

 Inhalt archiviert am 2024-06-18



Identification of pathogenicity and virulence genes of the necrotrophic fungus *Ascochyta* spp. by genome-wide transcriptome analyses coupled to high-throughput next-generation sequencing

Ergebnisse in Kürze

Neue Erkenntnisse zu den Erregern der Brennfleckenkrankheit

Inzwischen ist gut erforscht, über welche Prozesse ein häufiger und ertragsschädigender Pilz seine Wirte (Leguminosen) infiziert und ihr Abwehrsystem außer Kraft setzt.



GESUNDHEIT



© Thinkstock

Ascochyta ist ein Pilz, der bei Erbsen, Kichererbsen und anderen wichtigen Bohnenkulturen die Brennfleckenkrankheit auslöst und derzeit ein wichtiger limitierender Faktor für die Produktivität dieser Pflanzen ist, die sowohl als Grundnahrungsmittel als auch zur Verbesserung der Bodenqualität geschätzt werden.

Das EU-finanzierte Projekt ASCOTRANSSEQ analysierte den Pilzerreger, der Brennfleckenkrankheit verursacht, mit Hochdurchsatz-Sequenzierungstechniken, wobei insbesondere nach Genen gesucht wurde, die die Pathogenität (Infektiosität

und Pflanzenschäden) fördern.

Ein wichtiges Ergebnis des Projekts war eine Konsensussequenz der Ascochyta-Art *A. rabiei*, die sich aus vier Varianten des Pilzes zusammensetzt. Ein weiterer Abschnitt des Projekts identifizierte alle Gene, die im wachsenden Pilz in An- und Abwesenheit des Wirts transkribiert werden. Im Rahmen dieser Analyse wurden mehr als 22.000 Gene identifiziert, von denen 597 exprimiert werden, wenn der Pilz auf der Pflanze wächst. Aus diesen Informationen ermittelten die Forscher einzelne genetische Veränderungen, die das Infektionsgeschehen einleiten.

So identifizierte ASCOTRANSSEQ Gene, die die pflanzliche Abwehr zerstören, Enzyme, die den Abbau der pflanzlichen Zellwand einleiten, Giftstoffe, die Pflanzenzellen abtöten sowie Enzyme, mit denen abgestorbene Pflanzenzellen abgebaut werden.

ASCOTRANSSEQ lieferte eine Fülle von Informationen zur Genetik von Ascochyta und stimulierte damit die Entwicklung von Methoden zur Prävention und Eliminierung der Brennfleckenkrankheit, was wiederum die Anbaupraxis für Hülsenfrüchte deutlich verbessern wird.

Schlüsselbegriffe

Ascochyta, Knollenfäule, Hülsenfrucht, Pilzkrankheit, Genomsequenzierung, Virulenz

Entdecken Sie Artikel in demselben Anwendungsbereich



Wie hoch ist die Wahrscheinlichkeit, dass Sie diese Krankheit bekommen?

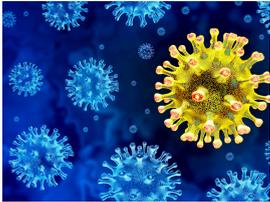




Mit Lucy Endometriose auf den Grund gehen



Neue Studie stellt die routinemäßige Implantation von Defibrillatoren infrage



Die Grundlage für Datenbanken zu molekularer Dynamik legen



Projektinformationen

AscoTransSeq

ID Finanzhilfevereinbarung: 300235

Projekt abgeschlossen

Startdatum

1 Mai 2012

Enddatum

30 April 2014

Finanziert unter

Specific programme "People" implementing the Seventh Framework Programme of the European Community for research, technological development and demonstration activities (2007 to 2013)

Gesamtkosten

€ 231 547,20

EU-Beitrag

€ 231 547,20

Koordiniert durch
JOHANN WOLFGANG GOETHE-
UNIVERSITAET FRANKFURT AM
MAIN
 Germany

Dieses Projekt findet Erwähnung in ...

MAGAZIN RESEARCH*EU



Road safety: towards zero
fatalities?

Letzte Aktualisierung: 8 April 2015

Permalink: <https://cordis.europa.eu/article/id/158634-understanding-ascochyta-blight-pathogen/de>

European Union, 2025