

4 4 7

Julius-Kühn-Archiv

59. Deutsche Pflanzenschutztagung

23. - 26. September 2014
Albert-Ludwigs-Universität Freiburg

- Kurzfassungen der Beiträge -



weisen eine Länge von 1,6 Mb (G + C 29%) und 1,9 Mb (G + C 36%) auf und kodieren 1,439 und 1,690 Proteine. Phytoplasma-Genome grenzen sich durch zahlreiche horizontale Gentransferereignisse, Rearrangements und Genduplikationen grundlegend von den Acholeplasmen ab. Duplikationen sind auf die rRNA-Operons von *A. brassicae* beschränkt oder einzelne Gene wie das single stranded binding Protein (SsB). Im genetischen Repertoire der Acholeplasmen liegen zudem das Zellteilungsprotein FtsZ, der FOF1 ATP Synthetase- sowie der Rnf-Komplex, SecG, als auch eine vergleichsweise reichhaltige Ausstattung mit ABC Transportern und ein komplexer Kohlenhydratstoffwechsels vor. Komparative Analysen zeigen eine Genomkondensation in beiden Gattungen auf, sowie eine frühe evolutionäre Aufspaltung. Abseits des gemeinsamen Genpools ist das Fehlen von Schlüsselgenen der obligat parasitären Phytoplasmen in den Acholeplasmen hervorzuheben. Zu dieser Gruppe gehört die Kodierung wichtiger metabolischer Funktionen (z.B. Malatdehydrogenase), aber auch Funktionen der Pathogen-Wirt-Interaktion (Membranproteine, Effektoren).

Literatur

KUBE M, SIEWERT C, MIGDOLL AM, DUDUK B, HOLZ S, RABUS R, SEEMÜLLER E, MITROVIC J, MÜLLER I, BÜTTNER C, REINHARDT R., 2014: Analysis of the complete genomes of *Acholeplasma brassicae*, *A. palmae* and *A. laidlawii* and their comparison to the obligate parasites from 'Candidatus Phytoplasma'. J Mol Microbiol Biotechnol. **24**(1):19-36.

34-5 - Analyse von exprimierten Genen des phytopathogenen Bakteriums 'Candidatus Phytoplasma mali' zeigt wichtige Einblicke in Virulenz und Metabolismus

C. Siewert, T. Luge², B. Duduk³, E. Seemüller⁴, C. Büttner, S. Sauer² und M. Kube

Humboldt-Universität zu Berlin, Fakultät für Lebenswissenschaften, Albrecht Daniel Thaer-Institut für Agrar- und Gartenbauwissenschaften, Fachgebiet Phytomedizin

²Otto Warburg Laboratory, Max Planck Institute for Molecular Genetics, Berlin, Germany

³Institute of Pesticides and Environmental Protection, Serbia

⁴Julius Kühn-Institut, Institut für Pflanzenschutz in Obst- und Weinbau

'Ca. *Phytoplasma mali*' ist ein phytopathogenes Bakterium der Familie Acholeplasmataceae und der Klasse Mollicutes. Es ist bekannt als Verursacher der Apfeltriebsucht, wobei es die Siebzellen kolonisiert und in der Folge eine Reihe von Symptomen auftreten, wie die Hexenbesenformation und die verminderte Fruchtgröße und -qualität. Dies führt in ganz Europa zu großen Ernteverlusten. Obwohl die Genomsequenz dieses Pathogen seit 2008 vorliegt, gibt es nur wenig Literatur zu einzelnen exprimierten Genen und bisher wenig Literatur zu einer ungerichteten Proteom- oder Transkriptionsanalyse dieser oder anderer Phytoplasma.

In dieser Arbeit wurde eine Illumina RNA-Seq zur Transkriptions- und Shotgun-Massenspektroskopie zur Proteomanalyse an einer mit 'Ca. *P. mali*' Stamm AT infizierten *Nicotiana occidentalis* Pflanze durchgeführt. Über 200 exprimierte Gene konnten identifiziert werden. Es wurden einige an der Pathogen-Wirt-Interaktion beteiligten exprimierte Gene identifiziert, wie ein lcmE-ähnliches Proteins (Sekretionssystem Typ IVB), ein SAP11-ähnliches Proteins welches als Effektor von Phytoplasmen bekannt ist, das Immunodominante Membranprotein Imp und einige HflB Proteasen und AAA+-ATPasen. Exprimierte Gene des Metabolismus zeigen, dass viele ABC-Transporter aktiv sind und ein alternativer Glykolyse Stoffwechselweg zur Gewinnung eines Moleküls ATP unter Verbrauch von Acetat wird aktiviert wird.