

Zusammenfassung

Neben ihrer ökologischen Bedeutung sind die verschiedenen Arten der Gattung Birke (*Betula* L.) auch ökonomisch interessant, da sie eine breite Palette von pharmakologisch wichtigen Sekundärmetaboliten synthetisieren. Studien haben gezeigt, dass das entzündungshemmende Methylsalicylat (MeSA) einer der Hauptbestandteile des ätherischen Öls einiger Birkenarten ist. Der Biosyntheseweg von natürlichem MeSA in den Birkenarten ist jedoch weitgehend unbekannt.

Das Ziel dieser Arbeit war daher, die interspezifische phylogenetische Beziehung und die genetischen Variationen zwischen Birkenarten mit hohen und niedrigen MeSA-Gehalten durch molekulargenetische Ansätze zu untersuchen sowie die Gene zu identifizieren, die im MeSA-Biosyntheseweg involviert sind. Zu allererst wurden bei verschiedenen Birkenarten acht Chloroplasten- und fünf genomische Kernregionen untersucht, um deren phylogenetische Beziehung und genetische Variation zu bestimmen. *Betula lenta* bildete dabei immer eine gemeinsame Gruppe mit Birkenarten, die einen hohen MeSA-Gehalt aufweisen. Die Netzwerkanalyse legt nahe, dass die Fähigkeit, Methylsalicylat zu produzieren, auf *B. lenta* zurückgeht. Darüber hinaus wurden Kandidatengene, die im MeSA-Biosyntheseweg involviert sind, in acht Birkenarten mit hohen und mit niedrigen MeSA-Gehalten auf Sequenzunterschiede hin untersucht. Sechs Einzelnukleotidsubstitutions- (SNP-) Marker wurden gefunden, welche mit 38 zusätzlichen Birkenindividuen aus verschiedenen geografischen Regionen validiert wurden. Diese Ergebnisse zeigen, dass SAMT (salicylic acid methyltransferase) und SABP2 (salicylic acid-binding protein 2) einen signifikanten Einfluss auf die MeSA-Biosynthese in Birken haben. Darüber hinaus wurden mit SABATH (SAMT, benzoic acid carboxyl methyltransferase, and theobromine synthase) und MES (methyltransferase) weitere Mitglieder der Enzymfamilien, die an der Methylierung und Demethylierung beteiligt sind, in der *Betula pendula* (BpSABATH and BpMES) identifiziert und auf Gen- und Enzymebene untersucht. Das in dieser Arbeit zusammengetragene Wissen wird für die weitere Analyse der genomischen Organisation sowie die funktionellen und enzymatischen Substratspezifität der Enzyme hilfreich sein. Darüber hinaus konnten wertvolle Informationen zur möglichen genetischen Veränderung oder gezielten Mutagenese der Kandidatengene gewonnen werden, um Metabolitgehalte zielgerichtet zu verändern. Identifizierte Marker können weiterhin in Birkenzuchtprogrammen zur Selektion von Birken mit hohem MeSA-Gehalt herangezogen werden.