

Oomyceten – schön, nützlich und gefährlich



Sie sind überall
zu finden und
dennoch kaum
bekannt

Die Sporenträger von Falschem Mehltau (*Hyaloperonospora thlaspeos-perfoliati*), hier auf Täschelkraut (*Micthlaspi perfoliatum*), sind unter dem Stereomikroskop faszinierend anzusehen.

Auf Pflanzen sind sie klein, unscheinbar und leicht verwechselbar. Den Betrachter betören sie beim Blick ins Mikroskop durch wunderschön geformte Sporenträger. Doch Oomyceten, die lange Zeit mit Pilzen verwechselt wurden, können als Pflanzenschädlinge beträchtlichen landwirtschaftlichen Schaden anrichten. Die einzelnen Arten zu unterscheiden und ihre Wirtspflanzen zu kennen, ist eine Voraussetzung dafür, ihre Verbreitung zu kontrollieren. Denn auch in Europa könnten exotische Arten aufgrund der Erderwärmung heimisch werden – mit erwünschten und unerwünschten Folgen.

von Marco
Thines

Oomyceten gibt es überall, in der Antarktis, im Himalaya, im Meer, in den trockensten Wüsten und in der Luft. Sie ernähren sich vom Dreck in Abwässern, von Früchten, Blättern und toten Insekten. Manche Arten leben jedoch als spezialisierte Krankheitserreger und befallen Fische, Pflanzen, Pilze und mitunter auch Menschen. Jedes Jahr verursachen Oomyceten einen wirtschaftlichen Schaden von mehreren Milliarden Euro, leisten aber auch einen wichtigen Beitrag für das Funktionieren von Ökosystemen. Dennoch kennen nur die wenigsten diese bedeutsamen und wenig erforschten Organismen.

Oomyceten wachsen und ernähren sich ähnlich wie Pilze, mit denen sie bei ihrer Entdeckung verwechselt wurden. Tatsächlich gehören sie aber zu einem eigenen Organismenreich, zu dem unter anderem auch

Kieselalgen und Tange gehören. Fasziniert von diesen Besonderheiten untersuche ich zusammen mit meiner Arbeitsgruppe die Biologie, Biodiversität und Evolution der Oomyceten mit modernen molekularbiologischen Methoden, die uns helfen, die Grenzen des Wissens über diese Organismen fortwährend zu erweitern.

Der Erreger der Kartoffelfäule entvölkerte halb Irland

Als ich vor etwas mehr als acht Jahren als Student zum ersten Mal einen Oomyceten [siehe »Oomyceten«, Seite 13] sah, war ich sofort fasziniert, wusste jedoch noch nicht, dass diese Begegnung mein Leben verändern und meine wissenschaftliche Laufbahn prägen würde. Der Oomycet, den ich damals durch ein Mikroskop bestaunte, verursacht den Falschen Mehltau der Sonnenblume und hat, wie alle Erreger von

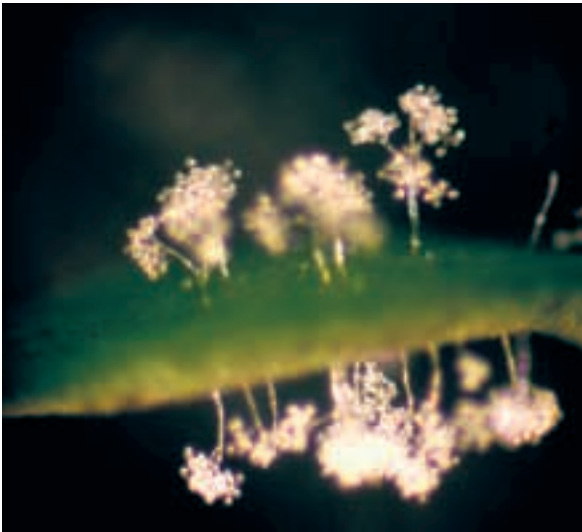
Falschem Mehltau, wunderschöne Sporenträger, die aus den Atemöffnungen der Pflanzen hervortreten, wenn die Bedingungen günstig sind. ❶ ❷ ❸ So schön Falscher Mehltau auch unter dem Mikroskop aussieht, so gefährlich können er und seine Verwandten für die Landwirtschaft und den Zierpflanzenanbau sein.

Vor rund 200 Jahren wurde der erste Oomycet wissenschaftlich beschrieben – ein unscheinbarer Krankheitserreger einer Wildpflanze. Wohl kaum jemand hätte sich damals vorstellen können, dass nur wenige Jahrzehnte später ein verwandter Schädling halb Irland entvölkern würde: Der Erreger der Kraut- und Knollenfäule der Kartoffel (*Phytophthora infestans*) erlangte als Verursacher der großen Irischen Hungernot Mitte des 19. Jahrhunderts traurige Berühmtheit. Nur zwanzig Jahre später verursachte ein weiterer, ebenfalls aus Nordamerika eingeschleppter Krankheitserreger verheerende Schäden im Weinbau, die Rebenperonospora (*Plasmopara viticola*).

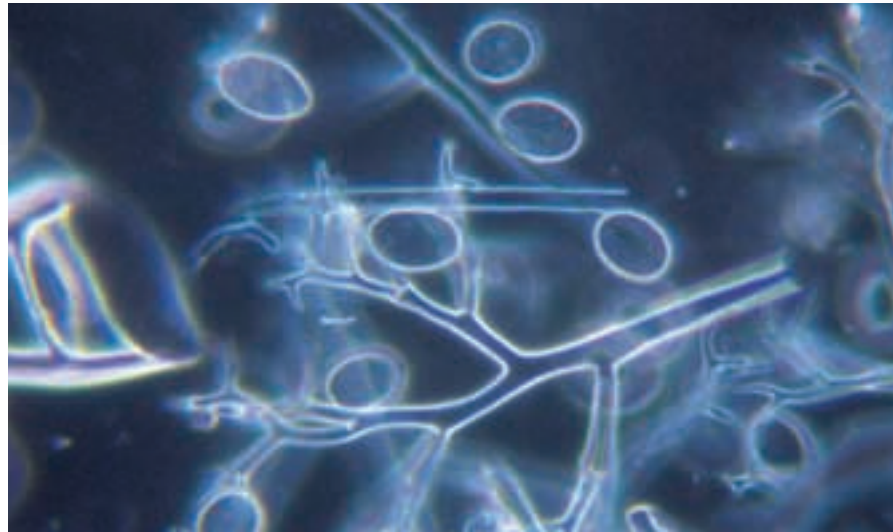
Unbemerkte Invasion

Mittlerweile zählt man fast 1000 Arten von Oomyceten, die Pflanzen befallen können – und das ist wahrscheinlich nur die Spitze des Eisberges. Jedes Jahr beschreiben wir zusammen mit Kollegen aus Australien, Amerika, Asien und Europa mehrere neue Arten, müssen uns dabei aber meist auf die wirtschaftlich relevanten Spezies beschränken. Zu groß ist die Biodiversität, zu viele neue Arten werden jedes Jahr ein-

gelesen, und wie findet man eigentlich heraus, was eine neue Art ist? Neue Arten werden häufig übersehen, da sie sich normalerweise nur wenig unterscheiden. Die Sporenträger sind oft wenig höher, als ein Haar breit ist, die größten von ihnen erreichen knapp einen Millimeter. Auch unter dem Mikroskop ist es daher schwierig, ausreichend Unterschiede zu finden, um alle Arten voneinander zu unterscheiden. Oft werden diese deshalb in erster Linie nach der Wirtspflanze bestimmt, die sie befallen. Dies funktioniert in der Regel auch recht gut, da die einzelnen Arten nur sehr wenige Wirte befallen können, kann aber manchmal auch auf den Holzweg führen. So gibt es immer wieder Fälle, bei denen eine Wirtsart von mehr als einem Krankheitserreger, die sich zum Verwechseln ähnlich sehen, befallen werden kann. Ein Beispiel dafür ist der Saatmohn, der in Europa von einer anderen Art befallen wird als in Australien – eine Verschleppung könnte hier also in beide Richtungen gravierende Folgen haben. Noch vor wenigen Jahren ging man davon aus, dass die meisten Arten weit weniger wirtsspezifisch sind, als dies tatsächlich der Fall ist. Dies führte dazu, dass Risikoeinschätzungen oft noch heute unzulänglich sind und somit auch dem Falschen Mehltau des Basilikums der Weg nach Europa geebnet wurde. Und das Risiko, dass exotische Pathogene aus wärmeren Gebieten der Erde bei uns Einzug halten, steigt mit zunehmender Erwärmung durch den Klimawandel.



❷ Vergrößerung der Sporenträger von Falschem Mehltau auf Täschelkraut. Die Schönheit lässt leicht vergessen, dass manche Oomyceten große Schäden in der Landwirtschaft anrichten können.



❸ Betrachtet man die Sporenträger von *Peronospora tomentosa* durch das Mikroskop erschließt sich die filigrane Schönheit noch einmal mehr. Dieser Oomycet ist auf Hornkraut spezialisiert.

geschleppt und neu entdeckt. Ein Beispiel dafür ist ein Pathogen des Basilikums, das Anfang des Jahrtausends wahrscheinlich aus Afrika eingeschleppt wurde. Die Invasion verlief zunächst unbemerkt, da man den Krankheitserreger verwechselte und nicht als neue Art erkannte. Erst im vergangenen Jahr konnten wir die Art, die mittlerweile in ganz Europa erheblichen Schaden anrichtet, wissenschaftlich beschreiben. Mitunter ist sie auch im Supermarkt zu finden und kann zu einem raschen Verfall der Pflanzen auf der heimischen Fensterbank führen.

Genetische Verwandtschaft bringt Licht ins Dunkel

Abhilfe durch die frühzeitige Erkennung von Arten können sogenannte molekularphylogenetische Rekonstruktionen [siehe »Molekularphylogenie«, Seite 12] und molekulargenetische Identifizierung [siehe »Barcoding«, Seite 13] schaffen. Dabei vergleicht man die Abfolge der Kernbausteine im Erbgut der Organismen. Vereinfacht gesagt: Je ähnlicher sich zwei Erbgutabschnitte sind, desto näher sind sie miteinander verwandt. Mithilfe komplexer mathematischer Verfahren kann man die Evolutionsgeschichte von Arten



4 Die Weißrosterreger, hier ein Befall von Meerrettich, haben eine weitaus höhere Diversität als früher angenommen. Die zwei Gattungen von Erregern, die Korbblütler und Kreuzblütler befallen, unterteilen sich neuesten Erkenntnissen zufolge in Dutzende von Arten.

rekonstruieren und erkennen, wo neue, zuvor übersehene Arten vorhanden sind. Und mitunter sind das mehr Arten als bereits bekannt sind. Ein Beispiel hierfür kommt aus einer weiteren Gruppe der Pflanzenkrankheiten auslösenden Oomyceten, den Weißrosterregern. 4 Hier ging man bis vor kurzem davon aus, dass auf den Familien der Korbblütler (hierzu gehören Sonnenblumen, Astern, Artischocken und Disteln) und der Familie der Kreuzblütler (zu denen Kresse, Kohl und Rettich, aber auch die Modellpflanze *Arabidopsis thaliana* gehören) jeweils nur ein einziger Weißrosterreger vorkommt. Unsere jüngsten Untersuchungen zeigen jedoch, dass wahrscheinlich in beiden Familien Dutzende von Arten als Parasiten vorkommen. Bislang ist nur schwer abzusehen, wie viele es letztendlich sein werden. Überraschend ist dabei, dass manche Arten auf der Wiese im eigenen Vorgarten zu entdecken sind – so haben wir jüngst einen Weißrosterreger am Wiesenschaumkraut neu beschrieben. 5

Molekularphylogenie

Die Evolutionsgeschichte (Phylogenie) von Organismen versuchte man früher in erster Linie anhand von morphologischen Gemeinsamkeiten zu rekonstruieren. Allerdings ist die Einordnung der dafür gewählten Organismen in einen evolutionären Kontext oft subjektiv, und insbesondere bei sich ähnelnden Mikroorganismen stößt man mit dieser Vorgehensweise oft schnell an Grenzen. Durch die Entschlüsselung der Abfolge der DNA-Bausteine im Erbgut (Sequenzierung) ergibt sich eine Vielzahl von Vergleichsmöglichkeiten zwischen Organismen. Mit komplexen numerischen Verfahren, die mit einbeziehen, wie wahrscheinlich und häufig bestimmte Arten von Mutationen in bestimmten Bereichen von Erbgutabschnitten sind, lassen sich Hypothesen entwickeln, wie einzelne evolutionäre Linien miteinander verwandt sind. Dadurch ließ sich beispielsweise zeigen, dass Vögel und Krokodile näher miteinander verwandt sind als letztere mit anderen Reptilien, und dass zwar die Pflanzen mit einem Keimblatt, nicht aber diejenigen mit zwei Keimblättern geschlossene evolutionäre Linien bilden.

Mit Herbarien zurück in die Vergangenheit

Bei der Entdeckung neuer Pflanzenpathogene hilft uns die Tatsache, dass in internationalen Sammlungen große Mengen an gepressten Pflanzen, mitsamt ihren Pathogenen, als Herbarbelege vorhanden sind. Diese bieten einen ungeheuren Schatz für die Untersuchung der Vielfalt der Oomyceten, da manche Schaderreger an seltenen Wildarten nur schwer aufzuspüren sind und oft überhaupt nur wenige Male gefunden wurden. Durch jüngst in unserer Arbeitsgruppe erzielte Fortschritte in der forensischen Analyse historischer Belege können geringe Mengen von mehr als 100 Jahre altem Material für molekularbiologische Untersuchungen genutzt werden. Dadurch lässt sich nach und nach ein immer besseres Bild der Evolution der Oomyceten zeichnen und werden immer wieder neue Arten entdeckt.

Aber da von der Biodiversität der Oomyceten bislang nur die Spitze des Eisberges bekannt ist, kann man sogar nicht nur neue Arten, sondern neue Gattungen und selbst Familien entdecken. So geschehen jüngst in Zusammenarbeit mit einer Arbeitsgruppe aus Nordamerika. In den Salzwiesen von Georgia im Südosten



5 Weißrost aus dem Vorgarten: Der Erreger befällt das Wiesenschaumkraut.

der Vereinigten Staaten von Amerika haben wir auf verrottenden Blättern von Gräsern eine neue Familie mit mehreren neuen Arten gefunden. Ob diese Familie auch in unseren deutlich kühleren Salzwiesen vorkommt, ist bislang unklar, aber wir werden versuchen, es herauszufinden. Viele Oomyceten zeigen deutliche Klimapräferenzen, manche kommen allerdings nahezu auf der ganzen Welt vor. Arten, die an wärmeres Klima angepasst sind und Minusgrade nur begrenzt tolerieren können, könnten im Zuge des Klimawandels nach Mitteleuropa vordringen. Bei einigen könnte das vielleicht sogar erwünscht sein, wie zum Beispiel bei manchen Arten, die Stechmückenlarven befallen. Andere sind jedoch eher unerwünscht, wie zum Beispiel die Erreger des Falschen Mehltaus der Gräser. Diese können potenziell eine Reihe von Getreiden befallen, darunter auch Weizen, Mais und Hirse. 6 Während das Pathogen auf Hirse gelegentlich auch in Mitteleuropa an Kulturgräsern gefunden wird, sind die Oomyceten,

die Mais und Weizen angreifen können, bislang in Mitteleuropa nur in Ausnahmefällen gefunden worden. Ob sich dies in Zukunft ändern wird, ist unklar; ein gewisses Risiko dafür besteht jedoch.

Konsequenzen für die Landwirtschaft

Am Beispiel von natürlich vorkommenden Oomyceten, die den Korbblütler Bocksbart befallen können, untersuchen wir modellhaft, wie sich unterschiedliche klimatische Bedingungen auf das natürliche Vorkommen und die Häufigkeit von Pflanzenkrankheiten auswirken. Erste Ergebnisse zeigen bereits, dass manche Pathogene unter höheren Temperaturen und geringeren Niederschlägen zu leiden scheinen, während andere Schaderreger mit kühleren Bedingungen weniger gut zurechtkommen. Der Klimawandel wird hier also einen deutlichen Einfluss haben. Wie er sich genau auswirken wird, kann dabei von Fall zu Fall unterschiedlich sein, mit hoher Wahrscheinlichkeit sind jedoch auch für die Landwirtschaft direkte Konsequenzen zu erwarten. Dort treten zahlreiche Pathogene auf, die von den Wirten nur schlecht überwunden werden können. Durch Untersuchungen der Interaktion von Pflanzen und ihren Krankheitserregern hat man erste Einblicke in das Immunsystem der Pflanzen gewonnen. Bei der Abwehr von Krankheitserregern spielen insbesondere sogenannte Resistenzproteine eine Rolle, die die Pathogene erkennen und Abwehrreaktionen einleiten. Für einige dieser Resistenzen konnte gezeigt werden, dass sie temperaturabhängig sind und wärmere Temperaturen zu ihrem Zusammenbruch führen können.

Evolutionäres Wettrüsten

Die Interaktion von Pflanzen und Pathogenen ist sehr komplex, und insbesondere bei den Krankheitserregern, die auf lebende Pflanzenzellen für die eigene Ernährung angewiesen sind, kommt es zu einer gekoppelten Evolution von Pflanze und Pathogen in einer

☒ Großer Schaden für die Landwirtschaft entsteht durch Oomyceten, die Getreide, wie zum Beispiel Weizen, Mais und Hirse befallen. Hier die Vergrünung der Ährenrispe bei Hirse durch *Sclerospora graminicola*.

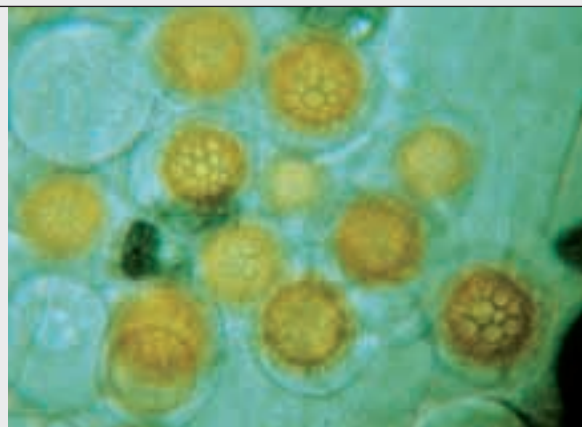
Barcoding

Beim DNA-Barcoding sequenziert man Erbgutabschnitte, die über weite Verwandtschaftskreise vorhanden und ausreichend variabel sind, um verschiedene Arten unterscheiden zu können. Ziel des Barcodings ist es in erster Linie, eine molekulargenetische Identifizierung, insbesondere von schwer bestimmbareren Arten, zu ermöglichen. Allerdings können die Sequenzen (Barcodes) auch genutzt werden, um molekularphylogenetische Rekonstruktionen vorzunehmen, die über die Verwandtschaftsbeziehungen und die Evolutionsgeschichte von Arten Aufschluss geben können.



Oomyceten

Oomyceten sind Organismen, die aufgrund ähnlicher Lebensweise viele oberflächliche Gemeinsamkeiten mit echten Pilzen aufweisen. Wie diese wachsen sie mit fädigen Ausläufern zu ihrer Nahrung und erzeugen Sporen, um sich zu verbreiten. Im Gegensatz zu den echten Pilzen besteht die Zellwand aber nicht in erster Linie aus Chitin, sondern aus Zellulose. Wenn bewegliche Sporen gebildet werden, haben diese zwei Fortbewegungsfortsätze, eine Flimmer- und eine Peitschengeißel. Das haben sie mit anderen zum gleichen Organismenreich gehörenden Organismen wie zum Beispiel den Braunalgen gemeinsam. Pilze hingegen haben, wenn überhaupt, nur eine einzelne Peitschengeißel, so wie die Spermien der Tiere, mit denen sie verwandt sind.



☒ Oosporen, hier von *Peronospora tomentosa* im Hornkraut, sind das Erkennungsmerkmal der Oomyceten.

Effektoren

Effektoren sind in der Regel kleine Proteine, die in den Zellen von Krankheitserregern und Symbiosepartnern gebildet werden, aber anschließend ausgeschüttet (sekretiert) werden, um im Wirt zu wirken. Dieser Wirkort kann sogar im Inneren der Pflanzenzelle sein. Die entsprechende Klasse von Effektoren besitzt Eigenschaften, die eine direkte oder indirekte Aufnahme in die Wirtszellen ermöglichen. In diesen können sie beispielsweise Abwehrreaktionen unterdrücken, dazu beitragen, dass Nährstoffe für die Pathogene bereitgestellt werden, oder die Zelle so umprogrammieren, dass die Krankheitserreger optimale Bedingungen für das Wachstum in der Wirtspflanze vorfinden.

Art evolutionärem Wettrüsten. Dabei haben die Pathogene einen Vorteil, wenn sie die Abwehr der Wirtspflanze optimal umgehen oder durch Effektoren [siehe »Effektoren«] unterdrücken können, während es für die Pflanzen vorteilhaft ist, die Krankheitserreger zu erkennen und weitgehend in Schach zu halten. Diese gekoppelte Evolution (oder Koevolution) ist ein faszinierendes Gebiet der Evolutionsforschung, das durch die Analyse der Genome von Wirten und Pathogenen einen enormen Aufschwung genommen hat. Neben wegbereitenden Erkenntnissen für die Grundlagenforschung haben diese Untersuchungen jedoch ganz praktische Bedeutung, wenn es darum geht zu verste-

hen, welche Resistenzen von Feldfrüchten nur schwer zu überwinden sind. Diese könnten dann in der Züchtung gezielt eingesetzt werden. Wichtig ist in diesem Zusammenhang auch, was evolutiv passiert, wenn ein Pathogen auf einen neuen Wirt überspringt.

Faszination einer seltsamen Symbiose

Im Bereich der vergleichenden Genomanalyse und der funktionellen Charakterisierung der Interaktion von Pflanzen und ihren Krankheitserregern wurden in Zusammenarbeit mit internationalen Kooperationspartnern entscheidende Erfolge erzielt. Diese helfen zu verstehen, wie sich die Oomyceten im Verlauf ihrer Evolution entwickelt haben. Sie waren zunächst wenig spezialisierte Pathogene, die sich von abgestorbenen Pflanzenteilen ernähren konnten. Inzwischen lassen sich zahlreiche Arten von lebenden Pflanzenzellen einer einzigen Wirtsart ernähren. Aber auch warum der Erreger der Kraut- und Knollenfäule, der vor etwa 150 Jahren Irland heimsuchte, heute noch ein großes Problem im Kartoffelanbau ist und immer wieder neu eingezüchtete Resistenzen überwinden kann, ist mittlerweile weitaus besser verstanden.

Viele Fragen sind aber nach wie vor offen, und so schaue ich heute noch genauso wie damals als Student fasziniert ins Mikroskop, wenn ich einen mir unbekanntes Oomyceten gefunden habe. Handelt es sich womöglich um eine unentdeckte Art? Wie schafft es das Pathogen, den Wirt zu überlisten? Wie funktioniert diese seit Jahrmillionen existierende seltsame Symbiose? Diese schönen, gefährlichen und rätselhaften Organismen halten sicher auch in Zukunft noch einige Überraschungen bereit. ♦

Literatur

- Thines M, Kamoun S *Oomycete-plant coevolution: Recent advances and future prospects* Current Opinion in: Plant Biology 2010/13: 427–433.
- Telle S, Thines M *Amplification of *cox2* (~620 bp) from 2 mg of up to 129 years old herbarium specimens, comparing 19 extraction methods and 15 polymerases* PLoS ONE 2008/3: e3584.
- Thines M, Telle S, Ploch S, Runge F *Identity of the downy mildew pathogens of basil, coleus, and sage with implications for quarantine measures* Mycological Research 2009/113: 532–540.
- Levesque CA, Brouwer H, Cano L, Hamilton JP, Holt C, Huitema E, Raffaele S, Robideau GP, Thines M, Win J, Zerillo MM, Beakes GW, Boore JL, Busam D, Dumas B, Ferrera S, Fuerstenberg SI, Gachon CM, Gaulin E, Govers F, Grenville-Briggs L, Horner N, Hostetler J, Jiang RH, Johnson J, Krajaejun T, Lin H, Meijer HJ, Moore B, Morris P, Phuntmart V, Puiu D, Shetty J, Stajich JE, Tripathy S, Wawra S, van West P, Whitty BR, Coutinho PM, Henrissat B, Martin F, Thomas PD, Tyler BM, De Vries RP, Kamoun S, Yandell M, Tisserat N, Buell CR *Genome sequence of the necrotrophic plant pathogen, *Pythium ultimum*, reveals original pathogenicity mechanisms and effector repertoire* Genome Biology 2010/11: R73.
- Ploch S, Choi Y-J, Rost C, Shin H-D, Schilling E, Thines M *Evolution of diversity in *Albugo* is driven by high host specificity and multiple speciation events on closely related Brassicaceae*. Molecular Phylogenetics and Evolution 2010/57: 812–820.

Der Autor



Prof. Dr. Marco Thines, 32, hat von 1999 bis 2003 Biologie an der Universität Hohenheim studiert und 2005 über die Evolution von Oomyceten promoviert. Im Jahr 2006 gründete er mit Dr. Frank Brändle zusammen die Firma PathoScan (heute IdentXX GmbH), die sich mit dem Nachweis von

Pflanzenkrankheiten beschäftigt. Von 2007 bis 2010 leitete er, gefördert durch die Deutsche Forschungsgemeinschaft und im Eliteprogramm für Postdoktoranden der Baden-Württemberg-Stiftung, eine Arbeitsgruppe an der Universität Hohenheim. Von 2009 bis 2010 war er zudem Gastwissenschaftler am Sainsbury Laboratory (Norwich, UK), und seit April 2010 hat er die im Rahmen des LOEWE-Zentrums BiK-F eingeworbene Professur für Evolutionäre Analyse Biologischer Archive inne. Seine Forschungsschwerpunkte liegen in der Klimaökologie, Biodiversität, Evolutionsgeschichte und funktionellen Genomevolution der Oomyceten. Seit 2004 hat er über 30 Manuskripte in internationalen Fachzeitschriften publiziert, unter anderem in Science, Nature, PNAS und Fungal Biology, sowie mehrere Buchkapitel.

marco.thines@senckenberg.de