

and Co39 (CO, *O. sativa indica*), carrying the resistance gene *Pi54*, were compared after exposure to HT for 7 days and Mo for 48 hours. We analyzed the phenotypic and transcriptional changes in response to HT and Mo as single stress factors as well as their combination. Our data revealed that high temperature, despite reducing the expression of *Pi54* at 35°C compared to 28 °C, induced resistance to *M. oryzae* in both LT and CO. At 28 °C, CO had a more severe disease phenotype compared to LT. The transcriptome data revealed that 81% and 74% of the transcripts were shared between double stress (HT+Mo) and single stress (Mo), whereas 35% and 15% were shared between HT+Mo and HT in LT and CO, respectively. From the shared transcripts between HT+Mo and HT, 42 % and 65 % were down-regulated in LT and CO, respectively. We also detected 182 and 410 up-regulated and down-regulated transcripts, respectively, which are common to CO and LT in response to both double and single stresses. Significantly up-regulated genes common to pathogen and HT stresses were related to transferase, oxidoreductase and nucleic acid binding cellular activities in the metabolic process, whereas hydrolase activity was more related to down-regulated genes. The larger percentage of transcripts in response to Mo compared to HT, suggests that plant responses to pathogen infection largely dominate the impact of HT. The substantial difference in HT and HT+Mo responses between CO and LT indicates a strong interaction between HT and the genetic background. The large number of down-regulated genes, common to LT and CO in both single and double stresses, indicates that several genes that define the crosstalk between pathogen and HT stresses are down-regulated in both genetic backgrounds. Overall, our data suggest that background specific genetic factors, other than the *R*-genes, mediate the effect of high temperature on rice defense responses to *M. oryzae*. The likely scenario is that some cultivars may have a more stable resistance against *M. oryzae* than others despite increasing temperatures, and research efforts to identify such stable genotypes will need to be raised.

## 117 - Sortenanfälligkeit von Körnermais auf *Fusarium*-Kolbenfäule in der Schweiz

*Susceptibility to Gibberella ear rot of maize varieties cultivated in Switzerland*

**Stéphanie Schürch**

Agroscope, Institut für Pflanzenbauwissenschaften IPB, CP 1012, 1260 Nyon, Schweiz

Körnermaiskolben werden oft mit Pilzen der Gattung *Fusarium* befallen. Dadurch wird nicht nur den Ertrag vermindert, sondern auch das Erntegut mit Mykotoxinen verunreinigt. Verschiedene Faktoren beeinflussen den Verlauf der Krankheit, die Befallstärke und das Ausmaß der Kontamination. Klimatische Bedingungen, Maiszünslerbefall und Erntedatum sind schon öfter als maßgebende Faktoren identifiziert worden. Die Sortenresistenz könnte auch einen entscheidenden Einfluss haben. Wie in verschiedenen Länder wurde deshalb in der Schweiz die Anfälligkeit auf Fusarien den örtlich angebauten Körnermaissorten untersucht. Dafür wurden seit 2008 die Hybriden mit *Fusarium graminearum* und *F. verticillioides* künstlich inokuliert, der Befall visuell bonitiert und der Mykotoxingehalt bestimmt. Dieser war in den ersten drei Versuchsjahren mit dem sichtbaren Symptomen stark korreliert und wurde deshalb nicht mehr systematisch ermittelt. Insgesamt wurden über 30 Sorten untersucht, die sich bezüglich ihrer Anfälligkeit auf *F. graminearum* deutlich unterscheiden. Aufgrund dieser Resultaten wurde eine Einstufung der Sorten erstellt, die von den Landwirten für die Sortenwahl benützt werden kann.