

Intrazellulärer Parasitismus und Genomkondensation in den *Acholeplasmataceae*

Michael Kube¹, Christin Siewert¹, Sabine Holz¹, Bojan Duduk², Jelena Mitrovic², Erich Seemüller³, Richard Reinhardt⁴, Carmen Büttner¹

¹Fachgebiet Phytomedizin, Humboldt-Universität zu Berlin, Berlin, ² Institute of Pesticides and Environmental Protection, Belgrade/Serbia, ³ Institut für Pflanzenschutz in Obst- und Weinbau, Julius Kühn-Institut, Dossenheim, ⁴ Max Planck Genome Centre Cologne, Köln

Die Familie *Acholeplasmataceae* umfasst das provisorische Taxon ‘*Candidatus* Phytoplasma’ und *Acholeplasma*. Während die Acholeplasmen keine primären Pathogene beinhalten und als ubiquitäre Saprophyten charakterisiert sind, handelt es sich bei den Phytoplasmen um obligate intrazelluläre Parasiten, die in ihrer Verbreitung auf Insektenvektoren angewiesen sind. Obligater intrazellulärer Parasitismus ist in der Regel durch eine weitgehend gleichbleibende Versorgung mit Nährstoffen und Umweltbedingungen gekennzeichnet. Eine hiermit verbundene genetische Verarmung tritt auch bei den Phytoplasmen auf. Im Gegensatz hierzu unterliegen die bisher untersuchten *Acholeplasma* spp. kaum einer Genomkondensation.

Im Rahmen einer vergleichenden Genomanalyse bestimmten wir das vollständige Genom von *Acholeplasma oculi* in zwei unabhängigen experimentellen Ansätzen. Im ersten Experiment verwendeten wir Illumina’s *sequencing by synthesis* Technologie und für den Lückenschluss die traditionelle Sanger Sequenzierung. In einem weiteren Experiment bestimmten wir das Genom lediglich durch *single molecule real time sequencing* (SMRT Sequenzierung, PacBio) vollständig. Differenzen zwischen den beiden Genomsequenzen wurden mittels Sanger-Resequenzierung überprüft. Die resultierende finale Genomsequenz wurde annotiert und vergleichend analysiert.

Eine geringe Anzahl von Sequenzunterschieden tritt in den beiden Experimenten zwischen den erhaltenen Sequenzen der zirkulären Chromosomen mit einer Länge von 1,6 Mb auf. Der überwiegende Anteil dieser Unterschiede muss als Mikrodiversität in der Kultur angesehen werden. Sequenzierfehler sind weitgehend zu vernachlässigen. Die SMRT-Sequenzierung stellte sich insgesamt als eindeutig überlegende Technologie im Vergleich zu anderen Sequenzierverfahren in der vollständigen bakteriellen Genombestimmung dar. Die folgende vergleichende Genomanalyse zeigte überraschend eine fehlende Kodierung des F₁F₀-type Na⁺ ATPase Systems sowie des Chaperonproteins GroEL in *A. oculi* auf. Der Verlust dieser Gene wurde bisher nur in den Phytoplasmen dokumentiert. Proteine die alternativ diese Funktionen ausfüllen können wurden identifiziert.