

Brandpilze und Maispflanzen rüsten auf

Wissenschaftler entschlüsseln Genom vom Mais-Schädling

Pilze sind bedeutende Pflanzenschädlinge, die weltweit für immense Ertragsverluste an Kulturpflanzen wie Mais und anderen Getreidesorten verantwortlich sind. Wissenschaftler haben jetzt das Erbgut von *Sporisorium reilianum* analysiert, eines wichtigen Mais-Schädlings. Durch einen Vergleich mit dem Genom einer verwandten Pilzart haben sie neue Gene identifiziert, die für den Befall von Mais wichtig sind.

Die Brandpilze *Ustilago maydis* und *Sporisorium reilianum* sind Parasiten von Maispflanzen. *U. maydis* verursacht die so genannte Mais-Beulenbrandkrankheit. Dabei bilden sich große tumorartige Strukturen an Blättern, Kolben und männlicher Blüte, in denen sich der Pilz vermehrt und Sporen produziert. Auch *Sporisorium reilianum* befällt Maispflanzen, bewirkt aber eine Infektion der gesamten Pflanze, bei der sich die Symptome nur in den männlichen und weiblichen Blüten zeigen. Diese Krankheit wird deshalb auch als Maiskopfbrand bezeichnet. Wie diese Schädlinge Pflanzen befallen können, ist bislang kaum bekannt. Vor vier Jahren war es den Forschern bereits gelungen, die Genomsequenz von *U. maydis* zu entschlüsseln. Damals hatten sie gezeigt, dass die Gene einer großen Zahl gänzlich neuartiger, vom Pilz ausgeschütteter Proteine auf den Chromosomen in Gruppen angeordnet sind, so genannten Genclustern. Diese Proteine steuern die Kolonisierung der Wirtspflanze.

Ähnlich und doch verschieden

Zunächst konnten die Forscher die Proteine nur in *U. maydis* nachweisen. Sie konnten sich jedoch nicht vorstellen, dass diese für den Befall so wichtigen Proteine nur im Genom eines einzigen Brandpilzes vorkommen. Deshalb ermittelten sie nun auch die Genomsequenz von *S. reilianum*. Tatsächlich kommen mehr als 90 Prozent der ausgeschütteten Proteine aus *U. maydis* auch in *S. reilianum* vor. Allerdings unterscheiden sich viele dieser Proteine stark zwischen den beiden Arten und sind daher auf Gen-Ebene nur schwer nachzuweisen. Überraschenderweise seien jedoch nahezu alle Gene der beiden Organismen in der gleichen Reihenfolge angeordnet, berichten die Wissenschaftler. Daher konnten sie die zwei Genome wie

Blaupausen übereinanderlegen und auf diese Weise die Unterschiede sichtbar machen. Dabei entdeckten sie 43 so genannte Divergenzregionen, in denen die Gene der Pilze besonders unterschiedlich waren. Darunter befanden sich alle bereits vor vier Jahren identifizierten Gencluster, deren Gene eine wichtige Rolle bei der Infektion der Wirtspflanzen spielen. Darüber hinaus beeinflussen vier von sechs zufällig ausgewählten Divergenzbereichen die Infektionsstärke von *U. maydis*. Allerdings enthalten die Divergenzregionen nicht immer Gene für ausgeschüttete Proteine. In einer Region kamen ausschließlich Gene für Proteine vor, die vom Pilz nicht nach außen abgegeben werden. Dies deutet darauf hin, dass noch weitere, bislang unentdeckte Moleküle das Verhältnis zwischen Pilz und Pflanze steuern, vermuten die Autoren der Studie.

Evolutionärer Wettlauf zwischen Mais und Pilz

Es unterscheiden sich also gerade die Gene zwischen den beiden Pilzen, die für den Befall der Maispflanzen wichtig sind. Vermutlich hatte die unterschiedliche Lebensweise von *U. maydis* und *S. reilianum* zur Folge, dass die Pilze im Laufe der Evolution jeweils artspezifische Genvarianten gebildet haben, z. B. um die pflanzliche Immunantwort zu unterdrücken. Die Maispflanzen wiederum haben die Zielmoleküle der Pilzproteine verändert. Für jedes von den Pilzen ausgeschüttete Protein bilden Maispflanzen offenbar mindestens ein Protein zur Abwehr. Es sind die Spuren eines sehr langen Kampfes zwischen verteidigender Pflanze und angreifenden Parasiten. Die Vielfalt an Angriffs- und Verteidigungswaffen sind das Ergebnis eines Rüstungswettlaufs zwischen Pflanze und Pilz. Jede Veränderung auf der einen Seite, wurde durch eine Anpassung der anderen Seite gekontert, erläutern die Forscher. Sie hoffen, dass sich auf der Basis der über ihre Verschiedenheit entdeckten Moleküle langfristig neue Strategien zur Bekämpfung dieser wichtigen Pilzgruppe entwickeln lassen.

Originalpublikation Schirawski, J. et al. (2010) Pathogenicity determinants in smut fungi revealed by genome comparison. *Science* Vol. 330 no. 6010 pp. 1546-1548. doi: 10.1126/science.1195330



Ähnlich, aber doch verschieden: die Symptome von zwei eng verwandten Brandpilzen an Zwerg-Maiskolben. Links: gesunder Maiskolben, Mitte: mit *Ustilago maydis* infizierter Maiskolben, rechts: mit *Sporisorium reilianum* infizierter Maiskolben (Foto: Jan Schirawski).