

Koevolution bei Pflanzen und Insekten

Co-evolution of phytoplasma, insect vectors and host plants

Phytoplasmen sind zellwand-lose Bakterien, die im Phloem von Pflanzen leben und wichtige Krankheiten bei vielen Pflanzenarten verursachen. Da Phytoplasmen nicht selbständig außerhalb einer Pflanze leben können, sind sie von phloemsaugenden Vektoren (z.B. Zikaden) für die Übertragung zwischen Pflanzen abhängig. Die Ausbreitung von phytoplasma-verursachten Krankheiten hängen so maßgeblich mit dem Überleben des Vektors, dessen Pflanzenspezifität sowie Fähigkeit Phytoplasmen aufzunehmen und zu übertragen zusammen. Aufgrund dieser Abhängigkeit, stellt sich die Frage auch inwiefern Phytoplasmen den Vektoren (Zikaden) in ihrer Wirtpflanzenwahl beeinflussen.

Die Zikade *Hyaletthes obsolatus* (Cixiidae) ist der Vektor von *Candidatus Phytoplasma solani* (SP), der Erreger der Schwarzholzkrankheit (bois noir) der Rebe. Die Schwarzholzkrankheit ist in Westeuropa zu einer der bedeutsamsten Rebkrankheiten in den letzten 15 Jahren geworden. Die Epidemiologie geht ausschließlich von kräutigen Pflanzen aus, die als Reservoir für SP dienen. SP hat zwei Hauptstämme: tuf-a, die nur an Brennnessel (*Urtica dioica*) gebunden ist, und tuf-b, die hauptsächlich an Ackerwinde (*Convolvulus arvensis*) gebunden ist. Da beide Pflanzen gleichzeitig die Hauptwirtspflanzen für den Vektor sind, führt eine differenzierte Pflanzennutzung des Vektors zu separaten epidemiologischen Zyklen.

Wir untersuchen das Pflanzen-Vektor-Pathogen-System mit einer Kombination aus evolutionären und angewandten Forschungsansätzen, um die Zunahme und die Ausbreitung der Schwarzholzkrankheit zu verstehen. Der Fokus liegt auf dem Vektor, wobei dessen Ausbreitungsbiologie sowie Ökologie, Anpassungen und Verhalten in Bezug auf unterschiedlichen pflanzenbezogenen Populationen studiert wird, und ob die SP-Stämme Einfluss auf der Pflanzennutzung nehmen. Mit einem „Parasites as Proxy“ Ansatz untersuchen wir die ko-evolutionäre Pflanzenspezialisierung von Vektor und SP. Als Parasiten werden bakterielle Endosymbionten des Vektors untersucht. Da Parasiten oft kürzere Generationszeiten als ihre Wirte haben, können sie als Stellvertreter (Proxy) für den Wirt (die Zikade) genutzt werden, um die Evolution des Wirtes zu entschlüsseln. Die historische Epidemiologie des tuf-a in Westeuropa ist mittels einer Ko-Dispersionsanalyse entschlüsselt worden. Zukünftig sollen Übertragungsexperimente relativ zur genetischen Konstitution des Vektors dessen Aufnahme- und Transmissionspotential von SP untersuchen.

Researcher:

Dr. Jes Johannesen, Dr. Michael Maixner (Julius-Kühn-Institut, Dossenheim)