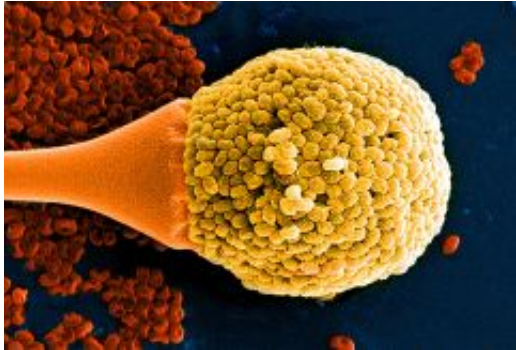


Funktionelle Genomanalyse und Virulenz-assoziierte Genexpression



Basale terrestrische Pilze (ehemals „Zygomycota“) zeigen eine große Spannbreite von Lebensstilen, die saprophytisch bis pathogen in anderen Pilzen, Pflanzen und Tieren sein können. Einige Arten rufen Infektionen im Menschen vor. In Abhängigkeit der Erreger unterscheidet man zwischen Mucormykose oder Entomophthoromykose, die jeweils von Vertretern der Mucorales und Entomophthorales hervorgerufen werden. Bis dato ist wenig zu den molekularen Mechanismen des Infektionsprozesses bekannt. Obwohl die Infektionen als selten und ungewöhnlich gelten steigt die Häufigkeit der Mucormykose stetig an. Von insgesamt 26 potentiell human pathogenen Arten sind *Rhizopus* spp. die häufigsten Erreger. *Lichtheimia* spp. rangieren an 2. und 3. Stelle der Mucormykose-Erreger jeweils in Europa und USA. Wir haben die Genome der beiden klinisch relevanten Arten *L. corymbifera* und *L. ramosa* sequenziert. Die Genome weichen stark von anderen mucoralen Pathogenen ab. Vergleichende Analysen und funktionelle Charakterisierungen der Gene ergab potentielle Virulenzfaktoren in Eisenaufnahme und hydrolytischen Enzymen. Transkriptomanalysen unter Infektions-nahen Bedingungen helfen solche Gene zu identifizieren, die für die Anpassung an die Wirtsumgebung essentiell sind. Der Insekten-pathogene Pilz *Conidiobolus coronatus* ist repräsentativ für einer der wichtigsten Erreger der Entomophthoromykose im Menschen. Diese Art gehört zur ältesten Linie terrestrischer Pilze und stellt somit eine evolutionäre Verbindung zwischen Land-lebenden und aquatischen Pilzen dar. Dieses Projekt wird in Kooperation mit der Abteilung [Molekulare und Angewandte Mikrobiologie \(MAM\)](#) und der Forschungsgruppe [Systembiologie und Bioinformatik](#) durchgeführt.