

Biologischer Holzabbau

Mikrobielle Zersetzungsgemeinschaften von Bauholz

LAURITZ SCHRADER¹, JOCHEN TRAUTNER¹, CHRISTOPH C. TEBBE²

¹ THÜNEN-INSTITUT FÜR HOLZFORSCHUNG, HAMBURG

² THÜNEN-INSTITUT FÜR BIODIVERSITÄT, BRAUNSCHWEIG

The susceptibility of timber to microbial degradation is a major challenge for its long-term outdoor usage. It is important to know which microorganisms are responsible for wood degradation and which environmental factors influence the species composition in order to make adjustments for extending their service life in the future.

DOI: 10.1007/s12268-024-2258-y

© The Author(s) 2024

Die Bedeutung des Rohstoffs Holz als Baumaterial wächst insbesondere aufgrund seiner klimafreundlichen Eigenschaften im Vergleich zu anderen Materialien wie Stahl oder Beton [1, 2]. Seine organische Natur und die damit verbundene biologische Abbaubarkeit ist jedoch eine große Herausforderung für die stoffliche Verwendung im Freien. Holzkonstruktionen, die der ständigen Einwirkung von Niederschlägen ausgesetzt oder im direkten Bodenkontakt sind, wie beispielsweise Brücken oder Spielplatzgeräte, sind für den Holzabbau durch Insekten, Pilze oder Bakterien besonders anfällig [3, 4]. Aus Studien über die Zersetzung von Totholz in Wald-

ökosystemen ist bekannt, dass in der Regel nicht einzelne dominante Arten, sondern komplexe Pilz- und Bakteriengemeinschaften an der Holzzerersetzung beteiligt sind [5, 6].

Für Bauholz unter Freilandnutzung fehlen jedoch systematische Untersuchungen fast vollständig. Bisher sind bereits ca. 130 verschiedene Pilzarten bekannt, die mit Schäden in Verbindung gebracht werden konnten [7]. Es fehlen jedoch noch Erkenntnisse über den Zusammenhang zwischen den Holzbesiedelnden mikrobiellen Gemeinschaften und den von ihnen verursachten Schäden, insbesondere unter dem Einfluss verschiedener Umweltbedingungen. Für eine möglichst

realitätsnahe Bestimmung der natürlichen Dauerhaftigkeit von Holz und die damit verbundene Empfehlung für eine anschließende stoffliche Verwendung und deren Schutz, könnten solche Informationen äußerst wertvoll sein.

Deshalb wurden von uns Bauteile mit Holzfäuleschäden in Hamburg gezielt beprobt (Abb. 1), um die Zusammensetzung der holzzeretzenden Pilz- und Bakteriengemeinschaften zu bestimmen sowie ein besseres Verständnis über mögliche Faktoren zu gewinnen, die diese Zusammensetzung beeinflussen (siehe auch [8]). Dafür wurde DNA aus 50 mg faulem Holz extrahiert, und mithilfe der PCR wurden spezifische Marker-Gene für die Identifikation amplifiziert und sequenziert: Für Pilze wurde die genomische ITS2-Region als Zielsequenz gewählt und für Bakterien die V4-Region der 16S-rRNA-Gene.

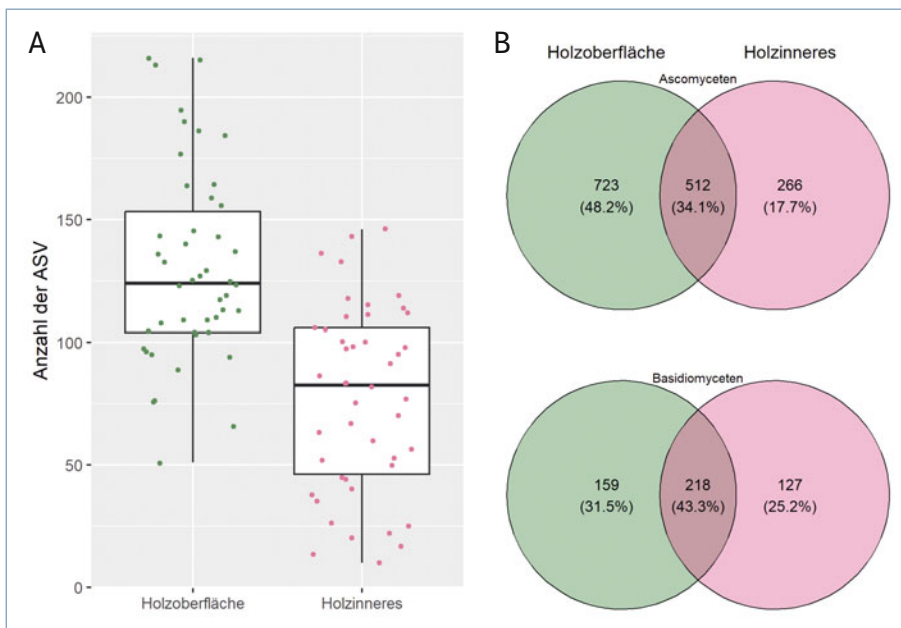
Die bioinformatische Verarbeitung der Sequenzdaten erfolgte mit der Pipeline QIIME2 und des DADA2 Plug-ins, wobei Sequenzen mit niedriger Qualität herausgefiltert, komplementäre Sequenzen kombiniert und chimäre Sequenzen entfernt wurden [9, 10]. Mithilfe von speziellen Referenzdatenbanken konnten die verbliebenen PCR-Amplikon-Sequenzvarianten (ASV), taxonomisch zugeordnet werden. Für Pilze wurde die UNITE-Datenbank [11, 12] und für Bakterien die SILVA-Datenbank [13, 14] verwendet.

Pilzgemeinschaften

Die Pilzgemeinschaft wurden von Ascomycota (64 %) dominiert, gefolgt von Basidiomycota (19 %) und den anderen Abteilungen (Phyla) mit geringer relativer Häufigkeit, darunter Mucoromycota und Rozellomycota. Knapp 15 % der Sequenzen konnten keiner taxonomischen Gruppe zuverlässig zugeordnet werden. Grundsätzlich waren die gefundenen Lebensgemeinschaften denen von Totholz aus Wäldern ähnlich [5]. Durch die Methode der Probenentnahme war es uns möglich, sowohl die Pilzgemeinschaften auf der Holzoberfläche als auch im Holzinneren getrennt zu untersuchen. Dabei wurde deutlich, dass die Diversität auf der Oberfläche



▲ Abb. 1: Ausgeprägter Braunfäuleschaden an einem Brückengeländer.



▲ **Abb. 2:** Verteilung pilzlicher ASV (Amplikon-Sequenzvarianten). **A**, Boxplots mit der Anzahl der beobachteten ASV je Probe aufgeschlüsselt nach Probenherkunft. **B**, Anzahl der identifizierten Ascomyceten und Basidiomyceten, die ausschließlich auf der Holzoberfläche (grün), ausschließlich im Holzinneren (rosa) oder in beiden Probenherkünften (Schnittfläche) nachgewiesen wurden.

deutlich höher war (**Abb. 2A**). Vor allem Ascomyceten waren auf den Holzoberflächen stärker vertreten, was wahrscheinlich auf Sporenablagerungen zurückgeführt werden kann (**Abb. 2B**). Da diese nicht unmittelbar beim Holzabbau aktiv sein müssen, geben die in den Holzinnenproben gefundenen Pilzgemeinschaften ein genaueres Abbild der am Degradationsprozess beteiligten Arten.

Unter den Pilzen sind es vor allem Basidiomyceten, die zur Holzersetzung befähigt sind. Die ausschließliche Betrachtung dieser Pilzabteilung zeigte, dass 83 % der Proben vorrangig durch eine einzelne ASV repräsentiert war. Dabei handelte es sich vermutlich um die primären Verursacher der Holzfäule. Insgesamt wurden 30 verschiedene von die-

sen dominanten ASV erkannt, die bereits als Holzersetzer bekannt sind. Eine ASV, die zunächst der Art *Perenniporia vanhulleae* zugeordnet wurde, konnte mehrfach von uns auf Eichenholzproben nachgewiesen werden. Eine morphologische Nachbestimmung anhand von Fruchtkörpern und Sporen, wie auch die Sanger-Sequenzierung der gesamten ITS-Region zeigte, dass es sich dabei tatsächlich um *Perenniporia meridionalis* handelte (**Abb. 3**). Der Weißfäulepilz besiedelt vor allem Eichen-Totholz in südeuropäischen Wäldern, während er in Nordeuropa vor allem auf Eichen-Bauholz vorkommt [15]. Deshalb ist es in Einzelfällen äußerst wichtig, die taxonomische Zuordnung aufgrund bioinformatischer Sequenzdaten im

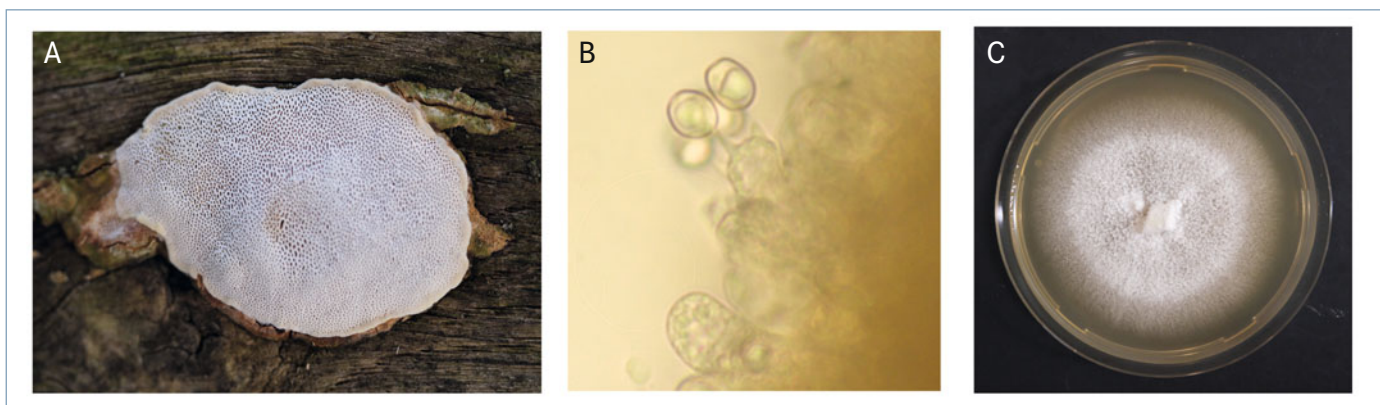
Zweifelsfall durch klassische mykologische Nachweismethoden zu überprüfen.

Außerdem wurden *Dacrymyces*-Arten häufiger identifiziert, insbesondere *D. stillatus* und *D. capitatus*. Es wird angenommen, dass die zunehmende Häufigkeit dieser Arten auf bewittertem Holz mit der abnehmenden Verwendung toxischer Zusätze (Kupfer, Zink) in Holzbeschichtungen in Verbindung steht [7].

Bei der Analyse der Umweltfaktoren zeigte sich, dass die Holzart einen signifikanten Einfluss auf die Zusammensetzung der Pilzgemeinschaften hatte. Die nähere Umgebung hatte ebenfalls einen nachweisbaren Effekt, denn betroffene Bauteile, die von Wald umgeben waren, wiesen andere Pilzgemeinschaften auf als Bauteile aus dem Stadtbereich, aus Parkanlagen oder aus Grünland.

Bakteriengemeinschaften

Die Bakteriengemeinschaften aus Holzfäule-schäden zeigten mit höchster relativer Abundanz Vertreter aus den Phyla Pseudomonadota (42 %), Bacteroidota (11 %) und Actinomycetota (10 %). Weitere 35 Phyla, die mit geringerer relativer Häufigkeit nachgewiesen wurden, umfassen unter anderem Acidobacteriota, Planctomycetota, Verrucomicrobiota und Cyanobacteriota. Ähnlich wie bei den Pilzen waren die dominanten Bakterien-Phyla und ihr Verhältnis zueinander vergleichbar mit den auf Totholz nachgewiesenen Bakteriengemeinschaften [6]. In ihrer Zusammensetzung waren die Bakteriengemeinschaften auch denen, die man in Böden oder Streuaufgaben findet, erstaunlich ähnlich, was vermutlich auf die gleichen organischen Substrate, die als Energie- und Kohlenstoffquelle zum Wachstum genutzt werden, zurückgeführt werden kann [16, 17]. Etwa 10 % der Bakterien, die in der Streuaufgabe



▲ **Abb. 3:** Fruchtkörper von *Perenniporia meridionalis* (A), Basidie mit Basidiosporen (B), Reinkultur auf Malzagar (C).

vorkommen, sind in der Lage, Zellulose abzubauen, wovon die meisten zu den Pseudomonadota, Actinomycetota, Bacteroidota und Acidobacteriota gehören [17, 18]. Da diese Bakterien auch in unserer Studie dominierend waren, ist es wahrscheinlich, dass sie ebenfalls an der Holzersetzung beteiligt sind.

Genau wie bei den Pilzen wurde auch die Zusammensetzung der Bakteriengemeinschaften durch die Holzart des Bauteils beeinflusst. Die Umgebung hatte allerdings keinen nachweisbaren Einfluss. Dafür aber unterschieden sich die Gemeinschaften von Bauteilen im direkten Kontakt zu Boden mit solchen ohne Bodenkontakt.

Unsere bisherigen Ergebnisse zeigen, dass weder der Kohlenstoff- noch der Stickstoffgehalt des Holzes einen signifikanten Einfluss auf die Zusammensetzung der Pilz- und Bakteriengemeinschaften hat.

Schlussfolgerung

Next Generation Sequencing ermöglicht die Charakterisierung mikrobieller Lebensgemeinschaften an Bauholz und hat das Potenzial, zukünftig verstärkt bei Erkennung holzersetzer Ständerpilze eingesetzt zu werden, da potenzielle Schadpilze relativ schnell identifiziert werden konnten, auch wenn Fruchtkörper fehlten. Allerdings können die bisher sehr unvollständigen Referenzdatenbanken dazu führen, dass Arten nicht zuverlässig oder sogar falsch identifiziert werden, wie es am Beispiel von *Perenniporia meridionalis* deutlich wird. Deshalb ist es wichtig, dass die DNA-basierte Identifikation durch klassische mykologische Methoden abgesichert werden. Für die Erkennung potenziell bedeutsamer Bakterienarten aufgrund von 16S-rRNA-Genanalysen ist die Methodik weniger geeignet, da sich häufig nicht direkt Funktionen dadurch nachweisen lassen. Hier könnten PCR-Nachweise von funktionellen Genen oder metagenomische und transkriptomische Analysen in Zukunft eine wichtige Ergänzung sein. ■

Literatur

[1] Gustavsson L, Pingoud K, Sathre R (2006) Carbon dioxide balance of wood substitution: comparing concrete- and wood-framed buildings. *Mitig Adapt Strat Glob Change* 11: 667–691

- [2] Bundesministerium für Wohnen, Stadtentwicklung und Bauwesen (BMWSB) & Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) (2023) Handreichung Holzbauinitiative – Strategie der Bundesregierung zur Stärkung des Holzbaus als ein wichtiger Beitrag für ein klimagerechtes und ressourceneffizientes Bauen, 21 S
- [3] Brischke C, Bayerbach R, Rapp AO (2006) Decay-influencing factors: A basis for service life prediction of wood and wood-based products. *Wood Material Science and Engineering* 1: 91–107
- [4] Martín JA, López R (2023) Biological deterioration and natural durability of wood in Europe. *Forests* 14: 283
- [5] Leonhardt S, Hoppe B, Stengel E et al. (2019) Molecular fungal community and its decomposition activity in sapwood and heartwood of 13 temperate European tree species. *PLOS ONE* 14: e0212120
- [6] Moll J, Kellner H, Leonhardt S et al. (2018) Bacteria inhabiting deadwood of 13 tree species are heterogeneously distributed between sapwood and heartwood. *Environmental Microbiology* 20: 3744–3756
- [7] Huckfeldt T, Schmidt O (2015) Hausfäule- und Bauholzpilze: Diagnose und Sanierung, 2. Ausgabe. Rudolf Müller Verlag, Köln
- [8] Schader L, Trautner J, Tebbe CC (2024) Identifying environmental factors affecting the microbial community composition on outdoor structural timber. *Applied Microbiology and Biotechnology* 108: 254
- [9] Bolyen E, Rideout JR, Dillon MR et al. (2019) Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME 2. *Nat Biotechnol* 37: 852–857
- [10] Callahan BJ, McMurdie PJ, Rosen MJ et al. (2016) DADA2: High-resolution sample inference from Illumina amplicon data. *Nat Methods* 13: 581–583
- [11] Abarenkov K, Zirk A, Piirmann T et al. (2023) UNITE QIIME release for Fungi. *UNITE Community*
- [12] Kõljalg U, Nilsson HR, Schigel D et al. (2020) The Taxon Hypothesis Paradigm-On the Unambiguous Detection and Communication of Taxa. *Microorganisms* 8: 1910
- [13] Quast C, Pruesse E, Yilmaz P et al. (2013) The SILVA ribosomal RNA gene database project: improved data processing and web-based tools. *Nucleic Acids Res* 41: D590–596

- [14] Yilmaz P, Parfrey LW, Yarza P et al. (2014) The SILVA and “All-species Living Tree Project (LTP)” taxonomic frameworks. *Nucleic Acids Res* 42: D643–648
- [15] Decock C, Stalpers JA (2006) Studies in *Perenniporia*: *Polyporus unitus*, *Boletus medulla-panis*, the nomenclature of *Perenniporia*, *Poria* and *Physisporus*, and a note on European *Perenniporia* with a resupinate basidiome. *TAXON* 55: 759–778
- [16] Labouyrie M, Ballabio C, Romero F et al. (2023) Patterns in soil microbial diversity across Europe. *Nat Commun* 14: 3311
- [17] Lladó S, López-Mondéjar R, Baldrian P (2017) Forest Soil Bacteria: Diversity, Involvement in Ecosystem Processes, and Response to Global Change. *Microbiol Mol Biol Rev* 81
- [18] López-Mondéjar R, Zühlke D et al. (2016) Cellulose and hemicellulose decomposition by forest soil bacteria proceeds by the action of structurally variable enzymatic systems. *Scientific Reports* 6: 25279

Funding note: Open Access funding enabled and organized by Projekt DEAL.
Open Access: Dieser Artikel wird unter der Creative Commons Namensnennung 4.0 International Lizenz veröffentlicht, welche die Nutzung, Vervielfältigung, Bearbeitung, Verbreitung und Wiedergabe in jeglichem Medium und Format erlaubt, sofern Sie den/die ursprünglichen Autor(en) und die Quelle ordnungsgemäß nennen, einen Link zur Creative Commons Lizenz beifügen und angeben, ob Änderungen vorgenommen wurden. Die in diesem Artikel enthaltenen Bilder und sonstiges Drittmaterial unterliegen ebenfalls der genannten Creative Commons Lizenz, sofern sich aus der Abbildungslegende nichts anderes ergibt. Sofern das betreffende Material nicht unter der genannten Creative Commons Lizenz steht und die betreffende Handlung nicht nach gesetzlichen Vorschriften erlaubt ist, ist für die oben aufgeführten Weiterverwendungen des Materials die Einwilligung des jeweiligen Rechteinhabers einzuholen. Weitere Details zur Lizenz entnehmen Sie bitte der Lizenzinformation auf <http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/deed.de>.

Korrespondenzadresse:

Prof. Dr. Christoph C. Tebbe
 Thünen Institut für Biodiversität
 Bundesallee 65
 D-38116 Braunschweig
christoph.tebbe@thuenen.de

AUTOREN



Lauritz Schrader

2014–2019 Studium der Forstwissenschaften an der TU Dresden. 2020–2021 Wissenschaftlicher Mitarbeiter im Institut für Forstbotanik der TU Dresden. Seit 2021 Doktorand der TU Braunschweig, extern im Thünen Institut für Holzforschung, Hamburg.



Jochen Trautner

1988–1995 Biologiestudium an der Universität Hamburg. 1995–2000 Doktorand an der Universität Hamburg, extern am Institut für Fischereiökologie, Bundesforschungsanstalt für Fischerei. 2000 Promotion zum Dr. rer. nat. an der Universität Hamburg. 1995–2019 Wissenschaftlicher Mitarbeiter am Institut für Fischereiökologie, Bundesforschungsanstalt für Fischerei. Seit 2016 Wissenschaftlicher Mitarbeiter am Thünen-Institut für Holzforschung.



Christoph C. Tebbe

Biologiestudium. 1985–1989 Doktorand. 1989 Promotion zum Dr. rer. nat. an der WWU Münster. 1989–1991 Postdoctoral Research Fellow an der University of California, Irvine, USA. 1991 Arbeitsgruppenleiter an der FAL Braunschweig, später Thünen Institut. 2001 Habilitation mit Lehrbefugnis „Mikrobiologie“ an der TU Braunschweig. Seit 2007 Professor an der TU Braunschweig. Seit 2008 Wissenschaftlicher Direktor am Thünen Institut für Biodiversität, Braunschweig.