

of all allergenic pollen is originated from birch. Exposure to as few as 10 grains/m³ can result in seasonal rhinitis and asthma in birch sensitized individuals. The major birch pollen allergen, Bet v 1 belongs to the group of Pathogenesis-related class 10 proteins, which are classified by sequence homology and induced expression in response to pathogen infection. The mRNAs of PR-10 genes are detected in birch pollen amongst other tissues. The promoter of the Bet v 1 gene is strong pollen specific. The infection of pollen by *CLRV* virus may determine the allergen potential of the infected pollen or influence the allergic reaction. Any research step in this field needs interdisciplinary and bilateral collaboration. Presented is preliminary work on *CLRV* analysis in pollen and a first characterization of birch pollen allergens in extracts of *CLRV* infected birch pollen. We give an outlook on the current and future projects.

121-Becker, E.-M.; Splivallo, R.; Karlovsky, P.

Georg-August-Universität Göttingen

Changes in the composition of volatile organic compounds (VOCs) of maize cobs infected with mycotoxin producing *Fusarium* spp.

Volatile organic compounds (VOCs) are hydrocarbons with low molecular weight. They belong to several chemical classes and can travel large distances in heterogeneous environments. In a plant-pathogen system they are known to be either plant derived (*de novo* synthesis upon biotic or abiotic stress) or pathogen derived.

To investigate the changes in volatile profiles of healthy and fungal-infected maize, we inoculated cobs of commercial hybrid maize at flowering stage (BBCH 65) with spore suspensions of *Fusarium graminearum*, *F. verticillioides* and *F. subglutinans* as well as mixed spore suspensions of *F. graminearum* and *F. verticillioides*.

A destructive static headspace sampling (solid phase microextraction, SPME) as well as a non-destructive dynamic headspace sampling (open-loop stripping using activated charcoal cartridges as volatile traps) were carried out to collect volatiles from maize cob material at different time points (4 dpi - 24 dpi). Fungal biomass was determined using quantitative real-time PCR and mycotoxin production was checked with HPLC-MS. Collected volatile samples were analyzed by gas chromatography coupled with mass spectrometer for identification and flame ionization detector for quantitative purposes.

We observed a considerable change in composition and quantity of VOCs between infected and healthy maize cobs as well as between cobs infected with *F. graminearum* and *F. verticillioides*. Among the specific set of volatile biomarkers of *Fusarium* infection in maize are plant-derived signals, such as green leaf volatiles, known fungal volatiles as well as terpenoid compounds released by the plant and the fungus. These markers are detectable within 4 - 8 dpi. At this early time point no infection symptoms are visible to the human eye. The set of volatile biomarkers can be used as a tool for early prediction of fungal infection.

The work was funded by the Federal Ministry of Education and Research and supported by the German Aerospace Center (DLR, project: MykoSensExpert).

122-Kiirika, L.; Colditz, F.; Braun, H. P.

Leibniz Universität Hannover

The role of plant defense proteins during early phases of plant-microbe interactions in the legume *Medicago truncatula*

Legumes are among the most economically important crop families playing a vital role in human and animal diet as excellent sources of protein, vitamins, minerals and other nutrients. Grain legumes including chickpea, pigeon pea, soybean, dry beans, etc, form an extremely essential protein source for millions of people in semi-arid and tropical regions of many Asian and African countries. Legumes are unique in establishing *rhizobia* bacteria association which allows nitrogen fixation and hence able to grow in nitrogen starved soils. Legumes are also capable of establishing symbiotic association with arbuscular *mycorrhizal* fungi. However, also pathogenic interactions with oomycete root rot pathogens like *Aphanomyces euteiches* often lead to major yield losses. The infection physiology involves protein-protein interactions between the pathogen and the host plant, where the latter generates symbiotic and pathogenic specific cellular responses. Of focus were the two initial response mechanisms using the model legume *Medicago truncatula* Jemalong 17 after inoculations with *rhizobia* bacteria (*Sinorhizobium meliloti*) *Arbuscular mycorrhizal* fungi (*Glomus intraradices*) and *A. euteiches*. *Medicago truncatula* Gaertn. (barrel medic) is established as a model legume mainly because of its small diploid genome size and ability to enter into both symbiotic and pathogenic associations with microorganisms.

We investigated the role of *M. truncatula* small GTPase MtROP9 (*M. truncatula* Rho of plants) via an RNA interference silencing approach. RAC/ROP proteins are small GTP binding proteins which functions as molecular switches in the cellular signal transduction pathways, including regulation of reactive oxygen species (ROS) early infection phases via activation of NADPH oxidase homologs of plants termed as RBOH (for respiratory burst oxidase homolog). Composite plants (MtROP9i) with roots transformed by *Agrobacterium rhizogenes* carrying the RNA interference vector were generated and infected accordingly.

The MtROP9i lines showed a clear reduction on growth phenotype and revealed neither ROS generation nor MtROP9 and MtRBOH gene expression after the infection. The induction of antioxidative compounds was not realized in MtROP9i roots as indicated by differential proteomics (2-Dimensional gel electrophoresis). Furthermore, MtROP9i knockdown clearly promoted mycorrhizal and *A. euteiches* early hyphal root colonization while rhizobial infection was clearly impaired. The infected MtROP9i roots showed parts of extremely swollen noninfected root hairs and reduced numbers of deformed nodules. *S. meliloti* nodulation factor treatments of MtROP9i resulted in deformed root hairs showing progressed swelling of its upper regions or even of the entire root hair and spontaneous constrictions but reduced branching effects occurring only at swollen root hairs. These results suggest a key role of Rac1 GTPase MtROP9 in ROS-mediated early infection signaling.

In our on-going proteomic analyses, proteins regulated upon infection shows differential protein patterns for the observed period after post inoculation with majority of proteins identified in vector control than in MtROP9-deficient plants. Mass spectrometry analyses being carried out clearly shows the identity of these regulated proteins in the plant cells both for symbiotic and pathogenic infections.

123-Langhof, M.; Rühl, G.

Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsanstalt für Kulturpflanzen

Pollenvermittelter Genfluss bei Mais: Reduzierung der Auskreuzung durch Anlage einer Mantelsaat

Pollen-mediated gene flow in maize: Efficacy of border rows in reducing outcrossing

Im Rahmen eines mehrjährigen Forschungsprojektes finden am Institut für Pflanzenbau und Bodenkunde des Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsanstalt für Kulturpflanzen (JKI) Feldversuche unter praxisnahen Bedingungen statt, um pflanzenbauliche Maßnahmen hinsichtlich ihrer Wirksamkeit zur Reduktion der Auskreuzung von gentechnisch verändertem (GV) Mais in benachbarte konventionelle Maisbestände zu bewerten. Neben Mindestabständen, Pufferflächen, separater Randstreifenerte oder zeitlich versetzten Saatterminen ist die Anlage einer Mantelsaat aus konventionellem Mais an der Feldkante des GV-Maisfeldes, die dem konventionellen Schlag gegenüberliegt, eine weitere vielfach diskutierte Maßnahme zur Reduzierung des pollenvermittelten Genflusses. Einer Mantelsaat werden zwei auskreuzungsreduzierende Funktionen zugeschrieben; erstens kann sie aufgrund ihrer räumlichen Ausdehnung als physikalische Barriere für den Pollenflug wirken und zweitens verdünnt sie durch Schüttung eigenen Pollens den Eintrag von GV-Pollen. Diese Maßnahme wurde bereits von einigen EU-Mitgliedsstaaten in ihre nationalen Koexistenzregelungen aufgenommen. Allerdings ist die Wirksamkeit von Mantelsaaten bisher noch nicht durch detaillierte wissenschaftliche Feldversuche belegt worden. Daher prüfen wir in großflächigen, praxisnahen Feldversuchsanlagen die Effektivität von 9 und 18 m breiten Mais-Mantelsaaten in Kombination mit verschiedenen Mindestabständen zwischen GV- und konventionellem Maisfeld. Im Jahr 2008 haben wir an drei deutschen Standorten Mantelsaaten mit einem Mindestabstand von 51 m kombiniert. Es wurden GV-Gehalte von Körnerproben aus verschiedenen Feldtiefen des konventionellen Empfängerschlagess mittels quantitativer PCR bestimmt und der GV-Gehalt der gesamten Ernte des Schlages berechnet. An keinem der drei Standorte führte die 9 m oder 18 m breite Mantelsaat im Vergleich zur Variante ohne Mantelsaat zu einer Reduktion der Auskreuzungsrate. Daraufhin haben wir das Versuchsdesign modifiziert, um die Anlage einer Mantelsaat als mögliche Koexistenzmaßnahme für kleinstrukturierte Agrarräume bewerten zu können. Dafür wurden die Mindestabstände zwischen Donor- und Empfängermais-schlag auf 6 bzw. 12 m reduziert. In diesen von 2010 bis 2012 durchgeführten Versuchen wurde aufgrund des nationalen Anbauverbots von GV-Mais ein GV-freies, auf der unterschiedlichen Kornfarbe von Donor- und Empfängermais basierendes Testsystem verwendet. Als Donor diente die gelbkörnige Sorte 'Delitop' und als Empfänger die weißkörnige Sorte 'DSP 17007'. Die gelbe Kornfarbe ist dominant gegenüber der weißen, so dass sich die Auskreuzungsrate visuell durch Auszählung ermitteln lässt. Die Auskreuzungsrate in der Gesamternte des Empfängerschlagess wurde auf der Basis einer großen Menge an im Schlag verteilten Erntepunkten berechnet. Die Ergebnisse der bisher ausgewerteten ersten beiden Versuchsjahre 2010 und 2011 sind konträr. 2010 wurde nur bei einem Mindestabstand von 6 m zwischen Donor- und Empfängermaisfeld eine Reduktion der Auskreuzung durch die Anlage einer 9 oder 18 m breiten Mantelsaat festgestellt. Bei einem Mindestabstand von 12 m dagegen war kein Effekt erkennbar; die Variante mit einer 18 m breiten Mantelsaat wies sogar eine höhere Auskreuzungsrate als die Kontrollvariante auf. Im Jahr 2011 hingegen führte nur die Variante mit einer 12 m