigung	dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	von vielen kurzen bis längeren weißen Hyphen umgeben
	40fache Vergrößerung	


M80 (MF 415)		
	Farbe	grau-grün
	Verzweigung	korallenähnlich
	Unverzweigte Enden	gebogen
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	im Hyphenmantel Luft-einschluss, darum teilweise silbernes Aussehen
	16fache Vergrößerung	

M81 (MF 419)		
	Farbe	rot-violett
	Verzweigung	korallenähnlich
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	stark korallenähnlich
	16fache Vergrößerung	


M82 (MF 500) UECM		
	Farbe	weiß-beige
	Verzweigung	dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche und Linde
	GenBank accession number	EU816650
	Bemerkung	lange weiße Hyphen vorhanden
32fache Vergrößerung		

M83 (MC 17) UECM		
	Farbe	braun-schwarz
	Verzweigung	dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche, Linde, Hainbuche
	GenBank accession number	EU816651
	Bemerkung	--
32fache Vergrößerung		


M84 (MT 58) UECM		
	Farbe	weiß-grau
	Verzweigung	unverzweigt
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche, Linde, Hainbuche
	GenBank accession number	EU816652
	Bemerkung	--
32fache Vergrößerung		

M85 (MT 117) UECM (<i>Thelephoraceae</i>)		
	Farbe	braun mit dunklen Flecken
	Verzweigung	monopodial-pyramidal
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	vorhanden
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche, Linde, Hainbuche
	GenBank accession number	EU816653
	Bemerkung	--


20fache Vergrößerung


M86 (MT 55) UECM		
	Farbe	schwarz
	Verzweigung	unverzweigt
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche, Linde, Hainbuche
	GenBank accession number	EU816654
	Bemerkung	im Inneren fast weiß


32fache Vergrößerung




M87 (MT 95) UECM		
	Farbe	hellbraun
	Verzweigung	dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade bis gebogen
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche, Linde, Hainbuche
	GenBank accession number	EU816655
	Bemerkung	--


20fache Vergrößerung


M88 (MT 87) <i>Inocybe spec.</i>		
 <p>32fache Vergrößerung</p>	Farbe	violett, an der Spitze gelb-orange
	Verzweigung	monopodial-pyramidal
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Buche, Linde
	GenBank accession number	EU816656
	Bemerkung	leicht angetrocknet


M89 (MT 1) <i>Inocybe geophylla</i>		
 <p>20fache Vergrößerung</p>	Farbe	weiß
	Verzweigung	meistens unverzweigt, manchmal dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Linde
	GenBank accession number	EU816657
	Bemerkung	Oberfläche sehr glatt, viele weiße Hyphen; Bodenteilchen haften teilweise sehr stark am Hyphenmantel




M90 (MT 2) <i>Sebacina spec.</i>		
 <p>8fache Vergrößerung</p>	Farbe	hell- bis dunkelbraun
	Verzweigung	korallenähnlich
	Unverzweigte Enden	gerade bis gebogen
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Linde und Hainbuche
	GenBank accession number	EU826353
	Bemerkung	Boden ist kaum vom Hyphenmantel zu entfernen

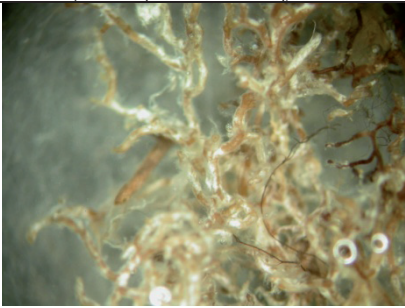
M91 (MT 6) UECM (<i>Inocybe</i>)		
	Farbe	beige bis hellbraun
	Verzweigung	unverzweigt
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Linde
	GenBank accession number	EU816658
	Bemerkung	--
32fache Vergrößerung		
M92 (MT 11) UECM		
	Farbe	hellgelb
	Verzweigung	korallenähnlich
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	vorhanden
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Linde
	GenBank accession number	EU816659
	Bemerkung	Luft im Mantel eingeschlossen, daher teilweise silbern
32fache Vergrößerung		
M93 (MT 12) UECM		
	Farbe	dunkelbraun
	Verzweigung	dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Linde
	GenBank accession number	EU816660
	Bemerkung	vom Hyphenmantel gehen viele kurze weiße Hyphen aus
16fache Vergrößerung		


M94 (MT 21)		
	Farbe	beige
	Verzweigung	korallenähnlich
	Unverzweigte Enden	sehr kurz und gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Linde
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	von einem dichten Mantel kurzer, weißer Hyphen umgeben
	40fache Vergrößerung	

M95 (MT 29) UECM		
	Farbe	hellbraun
	Verzweigung	unverzweigt oder gegabelt
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Linde
	GenBank accession number	EU816661
	Bemerkung	sehr dünner Hyphenmantel
25fache Vergrößerung		


M96 (MT 33)		
	Farbe	braun bis leicht rötlich
	Verzweigung	unverzweigt
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Linde
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	--
40fache Vergrößerung		


M97 (MT 37) <i>Russula cyanoxantha</i>		
	Farbe	braun-grau
	Verzweigung	unverzweigt
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	vorhanden, aber selten
	Explorationstyp	mittlere Distanz
	Baumarten	Linde
	GenBank accession number	EU816662
	Bemerkung	viele dünne, kurze Hyphen; Boden haftet sehr stark am Hyphenmantel
M98 (MT 42)		
	Farbe	hellbraun bis gelb
	Verzweigung	dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade bis gebogen
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Linde
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	scheinbar sehr dünner Hyphenmantel, aber es sind keine Wurzelzellen zu erkennen
M99 (MT 53) UECM		
	Farbe	hell- bis dunkelbraun
	Verzweigung	dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Linde und Hainbuche
	GenBank accession number	EU816663
	Bemerkung	die unteren dunkleren Enden scheinen eingetrocknet, die oberen Enden sind hell

M100 (MT 61) <i>Cortinarius infractus</i>		
 10fache Vergrößerung	Farbe	hellbraun
	Verzweigung	dichotom-ähnlich, sehr stark verzweigt, unregelmäßig
	Unverzweigte Enden	gebogen
	Rhizomorphe	vorhanden
	Explorationstyp	keine Angabe für diese Art, andere Cortinariusarten: mittlere Distanz
	Baumarten	Linde und Hainbuche
	GenBank accession number	EU816664
	Bemerkung	Luft zwischen den Hyphen eingeschlossen, daher teilweise silbern


M101 (MT 63)		
 25fache Vergrößerung	Farbe	hellbraun, teilweise weiß
	Verzweigung	dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Linde
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	sehr dünner Hyphenmantel, aber keine Wurzelzellen zu sehen

M102 (MT 64) UECM (*Trichocomaceae*) s. Abschnitt 3.1.3


M103 (MT 66) <i>Rhizopogon</i> spec.		
 40fache Vergrößerung	Farbe	weiß
	Verzweigung	vermutlich dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Linde und Hainbuche
	GenBank accession number	EU816666
	Bemerkung	--

M104 (MT 67)		
	Farbe	hellbraun
	Verzweigung	unverzweigt
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Linde
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	sehr dünner Hyphenmantel, Wurzelzellen noch erkennbar

50fache Vergrößerung

M105 (MT 70) <i>Russula pectinatoides</i>		
	Farbe	gelb-braun
	Verzweigung	monopodial-pinnat
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Linde
	GenBank accession number	EU816667
	Bemerkung	Boden vom Hyphenmantel kaum zu entfernen


25fache Vergrößerung

M106 (MT 71) UECM		
	Farbe	hellbeige
	Verzweigung	dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Linde
	GenBank accession number	EU816668
	Bemerkung	--


32fache Vergrößerung

M107 (MT 76)		
	Farbe	hellbeige, etwas rötlich
	Verzweigung	dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Linde
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	--


32fache Vergrößerung


M108 (MT 78) UECM		
	Farbe	hellbraun bis orange
	Verzweigung	unverzweigt
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Linde
	GenBank accession number	EU816669
	Bemerkung	von dünnem Hyphenpelz umgeben


50fache Vergrößerung


M109 (MT 82) UECM (<i>Terfeziaceae</i>)		
	Farbe	grau, Spitze hellbraun
	Verzweigung	unverzweigt
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Linde
	GenBank accession number	EU816670
	Bemerkung	Oberfläche sieht rau aus


50fache Vergrößerung


M110 (MT 84)		
	Farbe	braun bis kupferfarben
	Verzweigung	unverzweigt
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Linde
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	Oberfläche glänzend
40fache Vergrößerung		


M111 (MT 85)		
	Farbe	braun-orange
	Verzweigung	unverzweigt
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Linde
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	von einem dünnen Film von kurzen Hyphen umgeben
40fache Vergrößerung		


M112 (MT 88)		
	Farbe	weiß
	Verzweigung	unregelmäßig-pinnat
	Unverzweigte Enden	leicht gebogen
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Linde
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	--
20fache Vergrößerung		


M113 (MT 89) <i>Tuber borchii</i>		
 <p>50fache Vergrößerung</p>	Farbe	braun
	Verzweigung	unverzweigt
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	kurze Distanz
	Baumarten	Linde
	GenBank accession number	EU816671
	Bemerkung	von feinem Film dünner Hyphen umgeben

M114 (MT 90)		
 <p>50fache Vergrößerung</p>	Farbe	untere Enden grau, Spitze beige
	Verzweigung	unverzweigt, evtl. dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Linde
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	--


M115 (MT 93) UECM (<i>Thelephoraceae</i>)		
 <p>16fache Vergrößerung</p>	Farbe	braun
	Verzweigung	dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade bis leicht gebogen
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Linde
	GenBank accession number	EU816672
	Bemerkung	--


M116 (MT 96) <i>Sebacina aff. epigaea</i>		
 <p>16fache Vergrößerung</p>	Farbe	gelb-braun
	Verzweigung	dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Linde
	GenBank accession number	EU816673
	Bemerkung	von weißen Hyphen stark umgeben

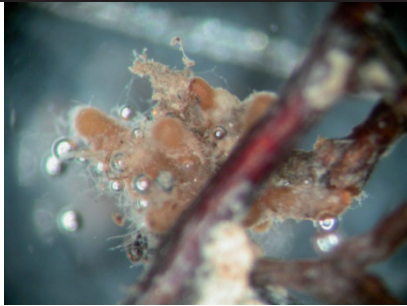
M117 (MT 97)		
 <p>16fache Vergrößerung</p>	Farbe	gelb-braun
	Verzweigung	dichotom-ähnlich
	Unverzweigte Enden	gerade bis gebogen
	Rhizomorphe	vorhanden
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Linde
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	Hyphen schließen Luft ein, daher weiß-silbern

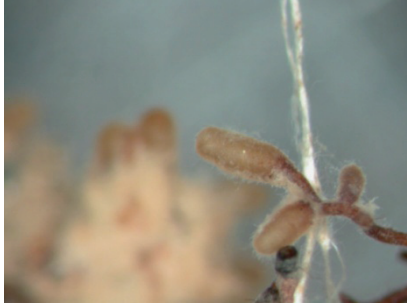
M118 (MT 99) <i>Piloderma lanatum</i>		
 <p>60fache Vergrößerung</p>	Farbe	gelb-braun
	Verzweigung	unverzweigt
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Linde und Hainbuche
	GenBank accession number	EU816674
	Bemerkung	von der Spitze gehen längere weiße Hyphen ab


M119 (MT 101) UECM		
	Farbe	weiß-grau
	Verzweigung	dichotom-ähnlich
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Linde
	GenBank accession number	EU816675
	Bemerkung	Oberfläche sieht rau aus
10fache Vergrößerung		


M120 (MT 103)		
	Farbe	hellbraun
	Verzweigung	dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Linde
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	--
32fache Vergrößerung		


M121 (MT 104) <i>Peziza succosa</i>		
	Farbe	braun, Spitze orange
	Verzweigung	korallenähnlich
	Unverzweigte Enden	gerade bis gebogen
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Linde
	GenBank accession number	EU816676
	Bemerkung	sehr stark verzweigt
25fache Vergrößerung		


M122 (MT 106)		
	Farbe	gelb-orange
	Verzweigung	dichotom-ähnlich
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Linde
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	von vielen Hyphen umgeben, stark verzweigt, sehr kurz
	32fache Vergrößerung	


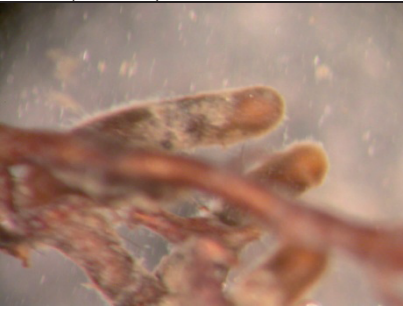

M123 (MT 112) <i>Inocybe cookei</i>		
	Farbe	gelb-braun
	Verzweigung	unverzweigt oder dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	vorhanden
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Linde
	GenBank accession number	EU816677
	Bemerkung	vom Hyphenmantel gehen viele kurze weiße Hyphen aus
40fache Vergrößerung		

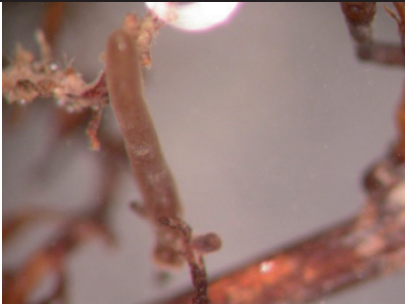
M124 (MT 114) <i>Peziza michelii</i>		
	Farbe	hellbraun
	Verzweigung	monopodial-pinnat
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Linde
	GenBank accession number	EU816678
	Bemerkung	Hyphenmantel scheint sehr dünn, Oberfläche eher rau
25fache Vergrößerung		


M125 (MT 115) UECM		
	Farbe	Spitze weiß, unten grau
	Verzweigung	monopodial-pinnat
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Linde und Hainbuche
	GenBank accession number	EU816679
	Bemerkung	--
25fache Vergrößerung		


M126 (MT 119) UECM		
	Farbe	Spitze weiß, unten grau
	Verzweigung	dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Linde
	GenBank accession number	EU816680
	Bemerkung	--
40fache Vergrößerung		


M127 (MT 121) UECM		
	Farbe	gelb-braun
	Verzweigung	dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Linde
	GenBank accession number	EU816681
	Bemerkung	Oberfläche glänzend
40fache Vergrößerung		


M128 (MT 124) UECM		
	Farbe	hellbraun
	Verzweigung	unverzweigt
	Unverzweigte Enden	schlangenförmig
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Linde
	GenBank accession number	EU816682
	Bemerkung	--
32fache Vergrößerung		
M129 (MT 126)		
	Farbe	braun
	Verzweigung	unverzweigt
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Linde
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	--
50fache Vergrößerung		
M130 (MT 128)		
	Farbe	weiß-gelb
	Verzweigung	unverzweigt bis dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade, an der Spitze schlangenförmig
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Linde und Hainbuche
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	mykorrhizierte Spitzen kamen meistens wie aufgereiht vor
20fache Vergrößerung		


M131 (MT 129)		
	Farbe	braun
	Verzweigung	unverzweigt
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Linde
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	--
40fache Vergrößerung		

M132 (MT 130)		
	Farbe	schwarz
	Verzweigung	unverzweigt
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Linde
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	von vielen kurzen Hyphen umgeben, dünne Hyphen im Gegensatz zu <i>Cenococcum geophilum</i>
40fache Vergrößerung		

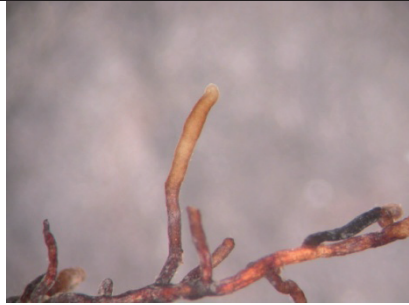
M133 (MT 131)		
	Farbe	hellbraun bis gelb
	Verzweigung	korallenähnlich
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	vorhanden
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Linde
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	--
16fache Vergrößerung		

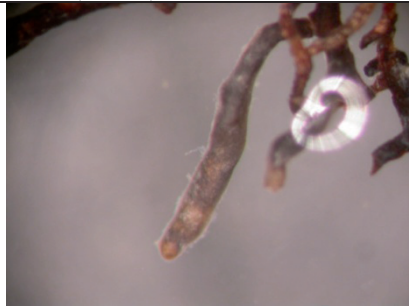
M134 (MC 6) <i>Inocybe corydalina</i>		
	Farbe	grau-weiß
	Verzweigung	dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Hainbuche
	GenBank accession number	EU816683
	Bemerkung	von vielen kurzen Hyphen umgeben
40fache Vergrößerung		


M135 (MC 7) UECM (<i>Sebacinaceae</i>)		
	Farbe	hellbraun bis gelb
	Verzweigung	dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Hainbuche
	GenBank accession number	EU816684
	Bemerkung	--
25fache Vergrößerung		

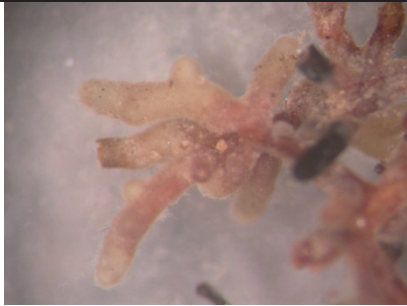
M136 (MC 9) UECM (<i>Humaria</i>)		
	Farbe	dunkelbraun
	Verzweigung	unverzweigt
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Hainbuche
	GenBank accession number	EU816685
	Bemerkung	--
32fache Vergrößerung		

M137 (MC 15) UECM s. Abschnitt 3.1.3


M138 (MC 16) UECM (<i>Tuber</i>)		
	Farbe	hellbraun
	Verzweigung	unverzweigt
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Hainbuche
	GenBank accession number	EU816687
	Bemerkung	--
16fache Vergrößerung		

M139 (MC 19)		
	Farbe	grau
	Verzweigung	unverzweigt
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Hainbuche
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	--
40fache Vergrößerung		

M140 (MC 22)		
	Farbe	hell, fast rosa
	Verzweigung	unverzweigt
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Hainbuche
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	--
32fache Vergrößerung		

M141 (MC 24)		
	Farbe	hell, fast weiß
	Verzweigung	dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Hainbuche
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	--


32fache Vergrößerung


M142 (MC 26) UECM		
	Farbe	braun
	Verzweigung	unverzweigt
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Hainbuche
	GenBank accession number	EU816688
	Bemerkung	--

32fache Vergrößerung

M143 (MC 29) UECM		
	Farbe	weiß
	Verzweigung	dichotom
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Hainbuche
	GenBank accession number	EU826354
	Bemerkung	--

16fache Vergrößerung

M144 (MC 30) <i>Inocybe hirtella</i>		
	Farbe	grau, fast bläulich
	Verzweigung	korallenähnlich
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Hainbuche
	GenBank accession number	EU826355
	Bemerkung	--
30fache Vergrößerung		

M145 (MC 31)		
	Farbe	braun
	Verzweigung	monopodial-pinnat
	Unverzweigte Enden	gerade
	Rhizomorphe	keine
	Explorationstyp	k. A.
	Baumarten	Hainbuche
	GenBank accession number	--
	Bemerkung	Oberfläche glänzend
25fache Vergrößerung		

Anhang C

Im Anhang C befinden sich die Tabellen, aus denen entnommen werden kann, welche Pilzart, an welchem Probenahmetermin auf welcher Fläche gefunden wurde (Tabelle C.1-C.78). Außerdem sind die Tabelle mit den Wurzelmasseangaben (Tabelle C.79-C.85) und die Tabelle mit den C/N-Daten und den Ergebnissen der Elementanalysen der Wurzeln (Tabelle C.86-C.95) aufgeführt. Der Anhang C befindet sich in der Onlineversion dieser Arbeit unter http://webdoc.sub.gwdg.de/univerlag/2008/GöForst_Lang_supplement.pdf.

Danksagung

Diese Arbeit wurde von April 2005 bis April 2008 im Büsgen-Institut, Abteilung Forstbotanik und Baumphysiologie, der Fakultät für Forstwissenschaften und Waldökologie der Universität Göttingen durchgeführt, ermöglicht durch die Finanzierung der DFG im Rahmen des Graduiertenkolleg 1086 „The role of biodiversity for biogeochemical cycles and biotic interactions in temperate deciduous forests.“. Ohne die Hilfe vieler Kollegen und Freunde wäre diese Arbeit nicht möglich gewesen, dafür sage ich Danke.

Bei Frau Prof. Dr. Andrea Polle möchte ich mich bedanken, dass mir dieses interessante Thema zur Bearbeitung überlassen wurde. Es war und ist ein spannendes Thema mit spezieller Methodik, auch wenn es für Außenstehende nicht immer so erschien. Danke für die Unterstützung, die guten Anregungen und Diskussionen sowie die Möglichkeiten in den letzten Jahren.

Bei Herrn Prof. Dr. Friedrich Beese vom Büsgen-Institut Abteilung Ökopedologie der gemäßigten Zone der freundlicherweise das Korreferat übernommen hat und Herrn Prof. Dr. Holger Militz vom Burckhardt-Institut Abteilung Holzbiologie und Holzprodukte der sich bereit erklärt hat, als dritter Prüfer zur Verfügung zu stehen, möchte ich mich ebenfalls bedanken.

Allen Mitarbeitern des Institutes für Forstbotanik möchte ich danken für das gute Arbeitsklima und die ständige Hilfsbereitschaft, wenn ich Fragen hatte oder Hilfe brauchte. Für eure tatkräftige Unterstützung - ich glaube fast jeder hat irgendwann Boden, Wurzeln oder DNA-Sequenzen von den Hainichproben bearbeitet - sage ich Danke. Besonderer Dank gilt Rainer Schulz, Thomas Klein, Peter Hawighorst, Dennis Janz und allen anderen, die zur Probenahme mit in den Hainich gefahren sind. Danke an Jasmin Weiße, die den Großteil der Wurzelproben ausgewaschen hat. Danke auch an Rodica Pena, Monika Franke-Klein und Merle Fastenrath die mit mir die rund 400.000 Wurzelspitzen ausgezählt haben. Vielen Dank an Christine Kettner, Gisbert Langer-Kettner, Marianne Smiatacz und Julia Almes für die Durchführung der C/N- und ICP-Analysen. Der Abteilung für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, besonders Aleksandra Dolynska möchte ich für die zuverlässige Durchführung aller Sequenzierungen ebenfalls danken. Ein Dankeschön an Sabine Elend, Christine Drübert, Katharina Platner, Andrea Olbrich, Annette Naumann für die gute Zusammenarbeit und die tägliche Mensarunde.

Vielen Dank auch an die Kollegen des Graduiertenkollegs für die die vielen lustigen Grako-Treffen, Rundmails und die gute Zusammenarbeit.

Ein spezieller Dank gilt Frau Dr. Rosemarie Heyser, die mich seit meiner Bachelorarbeit mit vielen guten Ratschlägen und viel fachlicher Hilfe begleitet hat.

Danke auch an Ines Vollhardt, Rumana Rana und Tanja Ducic für die vielen Gespräche und Aufmunterungen in den letzten drei Jahren.

Ein ganz besonderer Dank gilt meiner Mutter, meiner Familie und Franz-Josef, die mich schon während des Studiums sehr unterstützt haben. Herzlichen Dank für eure Hilfe, eure Besuche, für viele Korrekturen, Mails, Ermutigungen und euer großes Verständnis.

Lebenslauf

Persönliche Daten

Name	Christa Lang
Geburtsdatum	19. Dezember 1974
Geburtsort	Düren
Nationalität	deutsch

Schulischer Werdegang

1981 – 1985	Gemeinschaftliche Grundschule Heimbach
1985 – 1994	Bischöfliches Clara-Fey-Gymnasium Schleiden

Beruflicher Werdegang

1994 – 1997	Ausbildung zur Biologielaborantin im Forschungszentrum Jülich
1997 – 1999	Berufstätigkeit als Biologielaborantin im Forschungszentrum Jülich
1999 – 2001	Bachelorstudium der Forstwissenschaften an der Fakultät für Forstwissenschaften und Waldökologie der Georg-August-Universität Göttingen
2001 – 2004	Masterstudium der Forstwissenschaften an der Fakultät für Forstwissenschaften und Waldökologie der Georg-August-Universität Göttingen
2004 – 2005	wissenschaftliche Hilfskraft am Institut für Forstbotanik der Fakultät für Forstwissenschaften und Waldökologie der Georg-August-Universität Göttingen
2005 – 2008	Dissertation „Diversität der Mykorrhizen in verschiedenen artenreichen Laubbaumbeständen im Nationalpark Hainich (Thüringen)“ im Rahmen des Graduiertenkolleg 1086 der DFG am Büsgen-Institut, Abteilung für Forstbotanik und Baumphysiologie, der Fakultät für Forstwissenschaften und Waldökologie an der Georg-August-Universität Göttingen
Ab April 2008	wissenschaftliche Mitarbeiterin der Abteilung Forstbotanik und Baumphysiologie im Büsgen-Institut der Fakultät für Forstwissenschaften und Waldökologie an der Georg-August-Universität Göttingen

Göttinger Forstwissenschaften

Band 1 C. Lang, 2008. Diversität der Ektomykorrhizen in verschieden artenreichen Laubbaumbeständen im Nationalpark Hainich (Thüringen). 157 S. mit 187 Abb. u. 16 Tab.

Untersuchungen über Zusammenhänge zwischen oberirdischem und unterirdischem Artenreichtum haben sich zu einem Schwerpunkt der Diversitätsforschung entwickelt. Interaktionen zwischen Mykorrhizapilzen und Pflanzen spielen hierbei eine besonders wichtige Rolle. Bei dieser Symbiose begünstigt der Pilz die Nährstoffversorgung der Pflanze, indem er Phosphat, Stickstoffverbindungen und andere Nährstoffe sowie Wasser aus dem Boden aufnimmt und zur Pflanze transportiert. Der Pilz erhält von der Pflanze Kohlenstoffverbindungen aus der Photosynthese. Es gibt sieben verschiedene Arten der Mykorrhizen, die sich hauptsächlich im Aufbau, teilweise auch in den beteiligten Pilzstämmen oder Pilzarten unterscheiden.

Man schätzt, dass 7.000–10.000 Pilzarten eine Ektomykorrhiza ausbilden. Der Artenreichtum der Ektomykorrhizen steht im starken Kontrast zu den oft baumartenarmen Wäldern der borealen und der gemäßigten Zone. Die meisten Untersuchungen über Zusammenhänge zwischen oberirdischer und unterirdischer Diversität fanden bisher meistens im Grünland statt. Nur wenige Studien liegen für naturnahe Laubmischwälder der gemäßigten Zone vor.

In der vorliegenden Arbeit wurden die Ektomykorrhizaarten in verschiedenen artenreichen Laubmischwäldern im Nationalpark Hainich (Thüringen) mit dem Ziel bestimmt, Zusammenhänge zwischen Baumartenvielfalt und der Diversität der Ektomykorrhizen sowie zwischen der Nährstoffversorgung der Baumwurzeln, den Pilzarten und verschiedenen Bodenparametern aufzuzeigen.

Der vorliegende Band bildet den Auftakt der neuen Schriftenreihe „Göttinger Forstwissenschaftlichen“ der traditionsreichen Fakultät für Forstwissenschaften und Waldökologie der Georg-August-Universität Göttingen. Sie fasst die Reihen „Schriften aus der Forstlichen Fakultät der Universität Göttingen und der Nordwestdeutschen Forstlichen Versuchsanstalt“ und die Reihe A der „Berichte des Forschungszentrums Waldökosysteme“ zusammen.

Die Reihe spiegelt das breite Themenspektrum der Fakultät sowie der Nordwestdeutschen Forstlichen Versuchsanstalt wider und stellt alle Bände als gedruckte Ausgabe und Online-Version bereit.



GEORG-AUGUST-UNIVERSITÄT
GÖTTINGEN

ISBN: 978-3-940344-31-1
ISSN: 1867-6731

Universitätsverlag Göttingen