Sektion 39
Wirt-Parasit-Beziehungen

39-1 - Alpha-1,3-Glucan-Synthese in *Colletotrichum graminicola* ist essentiell für die Differenzierung intakter Infektionsstrukturen

Alpha-1,3-glucan-synthesis in Colletotrichum graminicola is essential for differentiation of intact infection structures

Iris Gase, Jorrit-Jan Krijger, Julia Haufe, Holger B. Deising

α-1,3-Glucan bildet neben anderen Polysacchariden wie β-1,3-Glucan und Chitin einen Hauptbestandteil der pilzlichen Zellwand. *Colletotrichum graminicola* besitzt drei α-Glucan-Synthase-Gene, AGS1, AGS2 und AGS3, die in dieser Studie funktional charakterisiert wurden. Neben den Einzel-Mutanten Δags1, Δags2 und Δags3 wurden die Doppel-Mutanten Δags1Δags2, Δags1Δags3, Δags2Δags3 generiert. Die Deletion von AGS3 resultierte in verringertem Wachstum sowie stärker verzweigten Hyphen. In Maisblatt-Segment-Tests zeigten alle Doppel-Mutanten eine reduzierte Penetrationsrate und Δags2Δags3 zeigte eine verringerte Appressorienbildungsrate. Nach der Penetration von Zwiebelepidermen bildeten Δags3, Δags1Δags3 und Δags2Δags3 deformierte biotrophe Hyphen aus. Die unterschiedlichen Phänotypen der Δags1-, Δags2- und Δags3-Mutanten lassen auf unterschiedliche Funktionen der drei α-1,3-Glucan-Synthase-Gene bzw. auf unterschiedliche Anteile der von AGS1, AGS2 und AGS3 gebildeten Polymere am Aufbau der Zellwand, schließen. Die Untersuchung von Dreifach-Mutanten wird Aufschluss über die Rolle von α-1,3-Glucan für das vegetative Wachstum und die Pathogenität in *C. graminicola* geben. Durch die Generierung von AGS:eGFP-replacement Stämmen sollen die Zeitpunkte der Expression und die Lokalisation der α-1,3-Glucan-Synthasen sichtbar gemacht werden.

39-2 - Polyketidsynthasen des Maispathogens *Colletotrichum graminicola* produzieren infektionsrelevante Sekundärmetaboliten

Polyketide synthases of the corn pathogen Colletotrichum graminicola produce secondary metabolites that are indispensable for pathogenicity

Marcus Hempel, Rayko Becher, Ivo Schliebner, Jana Müglitz, Holger Bruno Deising, Ralf Horbach

Interdisziplinäres Zentrum für Nutzpflanzenforschung, Universität Halle-Wittenberg

Colletotrichum graminicola ist ein weltweit vorkommender Ascomycet, der als Maisparasit erhebliche Ernteverluste verursacht. Über diese ökonomische Bedeutung hinaus ist *C. graminicola* ein wichtiger Modellorganismus für die Erforschung der hemibiotrophen Lebensweise in Wirt-Parasit-Interaktionen und steht stellvertretend für die Gattung *Colletotrichum*, deren zahlreiche Pathogene nahezu das gesamte Spektrum landwirtschaftlicher Nutzpflanzen befallen.
Zum besseren Verständnis der Bedeutung des Sekundärstoffwechsels für den Infektionserfolg haben wir Sekundärmetaboliten von *C. graminicola* isoliert und strukturell analysiert. Dabei zeigte sich, dass ein beträchtlicher Teil der sekretierten Substanzen zu den Polyketiden gehört. Mit Hilfe von Aktivitätsassays wurden Metaboliten identifiziert, die als Phytohormone wirken bzw. Chlorosen und Nekrosen verursachen sowie bisher unbekannte Polyketide mit cytotoxischer, antibakterieller und antifungaler Wirkung.

Das Genom von *C. graminicola* enthält etwa 40 Gene, die für Polyketidsynthasen (PKS) kodieren. Mittels RNA-Seq wurden die Transkriptprofile dieser Gene während der Maisinfektion analysiert. Zahlreiche PKS wiesen ein Maximum transkriptioneller Aktivität zu bestimmten Phasen der Infektion auf, z. B. während der Penetration oder des Übergangs von der biotrophen zur nekrotrophen Lebensweise. Um die Bedeutung einzelner PKS für den Infektionserfolg zu ermitteln, wurden bisher etwa 30 PKS-Gene deletiert. Für zwei unterschiedliche PKS-Deletionsstämme konnte dabei ein vollständiger Verlust der Penetrationskompetenz nachgewiesen werden.

39-6 - The function of a fusion protein with lectin and dirigent domain in pathogen resistance of crop plants

Die Funktion eines Fusionsproteins mit Jacalin- und Dirigent-Domäne in der Pathogenresistenz von Getreidepflanzen

Denise Weidenbach, Lara Esch, Caroline Höfle[2], Götz Hensel[3], Jochen Kumlehn[3], Ralph Hückelhoven[2], Ulrich Schaffrath

RWTH Aachen University, Department of Plant Physiology, 52056 Aachen, Deutschland
[2]Technische Universität München, Center of Life and Food Sciences Weihenstephan, 85350 Freising, Deutschland
[3]Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), Plant Reproductive Biology, 06466 Stadt Seeland – Gatersleben, Deutschland

Lectins and dirigent proteins are both thought to be involved in plant defense; lectins due to their ability to recognize cell surface carbohydrates highly specifically, and dirigent proteins because of their crucial role in controlling free radical coupling of monolignols to yield lignans and lignins. We identified a rice gene (*OsJAC1*) encoding for a protein with a lectin and dirigent domain which conferred broad-spectrum disease resistance in transgenic rice plants overexpressing the gene. This type of modular protein has exclusively developed within the *Poaceae* family. FRET analysis revealed that both domains physically interact with each other and transient overexpression showed that both domains are required for full pathogen resistance.

39-9 - Gene expression analyses and histological characterization of crown rust inoculated *Lolium perenne* genotypes

Jens Bojahr, Björn Rotter[2], Nico Krezdorn[2], Ottilia Nhengiwa[3], Bernhard Saal[3], Brigitte Ruge-Wehling[4], Peter Winter[2], Christine Struck

University of Rostock, Faculty of Agricultural & Environmental Sciences, Group Crop Health,
18059 Rostock Germany
[2]GenXPro GmbH, Altenhöferallee 3, 60438 Frankfurt, Germany
[3]Saatzucht Steinach GmbH & Co KG, Wittelsbacherstrasse 15, 94377 Steinach, Germany
[4]Julius-Kühn Institut, Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen

Perennial ryegrass (*Lolium perenne*) is one of the most widely cultivated cool-season grass species of the world and used in forage production and as turfgrass (Pfender et al. 2011). Ryegrass is susceptible to several diseases especially rusts of the genus *Puccinia*. Crown rust of the perennial ryegrass, caused by the obligate biotroph pathogen *Puccinia coronata* f. sp. *lolii* is the most widespread and damaging disease in forage-grass, which is associated with a decrease in dry matter production and its digestibility by the grazing animal (Schejbel et al. 2007). The development of cultivars with resistance to crown rust is the most economically and environmental efficient solution for disease control.