

Genom, Proteom und Pathogenstress am Beispiel der Buche

Katja Schlink, Cristina Vălcu und Gerhard Müller-Starck

Im Gegensatz zu krautigen Pflanzen ist über die Genome der meisten Bäume bisher nur fragmentarisches Wissen vorhanden. Sequenzinformationen über Gene der Stressantwort sind daher wesentlich leichter zu gewinnen, wenn situationsspezifisch aktive Gene selektiert werden. Anschließend durchgeführte Expressionsstudien und Analysen des Proteoms können zudem Hinweise auf die Funktion der entsprechenden Gene liefern.

Zur Analyse der Abwehrreaktion der Buche gegen das Wurzelpathogen *Phytophthora citricola* auf Transkriptom- und Proteomebene werden neben *in vitro* Infektionen auch Versuche durchgeführt, die den Einfluß der Mykorrhizierung auf die Abwehr einbeziehen. Um Proteomuntersuchungen durchführen zu können, musste eine Methode zur Proteinisolierung und Auftrennung entwickelt werden, die für verschiedene pflanzliche Gewebe und für Pilze (Mykorrhiza: *Paxillus*, Pathogen: *Phytophthora*) geeignet ist. Mit Hilfe dieser neu entwickelten Methode wurde bereits eine große Zahl nach *P. citricola* Infektion herauf- und herunterregulierter Proteine gefunden. Es wurde sowohl die systemische Reaktion in Blättern, als auch die lokale in Wurzeln untersucht. In Zusammenarbeit mit vertis Biotechnologie ist eine subtraktive cDNA Bank aus infizierten Buchenwurzeln erstellt worden, in der pathogeninduzierte Transkripte angereichert sind. Diese cDNA-Bank beinhaltet einen hohen Prozentsatz von Sequenzen, die bisher nicht funktional charakterisierten Pflanzengenen zugeordnet werden können. Fast genauso viele sind Homologe von Genen der Pathogenabwehr. Daneben wurden auch zahlreiche Klone der Kategorien Transkription/Translation und Signaltransduktion gefunden. Zusammen mit den Daten zur Proteomveränderung ermöglichen die Sequenzdaten und die nachfolgenden Expressionsanalysen mit Hilfe von DNA-Chips Einblicke in das Ausmaß der *Phytophthora*-induzierten Veränderungen, die regulierten Stoffwechselwege und schließlich in die für Abwehr aufgewendeten Ressourcen.

Untersuchungen von Abwehrmechanismen ermöglichen die Analyse von Anpassungsvorgängen als Voraussetzung für das langfristige Überleben von Waldbaumpopulationen.

Fachgebiet Forstgenetik, Department für Pflanzenwissenschaften, Wissenschaftszentrum Weihenstephan für Ernährung, Landnutzung und Umwelt, Technische Universität München, Am Hochanger 13, D-85354 Freising
schlink@wzw.tum.de