

Mikrobieller Stoffwechsel

Phosphatfreisetzung durch *Bacillus*: gleiche Funktion, andere Wege

STEFANIE KATHARINA THAQI¹, MICHAEL SCHLOTTER^{1,2}, STEFANIE SCHULZ²

¹ TU MÜNCHEN, TUM SCHOOL OF LIFE SCIENCES, CHAIR OF ENVIRONMENTAL MICROBIOLOGY, FREISING

² HELMHOLTZ ZENTRUM MÜNCHEN, RESEARCH UNIT COMPARATIVE MICROBIOME ANALYSIS, NEUHERBERG

Phosphate-solubilizing bacteria are often considered functionally redundant when releasing similar amounts of soluble phosphorus. Multi-omics analyses of *Bacillus velezensis* and *B. licheniformis* grown on sulfur-enriched bone char show otherwise. Despite comparable phosphate mobilization, both strains employ distinct regulatory and redox strategies. Phosphate solubilization therefore reflects integrated multi-nutrient metabolic reprogramming rather than a single trait response.

DOI: 10.1007/s12268-026-2788-6
© The Author(s) 2026

■ Phosphor ist essenziell für Zellstrukturen und Energiestoffwechsel, jedoch sind in Böden meist nur 0,02–0,2 % unmittelbar verfügbar [1]. Der Großteil liegt als schwerlösliches Kalzium-, Eisen- oder Aluminiumphosphat vor. Mineralische Phosphatdünger steigern Erträge, sind jedoch ökologisch und geopolitisch problematisch [2, 3]. Nachhaltige Strategien müssen daher alternative Düngerquellen und mikrobielle Mobilisierungsprozesse berücksichtigen.

Phosphatlösende Bakterien gelten als zentrale Akteure bei der Mobilisierung schwerlöslicher Phosphorquellen. Vertreter der

Gattung *Bacillus* werden häufig als Bioinokula eingesetzt [5]. Ihre Funktion wird oft auf organische Säureproduktion reduziert [6]. Tatsächlich ist Phosphatmobilisierung jedoch in regulatorische Netzwerke eingebettet, die Stickstoff- und Schwefelstoffwechsel sowie Redoxprozesse koordinieren.

Schwefelangereicherte Knochenkohle (BC^{plus}) ist ein phosphorhaltiger Recyclingdünger aus pyrolysierten Tierknochen. Der Phosphor liegt überwiegend als schwerlösliches Kalziumphosphat vor. Durch die Anreicherung reduzierter Schwefelverbindungen werden Phosphatmobilisierung und Schwe-

feloxydation gekoppelt. Organische Säuren lösen Kalziumphosphat, während Schwefeloxidation zusätzliche Protonenäquivalente liefert und pH- sowie Redoxbedingungen verändert [4]. Das Material eignet sich daher als Modell für gekoppelte Phosphor-, Schwefel- und Redoxprozesse.

Unterschiedliche metabolische Strategien trotz ähnlicher Funktion

Um die mikrobielle Reaktion auf dieses System zu untersuchen, wurde das Verhalten zweier *Bacillus*-Stämme, *B. velezensis* und *B. licheniformis*, in Gegenwart von BC^{plus} analysiert. Dabei wurden die Reaktionen sowohl mit Phosphorlimitierung als auch mit einer leicht verfügbaren Phosphatquelle (Full-P-Bedingungen) verglichen (Abb. 1). Wachstumsexperimente wurden mit Multiomics-Analysen kombiniert (Abb. 2, [7]). Beide Stämme mobilisieren innerhalb von 72 Stunden etwa drei Milligramm Phosphat pro Liter und senken den pH-Wert signifikant. Phänotypisch erscheinen sie daher ähnlich.

Transkriptomanalysen zeigen deutliche Unterschiede: Bereits nach sechs Stunden reagiert *B. velezensis* mit einer breiten Antwort, wobei über 300 Gene gegenüber Full-P-Bedingungen und über 160 Gene gegenüber Phosphorlimitierung hochreguliert sind. *B. licheniformis* reagiert dagegen verzögert und selektiver. Hinter dem gleichen Endpunkt stehen somit unterschiedliche metabolische Programme.

B. velezensis aktiviert früh die Phosphatregulation und reorganisiert gleichzeitig den Stickstoffstoffwechsel [7], ohne deutlich schneller zu wachsen. Gene der Nitratreduktion werden induziert; Nitrat dient als alternativer Elektronenakzeptor. Ansäuerung und Energiegewinnung verlaufen parallel, was eine schnelle Reaktion auf limitierende Bedingungen ermöglicht. *B. licheniformis* reagiert verzögert. Die Ansäuerung erfolgt stärker über malatdominierte Wege, während Nitratreduktion zu Ammonium später einsetzt. Zusätzlich werden Riboflavin- und Eisen-Schwefel-abhängige Ko-Faktor-Systeme verstärkt gebildet,

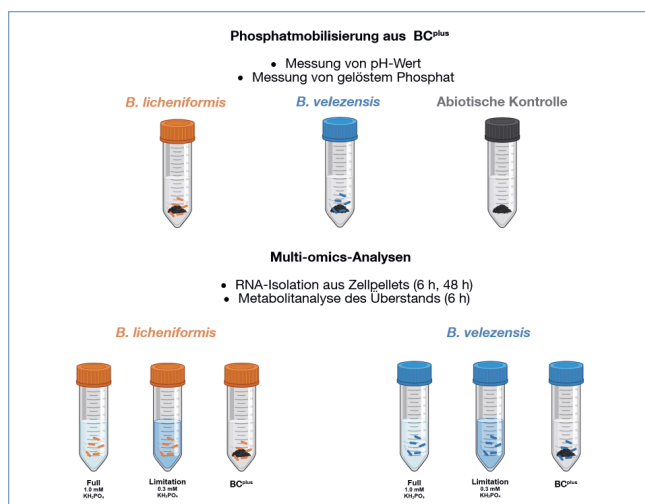
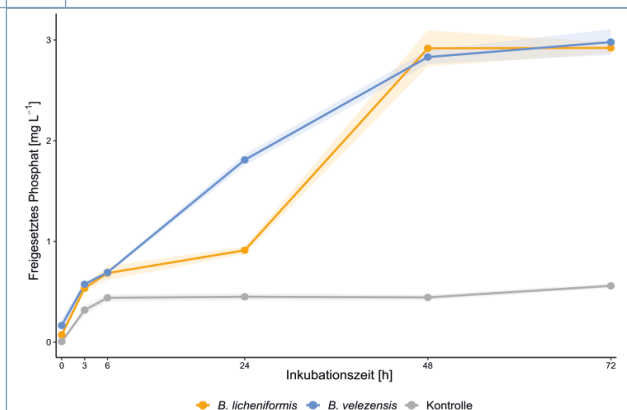


Abb. 1: Experimenteller Workflow zur Untersuchung der Phosphatmobilisierung aus schwefelangereicherter Knochenkohle (BC^{plus}) durch *Bacillus velezensis* und *B. licheniformis*. Analyse von pH-Wert, gelöstem Phosphat sowie Transkriptom (6 h, 48 h) und Metabolom (6 h) unter verschiedenen Phosphorbedingungen. Modifiziert nach [7].



◀ **Abb. 2:** Zeitliche Entwicklung der Freisetzung von Phosphat während der Inkubation von *Bacillus licheniformis* und *B. velezensis* mit BC^{plus} als alleiniger Phosphorquelle. Linien zeigen Mittelwerte der Messungen, schattierte Bereiche den Standardfehler. Die Kontrolle enthält kein inokuliertes Bakterium. Darstellung nach [7].

was auf eine redoxzentrierte Stabilisierung hinweist.

Unter BC^{plus}-Bedingungen wurden nicht nur Gene der Phosphatregulation reguliert, sondern auch Nitratreduktionswege und Schwefelstoffwechselgene [7]. Die initiale Phosphatlimitierung resultiert aus der geringen Löslichkeit des enthaltenen Kalziumphosphats und erfordert zunächst dessen mikrobielle Mobilisierung. Die zeitlich abgestufte Regulation von Stickstoff- und Schwefelgenen deutet darauf hin, dass die Anpassung über eine isolierte Phosphorantwort hinausgeht und eine umfassendere stöchiometrische Reorganisation widerspiegelt. Nitratreduktion wirkt als Redoxventil, während Schwefelassimilation Elektronenflüsse im Zentralstoffwechsel beeinflusst. Phosphatmobilisierung ist damit Teil eines integrierten Anpassungsprogramms.

Metabolomanalysen stützen diese Interpretation. *B. velezensis* produziert unter BC^{plus} ein breiteres Spektrum extrazellulärer Metabolite, was auf eine stärkere Umlenkung zentraler Stoffwechselwege hinweist. Aroma-

tische Metabolite deuten auf eine Aktivierung des Shikimatwegs hin, während Butyrylglycin mit der Expression organischer Säurewege korreliert. *B. licheniformis* zeigt dagegen eine selektivere Metabolitfreisetzung, darunter Carnitin-assoziierte Verbindungen, die mit einer fokussierteren Anpassung des Energiestoffwechsels vereinbar sind. Transkriptom- und Metabolomdaten zeigen somit zwei funktional erfolgreiche, jedoch unterschiedlich organisierte Anpassungsstrategien [7].

Implikationen für funktionelle Redundanz und Bioinokula

Funktionelle Redundanz wird in der Bodenökologie häufig als Stabilitätsmechanismus betrachtet: Mehrere Taxa können unter bestimmten Bedingungen dieselbe Funktion erfüllen und sich gegenseitig ersetzen [8, 9]. Die hier beschriebenen Befunde relativieren diese Annahme. Obwohl beide *Bacillus*-Stämme ähnliche Mengen Phosphat mobilisieren, unterscheiden sich ihre regulatorischen und redoxmetabolischen Strategien

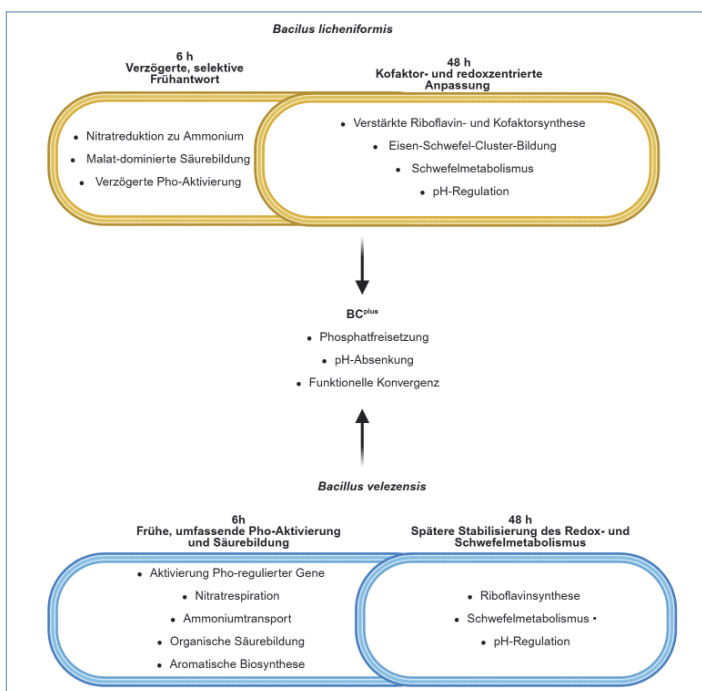
deutlich. Die gleiche Funktion entsteht somit aus unterschiedlichen metabolischen Programmen. Funktionelle Konvergenz bedeutet daher nicht mechanistische Identität; Redundanz ergibt sich aus der regulatorischen Einbettung einer Funktion in das metabolische Netzwerk.

Diese Befunde haben direkte Konsequenzen für das Verständnis von Bodenmikrobiomen. Unterschiedliche metabolische Strategien können unter wechselnden physikochemischen Bedingungen unterschiedliche Robustheit vermitteln. Die Stabilität mikrobieller Gemeinschaften beruht möglicherweise weniger auf taxonomischer Austauschbarkeit als auf komplementären Stoffwechselarchitekturen. In heterogenen Bodensystemen könnten regulatorisch unterschiedliche Strategien zeitlich und räumlich komplementär wirksam werden. Entscheidend ist somit nicht allein das Vorhandensein eines phosphatlösenden Merkmals, sondern dessen Einbettung in das gesamte metabolische Netzwerk.

Konsequenzen für die Entwicklung von Inokula

Screeningverfahren bewerten häufig Endpunkte wie die Menge freigesetzten Phosphats. Die vorliegenden Daten zeigen jedoch, dass vergleichbare Freisetzungsraten auf unterschiedlichen energetischen und regulatorischen Grundlagen beruhen können. Dies stellt die Annahme funktioneller Austauschbarkeit infrage. Inokula sollten daher nicht allein nach maximaler Mobilisierung ausgewählt werden, sondern nach ihrer regulatorischen Plastizität und Stabilität unter variierenden Umweltbedingungen. Ansätze, die auf Konsortien basieren, und komplementäre Strategien kombinieren, könnten langfristig robuster sein als leistungsstarke Einzelstämme.

Phosphatmobilisierung ist kein isoliertes Merkmal, sondern Teil komplexer mikrobieller Anpassungsstrategien. Ein integratives Verständnis mikrobieller Stoffwechselnetzwerke ist daher zentral für nachhaltige Phosphorstrategien. ■



◀ **Abb. 3:** Zeitlich differenzierte Strategien von *Bacillus licheniformis* und *B. velezensis* bei Wachstum auf BC^{plus}. Trotz ähnlicher Phosphatmobilisierung unterscheiden sich frühe (6 h) und späte (48 h) regulatorische Anpassungen. Darstellung nach [7].

Literatur

- [1] Bhattacharya A (2019) Changing environmental condition and phosphorus-use efficiency in plants. In: Changing climate and resource use efficiency in plants. Academic Press, London, 241–305
- [2] US Geological Survey (2020) Mineral commodity summaries 2020. US Geological Survey, Reston. DOI: 10.3133/mcs2020
- [3] Daniel TC, Sharpley AN, Lemunyon JL (1998) Agricultural phosphorus and eutrophication: A symposium overview. J Environ Qual 27: 251–257
- [4] Zimmer D, Kruse J, Siebers N et al. (2018) Bone char vs. S-enriched bone char: Multi-method characterization of bone chars and their transformation in soil. Sci Total Environ 643: 145–156

- [5] Chen Y, Rekha P, Arun A et al. (2006) Phosphate solubilizing bacteria from subtropical soil and their tricalcium phosphate solubilizing abilities. *Appl Soil Ecol* 34: 33–41
- [6] Kaur C, Selvakumar G, Upreti KK (2021) Organic acid profiles of phosphate solubilizing bacterial strains in the presence of different insoluble phosphatic sources. *J Pure Appl Microbiol* 15: 1006–1015
- [7] Thaqi SK, Siani R, Chiba A et al. (2025) Strain-specific strategies underlie convergent phosphate solubilization in *Bacillus*. *ISME Commun* 5: ycaf208
- [8] Allison SD, Martiny JBH (2008) Resistance, resilience, and redundancy in microbial communities. *Proc Natl Acad Sci USA* 105 Suppl 1: 11512–11519
- [9] Yachi S, Loreau M (1999) Biodiversity and ecosystem productivity in a fluctuating environment: The insurance hypothesis. *Proc Natl Acad Sci USA* 96: 1463–1468

Funding: Open Access funding enabled and organized by Projekt DEAL.

Open Access: This article is licensed under a Creative Commons Attribution 4.0 International License, which permits use, sharing, adaptation, distribution and reproduction in any medium or format, as long as you give appropriate credit to the original author(s) and the source, provide a link to the Creative Commons licence, and indicate if changes were made. The images or other third party material in this article are included in the article's Creative Commons licence, unless indicated otherwise in a credit line to the material. If material is not included in the article's Creative Commons licence and your intended use is not permitted by statutory regulation or exceeds the permitted use, you will need to obtain permission directly from the copyright holder. To view a copy of this licence, visit <http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>.

Korrespondenzadresse:

Stefanie Katharina Thaqi
Chair of Environmental Microbiology
TUM School of Life Sciences
Technische Universität München
Emil-Ramann-Straße 2
D-85354 Freising
stefanie.thaqi@tum.de

AUTORINNEN UND AUTOREN



Stefanie Katharina Thaqi

2016–2019 Biologiestudium an der LMU München (B. Sc.). 2019–2021 Masterstudium Molecular and Cellular Biology an der LMU München (M. Sc.). Seit 2021 Promotion in Umweltmikrobiologie an der TU München unter Betreuung von Prof. Dr. M. Schloter und Dr. S. Schulz.



Michael Schloter

Biologiestudium an der LMU München. 1994 Promotion an der Universität Bayreuth. Seit 2003 Leiter der Arbeitsgruppe Mikrobielle Ökologie am Helmholtz Zentrum München. 2011–2023 Direktor des Instituts für Vergleichende Mikrobiomanalyse. Seit 2023 Professor für Umweltmikrobiologie an der TU München.



Stefanie Schulz

2002–2007 Biologiestudium an der Universität Greifswald (Diplom). 2011 Promotion im Bereich Bodenmikrobiologie. 2011 PostDoc an der TU München. Seit 2012 wissenschaftliche Mitarbeiterin am Helmholtz Zentrum München, seit 2015 Leitung der Arbeitsgruppe „Soil Microbiomes“. Seit 2022 stellvertretende Leiterin der Forschungseinheit Comparative Microbiome Analysis.

Hier steht eine Anzeige.



Springer