

suchung von transkriptionellen Veränderungen, die durch RACB während einer Mehltauinfektion hervorgerufen werden. Dazu wurden 44k Mikroarrays mit drei verschiedenen Pflanzenlinien mit unterschiedlichem RACB Expressionsmuster (Wildtyp, konstitutiv aktives überexprimiertes RACB und ausgeschaltetes RACB) durchgeführt. Wir konnten eine Vielzahl von Genen identifizieren, die durch *Bgh* im Wildtyp und konstitutiv aktiv in den super anfälligen Überexprimierern hochreguliert sind. Es konnten vor allem Kandidatengene aus dem Bereich des „Signallings“ herausgefiltert werden, die als potentielle Zielgene von RACB agieren könnten. Daher werden diese RACB- und *Bgh*- abhängig exprimierten Gene momentan funktionell charakterisiert, um das Resultat in der Mehltau-Gersteninteraktion näher zu verstehen.

Literatur

- BERKEN, A. (2006). ROPs in the spotlight of plant signal transduction. *Cellular and Molecular Life Science* **63** (21): 2446–2459.
- HOEFLE, C., HUESMANN, C., SCHULTHEISS, H., BÖRNKE, F., HENSEL, G., KUMLEHN, J., HÜCKELHOVEN, R. (2011). A barley ROP GTPase ACTIVATING PROTEIN associates with microtubules and regulates entry of the barley powdery mildew fungus into leaf epidermal cells. *The Plant Cell* **23**: 2422–2439.
- SCHULTHEISS, H., DECHERT, C., KOGEL, K.-H., AND HÜCKELHOVEN, R. (2003). Functional analysis of barley RACROP Gprotein family members in susceptibility to the powdery mildew fungus. *The Plant Journal*: 589–601.

135 - Molecular identification and pathogenicity of *Colletotrichum* isolates from infected apple leaves in southern Brazil

Molekulare Identifizierung und Pathogenität von Colletotrichum-Isolaten aus infizierten Apfelblättern im Süden Brasiliens

Aline Cristina Velho, Marciel J. Stadnik, Pedro Mondino², Sandra Alaniz²

Federal University of Santa Catarina, Rod. Admar Gonzaga, 1346, 88040-001, Florianópolis, Brazil
²University of the Republic, Faculty of Agronomy, Av. Garzón 780, CP 12900, Montevideo, Uruguay
E-mail: marciel.stadnik@ufsc.br

The Glomerella leaf spot (GLS) is nowadays one of the most important diseases affecting apple trees (*Malus domestica* Borkh.) in subtropical regions, such as, Southern Brazil. Symptoms begin with reddish-purple spots that evolve to irregular necrotic lesions between 7 and 10 days after infection, when leaves often turn yellow and fall off. Apple cultivars descending from 'Golden delicious' group are highly susceptible to GLS, whereas those from 'Delicious' group have complete resistance to disease. *Colletotrichum gloeosporioides* and *Colletotrichum acutatum* have been frequently associated to this leaf disease. Furthermore, *Colletotrichum* spp. are also known to cause apple bitter rot, but the relationship between isolates from leaves and fruits is not yet completely understood.

The aim of this work was to identify *Colletotrichum* isolates causing GLS and to test their ability to infect leaves and fruits. Pure cultures were obtained by monosporic isolation and grown on PDA at 25°C and 12h photoperiod under fluorescent light. Sequencing of the ITS-rDNA region using ITS1/ITS4 primers and glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (GAPDH) using GDF/GDR primers allowed the identification of *Colletotrichum fructicola* and *Colletotrichum karstii* (Fig 1), belonging to *C. gloeosporioides* and *Colletotrichum boninense* species complexes, respectively.

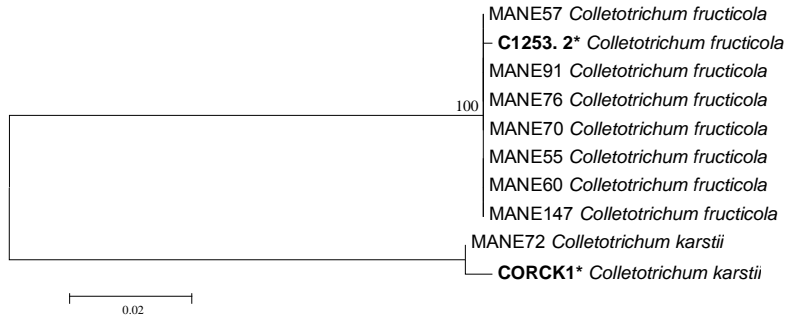


Fig. 1 Maximum likelihood phylogenetic tree showing the relationship among *Colletotrichum* isolates generated from ITS and GAPDH sequences. *Isolates used as reference.

Inoculation of susceptible apple seedlings and 'Pink lady' fruits was done by spraying a suspension of 1×10^8 conidia.mL⁻¹ and pipetting two 10µl drops on wounded or intact fruit surfaces, respectively. All GLS-isolates provoked symptoms in both leaves and wounded fruits, but only one of them (MANE57) was able to cause rot in fruits without prior wounding.

References

- GONZÁLEZ, E., T. B.SUTTON, J. C. CORREL, 2006: Clarification of the etiology of Glomerella leaf spot and bitter rot of apple caused by *Colletotrichum* spp. based on morphology and genetic, molecular and pathogenicity tests. *Phytopathology* **96** (9), 982-992.
- VELHO, A. C., M. J. STADNIK, L. CASANOVA, S. ALANIZ, P. MONDINO, 2013: First report of *Colletotrichum karstii* causing Glomerella leaf spot on apple in Santa Catarina State, Brazil. *Plant Dis.* **98** (1), 157.
- WEIR, B., P. R. JOHNSTON, U. DAMM, 2012: The *Colletotrichum gloeosporioides* species complex. *Stud. Mycol.* **73** (1), 115-180.

136 - Die Herstellung von AGS:eGFP-replacement Stämmen zur Analyse zellspezifischer Genexpression

The generation of AGS:eGFP-replacement strains for analysis of cell specific gene expression

Julia Haufe, Iris Gase, Holger B. Deising

Martin-Luther-Universität Halle Wittenberg

α-1,3-Glucan zählt wie die Polysaccharide β-1,3-Glucan und Chitin zu den Hauptbestandteilen der pilzlichen Zellwand. In dem Maispathogen *Colletotrichum graminicola* konnten wir zeigen, dass die α-Glucan-Synthase-Gene AGS1, AGS2 und AGS3 essentiell für die Differenzierung intakter Infektionsstrukturen sind. Die zeitgerechte Expression von Zellwandbiogenesegenen kann ausschlaggebend sein für die Vermeidung der PAMP-triggered immunity in Pflanzen. Aus diesem Grund ist die zeitlich und räumlich aufgelöste Analyse der drei α-Glucan-Synthase-Gene während der Differenzierung von Infektionsstrukturen von besonderer Bedeutung. Da in diesem Pathogen die Bildung von Infektionsstrukturen nicht hoch synchron verläuft, kann die zellspezifische Expression verschiedener Gene nur durch die Expression von eGFP-Fusionskonstrukten erfolgen. In dieser Arbeit zeigen wir die Herstellung von AGS:eGFP-replacement Stämmen.