

Die Transkriptions- und Proteomstudie des Pflanzenpathogens '*Candidatus Phytoplasma mali*' zeigt die Expression eines alternativen Stoffwechselweges sowie bedeutende Parasit-Wirt-Interaktionen

Christin Siewert¹, Toni Luge², Bojan Duduk³, Erich Seemüller⁴, Carmen Büttner¹, Sascha Sauer²
und Michael Kube¹

¹Humboldt-Universität zu Berlin, Fachgebiet Phytomedizin, Lentzeallee 55/57, 14195 Berlin, Deutschland

²Otto Warburg Laboratory, Max Planck Institut für molekulare Genetik, Berlin, Deutschland

³Institute of Pesticides and Environmental Protection, Banatska 31b, P.O. Box 163, 11080 Belgrad, Serbien

⁴Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Institut für Pflanzenschutz in Obst- und Weinbau, 69221 Dossenheim, Deutschland

Die in Europa bekannte Pflanzenkrankheit Apfeltriebsucht wird durch das phytopathogene Bakterium '*Ca. Phytoplasma mali*' verursacht. 2001 kam es in Deutschland zu einem ökonomischen Schaden von 25 Millionen Euro und in Italien zu 100 Millionen Euro. Dieser Phloem-kolonisierende Parasit kann unterschiedliche Symptome am Pflanzenwirt verursachen. Hierzu zählen die Vergilbung von Blättern, Hexenbesenformationen, vergrößerte Nebenblätter, Blattkräuseln und, wirtschaftlich vermutlich am bedeutendsten, die Ausbildung von ungenießbaren kleinen Apfelfrüchten.

Bisher gibt es generell nur wenig Literatur zur Genexpression von Phytoplasma-Arten. Diese Studie untersucht die Genexpression von '*Ca. P. mali*' im Pflanzenwirt *Nicotiana occidentalis*, in einer Transkriptionsstudie via RNASeq (Illumina) sowie einer Proteomstudie, die mit Shotgun-Massenspektroskopie durchgeführt wurde (Siewert *et al.*, 2014). Unter den rund 200 exprimierten Genen konnten Enzyme, die einen bereits postulierten alternativen energiegewinnenden Stoffwechselweg kodieren, identifiziert werden (Aufnahme einer Carbonsäure bis zur Produktion von Azetat). Dieser in allen Phytoplasmen kodierte Stoffwechselweg ist für '*Ca. Phytoplasma mali*' bedeutend, da der energiegewinnende Part der Glykolyse in diesem Bakterium, aber auch in einigen anderen Phytoplasma-Stämmen, nicht kodiert wird. Weiterhin konnte die Expression für diverse an Parasit-Wirt-Interaktionen beteiligte Proteine bestätigt werden. Hierzu zählen das immunodominante Membranprotein Imp, erstmalig ein IcmE-ähnliches Protein, welches normalerweise eine Hauptkomponente des Sekretionssystems Typ IVB darstellt, und ein potentiell SAP11-ähnliches Effektorprotein.

Siewert, C., Luge, T., Duduk, B., Seemuller, E., Buttner, C., Sauer, S., & Kube, M. (2014). Analysis of Expressed Genes of the Bacterium '*Candidatus Phytoplasma mali*' Highlights Key Features of Virulence and Metabolism. *PLoS One*, 9(4), e94391. doi:

10.1371/journal.pone.0094391