

44-2 - Identification and characterization of three putative compatibility factor genes involved in the plant – *Verticillium* interaction

Identifikation und Charakterisierung drei putativer Kompatibilitätsfaktoren in der Pflanze – Verticillium Interaktion

Roxana Hossain, Lisa Krapoth, Dirk Schenke, Daguang Cai

Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, Institute of Phytopathology, Molecular Phytopathology and Biotechnology Germany

The hemibiotrophic soilborne fungus *Verticillium longisporum* represents one of the important pathogenic fungi in oilseed rape (*Brassica napus*) cultivation. So far, only minor genetic variation in resistance to the fungus could be found in oilseed rape germplasm. To develop resistance against the fungus in oilseed rape, we followed a strategy based on the molecular understanding of plant-fungus interaction. In this way, a set of genes were identified from oilseed rape genome, which were highly upregulated at early infection stages in a compatible plant-fungus interaction. Arabidopsis knock-out mutants of the genes exhibited strongly reduced susceptibility to the fungal infection, suggesting their crucial role in the plant-fungus interaction. Here, we report recent results of molecular and functional characterization of three putative compatibility factor genes and their possible role in the modulation of a compatible plant-fungus interaction in Arabidopsis as well as in oilseed rape plants.

44-3 - Impact of cultivar resistance to *Verticillium longisporum* on drought stress tolerance of winter oilseed rape (*Brassica napus*)

*Einfluss der Sortenresistenz gegen Verticillium longisporum auf die Trockenstresstoleranz von Winter-
raps (Brassica napus)*

Daniel Lopisso, Jessica Knüfer, Birger Koopmann, Andreas von Tiedemann

Georg-August-Universität Göttingen, Abteilung für Allgemeine Pflanzenpathologie und Pflanzenschutz, Department für Nutzpflanzenwissenschaften, Grisebachstr. 6, 37077 Göttingen, Deutschland

Verticillium longisporum (VL) is a vascular pathogen of crucifers with a potential to cause significant yield losses in oilseed rape (OSR). In resistant, VL infected OSR genotypes substantial amounts of vascular occlusions which obstruct xylem vessels have been detected. This mechanism of resistance to the pathogen may however alter the rate of water and nutrient transport and consequently plant response to drought stress. To investigate whether genotypic VL resistance is associated with a reduced drought tolerance, we studied drought resistance of VL-resistant and susceptible winter OSR genotypes under infection with the xylem-colonizing pathogen VL. Analysis of disease parameters (net AUDPC, stunting and fungal biomass by qPCR) showed a significantly lower rate and level of disease development in the resistant genotype SEM across all watering regimes. Likewise, regardless of the water supply at different field capacity levels, high disease severity and stunting effects were observed in the susceptible cultivar Falcon. Furthermore, the amount of fungal DNA was up to 31fold in Falcon as compared to SEM. qPCR results showed that levels of fungal DNA were positively correlated with the intensity of drought stress. At 49 DPI, the respective average fungal DNA in dry hypocotyl tissue at 100, 60, and 30% field capacity was 27.1, 29.0 and 36.0 ng/g in SEM and 839.1, 1,032.4 and 1,096.4 ng/g in Falcon, indicating a more pronounced colonization of plant tissues with VL during drought stress particularly on susceptible *B. napus* varieties. Significant changes in physiological parameters (gas exchange, relative water content, proline content and water use efficiency) and up-regulation of drought stress marker genes confirmed the reaction of both genotypes to drought stress. On the other hand, neither VL alone nor its interaction with drought or the genotype had any significant effect on these physio-

logical parameters. Further comparisons of the drought induced physiological changes under mock- and VL-inoculation conditions showed a cultivar-independent trend of a slightly reduced impact of drought stress during VL infection. The main and interactive effects of VL and drought on biomass yield and other agronomic traits were significant but the magnitude of their impact was dependent on differential disease and physiological responses of the genotypes. In general, the consistent and interrelated results from ANOVA, correlation, regression and PCA analyses of the present comprehensive study do not only demonstrate that VL-resistance mechanisms have no additive negative consequence on plant performance under drought stress but also demonstrate effective functioning of the quantitative VL-resistance mechanisms even under conditions of severe drought stress. Nevertheless, despite the stable VL-resistance under water deficit conditions and the slightly smaller effects of drought on infected plants, simultaneous exposure of OSR to both stresses can cause considerable yield loss.

44-4 - Wirksamkeit von Majorgenen in Raps gegenüber *Phoma lingam* unter Berücksichtigung steigender Temperaturen und des Pathotypenspektrums

*Efficacy of major genes in oilseed rape against *Phoma lingam* with regard to rising temperatures and the population structure*

Mark Winter, Coretta Klöppel², Fadeke Fajemisin, Birger Koopmann

Georg-August-Universität Göttingen, Abteilung für Allgemeine Pflanzenpathologie und Pflanzenschutz, Department für Nutzpflanzenwissenschaften, Grisebachstr. 6, 37077 Göttingen, Deutschland

²University of Hertfordshire, School of Life and Medical Science, Hatfield, United Kingdom

Die Wurzelhals- und Stängelfäule, hervorgerufen durch *Phoma lingam*, gehört zu den bedeutendsten pilzlichen Krankheiten im Rapsanbau weltweit (Fitt et al. 2006). Neben quantitativen Resistenzen dienen häufig Majorgene, um Raps vor einem Befall zu schützen. Durch den stetigen Einsatz von Rapsorten mit einzelnen oder mehreren Majorgenen sind im Laufe der Koevolution vermehrt virulente Pathotypen der sexuellen Form von *P. lingam*, *Leptosphaeria maculans*, aufgetreten. Dadurch wird die Majorgen vermittelte Resistenz durchbrochen und führte in der Vergangenheit zu erheblichen Ertragsverlusten in Frankreich und Australien (Rouxel et al. 2003; Sprague et al. 2006). Um das Pathotypenspektrum in Deutschland zu ermitteln, haben wir auf einem West-Ost und einem Nord-Süd Transekt eine Rapsorte (NK Bravour) in den Jahren 2011-2013 bzw. 2012-2014 angebaut, die bis auf *Rlm9* keine bekannten Majorgene trägt. Zusätzlich wurde eine Sorte angebaut, die das zurzeit noch hochwirksame Majorgen *Rlm7* trägt. Im Herbst und im Frühjahr wurden Blätter mit typischen Läsionen einer Phoma-Infektion gesammelt. Aus den Läsionen wurden Isolate des Erregers gewonnen und auf einem kanadischen bzw. französischen Differentialsortiment auf ihre Virulenz gegenüber den Majorgenen *LepR1*, 2 und 3 bzw. *Rlm1*, 2, 3, 4, 7 und 9 getestet. Dadurch konnte die Frequenz virulenter Pathotypen einer Region ermittelt werden. Es zeigte sich, dass 85% der getesteten Isolate virulent auf den *Rlm*-Genen 1, 2, 3, 4 und 9 sowie 59% virulent auf den *LepR*-Genen 2 und 3 waren. Dabei konnten keine deutlichen Unterschiede zwischen den Regionen festgestellt werden. Die Frequenz von virulenten Isolaten auf *Rlm7* war hingegen mit unter 5% sehr gering. Weiterhin testeten wir die Wirksamkeit der Majorgene *Rlm7* und *LepR3* unter verschiedenen Temperaturen. Dazu wurden die Sorten Caiman (*Rlm7*) und Uluru (*LepR3*) sowie die Sorte Lirabon (kein Träger von *Rlm7* bzw. *LepR3*) als anfällige Kontrolle mit einem am Keimblatt virulenten bzw. avirulenten Isolat inokuliert. Zusätzlich wurde die Bedeutung von Majorgenen für die Resistenz von Raps am Stängelgrund unter verschiedenen Temperaturen nach einer Stängelgrundinokulation getestet. Bonituren und DNA-Quantifizierungen des Erregers im Keimblatt bzw. Stängel dienten der Befallsbewertung. Die Untersuchungen zeigten, dass die Majorgen vermittelte Resistenz durch *Rlm7* und *LepR3* auch unter hohen Temperaturen (27°C) noch wirksam war. Es konnte lediglich ein signifikanter Anstieg des DNA-Gehalts des Erregers in