

## Genom des Hausschwammes umfasst 42,8 Mio. Basen

Untersuchung an Monokaryonten aus Hamburg

Wie berichtet wurde unlängst durch das U.S. Department of Energy Joint Genome Institute das Genom des Hausschwammes (*Serpula lacrymans*) entschlüsselt (vgl. HZ Nr. 30 vom 29. Juli, S. 747). In der Abteilung für Holzbiologie, Zentrum Holzwirtschaft, Universität Hamburg wird dieser Hausfäulepilz seit nunmehr 35 Jahren untersucht.

So wurde dort eine Methode erarbeitet, mit der der Hausschwamm auch unter Laborbedingungen Fruchtkörper bildet. Dadurch konnten von ihm nicht durch Fremdorganismen verunreinigte Sporen gewonnen werden, die dann zu den daraus wachsenden Monokaryonten (Einzellkernmycelien) kultiviert wurden. Genetisch miteinander verträgliche Monokaryonten paaren später zum eigentlichen holzerstörenden Dikaryonten. Durch klassische Kreuzungsexperimente erst innerhalb verschiedener Elternstämme des Pilzes (Inzucht) und dann durch Paaren der Monokaryonten

von verschiedenen Stämmen (Fremdzucht) wurden schließlich die je vier verschiedenen Kreuzungstypen des Pilzes erhalten.

Nun konnte im U.S. Department of Energy Joint Genome Institute das Gesamtgenom des Hausschwammes sequenziert werden. Verwendet wurden dafür die Hamburger Monokaryonten 7.3 (Kreuzungstyp A1B1) und 7.9 (A2B2), die von einem 1930 aus einem Haus in Berlin isolierten Elternstamm 7 gezüchtet wurden. Das Genom von *Serpula lacrymans* umfasst 42,8 Mio. Basen. Einzelheiten sind von einem internationalen Kollektiv von 49 Autoren in der angesehenen Wissenschaftszeitung Science veröffentlicht (Eastwood et al. 2011, Science 333, 762-765). Die Daten dienen als Grundlage für vielfältige weitere Kenntnisse zu dem Holzpilz. Der Hausschwamm gilt als der gefährlichste holzerstörende Gebäudepilz Zentraleuropas.

► Prof. Dr. Olaf Schmidt, E-Mail: o.schmidt@holz.uni-hamburg.de