



Rezension

Nützliche Pflanzen-Mikroben-Interaktionen und Stresstoleranz bei Mais

Saroj Burlakoti¹, Ananta R. Devkota, Shital Poudyal und Amita Kaundal^{*}

Abteilung für Pflanzen, Böden und Klima, College für Landwirtschaft und angewandte Wissenschaften, Utah State University, Logan, UT 84332, USA; saroj.burlakoti@usu.edu (SB); ananta.devkota@usu.edu (ARD); shital.poudyal@usu.edu (SP)

* Korrespondenz: amita.kaundal@usu.edu

Zusammenfassung: Nützliche Mikroben sind entscheidend für die Verbesserung der Anpassung und des Wachstums von Nutzpflanzen unter verschiedenen Belastungen. Sie fördern die Nährstoffaufnahme, verbessern die Immunantwort der Pflanzen und helfen Pflanzen, Belastungen wie Dürre, Salzgehalt und Hitze zu überstehen. Das Ertragspotenzial jeder Nutzpflanze wird maßgeblich von den damit verbundenen Mikrobiomen und ihrem Potenzial zur Verbesserung des Wachstums unter verschiedenen Stressbedingungen beeinflusst. Daher ist es wichtig und spannend, die Mechanismen der Wechselwirkung zwischen Pflanzen und Mikroben zu verstehen. Mais (*Zea mays* L.) ist neben Weizen und Reis eines der wichtigsten Grundnahrungsmittel weltweit. Mais ist weltweit auch eine Industriepflanze, die 83 % der Produktion für die Futtermittel-, Stärke- und Biokraftstoffindustrie bereitstellt. Mais benötigt eine erhebliche Stickstoffdüngung, um optimales Wachstum und optimale Erträge zu erzielen. Maispflanzen sind sehr anfällig für Hitze-, Salz- und Dürrestress und erfordern innovative Methoden, um die schädlichen Auswirkungen von Umweltstress zu mildern und den Einsatz chemischer Düngemittel zu reduzieren. Dieser Bericht fasst unser aktuelles Verständnis der vorteilhaften Wechselwirkungen zwischen Maispflanzen und bestimmten Mikroben zusammen. Diese nützlichen Mikroben verbessern die Widerstandsfähigkeit der Pflanzen gegen Stress und steigern die Produktivität. Sie regulieren beispielsweise den Elektronentransport, regulieren Katalase herunter und regulieren Antioxidantien hoch. Wir untersuchen auch die Rolle von pflanzenwachstumsfördernden Rhizobakterien (PGPR) bei der Verbesserung der Stresstoleranz bei Mais. Darüber hinaus untersuchen wir die Anwendung dieser Mikroben in der Maisproduktion und identifizieren wichtige Wissenslücken, die geschlossen werden müssen, um das Potenzial nützlicher Mikroben voll auszuschöpfen.

Schlüsselwörter: abiotischer und biotischer Stress; nützliche Mikroben; Stresstoleranz; Mais; pflanzenwachstumsfördernde Rhizobakterien (PGPR); AMF; Mykorrhiza



Zitat: Burlakoti, S.; Devkota, AR; Poudyal, S.; Kaundal, A. Beneficial Pflanzen-Mikroben-Interaktionen und Stress

Toleranz bei Mais. *Appl. Microbiol.* **2024**, *4*, 1000–1015. <https://doi.org/10.3390/applmicrobiol4030068>

Wissenschaftliche Lektorin: Sabina Fijan

Erhalten: 4. Juni 2024

Überarbeitet: 18. Juni 2024

Akzeptiert: 20. Juni 2024

Veröffentlicht: 25. Juni 2024



Copyright: © 2024 bei den Autoren.

Lizenznehmer MDPI, Basel, Schweiz.

Dieser Artikel ist ein Open Access-Artikel vertrieben unter den Bedingungen und Bedingungen der Creative Commons

Namensnennunglizenz (CC BY)

(<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>).

1. Einleitung

Mais (*Zea mays* L.) ist neben Weizen und Reis eines der wichtigsten Grundnahrungsmittel weltweit. Im Jahr 2020 wurden weltweit 1.147,7 Millionen Tonnen Mais produziert. Mais hat weltweit als Industriepflanze an Bedeutung gewonnen. 83 % der Produktion werden in der Futtermittel-, Stärke- und Biokraftstoffindustrie verwendet. Von den 125 Entwicklungsländern betrachten etwa 75 Mais als Grundnahrungsmittel. 70 % der weltweiten Maisproduktion stammen aus diesen Ländern [2]. Mais ist eine stickstoffhungrige Pflanze, die eine erhebliche Menge an Stickstoffdüngung benötigt, um optimales Wachstum und optimale Erträge zu erzielen, insbesondere während der vegetativen und frühen Fortpflanzungsphasen, die empfindlicher auf Stickstoffbedarf reagieren. Eine unzureichende Stickstoffversorgung während dieser Phasen begrenzt die Pflanzenentwicklung, verringert die photosynthetische Effizienz und verringert letztendlich den Kornertrag [3]. Darüber hinaus sind Maiskulturen äußerst anfällig gegenüber Hitze, Salzgehalt und Dürre. Bei einem Erwärmungsszenario von 2 °C wird der globale Maisertrag voraussichtlich um 20–40 % und bei einem Erwärmungsszenario von 4 °C um 40–60 % zurückgehen [5]. Die Variabilität der globalen Maisproduktion zwischen 1980 und 2013 kann auf Hitzestress und Dürre zurückgeführt werden [5]. Salzstress verschärft die Probleme zusätzlich, da er die Keimrate des Mais verringert. Er verursacht osmotischen Stress, der die Wasseraufnahme der Samen hemmt und die Keimung verzögert [6]. Bei Salzstress

Die Ansammlung von Na⁺ konkurriert mit K⁺ und führt zu einer Hemmung der Proteinsynthese [7]. Dieser Stress verursacht ionische Toxizität, die Bildung reaktiver Sauerstoffspezies (ROS) und osmotischen Stress [8]. Neben abiotischen Stressfaktoren gehen jährlich zwischen 6 und 19 % der weltweiten Maisproduktion durch Schäden durch Insekten und andere Pflanzenfresser verloren. Die wichtigsten Schädlinge von Mais sind Blattläuse (*Rhopalosiphum maidis*), Thripse (*Frankliniella williamsi*) [9], der Herbst-Heerwurm (*Spodoptera frugiperda*), die Schwarze Eulenfalter (*Agrotis ipsilon*), der Baumwollkapselwurm (*Helicoverpa armigera*), der Maiszünsler (*Helicoverpa zea*) [10], der Stängelbohrer (*Elasmopalpus lignosellus*) und der Heerwurm (*Spodoptera* spp.).

Pflanzenmikrobiome sind Mikroorganismen, die in und um Pflanzen leben, ein komplexes mikrobielles Ökosystem bilden und eine wichtige Rolle für das Wachstum und die Entwicklung von Pflanzen spielen können. Zu diesen Mikrobiomen gehören Bakterien, Pilze, Fadenwürmer, Archaeen und Viren, die in verschiedenen Teilen von Pflanzen leben. Zu diesen Teilen gehören die Rhizosphäre (Boden, der die Wurzeln umgibt), die Phyllosphäre (oberirdische Teile wie Blätter und Stängel), die Endosphäre (inneres Gewebe) und die Spermosphäre (Samenoberfläche) [11,12]. Nützliche Interaktionen zwischen Pflanzen und Mikroben wirken sich erheblich auf das Wachstum und die Entwicklung von Pflanzen aus und mildern Umweltbelastungen [13,14]. Pflanzen sind während ihres Wachstums und Überlebens eng mit Mikroben verbunden; sie spielen eine wichtige Rolle bei der Nährstoffverfügbarkeit und -aufnahme von Pflanzen sowie bei der Stresstoleranz von Pflanzen [15].

Studien berichteten von der Präsenz pflanzenwachstumsfördernder Rhizobakterien der einheimischen Pflanze *Ceanothus velutinus*, die mehrere Rhizobakterien mit pflanzenwachstumsfördernden Eigenschaften wie der Produktion von IAA, Siderophor, Protease, Katalase, der Fähigkeit zur Stickstofffixierung und Phosphatsolubilisierung enthält [16]. Darüber hinaus förderte die Beimpfung von einheimischem Boden von *Ceanothus velutinus* mit einer Vermischungsmischung die Stecklingsvermehrung, und IAA-produzierende Isolate aus der Rhizosphäre förderten das Wachstum von *Arabidopsis* [17]. Daher ist es von entscheidender Bedeutung zu erforschen, wie Pflanzenmikrobiome den Maisertrag steigern und ihm helfen können, verschiedenen biotischen und abiotischen Belastungen standzuhalten. Dieser Bericht konzentriert sich auf die vorteilhaften Wechselwirkungen zwischen Pflanzen und Mikroben im Mais, um den Ertrag zu steigern und Umweltbelastungen zu mildern. Ziel ist es, neue Strategien mit hohem Umsetzungspotenzial zu identifizieren, um die Agrarwirtschaft zu stärken und der Nachfrage nach Praktiken gerecht zu werden, die die Auswirkungen von Dürre und anderen Stressfaktoren im Maisanbau mildern. Die Betonung der Beziehung zwischen Mais und seinem Mikrobiom bietet einen vielversprechenden Forschungsbereich zur Steigerung von Produktivität und Ertrag.

2. Abiotische Stressfaktoren und ihre Auswirkungen auf die Produktivität von Nutzpflanzen

Um den hohen Bedarf an Mais zu decken, wird er häufig an trockenen Standorten angebaut, wo der Mais unter Dürre leiden kann. Der Lebenszyklus des Mais umfasst verschiedene Wachstumsphasen, darunter Keimling und Entwicklung, vegetatives Wachstum, Blüte und Bestäubung, Kornfüllung und Reifung. Dürre und hohe Temperaturen können sich in all diesen Wachstumsphasen negativ auf den Mais auswirken, am stärksten sind die Auswirkungen während der Vegetations- und Kornfüllungsphase sowie wenn die Pflanzen das achte Blattstadium erreichen [18]. In Regionen mit Wasserknappheit während der Wachstumsperiode kann die Maisproduktion um bis zu 15 % zurückgehen [19]. In den wichtigsten Maisanbaugebieten Chinas leiden ca. 60 % der Pflanzen unter Wasser- und Hitzestress, was zu 30 % geringeren jährlichen Erträgen führt [20].

Ebenso haben verschiedene Studien gezeigt, dass ein Temperaturanstieg von 6 °C über 35 °C für 3 Tage während der Blütezeit den Ertrag in den USA um 13 % reduzierte [21], eine Temperatur von 33 bis 36 °C während der Vor- und Nachblütephase den Ertrag in Argentinien um 10 – 45 % reduzierte [22] und jedes Grad über 30 °C in der Reproduktionsphase den Ertrag in Afrika um 1 – 1,7 % verringerte [23]. Die besorgniserregendsten Aussichten sind jedoch die Zukunft. Angesichts des fortschreitenden Klimawandels und der sich weltweit verändernden Wettermuster werden Wasser- und Hitzestress die globale Maisversorgung voraussichtlich um 15 – 20 % jährlich verringern [18]. Erhöhte Temperaturen über 35 °C können das reproduktive und vegetative Wachstum von Maispflanzen von der Keimung des Samens bis zur Kornfüllung, dem letzten Stadium, beeinträchtigen [24]. Gleichzeitig wird Mais noch anfälliger, wenn er während seiner reproduktiven Phasen Wasser- und Hitzestress ausgesetzt ist [25]. Die Auswirkungen von Dürrestress auf Mais umfassen eine reduzierte Blattfläche, eine geringe Wassernutzungseffizienz, eine geringere Nährstoffaufnahme, eine verringerte photosynthetische Effizienz, eine verringerte Biomasseansammlung und eine geringere Produktivität. Studien haben gezeigt, dass Wasserstress während des vegetativen Wachstums

die Wachstumsgeschwindigkeit verringern, die Wurzelentwicklung verlangsamen, die vegetative Phase verlängern, vegetatives Wachstum kann die Wachstumsrate verringern, die Entwicklung des Wurzelsystems verlangsamen und die CO₂-Verteilung beeinflussen. Eine kurze Zeit der Wasserknappheit kann zu einer Reduzierung um 28–32 % führen, die vegetative Phase verlängern und die CO₂-Verteilung beeinflussen. Eine kurze Periode von Wasserknappheit kann das Trockengewicht während des vegetativen Wachstums und 66–93 % während der Rispen-/Ährenbildung verringern [26]. führen zu einer Verringerung des Trockengewichts um 28–32 % während des vegetativen Wachstums und um 66–93 % während des Wachstums. Längerer Trockenstress vor der Blüte kann die Blattgröße und den Internodienabstand verringern, Quasten-/Ährenbildung [26]. Länger anhaltender Trockenstress vor der Blüte kann die Blattbildung verlangsamen, wodurch die Entwicklung der Seidenfäden und die Quastenbildung verzögert werden, was zu einem Gesamtertragsrückgang von 15–25 % führt [27]. Darüber hinaus können bereits wenige Tage Trockenheit während der Bestäubung/Befruchtung zu 25 % Gesamtertragsminderung [27]. Hinzu kommen bereits wenige Tage Trockenstress während der abnormen Embryobildung und weniger Körner pro Pflanze. Trockenstress vor und nach Bestäubung/Befruchtung kann zu abnormaler Embryobildung führen und weniger Körner pro Bestäubung sind mit einem signifikanten Rückgang des Kornansatzes verbunden [27]. Die primäre Photosyntheseaktivität von Maispflanzen findet in ihren fünf- oder sechskolbenigen Blättern statt und trägt hauptsächlich zur

im Kornansatz [27]. Die primäre photosynthetische Aktivität von Maispflanzen findet in ihrer fünfköpfigen Biomasse statt. Trockenstress kann jedoch die photosynthetische Rate verringern, indem er oder sechsährige Blätter, die hauptsächlich zur Pflanzenbiomasse beitragen. Trockenstress kann jedoch die Blattgröße verringern und das Pflanzenwachstum verlangsamen [28].

Die Photosyntheserate lässt sich durch eine Reduzierung der Kolbenblattgröße und eine Verlangsamung des Pflanzenwachstums verringern [28]. Höhere Temperaturen in den Phasen der Fortpflanzung, wie etwa bei der Blütenbildung, Bestäubung und beim Kornwachstum Füllung, kann die Qualität des Maiskorns verringern. Eine Studie von Izaurralde et al. [29] legt nahe, dass eine Erhöhung der durchschnittlichen saisonalen Temperatur um 1 °C den wirtschaftlichen Ertrag von Mais um 3–13%. Die Studie von Hussain et al. [20] an zwei Maishybriden, Xida 319 und Xida 889, die Hitze stress ausgesetzt waren, beobachtet eine reduzierte Pflanzenhöhe, eine verringerte Biomasseakkumulation und

Hitzestress ausgesetzt waren, wurde eine verringerte Pflanzenhöhe, eine geringere Biomasseansammlung und ein geringerer Ertrag beobachtet. Erhöhter Hitzestress verringert die Effizienz der Lichtnutzung bei Mais

Pflanzen, was zu einer Erhöhung der Biomasse führt. Darüber hinaus führt eine erhöhte Temperatur während der Blütenphase des Maisanbaus zu verringertem Wachstum [30]. Ebenso ist die Exposition Hitzestress in Maisanbau führt zu reduziertem Wachstum [30]. Ebenso reduziert Hitzestress im 12-Blatt-Stadium die

Die Ausbreitung der Maispflanze gegenüber Hitzestress im 12-Blatt-Stadium führt zu einer Verminderung der Pollenproduktion, des Keimlingsgehalts, des Salzsäuregehalts und der Größe der Blütenrispen [31].

Salzstress ist einer von mehreren abiotischen Stressfaktoren, die das Wachstum und den Ertrag von Mais beeinträchtigen.

Erhöhte Salzkonzentrationen reduzieren die Pflanzenhöhe und Biomasse aufgrund des hohen osmotischen Potentials [32]. Diese Wachstumsverminderung führt zu einer verringerten stomatalen Leitfähigkeit und Photosyntheseleistung, einer Störung der zytosolischen Enzymaktivität und einer Beeinträchtigung der Kohlenstofffixierungsenzyme [33,34]. In einer Studie von Kainer [35] und Kaye [36] wurde die Kohlenstoffkonzentration von 10 Gew.-%

Salzkonzentration von 100 mM NaCl während der Reproduktionsphase von Mais reduzierte Korngewicht und Ertrag Gew.-% bzw. 25%. Eine Studie von Kainer [35] zeigte eine 1,3%ige

Verringerung des Maisertrags in Maisbrüden, die Salzen des Sees ausgesetzt sind. Eine Erhöhung des Salzgehalts

Ein Anstieg der Salzkonzentration beeinträchtigt die Fähigkeit der Maispflanze, Nitrationen aufzunehmen, da aufgrund der antagonistischen Wirkung zwischen Chlorid- und Nitrationen [37]. Die Wirkung von

Der Salzstress wird in Abbildung 1B beschrieben.

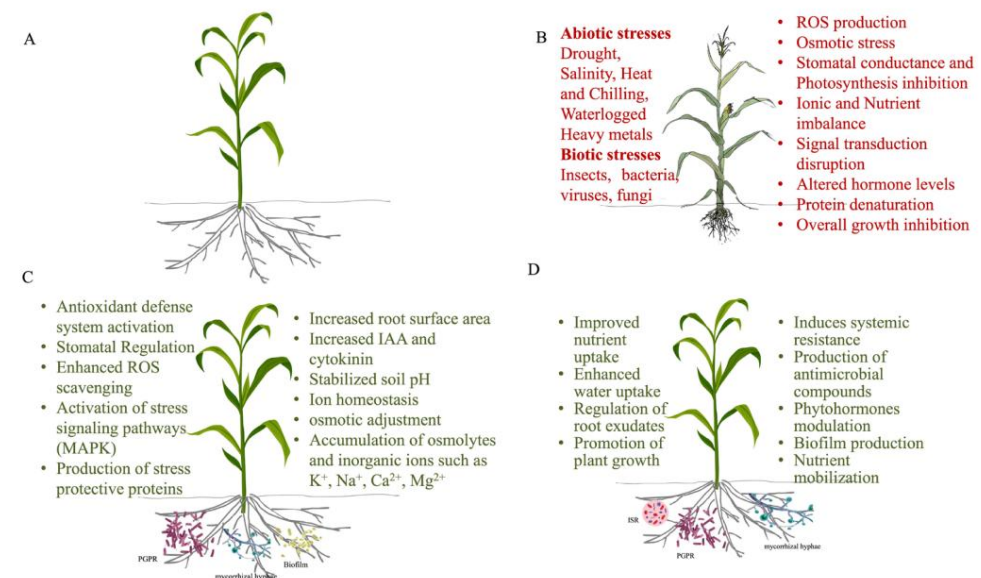


Abbildung 1 Verschiedene Belastungen auf Maispflanzen. (A) Eine gesunde Maispflanze und (B) eine belastete Maispflanze zeigt, durch abiotische und biotische Belastungen. (C) Mechanismen der abiotischen Stressresistenz einschließlich osmotischer Anpassung, antioxidative Aktivität und Stomataregulierung, und (D) Mechanismen der biotischen Stressresistenz wie Aktivierung von Pathogenese-relevanten Proteinen und strukturellen Barrieren.

3. Mechanismus der abiotischen Stresstoleranz bei Mais

Pflanzen haben verschiedene Mechanismen entwickelt, um mit verschiedenen abiotischen Belastungen umzugehen. Nachfolgend werden die drei wichtigsten abiotischen Stressfaktoren bei Mais beschrieben.

3.1. Dürrestress Um

mit Dürrestress fertig zu werden, haben Maispflanzen verschiedene Mechanismen entwickelt, die grob in Flucht-, Vermeidungs- und Toleranzstrategien eingeteilt werden [38]. Dürrestress zu vermeiden bedeutet, den Lebenszyklus einer Pflanze zu verkürzen, um Dürrestress zu vermeiden, was besonders während der reproduktiven Wachstumsphasen wichtig ist. Merkmale wie Tage bis zur Aussaat, Blüte und Reife sind genetisch vererbbar, was phänologische Anpassungen als Reaktion auf die Wasserverfügbarkeit ermöglicht [38]. Die Entwicklung früh reifender Sorten hilft, terminalen Dürrestress zu vermeiden [39]. Diese Strategie kann jedoch die Erträge verringern, da die Erntedauer direkt mit dem Ertrag korreliert [40]. Durch Selektion passen Pflanzen ihre Wachstumsperiode basierend auf der verfügbaren Feuchtigkeit an und schließen ihren Lebenszyklus vor dem Einsetzen der Dürre ab. Maispflanzen versuchen, die reproduktive Phase abzuschließen, bevor Dürre stärker auftritt. Mais, der sehr anfällig für Dürre ist, profitiert erheblich von diesem Fluchtmechanismus [41].

Die Dürrevermeidung bei Mais wird durch die Messung des Gewebewasserstatus beurteilt, der typischerweise durch das Turgor-Wasserpotential unter Dürrestressbedingungen angezeigt wird. Vermeidung bedeutet, den Wasserstatus der Pflanze durch Reduzierung der Transpirationsrate oder Erhöhung der Wasseraufnahme aufrechtzuerhalten [42]. Verschiedene physiologische und morphologische Merkmale sind wesentliche Auswahlkriterien für die Dürrevermeidung bei Mais, darunter Blattrollen, Blattbrand, Kronendachtemperatur, Stomataschließung, Blatteigenschaften und Wurzeleigenschaften [43]. Stomata regulieren Transpiration und Gasaustausch und steuern Photosynthese und Atmung. Pflanzen reduzieren den Wasserverlust, indem sie ihre Stomata schließen, den Wasserstatus aufrechterhalten und Dürre besser tolerieren. Trockenheitstoleranz bei einer Kombination aus Hitze- und Trockenstress beinhaltet die Aufrechterhaltung von Wachstum und Entwicklung durch zelluläre und biochemische Anpassungen. Neben der Aufrechterhaltung eines durchschnittlichen physischen Wachstums ist Trockenheitstoleranz auch mit Ertragsstabilität unter wasserarmen Bedingungen verbunden, einem komplexen Prozess, bei dem Nutzpflanzen verschiedene natürliche Mechanismen entwickelt haben, um sich an Trockenstress anzupassen und ihn zu tolerieren [44]. Diese Anpassungen umfassen die Ansammlung kompatibler Osmolyte wie Prolin, Glycinbetain, löslicher Zucker und verschiedener Wasserstatus der Pflanzen über anorganischer Ionen (K^+ , Na^+ , osmotische Anpassung [44,45]), um den osmotischen Anpassungen zu unterstützen.

Zusätzlich werden die enzymatischen und nicht-enzymatischen Antioxidationssysteme, einschließlich Superoxiddismutase (SOD), Katalase (CAT), Peroxidase (POD) und Ascorbatperoxidase (APX), aktiviert, um oxidative Schäden zu mildern. Wachstumsregulatoren wie Abscisinsäure (ABA) spielen ebenfalls eine Rolle [20,28]. Darüber hinaus werden Transkriptionsfaktoren (TFs) aktiviert, um die Genexpression zu regulieren, die empfindlich auf Dürre und hohe Temperaturen reagieren, während Stressproteine wie Hitzeschockproteine (HSPs), Proteine der späten Embryogenese (LEA) und Aquaporine die Wasserbewegung unter Stress unterstützen [41].

Ebenso sind Antioxidantien Moleküle, die Pflanzen schützen, indem sie reaktive Sauerstoffspezies abfangen und so oxidative Schäden verhindern. Sie bilden einen Abwehrschild gegen oxidativen Stress. Antioxidantien können enzymatisch oder nicht-enzymatisch sein. Zu den enzymatischen Antioxidantien zählen Katalase (CAT), Superoxiddismutase (SOD), Glutathionreduktase (GR), Ascorbatperoxidase (APX), Peroxidase und Polyphenoloxidase. Zu den nicht-enzymatischen Antioxidantien zählen γ -Tocopherol, Ascorbinsäure, β -Carotin, Glutathion und Cystein [46]. Diese Komponenten sind wichtig, um reaktive Sauerstoffspezies zu neutralisieren und die Pflanzengesundheit unter oxidativen Stressbedingungen zu bewahren. Pflanzenhormone, auch als Pflanzenwachstumsregulatoren oder Phytohormone bekannt, spielen eine entscheidende Rolle bei der Steuerung des Wachstums und der Entwicklung von Pflanzen, indem sie als Signalmoleküle fungieren, die die Zelldifferenzierung auslösen und lokal wirken oder zu entfernten Zielen transportiert werden.

Als Reaktion auf Trockenstress durchlaufen Pflanzen verschiedene Anpassungen, darunter die Aufrechterhaltung des endogenen Hormongleichgewichts [47]. Verschiedene Pflanzenwachstumsregulatoren verleihen Trockenheitstoleranz, darunter Auxine, Cytokinine, Abscisinsäure (ABA), Gibberelline, Salicylsäure, Brassinosteroide, Methyljasmonat, Polyamine, Ethylen und Ze

interagieren, um die Reaktionen der Pflanzen, bestimmte Wachstumsstadien, Gewebe und Umweltbedingungen zu regulieren. Beispielsweise sind Auxine an Trockenstressreaktionen beteiligt, wobei Wechselwirkungen zwischen Ethylen, Cytokinen und Auxinen beobachtet wurden, die ihre Biosynthese beeinflussen [48,49]. Die Konzentration von Indoleessigsäure (IAA) nimmt in Maisblättern unter Trockenstress ab, während die Ansammlung von ABA zunimmt, was den Hormonhaushalt beeinflusst. Die IAA-Ansammlung nimmt bei mäßigem Stress zu (13,4 %) und bei starkem Trockenstress ab (63,2 %) [28]. Salicylsäure trägt zur Aufrechterhaltung der Photosynthese bei, indem sie unter Trockenstress einen höheren Chlorophyllgehalt behält und zur Trockenheitstoleranz beiträgt [50].

ABA und Ethylen regulieren die Stomata-Leitfähigkeit, die Kornzahl, die Kornfüllungsrate und das Wachstum der Pflanzenspitze antagonistisch, während Cytokinin Wachstum und Entwicklung fördert.

ABA spielt eine entscheidende Rolle als Stresshormon, da es Wachstum, Entwicklung und Stressreaktionen über einen Signalweg moduliert, an dem verschiedene Komponenten beteiligt sind, die stark auf ABA reagieren. Eine durchschnittliche Wasserverfügbarkeit führt nicht zu einer ABA-Akkumulation, und extrem schwere Dürre reduziert die ABA-Akkumulation, da die ABA-Vorläufer aufhören [51]. Das antioxidative Abwehrsystem entgiftet ROS und hält die Redoxhomöostase aufrecht [52]. Das allgemeine hormonelle Gleichgewicht der Pflanze ist für verschiedene Wachstums- und Entwicklungsprozesse von entscheidender Bedeutung, wobei Wechselwirkungen zwischen Hormonen eine entscheidende Rolle bei der Anpassung der Pflanze an

3.2. Salzstress Ein

Ungleichgewicht im zellulären Ionenaustauschprozess verursacht Salzstress in der Pflanze. Aufgrund dieses ionischen Ungleichgewichts kommt es zum Einstrom von Na^+ und zum Ausfluss von K^+ durch verschiedene Ionentransporter in der Zellmembran [53]. Die übermäßige Konzentration von Na^+ erhöht den oxidativen Stress, indem sie die Produktion von ROS (reaktive Sauerstoffspezies) steigert [54]. Infolgedessen werden Zellmembranen zerstört, was zu einem Zusammenbruch der Zellhomöostase führt. Bei Salzstress werden Gene und Transkriptionsfaktoren aktiviert, die den Ionentransport regulieren, was dazu beiträgt, die Ionentoxizität in Zellen zu verringern. Dazu gehören Plasmamembranprotein (PMP), Natriumaffinitätstransporter (HKT), der übersalzeempfindliche (SOS) Weg und Na^+/H^+ -Austauscher (NHXs) [55]. ZmCIPK24a und ZmCBL4 plus ZmCBL8 wirken in Mais als SOS2 und SOS3 [56]. Bei Salzstress erkennt SOS3 Veränderungen des zytoplasmatischen Ca^{2+} -Spiegels, wodurch SOS2 aktiviert wird. Der SOS2-SOS3-Komplex phosphoryliert ZmSOS1, aktiviert SOS1 und erhöht den Na^+ -Efflux von der Wurzel in den Boden, wodurch die Salztoleranz erhöht wird [57]. Eine Studie identifizierte QTL für den K^+ -Gehalt (qKC3), der ZmHKT2 kodiert, einen K^+ -Transporter, der im Xylemparenchym lokalisiert ist [58]. ZmHKT2 reduziert den K^+ -Gehalt des Sprosses, indem es K^+ aus den Xylemgefäßen abruft. Mutanten ohne ZmHKT2 weisen einen höheren K^+ -Gehalt im Spross und eine höhere Salztoleranz auf [59]. Die Verringerung der ZmHKT2-Aktivität ist eine praktikable Strategie zur Entwicklung salztoleranter Maissorten.

3.3. Hitzestress

Die osmotische Anpassung ist ein Mechanismus, der Maispflanzen hilft, mit hohen Temperaturen umzugehen. Dabei wird ein Wassergradient geschaffen, um den Wassereinstrom zu verbessern und so den Turgor durch Verringerung des osmotischen Potenzials aufrechtzuerhalten. Diese Anpassung hilft, den Wasserstatus des Gewebes zu erhalten, indem die schädlichen Auswirkungen von Dürre durch die Ansammlung von gelösten Stoffen im Zellzytoplasma und in den Vakuolen minimiert werden. Durch die Aufrechterhaltung des Turgorpotenzials und die Unterstützung physiologischer Prozesse schützt die osmotische Anpassung vor dürrebedingten Schäden [60]. Der relative Wassergehalt ist ein entscheidender Indikator zur Einschätzung der Dürretoleranz bei Pflanzen mit geschlossenen Stomata und reduzierter CO_2 -Ansammlung infolge des verringerten relativen Wassergehalts unter Dürrestress [42]. Die nachhaltige Regulierung der Photosyntheserate und des Turgorpotenzials gewährleistet die Translokation photosynthetischer Assimilate. Osmoprotektiva, darunter stickstoffhaltige Verbindungen wie Prolin, Polyole, Polyamine und Glycinbetain sowie Hydroxyverbindungen wie mehrwertige Alkohole, Saccharose und Oligosaccharide, spielen eine entscheidende Rolle bei der osmotischen Regulierung [62]. Diese Verbindungen schützen zelluläre Proteine und Membranen vor Dehydratationseffekten und helfen, die Zellintegrität aufrechtzuerhalten [63]. Glycinbetain beispielsweise wirkt als wichtiges Osmoprotektivum und schützt Pflanzen vor verschiedenen Belastungen wie Dürre, Salzgehalt, Kälte und Hitze, indem es den Photosyntheseapparat schützt und zelluläre Proteine stabilisiert [64]. Prolin,

ein weiteres Osmoprotektivum, hilft, den Wasserstatus aufrechtzuerhalten, Zellmembranen zu schützen und Proteindenaturierung unter osmotischem Stress zu verhindern [64,65]. Lösliche Zucker, die sich als Reaktion auf Trockenstress ansammeln, erfüllen mehrere Aufgaben im Stoffwechsel und Schutz der Pflanze, darunter die Funktion als Substrat für Biosyntheseprozesse und den Schutz von Zellorganellen durch Vitrifikation [66]. Polyole wie Sorbitol, Glycerin und Mannitol bilden Hydratsphären um Makromoleküle und schützen sie so vor Dehydratation [67]. Diese Mechanismen tragen gemeinsam zur Fähigkeit der Pflanzen bei, Trockenstress zu tolerieren und wichtige physiologische Prozesse aufrechtzuerhalten.

4. Biotischer Stress und Pflanzenproduktion

Obwohl abiotischer Stress das größte Hindernis für die Erzielung des potenziellen Ertrags im weltweiten Maisanbau darstellt, bedroht auch biotischer Stress den Maisanbau und führt häufig zu erheblichen Ertragsverlusten [68]. Krankheiten, Insekten und Schädlinge sind die Hauptfaktoren für diese Verluste, wobei Krankheitserreger wie Pilze, Bakterien und Viren Syndrome wie Kolben-/Stängel-/Körnerfäule, Raue Zwerg-/Welkekrankheit und Nordische Blattbräune/Maismosaik [69] hervorrufen, die die Hauptkrankheiten sind, die den Maisertrag verringern. Das gleichzeitige Auftreten von abiotischem und biotischem Stress verschärft die Situation und führt zu einem erheblichen Rückgang der weltweiten Maisproduktion. Studien zeigen, dass es bei wichtigen Nutzpflanzen, einschließlich Mais, allein aufgrund von abiotischem Stress zu Ertragsverlusten von über 50 % kommt. Zum Vergleich: Weltweit geht jährlich etwa 10 % der Maisproduktivität durch biotischen Stress verloren [70], und 22,5 % der weltweiten Maisverluste sind auf Krankheiten und Schädlinge zurückzuführen. Allein der Maiszünsler verursacht in den USA jährliche Verluste von bis zu 2 Milliarden USD, während in nördlichen Regionen Chinas die Nordische Blattfäule zu Ernteeinbußen von 50 % führte [71]. Eine ähnliche Bedrohung stellt *Colletotrichum graminicola* dar, der Anthraknose bei Mais verursacht und für jährliche Verluste von bis zu 1 Milliarde USD verantwortlich ist, während der Maisrüssler (*Sitophilus zeamais*) während der Lagerung auf dem Bauernhof über 30 % des Getreides schädigt [70]. Allein die Produktion der hochgradig krebserregenden Aflatoxine durch *Aspergillus flavus* hat in den USA im Maisanbau zu enormen Verlusten von 686,6 Millionen USD geführt. Diese Statistiken sind nicht bloß Statistiken, sie sind eine eindringliche Erinnerung an die verheerenden wirtschaftlichen Schäden, die biotischer Stress anrichten kann. Andere klimaabhängige Krankheitserreger wie *Fusarium* spp. und *Ustilago maydis* verschärfen das Problem noch [72,73]. Unter den zahlreichen Strategien zum Umgang mit biotischem Stress, der durch solche Krankheitserreger verursacht wird, hat sich der Einsatz von Polyaminen (PAs) als effektive Strategie zur Verringerung von biotischem Stress herausgestellt, der durch verschiedene Krankheitserreger in Mais verursacht wird. PAs spielen eine entscheidende Rolle bei der Produktion von H₂O₂, da sie sowohl als Abwehrmittel als auch als Signalmolekül als Reaktion auf biotischen Stress fungieren [73]. Beispielsweise fungiert Spermin (Spm), eine Form von PA, als Signalmolekül bei der Krankheitserregerabwehr und spielt eine entscheidende Rolle bei der Resistenz gegen Virusinfektionen [74]. Im Fall von *Ustilago maydis*, einem dimorphen wirtsspezifischen Pilz, verursacht es „Huitlacoche“ oder gewöhnlichen Brand in Maispflanzen. Die Ansammlung von H₂O₂ aus Polyaminoxidase spielt eine bedeutende Rolle bei der Tumorbildung, die durch *U. maydis* in Maispflanzen verursacht wird. Es wurde festgestellt, dass der Transkriptionsfaktor für Mais-Polyaminoxidasen (zMPAOs) in Tumoren herunterreguliert ist. Die Symptome der Krankheit ließen sich nach der Verabreichung von 1,8-Diaminooctan (1,8-DO), einem potenten Polyaminoxidasehemmer, verringern [

5. Nützliche Pflanzen-Mikroben-Interaktionen im Mais

5.1. Arbuskuläre Mykorrhiza-Symbiose

Mais bildet symbiotische Verbindungen mit arbuskulären Mykorrhizapilzen (AM). Diese Partnerschaft, die über den Mykorrhiza- und Wurzelweg hergestellt wird, ermöglicht es Pflanzen, Nährstoffe effizient aus dem Boden aufzunehmen. In dieser Symbiose treten Pilze und Pflanzen in einen gegenseitigen Austausch ein, bei dem Pilze mineralische Nährstoffe liefern, während Pflanzen Kohlenstoff (C) liefern. Maiswurzeln spielen neben vorteilhaften Beziehungen mit Mikroben wie Mykorrhizapilzen eine entscheidende Rolle bei der Aufnahme von Nährstoffen wie Phosphor (P) und Stickstoff (N). Maiswurzelereste, ein bedeutendes Nebenprodukt dieser Symbiose, liefern Stickstoff für andere Pflanzen in der Fruchtfolge und verbessern so die landwirtschaftliche Produktivität [75,76]. Dieser Austausch erfolgt über Arbuskeln in den Zellen der Wurzelrinde, wo AM-Pilze 4–20 % der gesamten photosynthetischen

Kohlenstoff, der von der Pflanze durch symbiotische Beziehungen fixiert wird. Die Hyphen der AM-Pilze nutzen diesen Kohlenstoff dann, um spezielle Exsudate zu erzeugen, die ein Hyphosphärenmikrobiom anziehen und aufbauen. Dieses Mikrobiom spielt eine entscheidende Rolle dabei, die Unfähigkeit der Pilze auszugleichen, organische Nährstoffe direkt zu nutzen. Durch die Sekretion von Enzymen und die Förderung der Mineralisierung organischer Nährstoffquellen erhöht das Hyphosphärenmikrobiom die Verfügbarkeit von Stickstoff und Phosphor erheblich. Diese kollaborative Funktionalität innerhalb des Holobionten verbessert die Nährstoffverfügbarkeit für alle interagierenden Organismen, einschließlich Pflanzen, AM-Pilzen und Hyphosphärenbakterien, erheblich (Abbildung 1C,D).

Bei Mais beginnt die Besiedlung der Maiswurzeln durch AM-Pilze früh in der Pflanzenentwicklungsphase und erreicht ihren Höhepunkt in den vegetativen Wachstumsstadien. Maiswurzeln produzieren Strigolactone (5-Desoxy-Strigolun und Sorghumol), die für die Etablierung einer AM-Symbiose unerlässlich sind [77,78]. Diese Verbindungen wirken als Chemoattraktanten und leiten Pilzhypen zum Wurzelsystem [79]. Bei Kontakt mit Strigolactonen initiieren AM-Pilze Signalkaskaden, die Gene wie *SYM* und *RAM1* aktivieren, die an der Besiedlung beteiligt sind. Wie andere Pflanzen wie Karotten bilden Maiswurzeln an der Wurzeloberfläche Vorpenetrationsapparate (PPAs), um das Eindringen von Pilzhypen in das Wurzelgewebe zu erleichtern. Beim Eindringen initiieren Pilzhypen eine Reihe molekularer Ereignisse, wie die Produktion von Chitin und Lipochitooligosacchariden zur Erkennung und Signalübertragung zwischen Pflanzen und Pilzen [80]. Die Signalübertragung führt auch zur Aktivierung von Transkriptionsfaktoren und zur Bildung von Arbuskeln. Von Pilzen stammende Proteine, wie kleine sekretierte Effektorproteine (SSEPs), werden in die Pflanzenzelle transportiert und spielen vermutlich eine Rolle bei der Bildung und Funktion von Arbuskeln [81]. Der Nährstoffaustausch zwischen Pilzen und Maispflanzen findet innerhalb der Arbuskeln statt. Zusätzlich zu den Arbuskeln werden in den Wurzelzellen Vesikel gebildet, die als Speicherstrukturen für Lipide, Glykogen und andere Metabolite dienen.

Sobald die Symbiose zwischen AM-Pilzen und Maispflanzen etabliert ist, können AM-Pilze das Wurzelvolumen vergrößern und so die Oberfläche für die Wasseraufnahme vergrößern. D-Myo-Inositol-3-Phosphat-Synthase (IPS) und das 14-3-3-ähnliche Protein GF14 (14-3GF) sind entscheidend für die Signalkommunikation zwischen Mais und AMF bei Trockenstress. Die Koexpression dieser beiden Gene hat die Trockenheitstoleranz von Mais deutlich erhöht [82]. In ähnlicher Weise führt eine Infektion mit AM-Pilz zu einem Anstieg des Expressionsniveaus von NPF4.5-Homologen, was auf eine höhere Nitrataufnahme während der Symbiose hindeutet [82]. Der Ammoniumtransporter *ZmAMT3;1*, der während einer Infektion mit AM-Pilz in Kortezellen von Mais exprimiert wird, absorbiert 68–70 % des von AM-Pilz zu Maispflanzen transportierten Stickstoffs [83].

5.2 Stickstofffixierende Symbiose mit Rhizobien

Rhizobien, im Boden weit verbreitete gramnegative Bakterien, können den Maisanbau verbessern. Obwohl sie hauptsächlich mit Leguminosen assoziiert werden, können diese nützlichen Bakterien das Wachstum und den Ertrag von Mais durch verschiedene Mechanismen fördern. Obwohl ihre Effizienz bei Mais im Allgemeinen geringer ist als bei Leguminosen, ist das Verbesserungspotenzial vielversprechend [84].

Die Inokulation des *Azospirillum*-Stammes in Maiswurzeln führte zu einem Anstieg des GA3-Spiegels und damit zu einem verstärkten Wurzelwachstum [85]. Ebenso zeigten *Rhizobium*-Stämme (wie *R. etli* bv. *Phaseoli* und *R. leguminosarum* bv. *trifolii*) und *Sinorhizobium* sp. vielversprechende Ergebnisse bei der Wachstumssteigerung, Erhöhung der Pflanzenhöhe und Verbesserung des Kornertrags bei Mais [86]. Zahlreiche Studien berichteten über die Fähigkeit von *Herbaspirillum* *seopedicae* und *Azospirillum* spp. zur Stickstofffixierung in Mais. Eine Studie an zwei Maisgenotypen, Morgan 318 und Dekalb 4D-70, zeigte eine signifikante Steigerung des Kornertrags und eine höhere Stickstoffansammlung bei der Inokulation einer Mischung aus *Azospirillum* spp.-Stämmen, ein Ergebnis, das mit der Anwendung von 100 kg Stickstoff pro Hektar vergleichbar ist [87]. Eine weitere Studie enthüllte die Identifizierung einer Stickstofffixierung mit der einheimischen Maissorte, die in stickstoffarmen Böden in Mexiko angebaut wird. Die mikrooxische Umgebung für eine bessere Stickstofffixierung wird durch den Schleimschlauch um die Wurzeln herum geschaffen, der eine hohe Menge an Proteobakterien aufweist [88]. Diese symbiotischen Beziehungen sind entscheidend für die Verbesserung

höhere Nährstoffaufnahme und Ernteerträge, was eine hoffnungsvolle Aussicht für die Zukunft des Maisanbaus bietet.

5.3. Landwirtschaftliche Anwendung stresstoleranter Mikroben Der

Einsatz stresstoleranter Mikroben führt zu einer deutlichen Ertragssteigerung bei Maispflanzen . Maispflanzen, die mit *Piriformospora indica*, einem endophytischen Pilz, der unter Dürrestressbedingungen wächst, inokuliert wurden, wiesen eine größere Blattfläche, einen größeren SPAD-Wert, ein höheres Frisch- und Trockengewicht der Wurzeln sowie hochregulierte Antioxidantien wie Katalase und Superoxiddismutase auf. Die Hochregulierung der dürrebezogenen Gene DREB2A, CBL1, ANAC072 und RD29A erhöhte die Resistenz gegen Dürrestress [89]. *Bacillus* spp. PM31 verbesserte auch das Maiswachstum unter Salzstress [90]. Mikroben können eingesetzt werden, um den Pflanzenertrag zu steigern und die Bodengesundheit zu verbessern. Stresstolerante Mikroben können 20–40 % der chemischen Düngemittel ersetzen und gleichzeitig die Auswirkungen von Dürrestress abmildern. Die Kombination stresstoleranter Bakterien mit anderen nützlichen Mikroben wie AM-Pilzen kann die Stresstoleranz von Mais und anderen Pflanzen erhöhen und so weitere landwirtschaftliche Vorteile bieten . Diese Mikroben können durch verschiedene Anwendungsstrategien in landwirtschaftliche Praktiken integriert werden, die zu einer nachhaltigen Landwirtschaft beitragen, wie in Tabelle 1 aufgeführt.

5.4. Mikrobenvermittelte induzierte systemische Resistenz (ISR) bei Mais Systemisch

erworbene Resistenz (SAR) und induzierte systemische Resistenz (ISR) sind unterschiedliche Mechanismen, durch die Pflanzen eine systemische Resistenz gegen Krankheitserreger und Krankheiten entwickeln können. SAR ist ein pflanzlicher Abwehrmechanismus, der Pflanzen nach einer Erstinfektion vor einem breiten Spektrum von Krankheitserregern schützt. SAR wird durch die Erkennung pathogenassoziierter molekularer Muster (PAMPs) oder von Effektormolekülen ausgelöst, die von einem Krankheitserreger freigesetzt werden [91]. ISR ist ein pflanzlicher Abwehrmechanismus, bei dem das Immunsystem der Pflanze durch den Kontakt mit bestimmten nützlichen Mikroorganismen, Krankheitserregern oder chemischen Verbindungen gestärkt wird, um seine Widerstandsfähigkeit gegen nachfolgende Krankheitserregerangriffe zu erhöhen. Im Gegensatz zu SAR, das durch eine direkte Infektion mit Krankheitserregern ausgelöst wird , wird ISR durch nützliche Mikroben oder bestimmte chemische Verbindungen in der Pflanzenumgebung ausgelöst [92].

ISR ist ein komplexer Prozess, der die Aktivierung verschiedener Abwehrreaktionen innerhalb der Pflanze umfasst, darunter die Produktion antimikrobieller Verbindungen, die Verstärkung von Zellwänden und die Aktivierung von Abwehrgenen. ISR wird durch nicht-pathogene Rhizobakterien ausgelöst, die die Rhizosphäre besiedeln. Die Mikroben stärken das angeborene Immunsystem der Pflanze und verstärken ihre Abwehrreaktion gegen nachfolgende Angriffe durch Krankheitserreger und Insekten [93]. Bestimmte Mikroorganismen wie nützliche Rhizobakterien, *B. velezensis* SQR9 und der Pilz *Trichoderma harzianum* spielen eine entscheidende Rolle bei der Induktion von ISR in Mais gegen Krankheitserreger. *B. velezensis* SQR9 besiedelt Maiswurzeln und aktiviert Abwehrsignalwege . Diese Besiedlung führt zur Anreicherung der Phenylpropanoid-Biosynthese, des Aminosäurestoffwechsels und der Interaktionswege zwischen Pflanze und Krankheitserreger in Maiswurzeln. Der Kalzium-Signalweg ist bei der durch SQR9 induzierten ISR von zentraler Bedeutung, da die Hemmung des Kalzium-Signalwegs die induzierte Resistenz schwächt [58]. In ähnlicher Weise löst *T. harzianum* bei Mais eine ISR gegen *Curvularia*-Blattflecken aus, indem es Cellulasen und Cellobiose aus den Wurzeln freisetzt. Von *T. harzianum* kolonisierten Wurzeln freigesetzte Cellobiose löst die Expression von Abwehrgenen (*Opr7*, *Pr4*, *Aoc1*, *Erf1*) im Mais aus und verstärkt so die ISR gegen den Erreger [94]. An der ISR im Mais sind Jasmonsäure- und Ethylen-Signalwege beteiligt, die durch das NPR1-Protein vermittelt werden.

Tabelle 1. Pflanzenwachstumsfördernde Rhizobakterien (PGPR), die die Stresstoleranz von Mais erhöhen.

Wirtsassoziierte mikrobielle Stämme	Wirkung/Mechanismus der Stresstoleranz	Verweise
Mikrobiell vermittelte vorteilhafte Dürrestresstoleranz		
Rhizobium R. etli von Phaseoli, R. leguminosarum von Trifolii, Sinorhizobium sp.	Verbessertes Wachstum, erhöhte Pflanzenhöhe, verbesserter Korntrag	[86]
Herbaspirillum seopedicae Azospirillum sp.	Erhöhter Getreideertrag Höhere N-Akkumulation	[87]
Piriformospora indica	Größere Blattfläche und SPAD-Wert Erhöhtes Frisch- und Trockengewicht der Wurzeln Verringerte Ansammlung von Malondialdehyd (MDA) Hochregulierung von Antioxidantien und Dürre-bezogenen Genen	[89]
Pseudomonas putida	Bilden lebensfähige Biofilme um die Wurzeln Erhöhte Bodenhaltekapazität Verbesserte Bodenstruktur	[95]
Pseudomonas aeruginosa Alcaligenes faecalis Proteus peneri	Erhöhter Bodenfeuchtigkeitsgehalt Verbesserte Pflanzenwachstumsmerkmale wie Blattfläche, Sprosslänge und Wurzellänge Herunterregulierung von Katalase, Ascorbatperoxidase und Glutathionperoxidase	[96]
Klebsiella variicola Pseudomonas fluorescens Raoultella planticola	Erhöhte Werte von Betain, Glycin und Cholin Verbessertes Pflanzenwachstum	[97]
Burkholderia sp. Mitsuaria sp.	Erhöhte Prolin- und Phytohormon-Akkumulation Höhere antioxidative Aktivität Reduzierter MDA-Gehalt	[98]
Megathyrus maximus	Erhöhte Prolin-Akkumulation Verringerter MDA-Gehalt Reduzierte Glutathionreduktaseaktivität	[99]
Azospirillum brasilense Pseudomonas putida Sphingomonas	Symcoms, die diese Mikroben enthielten, hatten ein erhöhtes Spross-Trockengewicht, Wurzel-Trockengewicht und Pflanzenhöhe	[100]
Azospirillum lipoferum	Erhöhte Ansammlung von Prolin, löslichem Zucker und Aminosäuren Verbessertes Trieb- und Wurzelgewicht, Wurzellänge	[101,102]
Bacillus sp.	Erhöhte Prolin-Akkumulation Reduzierung des Elektrolytverlusts Verminderte Aktivität von Antioxidantien	[103]
Burkholderia phytofirmans Stamm PsJN Enterobacter sp. FD17	Erhöhte Wurzel- und Sprossbiomasse Höherer Chlorophyllgehalt Größere Blattfläche und höhere Photosyntheserate	[104]
Rhizophagus regularis	Erhöhte hydraulische Leitfähigkeit und Wasserdurchlässigkeitskoeffizient Erhöhte Phosphorylierung von Plasmamembran-intrinsischen Proteinen (PIPs) Erhöhte photosynthetische Aktivität	[105]
B pumilus	Erhöhter relativer Wassergehalt und osmotisches Potenzial Höhere photosynthetische Aktivität Erhöhte ABA-Produktion	[106]
Azospirillum brasilense SP-7 Herbaspirillum seropedicae Z-152	Verminderte Expression von ZmVP14	[107]

Tabelle 1. Fortsetzung

Wirtsassoziierte mikrobielle Stämme	Wirkung/Mechanismus der Stresstoleranz	Verweise
Mikrobiell vermittelte vorteilhafte Salzstresstoleranz		
Bacillus sp. PM31	Verbessertes Maiswachstum unter Salzstress	[90]
Gleichzeitige Inokulation von Rhizophagus intraradices Massilia sp. RK4	Erhöhte Nährstoffaufnahme Erhöhte AMF-Wurzelbesiedlung Verringerte Prolinwerte in den Blättern	[108]
Rhizobium sp. Pseudomonas sp.	Verbesserte Prolinproduktion Verringerter Elektrolytverlust Reduziertes osmotisches Potenzial Selektive K-Ionen-Aufnahme	[109]
Pseudomonas fluorescens, P. syringae, P. chlororaphis Enterobacter aerogene	ACC-Desaminase zur Steigerung von Pflanzenhöhe, Biomasse und Kolbenertag Höhere Kornmasse und Strohertrag Erhöhte P- und K-Aufnahme Höheres K+/Na+ -Verhältnis	[110]
Glomus mosseae	Verbesserte Ansammlung löslicher Zucker Erhöhte Ansammlung von organischen Säuren, Essigsäure, Apfelsäure, Oxalsäure, Fumarsäure und Zitronensäure Erhöhte Hochregulierung des Osmoregulationsprozesses	[111]
B. amyloliquefaciens SQR9	Erhöhter Chlorophyllgehalt Erhöhter Gehalt an löslichem Zucker Verringerter Na+-Spiegel Hochregulierung von RBCS, RBCL, H+ -PPase, HKT1, NHX1, NHX2 und NHX3	[112]
Kocuria rhizophila Y1	Erhöhte photosynthetische Kapazität und relativer Wassergehalt Erhöhte Antioxidantienwerte Verringerter Na+-Spiegel	[113]
Azotobacter chroococcum	Erhöhtes K+/Na+ -Verhältnis Höherer Chlorophyllgehalt Erhöhte Prolinkonzentration	[95]
Mikrobiell vermittelte vorteilhafte Hitzestresstoleranz		
Bacillus sp. AH-08, AH-67, AH-16 Pseudomonas sp. SH-29	Hochregulierung von Hitzeschockproteinen (HSPs) Erhöhtes Gesamtchlorophyll, Katalase und Peroxidase Verbesserte Pflanzenhöhe, Blattfläche und Frisch- und Trockengewicht von Wurzeln und Trieben Verringerte Konzentration von MDA	[114]
Rhizophagus intraradices Funneliformis mosseae F. geosporum	Erhöhte Quanteneffizienz von PSII Höhere Photosyntheserate Erhöhte Pflanzenhöhe, Blattbreite und Kolbenzahl	[115]
Glomus etunicatum	Erhöhter Wassergehalt und Blattwasserpotential Erhöhte photosynthetische Aktivität Höhere stomatäre Leitfähigkeit	[116]
Glomus sp.	Regulierung des Elektronentransports durch PSII Größere Pflanzenhöhe und Blattbreite	[117]

6. Herausforderungen und Zukunftsperspektiven

Der erhebliche Einfluss von abiotischem und biotischem Stress auf das Wachstum und die Entwicklung von Maispflanzen kann nicht genug betont werden. Salzstress stört die Wasseraufnahme und Nährstoffaufnahme , während Trockenstress die photosynthetische Aktivität behindert und den Maisertrag verringert. T

Ihre Hitzetoleranz ist gering. Eine längere Einwirkung von Temperaturen über 35 °C wirkt sich nachteilig auf Wachstum und Entwicklung der Pflanzen aus. Über 40 °C während der Blüte- und Kornbildungszeit verringern die Kornproduktivität.

Trotz der bekannten Vorteile von Interaktionen zwischen Pflanzen und Mikroben wie arbuskulären Mykorrhizapilzen (AM) und Rhizobien sowie bakteriellen und pilzlichen Endophyten gibt es noch viel über die Vielfalt der nützlichen Mikroben in der Rhizosphäre von Mais und ihre spezifischen Funktionen zu lernen. Das Verständnis, welche Mikroben unter verschiedenen Wachstumsbedingungen und Bodenarten am hilfreichsten sind, ist für die Optimierung mikrobieller Inokulantien von entscheidender Bedeutung. Die Wechselwirkungen zwischen eingeführten nützlichen Mikroben und der einheimischen Bodenmikrobiota sind komplex und wenig erforscht. Konkurrenz, Kooperation und antagonistische Wechselwirkungen zwischen Mikroben können ihre Wirksamkeit bei der Förderung des Pflanzenwachstums beeinflussen. Um die aktuellen Herausforderungen zu bewältigen, vor denen Gesellschaft und Wissenschaftler stehen, sollte sich die zukünftige Arbeit auf die Bewertung der langfristigen Dauerhaftigkeit der durch Mikroorganismen verursachten Auswirkungen konzentrieren. Dazu gehört die Bewertung der Stabilität dieser Auswirkungen über mehrere Vegetationsperioden und unterschiedliche Umweltbedingungen hinweg. Ein wichtiger Aspekt ist die Auswahl der wirksamsten mikrobiellen Stämme für bestimmte Bedingungen wie Dürre, Salzgehalt, Hitzestress oder Nährstoffmangel. Eine weitere wichtige Herausforderung besteht darin, Landwirte über die Verwendung und Wirksamkeit von Biodüngern aufzuklären.

Um die langfristigen Auswirkungen der mikrobiellen Impfung auf die Bodengesundheit, die Dynamik mikrobieller Gemeinschaften und die Produktivität der Ernten beurteilen zu können, bedarf es weiterer Forschung. Wir sind für die Entwicklung nachhaltiger Bewirtschaftungsmethoden verantwortlich, die mikrobielle Interaktionen in bestehende landwirtschaftliche Systeme integrieren.

7. Schlussfolgerung

Die positiven Wechselwirkungen zwischen Maispflanzen und nützlichen Mikroben bieten eine vielversprechende Lösung zur Verbesserung des Pflanzenwachstums und der Nährstoffaufnahme unter schwierigen Umweltbedingungen. Diese Wechselwirkungen haben nicht nur das Potenzial, die Umweltverträglichkeit der Maisproduktion zu stärken, sondern können auch die Nachhaltigkeit fördern. Nützliche Mikroben tragen dazu bei, indem sie wachstumsfördernde Hormone produzieren, die Phosphorverfügbarkeit erleichtern und die Photosynthese und den Kornertrag verbessern. Sie stärken auch die Widerstandsfähigkeit der Pflanzen gegen Stress wie Dürre, Salzgehalt und Hitze und können eine systemische Resistenz auslösen. Die Nutzung dieser Mikroben zur Stressabwehr hat das Potenzial, den Ernteertrag und die Produktivität deutlich zu steigern, den Landwirten wirtschaftliche Vorteile zu bieten und gleichzeitig die Abhängigkeit von chemischen Zusätzen zu verringern, was der Umwelt zugutekommt.

Autorenbeiträge: AK und SB haben das Konzept entwickelt. SB hat den Originalentwurf geschrieben. AK, ARD und SP haben diesen Artikel redigiert und überprüft. Alle Autoren haben die veröffentlichte Version des Manuskripts gelesen und ihr zugestimmt.

Finanzierung: Diese Forschung erhielt keine externe Finanzierung. Diese Arbeit ist das Ergebnis der Abschlussarbeit eines Kurses auf Graduiertenniveau über Pflanzen-Mikroben-Interaktionen.

Interessenkonflikte: Die Autoren erklären, dass keine Interessenkonflikte bestehen.

Verweise

1. Chávez-Arias, CC; Ligarreto-Moreno, GA; Ramírez-Godoy, A.; Restrepo-Díaz, H. Reaktionen von Mais auf Dürre, erhöhte Tagestemperaturen und Belastungen durch Arthropoden-Pflanzenfresser: Eine physiologische, biochemische und molekulare Betrachtung. Vorderseite. Plant Sci. **2021**, *12*, 702841. [\[CrossRef\]](#) [\[PubMed\]](#)
2. Nyirenda, H.; Mwangomba, W.; Nyirenda, EM Untersuchung möglicher fehlender Verbindungen zur Erreichung der Ernährungssicherheit in Zentralmalawi : Wahrnehmungen der Landwirte und langfristige Dynamiken in der Maisproduktion (Zea mays L.). Heliyon **2021**, *7*, e07130. [\[CrossRef\]](#) [\[PubMed\]](#) 3.
- Asibi, AE; Chai, Q.; A. Coulter, J. Mechanismen der Stickstoffnutzung in Mais. Agronomy **2019**, *9*, 775. [\[CrossRef\]](#)
4. Gheith, EMS; El-Badry, OZ; Lamlo, SF; Ali, HM; Siddiqui, MH; Ghareeb, RY; El-Sheikh, MH; Jebri, J.; Abdelsalam, NR; Kandil, EE Mais (Zea mays L.) Produktivität und Stickstoffnutzungseffizienz als Reaktion auf Stickstoffanwendungsmenge und -zeit. Front. Plant Sci. **2022**, *13*, 941343. [\[CrossRef\]](#)
5. Maitah, M.; Malec, K.; Maitah, K. Einfluss von Niederschlag und Temperatur auf die Maisproduktion in der Tschechischen Republik von 2002 bis 2019. Sci. Rep. **2021**, *11*, 10467. [\[CrossRef\]](#)

6. AbdElgawad, H.; Zinta, G.; Hegab, MM; Pandey, R.; Asard, H.; Abuelsoud, W. Hoher Salzgehalt induziert unterschiedliche oxidative Stress- und antioxidative Reaktionen in den Organen von Maiskeimlingen. *Front. Plant Sci.* **2016**, *7*, 276. [\[CrossRef\]](#)
7. Schachtman, D.; Liu, W. Molekulare Teile des Puzzles der Wechselwirkung zwischen Kalium- und Natriumaufnahme in Pflanzen. *Trends Plant Sci.* **1999**, *4*, 281–287. [\[CrossRef\]](#)
8. Chawla, S.; Jain, S.; Jain, V. Durch Salzgehalt induzierter oxidativer Stress und antioxidatives System in salztoleranten und salzempfindlichen Sorten von Reis (*Oryza sativa* L.). *J. Plant Biochem. Biotechnol.* **2011**, *22*, 27–34. [\[CrossRef\]](#)
9. Corona, AO Insektenschädlinge von Mais: Ein Leitfaden zur Feldidentifizierung; CIMMYT: Mexiko-Stadt, Mexiko, 1987.
10. Widstrom, NW Die Rolle von Insekten und anderen Pflanzenschädlingen bei der Aflatoxin-Kontamination von Mais, Baumwolle und Erdnüssen – Eine Übersicht. *J. Umgebung. Qual.* **1979**, *8*, 5–11. [\[CrossRef\]](#)
11. Shelake, RM; Pramanik, D.; Kim, J.-Y. Erforschung von Pflanzen-Mikroben-Interaktionen für eine nachhaltige Landwirtschaft im CRISPR-Zeitalter. *Mikroorganismen* **2019**, *7*, 269. [\[CrossRef\]](#)
12. Rochefort, A.; Simonin, M.; Marais, C.; Guillem-Erckelboudt, A.-Y.; Barret, M.; Sarniguet, A. Übertragung von Saatgut und Boden Von der Mikrobiota zum Keimling. *mSystems* **2021**, *6*, e0044621. [\[CrossRef\]](#) [\[PubMed\]](#)
13. Harman, G.; Khadka, R.; Doni, F.; Uphoff, N. Vorteile für Pflanzengesundheit und Produktivität durch die Verbesserung mikrobieller Symbionten bei Pflanzen. *Vorderseite. Plant Sci.* **2021**, *11*, 610065. [\[CrossRef\]](#) [\[PubMed\]](#)
14. Vociante, M.; Grifoni, M.; Fusini, D.; Petruzzelli, G.; Franchi, E. Die Rolle pflanzenwachstumsfördernder Rhizobakterien (PGPR) in Milderung der Umweltbelastungen von Pflanzen. *Appl. Sci.* **2022**, *12*, 1231. [\[CrossRef\]](#)
15. Zilber-Rosenberg, I.; Rosenberg, E. Rolle der Mikroorganismen in der Evolution von Tieren und Pflanzen: Die Hologenomtheorie der Entwicklung. *FEMS Microbiol. Rev.* **2008**, *32*, 723–735. [\[CrossRef\]](#) [\[PubMed\]](#)
16. Ganesh, J.; Singh, V.; Hewitt, K.; Kaundal, A. Erforschung des Rhizosphärenmikrobioms der einheimischen Pflanze *Ceanothus velutinus* – eine ausgezeichnete Quelle für pflanzenwachstumsfördernde Bakterien. *Vorderseite. Plant Sci.* **2022**, *13*, 979069. [\[CrossRef\]](#) [\[PubMed\]](#)
17. Ganesh, J.; Hewitt, K.; Devkota, AR; Wilson, T.; Kaundal, A. IAA-produzierende, pflanzenwachstumsfördernde Rhizobakterien von *Ceanothus velutinus* verbessern die Vermehrungseffizienz von Stecklingen und die Biomasse von *Arabidopsis*. *Vorderseite. Plant Sci.* **2024**, *15*, 1374877. [\[Querverweis\]](#) [\[PubMed\]](#)
18. Kim, K.-H.; Lee, B.-M. Auswirkungen des Klimawandels und der Dürretoleranz auf das Maiswachstum. *Plants* **2023**, *12*, 3548. [\[CrossRef\]](#)
19. Ziyomo, C.; Bernardo, R. Dürretoleranz bei Mais: Indirekte Selektion durch sekundäre Merkmale versus genomweite Selektion. *Crop Sci.* **2013**, *53*, 1269–1275. [\[CrossRef\]](#)
20. Hussain, HA; Men, S.; Hussain, S.; Chen, Y.; Ali, S.; Zhang, S.; Zhang, K.; Li, Y.; Xu, Q.; Liao, C.; et al. Interaktive Auswirkungen von Dürre- und Hitzestress auf morphophysiologische Eigenschaften, Ertrag, Nährstoffaufnahme und oxidativen Status bei Maishybriden. *Sci. Rep.* **2019**, *9*, 3890. [\[CrossRef\]](#) [\[PubMed\]](#)
21. Siebers, MH; Slattery, RA; Yendrek, CR; Locke, AM; Drag, D.; Ainsworth, EA; Bernacchi, CJ; Ort, DR Simulierte Hitzewellen während der Maisreproduktionsphase verändern das reproduktive Wachstum, haben aber keine dauerhafte Wirkung, wenn sie während der vegetativen Phase angewendet werden. *Agric. Ecosyst. Environ.* **2017**, *240*, 162–170. [\[CrossRef\]](#)
22. Neiff, N.; Trachsel, S.; Valentinuz, OR; Balbi, CN; Andrade, FH Hohe Temperaturen rund um die Blütezeit von Mais: Auswirkungen auf Photosynthese und Korntrag bei drei Genotypen. *Crop Sci.* **2016**, *56*, 2702–2712. [\[CrossRef\]](#)
23. Lobell, DB; Bänziger, M.; Magorokosho, C.; Vivek, B. Nichtlineare Hitzeeffekte auf afrikanischen Mais, belegt durch historische Erträge Versuche. *Nat. Clim. Chang.* **2011**, *1*, 42–45. [\[CrossRef\]](#)
24. Hatfield, J. Erhöhte Temperaturen haben dramatische Auswirkungen auf Wachstum und Korntrag von drei Maishybriden. *Agric. Environ. Lett.* **2016**, *1*, 150006. [\[CrossRef\]](#)
25. Boehlein, SK; Liu, P.; Webster, A.; Ribeiro, C.; Suzuki, M.; Wu, S.; Guan, J.-C.; Stewart, JD; Tracy, WF; Settles, AM; et al. Auswirkungen langfristiger Einwirkung erhöhter Temperaturen auf die Endospermentwicklung von *Zea mays* während der Kornfüllung. *Plant J.* **2019**, *99*, 23–40. [\[Querverweis\]](#) [\[PubMed\]](#)
26. Cakir, R. Auswirkungen von Wasserstress in verschiedenen Entwicklungsstadien auf das vegetative und reproduktive Wachstum von Mais. *Field Crops Res.* **2004**, *89*, 1–16. [\[CrossRef\]](#)
27. Hütsch, BW; Faust, F.; Jung, S.; Schubert, S. Trockenstress während der Maisblüte kann zu Kornabbruch durch Hemmung von Plasmamembran- H⁺-ATPase-Aktivität. *J. Plant Nutr. Soil Sci.* **2024**, *187*, 321–332. [\[CrossRef\]](#)
28. Aslam, M.; Maqbool, MA; Cengiz, R. Dürrestress bei Mais (*Zea mays* L.): Auswirkungen, Resistenzmechanismus, globale Erfolge und biologische Strategien zur Verbesserung; Springer: Berlin/Heidelberg, Deutschland, 2015; ISBN 978-3-319-25442-5.
29. Izaurralde, RC; Thomson, AM; Morgan, JA; Fay, PA; Polley, HW; Hatfield, JL Auswirkungen des Klimawandels auf die Landwirtschaft: Implikationen für die Produktion von Futterpflanzen und Weideland. *Agron. J.* **2011**, *103*, 371–381. [\[CrossRef\]](#)
30. Gabaldón-Leal, C.; Webber, H.; Otegui, ME; Slafer, GA; Ordóñez, RA; Gaiser, T.; Lorite, IJ; Ruiz-Ramos, M.; Ewert, F. Modellierung der Auswirkungen von Hitzestress auf die Ertragsbildung bei Mais. *Field Crops Res.* **2016**, *198*, 226–237. [\[CrossRef\]](#)
31. Sun, J.; Wang, H.; Ren, H.; Zhao, B.; Zhang, J.; Ren, B.; Liu, P. Reaktionen von Mais (*Zea mays* L.) auf Hitzestress: Mechanismen, die die Entwicklung und den Hormonhaushalt von Blütenständen und Pollen stören. *J. Agron. Crop Sci.* **2023**, *209*, 502–516. [\[CrossRef\]](#)
32. Singh, V.; Krause, M.; Sandhu, D.; Sekhon, RS; Kaundal, A. Vorhersage der Salzstresstoleranz für biomassebezogene Merkmale bei Mais (*Zea mays* L.) unter Verwendung genomweiter Marker. *Plant Genome* **2023**, *16*, e20385. [\[CrossRef\]](#)
33. Farooq, M.; Hussain, M.; Wakeel, A.; Siddique, KHM Salzstress bei Mais: Auswirkungen, Resistenzmechanismen und Management. Eine Übersicht. *Agron. Sustain. Dev.* **2015**, *35*, 461–481. [\[CrossRef\]](#)

34. Gong, X.; Chao, L.; Zhou, M.; Hong, M.; Luo, L.; Wang, L.; Ying, W.; Jingwei, C.; Songjie, G.; Fashui, H. Oxidative Schäden an Maiskeimlingen durch Exposition gegenüber einer Kombination aus Kaliummangel und Salzstress. *Plant Soil* **2011**, *340*, 443–452. [\[Querverweis\]](#)
35. Kaya, C.; Ashraf, M.; Dikilitas, M.; Tuna, AL Linderung von durch Salzstress verursachten negativen Auswirkungen auf Maispflanzen durch exogene Anwendung von Indoleessigsäure (IAA) und anorganischen Nährstoffen – ein Feldversuch. *Aust. J. Crop Sci.* **2013**, *7*, 249–254.
36. Katerji, N.; van Hoorn, JW; Hamdy, A.; Karam, F.; Mastrorilli, M. Einfluss des Salzgehalts auf Wasserstress, Wachstum und Ertrag von Mais und Sonnenblume. *Agric. Water Manag.* **1996**, *30*, 237–249. [\[CrossRef\]](#)
37. Shahzad, M.; Witzel, K.; Zörb, C.; Mühling, KH Wachstumsbedingte Veränderungen subzellulärer Ionenmuster in Maisblättern (*Zea mays* L.) unter Salzstress. *J. Agron. Crop Sci.* **2012**, *198*, 46–56. [\[CrossRef\]](#)
38. Arshad, M.; Ranamukhaarachchi, SL; Ahmad, S.; Nawaz, R.; Qayyum, MMN; Razaq, A.; Faiz, F. Variabilität und Korrelation ausgewählter Bodeneigenschaften und Maisertrag beeinflusst durch Bodenbearbeitungssysteme in bergigen Agrarökosystemen. *J. Soil Water Conserv.* **2022**, *77*, 466–481. [\[CrossRef\]](#)
39. Kumar, J.; Abbo, S. Genetik der Blütezeit bei Kichererbsen und ihr Einfluss auf die Produktivität in semiariden Umgebungen. *Adv. Agron.* **2001**, *72*, 107–138. [\[CrossRef\]](#)
40. Turner, N.; Wright, G.; Siddique, K. Anpassung von Hülsenfrüchten an wasserarme Umgebungen. *Adv. Agron.* **2001**, *71*, 193–231. [\[CrossRef\]](#)
41. Khan, S.; Anwar, S.; Ashraf, MY; Khaliq, B.; Sun, M.; Hussain, S.; Gao, Z.; Noor, H.; Alam, S. Mechanismen und Anpassung Strategien zur Verbesserung der Hitzetoleranz bei Reis. Eine Übersicht. *Plants* **2019**, *8*, 508. [\[CrossRef\]](#)
42. Seleiman, MF; Al-Suhaibani, N.; Ali, N.; Akmal, M.; Alotaibi, M.; Refay, Y.; Dindaroglu, T.; Abdul-Wajid, HH; Battaglia, ML Auswirkungen von Trockenstress auf Pflanzen und verschiedene Ansätze zur Linderung seiner negativen Auswirkungen. *Plants* **2021**, *10*, 259. [\[CrossRef\]](#)
43. Zhang, F.; Wang, P.; Zou, Y.-N.; Wu, Q.-S.; Kuýca, K. Auswirkungen von Mykorrhizapilzen auf das Wurzelhaarwachstum und den Hormonspiegel von Pfahlwurzel und Seitenwurzeln bei Dreiblättrigem Orange unter Trockenstress. *Arch. Agron. Soil Sci.* **2019**, *65*, 1316–1330. [\[CrossRef\]](#)
44. Blum, A. Osmotische Anpassung ist ein wichtiger Anpassungsmotor bei Dürrestress zur Unterstützung der Pflanzenproduktion. *Pflanzenzellenumgebung.* **2017**, *40*, 4–10 .
45. Lamaoui, M.; Jemo, M.; Datla, R.; Bekkaoui, F. Hitze- und Dürrebelastungen bei Nutzpflanzen und Ansätze zu ihrer Milderung. Vorderseite. *Chem.* **2018**, *6*, 26. [\[CrossRef\]](#)
46. Rajput, VD; Harish; Singh, RK; Verma, KK; Sharma, L.; Quiroz-Figueroa, FR; Meena, M.; Gour, VS; Minkina, T.; Sushkova, S.; et al. Jüngste Entwicklungen im enzymatischen antioxidativen Abwehrmechanismus bei Pflanzen mit besonderem Augenmerk auf abiotischen Stress. *Biology* **2021**, *10*, 267. [\[CrossRef\]](#)
47. Wang, C.; Yang, A.; Yin, H.; Zhang, J. Einfluss von Wasserstress auf den endogenen Hormongehalt und Zellschäden von Mais Sämlinge. *J. Integr. Plant Biol.* **2008**, *50*, 427–434. [\[CrossRef\]](#)
48. Jones, B.; Gunnerås, SA; Petersson, SV; Tarkowski, P.; Graham, N.; May, S.; Dolezal, K.; Sandberg, G.; Ljung, K. Die Cytokinin- Regulierung der Auxinsynthese in *Arabidopsis* beinhaltet eine homöostatische Rückkopplungsschleife, die über die Auxin- und Cytokinin-Signaltransduktion reguliert wird . *Plant Cell* **2010**, *22*, 2956–2969. [\[CrossRef\]](#)
49. Weiss, D.; Ori, N. Mechanismen der Wechselwirkung zwischen Gibberellin und anderen Hormonen. *Plant Physiol.* **2007**, *144*, 1240–1246. [\[Querverweis\]](#)
50. Rao, SR; Qayyum, A.; Razzaq, A.; Ahmad, M.; Mahmood, I.; Sher, A. Rolle der Blattanwendung von Salicylsäure und L- Tryptophan bei der Dürretoleranz von Mais. *J. Anim. Plant Sci.* **2012**, *22*, 768–772.
51. Shen, Y.-Y.; Wang, X.-F.; Wu, F.-Q.; Du, S.-Y.; Cao, Z.; Shang, Y.; Wang, X.-L.; Peng, C.-C.; Yu, X.-C.; Zhu, S.-Y.; et al. Die Mg-Chelatase H-Untereinheit ist ein Abscisinsäure-Rezeptor. *Nature* **2006**, *443*, 823–826. [\[CrossRef\]](#)
52. Hasanuzzaman, M.; Bhuyan, MHMB; Zulfiqar, F.; Raza, A.; Mohsin, SM; Mahmud, JA; Fujita, M.; Fotopoulos, V. Reaktive Sauerstoffspezies und antioxidative Abwehr in Pflanzen unter abiotischem Stress: Die entscheidende Rolle eines universellen Abwehrregulators neu betrachtet . *Antioxidants* **2020**, *9*, 681. [\[CrossRef\]](#)
53. Sandhu, D.; Kaundal, A. Dynamik der Salztoleranz: Molekulare Perspektiven. In *Biotechnologies of Crop Improvement*, Band 3: Genomische Ansätze; Gosal, SS, Wani, SH, Hrsg.; Springer International Publishing: Cham, Schweiz, 2018; S. 25–40, ISBN 978-3-319-94746-4.
54. Amin, I.; Rasool, S.; Mir, MA; Wani, W.; Masoodi, KZ; Ahmad, P. Ionenhomöostase für Salztoleranz bei Pflanzen: Eine molekulare Ansatz. *Physiol. Plant* **2021**, *171*, 578–594. [\[CrossRef\]](#) [\[PubMed\]](#)
55. Basu, S.; Kumar, A.; Benazir, I.; Kumar, G. Neubewertung der Rolle der Ionenhomöostase zur Verbesserung der Salztoleranz bei Nutzpflanzen . *Physiol. Plant.* **2021**, *171*, 502–519. [\[CrossRef\]](#) [\[PubMed\]](#)
56. Zhou, X.; Li, J.; Wang, Y.; Liang, X.; Zhang, M.; Lu, M.; Guo, Y.; Qin, F.; Jiang, C. Der klassische SOS-Weg verleiht natürliche Variation der Salztoleranz bei Mais. *New Phytol.* **2022**, *236*, 479–494. [\[CrossRef\]](#) [\[PubMed\]](#)
57. Yang, Y.; Guo, Y. Aufklärung der molekularen Mechanismen, die die Salzstressreaktion von Pflanzen vermitteln. *New Phytol.* **2018**, *217*, 523–539. [\[Querverweis\]](#) [\[PubMed\]](#)
58. Cao, Y.; Wang, Y.; Gui, C.; Nguvo, KJ; Ma, L.; Wang, Q.; Shen, Q.; Zhang, R.; Gao, X. Nützliche Rhizobakterium-Trigger induzieren eine systemische Resistenz von Mais gegen *Gibberella*-Stängelfäule über Calcium-Signalisierung. *Mol. Plant Microbe Interact.* **2023**, *36*, 516–528. [\[Querverweis\]](#) [\[PubMed\]](#)

59. Yao, X.; Horie, T.; Xue, S.; Leung, H.-Y.; Katsuhara, M.; Brodsky, DE; Wu, Y.; Schroeder, JI Differenzielle Natrium- und Kaliumtransportselektivität der Reistransporter OshKT2;1 und OshKT2;2 in Pflanzenzellen. *Plant Physiol.* **2009**, *152*, 341–355. [\[Querverweis\]](#) [\[PubMed\]](#)
60. Zivcak, M.; Brestic, M.; Sytar, O. Osmotische Anpassung und Anpassung von Pflanzen an Trockenstress. In *Dürrestresstoleranz bei Pflanzen*, Band 1: Physiologie und Biochemie; Hossain, MA, Wani, SH, Bhattacharjee, S., Burritt, DJ, Tran, L.-SP, Hrsg.; Springer International Publishing: Cham, Schweiz, 2016; S. 105–143, ISBN 978-3-319-28899-4.
61. Subbarao, GV; Nam, NH; Chauhan, YS; Johansen, C. Osmotische Anpassung, Wasserverhältnisse und Kohlenhydrat-Remobilisierung in Straucherbsen bei Wassermangel. *J. Plant Physiol.* **2000**, *157*, 651–659. [\[CrossRef\]](#)
62. Ghosh, UK; Islam, MN; Siddiqui, MN; Khan, MAR Die Rolle von Osmolyten bei der Akklimatisierung von Pflanzen an veränderte Umweltbedingungen verstehen: Eine Überprüfung möglicher Mechanismen. *Pflanzensignal. Behav.* **2021**, *16*, 1913306. [\[CrossRef\]](#) [\[PubMed\]](#)
63. Yancey, PH-kompatible und entgegenwirkende gelöste Stoffe: Schutz von Zellen vom Toten Meer bis zur Tiefsee. *Sci. Prog.* **2004**, *87*, 1–24. [\[Querverweis\]](#)
64. Ashraf, M.; Foolad, MR Rollen von Glycinbetain und Prolin bei der Verbesserung der abiotischen Stressresistenz von Pflanzen. *Environ. Exp. Bot.* **2007**, *59*, 206–216. [\[CrossRef\]](#)
65. Yoshida, Y.; Kiyosue, T.; Nakashima, K.; Yamaguchi-Shinozaki, K.; Shinozaki, K. Regulierung des Prolinspiegels als Osmolyt in Pflanzen unter Wasserstress. *Plant Cell Physiol.* **1997**, *38*, 1095–1102. [\[CrossRef\]](#)
66. Rosa, M.; Prado, C.; Podazza, G.; Interdonato, R.; González, JA; Hilal, M.; Prado, FE Lösliche Zucker – Stoffwechsel, Wahrnehmung und abiotischer Stress. *Plant Signal. Behav.* **2009**, *4*, 388–393. [\[CrossRef\]](#)
67. Liu, F.-F.; Ji, L.; Zhang, L.; Dong, X.-Y.; Sun, Y. Molekulare Grundlagen der Polyol-induzierten Proteinstabilität aufgedeckt durch molekulare Dynamiksimulationen. *J. Chem. Phys.* **2010**, *132*, 225103. [\[CrossRef\]](#)
68. Njeru, F.; Wambua, A.; Muge, E.; Haesaert, G.; Gettemans, J.; Misinzo, G. Große biotische Belastungen, die die Maisproduktion in Kenia beeinträchtigen, und ihre Auswirkungen auf die Ernährungssicherheit. *PeerJ* **2023**, *11*, e15685. [\[CrossRef\]](#)
69. Lodha, TD; Hembram, P.; Nitile Tep, JB Proteomik: Ein erfolgreicher Ansatz zum Verständnis des molekularen Mechanismus von Interaktion zwischen Pflanzen und Krankheitserregern. *Am. J. Plant Sci.* **2013**, *2013*, 32899. [\[CrossRef\]](#)
70. Gong, F.; Yang, L.; Tai, F.; Hu, X.; Wang, W. „Omics“ der Stressreaktion von Mais für eine nachhaltige Lebensmittelproduktion: Chancen und Herausforderungen. *Omics J. Integr. Biol.* **2014**, *18*, 714–732. [\[CrossRef\]](#)
71. Basu, SK; Dutta, M.; Goyal, A.; Bhowmik, PK; Kumar, J.; Nandy, S.; Scagliusi, SM; Prasad, R. Ist gentechnisch veränderte Ernte die Antwort für die nächste Grüne Revolution? *GM Crops* **2010**, *1*, 68–79. [\[CrossRef\]](#)
72. Hung, H.-Y.; Shannon, LM; Tian, F.; Bradbury, PJ; Chen, C.; Flint-Garcia, SA; McMullen, MD; Ware, D.; Buckler, ES; Doebley, JF; et al. ZmCCT und die genetische Grundlage der Tageslängenadaptation, die der Verbreitung von Mais nach der Domestizierung zugrunde liegt. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **2012**, *109*, E1913–E1921. [\[CrossRef\]](#)
73. Jasso-Robles, FI; Jiménez-Bremont, JF; Becerra-Flora, A.; Juárez-Montiel, M.; Gonzalez, ME; Pieckenstein, FL; García De La Cruz, RF; Rodríguez-Kessler, M. Hemmung der Polyaminoxidase-Aktivität beeinflusst die Tumorentwicklung während der Interaktion zwischen Mais und *Ustilago maydis*. *Plant Physiol. Biochem.* **2016**, *102*, 115–124. [\[CrossRef\]](#)
74. Takahashi, Y.; Berberich, T.; Miyazaki, A.; Seo, S.; Ohashi, Y.; Kusano, T. Sperminsignalisierung in Tabak: Die Aktivierung von mitogenaktivierten Proteinkinasen durch Spermin wird durch mitochondriale Dysfunktion vermittelt. *Plant J.* **2003**, *36*, 820–829. [\[CrossRef\]](#) [\[PubMed\]](#)
75. Herridge, DF; Peoples, MB; Boddey, RM Globale Inputs der biologischen Stickstofffixierung in landwirtschaftlichen Systemen. *Pflanzenboden* **2008**, *311*, 1–18. [\[CrossRef\]](#)
76. Peoples, MB; Brockwell, J.; Herridge, DF; Rochester, IJ; Alves, BJR; Urquiaga, S.; Boddey, RM; Dakora, FD; Bhattarai, S.; Maskey, SL; et al. Der Beitrag stickstofffixierender Leguminosen zur Produktivität landwirtschaftlicher Systeme. *Symbiosis* **2009**, *48*, 1–17. [\[CrossRef\]](#)
77. Akiyama, K.; Hayashi, H. Strigolactone: Chemische Signale für Pilzsymbionten und parasitäre Unkräuter in Pflanzenwurzeln. *Ann. Bot.* **2006**, *97*, 925–931. [\[CrossRef\]](#)
78. Lucido, A.; Andrade, F.; Basallo, O.; Eleiwa, A.; Marin-Sanguino, A.; Vilapriño, E.; Sorribas, A.; Alves, R. Modellierung der Auswirkungen von Strigolacton-Werte auf die Architektur des Wurzelsystems von Mais. *Front. Plant Sci.* **2024**, *14*, 1329556. [\[CrossRef\]](#)
79. Guan, JC; Koch, KE; Suzuki, M.; Wu, S.; Latshaw, S.; Petrucci, T.; Goulet, C.; Klee, HJ; McCarty, DR Verschiedene Rollen der Strigolacton-Signalisierung in der Maisarchitektur und die Entkopplung eines verzweigungsspezifischen Subnetzwerks. *Plant Physiol.* **2012**, *160*, 1303–1317. [\[CrossRef\]](#)
80. Genre, A.; Chabaud, M.; Timmers, T.; Bonfante, P.; Barker, DG Arbuskuläre Mykorrhizapilze erzeugen vor der Infektion einen neuen intrazellulären Apparat in den Wurzelepidermiszellen von *Medicago truncatula*. *Plant Cell* **2005**, *17*, 3489–3499. [\[CrossRef\]](#)
81. Mortier, E.; Mounier, A.; Kreplak, J.; Martin-Laurent, F.; Recorbet, G.; Lamotte, O. Beweise dafür, dass ein gemeinsames arbuskuläres Mykorrhiza-Netzwerk Phosphatmangel in miteinander verbundenen Walnusssetzlingen und Maispflanzen lindert. *Front. Plant Sci.* **2023**, *14*, 1206047. [\[CrossRef\]](#)
82. Wang, Q.; Liu, M.; Wang, Z.; Li, J.; Liu, K.; Huang, D. Die Rolle der arbuskulären Mykorrhiza-Symbiose bei abiotischem Stress bei Pflanzen. *Vorderseite. Microbiol.* **2024**, *14*, 1323881. [\[CrossRef\]](#)
83. Hui, J.; An, X.; Li, Z.; Neuhäuser, B.; Ludewig, U.; Wu, X.; Schulze, W.; Chen, F.; Feng, G.; Lambers, H.; et al. Der Mykorrhiza-spezifische Ammoniumtransporter ZmAMT3;1 vermittelt Mykorrhiza-abhängige Stickstoffaufnahme in Maiswurzeln. *Plant Cell* **2022**, *34*, 4066–4087. [\[CrossRef\]](#)

84. Cheng, Z.; Meng, L.; Yin, T.; Li, Y.; Zhang, Y.; Li, S. Veränderungen der Rhizobiendiversität im Boden und ihre Auswirkungen auf die symbiotische Effizienz von Sojabohnen im Zwischenfruchtanbau mit Mais. *Agronomy* **2023**, *13*, 997. [\[CrossRef\]](#)
85. Lucas, TMR; Carlos, HC; Fabio, LCM; Gustavo, VM *Azospirillum* spp. Potenzial für Maiswachstum und -ertrag. *Afr. J. Biotechnol.* **2018**, *17*, 574–585. [\[CrossRef\]](#)
86. Hayat, R.; Ahmed, I.; Sheirdil, RA Ein Überblick über pflanzenwachstumsfördernde Rhizobakterien (PGPR) für eine nachhaltige Landwirtschaft. In *Crop Production for Agricultural Improvement*; Ashraf, M., Öztürk, M., Ahmad, MSA, Aksoy, A., Hrsg.; Springer: Dordrecht, Niederlande, 2012; S. 557–579, ISBN 978-94-007-4115-7.
87. Garcia de Salamone, IE; Döbereiner, J.; Urquiaga, S.; Boddey, RM Biologische Stickstofffixierung in *Azospirillum*-Stamm-Mais- Genotyp-Assoziationen, ausgewertet durch die ¹⁵N-Isotopenverdünnungstechnik. *Biol. Fertil. Soils* **1996**, *23*, 249–256. [\[CrossRef\]](#)
88. Deynze, AV; Zamora, P.; Delaux, P.-M.; Heitmann, C.; Jayaraman, D.; Rajasekar, S.; Graham, D.; Maeda, J.; Gibson, D.; Schwartz, KD; et al. Stickstofffixierung in einer Landrasse von Mais wird durch eine mit Schleim verbundene diazotrophe Mikrobiota unterstützt. *PLoS Biol.* **2018**, *16*, e2006352. [\[CrossRef\]](#)
89. Xu, L.; Wang, A.; Wang, J.; Wei, Q.; Zhang, W. *Piriformospora indica* verleiht *Zea mays* L. durch Verstärkung Dürretoleranz der antioxidativen Aktivität und der Expression von Dürre-bezogenen Genen. *Crop J.* **2017**, *5*, 251–258. [\[CrossRef\]](#)
90. Ali, B.; Hafeez, A.; Afridi, MS; Javed, MA; Sumaira; Suleman, F.; Nadeem, M.; Ali, S.; Alwahibi, MS; Elshikh, MS; et al. Bakterienvermittelte Salzstresstoleranz bei Mais (*Zea mays* L.): Ein erfolgreicher Weg zu nachhaltiger Landwirtschaft. *ACS Omega* **2023**, *8*, 20471–20487. [\[CrossRef\]](#) [\[PubMed\]](#)
91. Ryals, J.; Neuenschwander, U.; Willits, M.; Molina, A.; Steiner, H.; Hunt, M. Systemic Acquired Resistance. *Plant Cell* **1996**, *8*, 1809–1819. [\[CrossRef\]](#) [\[PubMed\]](#)
92. Yu, Y.; Gui, Y.; Li, Z.; Jiang, C.; Guo, J.; Niu, D. Induzierte systemische Resistenz zur Verbesserung der Pflanzenimmunität durch nützliche Mikroben. *Pflanzen* **2022**, *11*, 386. [\[CrossRef\]](#)
93. Bakker, PAHM; Doornbos, RF; Zamioudis, C.; Berendsen, RL; Pieterse, CMJ induzierte systemische Resistenz und die Rhizosphärenmikrobiom. *Plant Pathol. J.* **2013**, *29*, 136–143. [\[CrossRef\]](#)
94. Saravanakumar, K.; Fan, L.; Fu, K.; Yu, C.; Wang, M.; Xia, H.; Sun, J.; Li, Y.; Chen, J. Cellulase aus *Trichoderma harzianum* interagiert mit Wurzeln und löst eine induzierte systemische Resistenz gegen Blattkrankheiten bei Mais aus. *Sci. Rep.* **2016**, *6*, 35543. [\[CrossRef\]](#)
95. Rojas-Tapias, D.; Moreno-Galván, A.; Pardo-Díaz, S.; Obando, M.; Rivera, D.; Bonilla, R. Wirkung der Impfung mit pflanzenwachstumsfördernden Bakterien (PGPB) auf die Linderung von Salzstress bei Mais (*Zea mays*). *Appl. Soil Ecol.* **2012**, *61*, 264–271. [\[Querverweis\]](#)
96. Naseem, H.; Bano, A. Rolle der pflanzenwachstumsfördernden Rhizobakterien und ihrer Exopolysaccharide bei der Dürretoleranz von Mais. *J. Plant Interact.* **2014**, *9*, 689–701. [\[CrossRef\]](#)
97. Gou, W.; Tian, L.; Ruan, Z.; Zheng, P.; Chen, F.; Zhang, L.; Cui, Z.; Zheng, P.; Li, Z.; Gao, M.; et al. Ansammlung von Cholin und Glycinbetain und Dürrestresstoleranz induziert in Mais (*Zea mays*) durch drei pflanzenwachstumsfördernde Rhizobakterienstämme (PGPR). *Pak. J. Bot.* **2015**, *47*, 581–586.
98. Huang, X.-F.; Zhou, D.; Lapsansky, E.; Reardon, K.; Guo, J.; Andales, M.; Vivanco, J.; Manter, D. *Mitsuaria* sp. und *Burkholderia* sp. aus der Rhizosphäre von *Arabidopsis* verbessern die Dürretoleranz von *Arabidopsis thaliana* und Mais (*Zea mays* L.). *Plant Soil* **2017**, *419*, 523–539. [\[CrossRef\]](#)
99. Moreno-Galván, A.; Cortés-Patiño, S.; Romero-Perdomo, F.; Uribe-Vélez, D.; Bashan, Y.; Bonilla, R. Prolinakkumulation und Glutathionreduktaseaktivität durch dürretolerante Rhizobakterien als mögliche Mechanismen zur Linderung von Dürrestress bei Guineagrass. *Appl. Soil Ecol.* **2020**, *147*, 103367. [\[CrossRef\]](#)
100. Molina-Romero, D.; Baez, A.; Quintero-Hernández, V.; Castañeda-Lucio, M.; Fuentes-Ramírez, LE; Bustillos-Cristales, MdR; Rodríguez-Andrade, O.; Morales-García, YE; Munive, A.; Muñoz-Rojas, J. Kompatible Bakterienmischung, tolerant gegenüber Austrocknung, verbessert das Wachstum von Maispflanzen. *PLoS ONE* **2017**, *12*, e0187913. [\[CrossRef\]](#)
101. Bano, Q.; Ilyas, N.; Bano, A.; Zafar, N.; Akram, A.; Hassan, FU Wirkung der *Azospirillum*-Impfung auf Mais (*Zea mays* L.) Unter Dürrestress. *Pak. J. Bot.* **2013**, *45*, 13–20.
102. Cohen, A.; Travaglia, C.; Bottini, R.; Piccoli, P. Beitrag von Abscisinsäure und Gibberellinen, die von endophytem *Azospirillum* produziert werden, zur Linderung von Dürrefolgen bei Mais. *Botany* **2009**, *87*, 455–462. [\[CrossRef\]](#)
103. Vardharajula, S.; Shaik, ZA; Grover, M.; Reddy, G.; Venkateswarlu, B. Trockenheitstolerante pflanzenwachstumsfördernde *Bacillus* spp.: Wirkung auf Wachstum, Osmolyte und antioxidativen Status von Mais unter Trockenstress. *J. Plant Interact.* **2011**, *6*, 1–14. [\[CrossRef\]](#)
104. Naveed, M.; Mitter, B.; Reichenauer, TG; Wiczorek, K.; Sessitsch, A. Erhöhte Trockenstressresilienz von Mais durch endophytische Kolonisierung durch *Burkholderia phytofirmans* PsJN und *Enterobacter* sp. FD17. *Environ. Exp. Bot.* **2014**, *97*, 30–39. [\[Querverweis\]](#)
105. Quiroga, G.; Erice, G.; Ding, L.; Chaumont, F.; Aroca, R.; Ruiz-Lozano, JM Die arbuskuläre Mykorrhiza-Symbiose reguliert die Aktivität von Aquaporinen und verbessert die Wasserdurchlässigkeit der Wurzelzellen bei Maispflanzen, die Wasserstress ausgesetzt sind. *Pflanzenzellenumgebung.* **2019**, *42*, 2274–2290. [\[CrossRef\]](#)
106. Yasmin, H.; Nosheen, A.; Naz, R.; Bano, A.; Keyani, R. L-Tryptophan-unterstützte PGPR-vermittelte Induktion von Dürretoleranz in Mais (*Zea mays* L.). *J. Plant Interact.* **2017**, *12*, 567–578. [\[CrossRef\]](#)
107. Curá, JA; Franz, DR; Filosofía, JE; Balestra, KB; Burgueño, LE Impfung mit *Azospirillum* sp. und *Herbaspirillum* sp. Bakterien erhöhen die Toleranz von Mais gegenüber Trockenstress. *Microorganisms* **2017**, *5*, 41. [\[CrossRef\]](#)

108. Krishnamoorthy, R.; Kim, K.; Subramanian, P.; Senthilkumar, M.; Anandham, R.; Sa, T. Arbuskuläre Mykorrhizapilze und assoziierte Bakterien, isoliert aus salzhaltigem Boden, verbessern die Salztoleranz von Mais in Küstengewinnungsböden. *Agric. Ecosyst. Environ.* **2016**, *231*, 233–239. [\[CrossRef\]](#)
109. Bano, A.; Fatima, M. Salztoleranz bei Zea mays (L). Nach Inokulation mit Rhizobium und Pseudomonas. *Biol. Fertil. Soils* **2009**, *45*, 405–413. [\[CrossRef\]](#)
110. Nadeem, SM; Zahir, ZA; Naveed, M.; Arshad, M. Rhizobakterien mit ACC-Deaminase verleihen Mais , der auf salzbelasteten Feldern angebaut wird, Salztoleranz . *Can. J. Microbiol.* **2009**, *55*, 1302–1309. [\[CrossRef\]](#)
111. Sheng, M.; Tang, M.; Zhang, F.; Huang, Y. Einfluss von arbuskulärer Mykorrhiza auf organische gelöste Stoffe in Maisblättern unter Salz Mycorrhiza **2011**, *21*, 423–430. [\[CrossRef\]](#)
112. Chen, L.; Liu, Y.; Wu, G.; Kimani, V.; Shen, Q.; Zhang, N.; Zhang, R. Induzierte Salztoleranz von Mais durch Rhizosphärenimpfung von *Bacillus amyloliquefaciens* SQR9. *Physiol. Plant.* **2016**, *158*, 34–44. [\[CrossRef\]](#)
113. Li, X.; Sun, P.; Zhang, Y.; Jin, C.; Guan, C. Ein neuer PGPR-Stamm *Kocuria rhizophila* Y1 verbessert die Salzstresstoleranz bei Mais durch Regulierung des Phytohormonspiegels, der Nährstoffaufnahme, des Redoxpotentials, der Ionenhomöostase, der photosynthetischen Kapazität und der Expression stressreaktiver Gene. *Environ. Exp. Bot.* **2020**, *174*, 104023. [\[CrossRef\]](#)
114. Ahmad, M.; Imtiaz, M.; Nawaz, MS; Mubeen, F.; Sarwar, Y.; Hayat, M.; Asif, M.; Naqvi, RZ; Ahmad, M.; Imran, A. Thermotolerant PGPR Consortium B3P moduliert physio-biochemische und molekulare Mechanismen für eine verbesserte Hitzetoleranz bei Mais während des frühen vegetativen Wachstums. *Ann. Microbiol.* **2023**, *73*, 34. [\[CrossRef\]](#)
115. Mathur, S.; Agnihotri, R.; Sharma, MP; Reddy, VR; Jajoo, A. Auswirkungen von Hochtemperaturstress auf pflanzenphysiologische Merkmale und Mykorrhiza-Symbiose in Maispflanzen. *J. Fungi* **2021**, *7*, 867. [\[CrossRef\]](#)
116. Zhu, X.; Song, F.-B.; Xu, H.-W. Arbuskuläre Mykorrhiza verbessert Niedertemperaturstress bei Mais durch Veränderungen im Wirtswasser Status und Photosynthese. *Plant Soil* **2010**, *331*, 129–137. [\[CrossRef\]](#)
117. Mathur, S.; Jajoo, A. Arbuskuläre Mykorrhizapilze schützen Maispflanzen vor Hitzestress durch die Regulierung der Photosynthese. Thema II Heterogenität. *Ind. Crops Prod.* **2020**, *143*, 111934. [\[CrossRef\]](#)

Haftungsausschluss/Anmerkung des Herausgebers: Die in allen Veröffentlichungen enthaltenen Aussagen, Meinungen und Daten sind ausschließlich die der einzelnen Autoren und Mitwirkenden und nicht die von MDPI und/oder den Herausgebern. MDPI und/oder die Herausgeber lehnen jegliche Verantwortung für Personen- oder Sachschäden ab, die aus den im Inhalt erwähnten Ideen, Methoden, Anweisungen oder Produkten resultieren.