

---

## Poster

### Wirt-Parasit-Beziehungen

---

#### 133 - Approaches to identify the *Salmonella-Arabidopsis* interactome

Methoden zur Identifizierung des *Salmonella-Arabidopsis* Interaktoms

Sylvia Schleker<sup>2</sup>, Judith Klein-Seetharaman

Metabolic and Vascular Health, Warwick Medical School, University of Warwick, Coventry, UK. <sup>2</sup>Molecular Phytomedicine, Institute of Crop Science and Resource Conservation, University of Bonn, Bonn, Germany

*Salmonella* bacteria are one of the main causes of foodborne diseases in humans and animals worldwide being transmitted through contaminated vegetables, fruits, plant- and animal-based products. It has been shown that *Salmonella* does not only attach to plant tissue surfaces but is capable of invading and proliferating inside plant cells. This raises the question on how *Salmonella* communicates with and manipulates its plant hosts. During infection of mammalian hosts, *Salmonella* delivers a variety of effector proteins into the host cell which interfere with host cellular processes through protein-protein interactions (PPIs), thereby enabling the pathogen to invade and propagate inside the host cell. We carried out an extensive literature and database survey for the known *Salmonella*-host protein-protein interactome. This resulted in a list of 64 PPIs between *Salmonella* TTSS-1 and -2 effectors and mammalian proteins, but no experimentally identified PPI between *Salmonella* effectors and plant proteins could be retrieved (Schleker et al. 2012b). Thus, we utilized interolog and machine learning computational modeling approaches to predict *Salmonella-Arabidopsis* PPIs based on available knowledge (García-García et al., Schleker et al. 2012a). Pathway mapping of putatively targeted *Arabidopsis* proteins revealed that *Salmonella* may interfere, for instance, with plant defense response signaling pathways, protein catabolic processes and plant metabolism. Comparison with transcriptomic data revealed that genes of the same *Arabidopsis* pathways predicted to be targeted by *Salmonella* effectors are differentially regulated upon infection.

#### References

- GARCÍA-GARCÍA, J., S. SCHLEKER, J. KLEIN-SEETHARAMAN, B. OLIVA, 2012: BIPS: BIANA Interolog Prediction Server. A tool for protein-protein interaction inference. *Nucleic Acids Research*, **40**, W147-51.
- SCHLEKER, S., J. GARCÍA-GARCÍA, J. KLEIN-SEETHARAMAN, B. OLIVA, 2012a: Prediction and comparison of *Salmonella*-human and *Salmonella-Arabidopsis* interactomes. *Chemistry and Biodiversity*, **9** (5), 991-1018.
- SCHLEKER, S., J. SUN, B. RAGHAVAN, M. SRNEC, N. MÜLLER, M. KOEPFINGER, L. MURTHY, Z. ZHAO, J. KLEIN-SEETHARAMAN, 2012b: The current *Salmonella*-host interactome. *Proteomics Clinical Applications*, **6**: 117-133.

#### 134 - Untersuchungen zur Rolle der transkriptionellen Umprogrammierung der Gerste in der Interaktion mit dem Echten Mehltaupilz

Vera Schnepf, Ralph Hückelhoven

Technische Universität München, Lehrstuhl für Phytopathologie, Emil-Ramannstr. 2, 85350 Freising, Deutschland

RACB ist eine kleine GTPase in Gerste, die zur Familie "Rho of Plants" (ROPs) gehört und als molekularer Schalter zwischen einem inaktiven und aktiven Status agiert (Berken et al. 2006). Dabei werden verschiedenste Prozesse innerhalb der Zelle angesprochen wie z.B. Zytoskelettveränderungen, Zellpolarität und Pathogenabwehr. Fehlendes oder vorhandenes RACB beeinflusst stark die Anfälligkeit von Gerste gegenüber seinem Mehltaupilz *Blumeria graminis f. sp. hordei* (Bgh) (Schultheiss et al. 2003, Hoefle et al. 2011). Wir fokussieren auf die Unter-

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 Mondino<sup>2</sup>, Sandra Alaniz<sup>2</sup>**

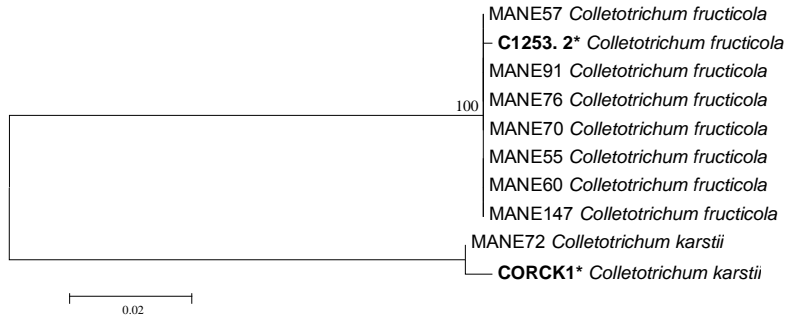
Federal University of Santa Catarina, Rod. Admar Gonzaga, 1346, 88040-001, Florianópolis, Brazil

<sup>2</sup>University 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/IT4 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  $1 \times 10^8$  conidia.mL<sup>-1</sup> 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.

### **137 - Effects of temperature on the aggressiveness of *Fusarium avenaceum* and *Phoma medicaginis*, casual agents of foot rot of pea (*Pisum sativum* L.)**

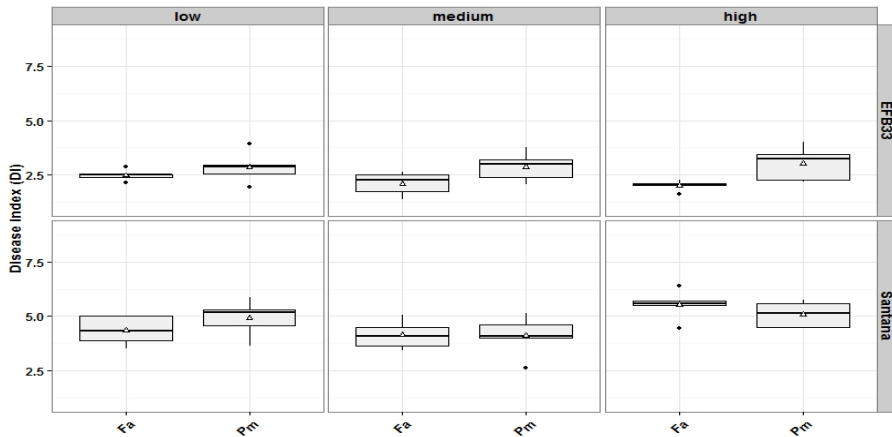
*Einfluss von Temperatur auf die Aggressivität auf die Erreger von Wurzelfäule bei Erbsen, Fusarium avenaceum und Phoma medicaginis*

**Jelena Baćanović, Adnan Šišić, Jan Henrik Schmidt, Christian Bruns, Maria R. Finckh**

Universität Kassel

Root rots are destructive diseases on a range of legumes and they are one of the likely reasons for the declining areas under pea in Germany. Disease limits water and nutrient uptake, nitrogen fixation, causes stagnation of plant growth and thus, prevents pea from reaching its full genetic yield potential. Disease is caused by a complex of soil-borne fungal pathogens with *Didymella pinodes* (syn *Mycosphaella pinodes*), *Phoma medicaginis*, *Fusarium solani* f. sp. *pisi*, *F. oxysporum* f. sp. *pisi* and *F. avenaceum* being the most common in Germany. However, prevalence, dominance and importance of single pathogens of complex vary greatly depending on location, climate and agricultural practice.

An experiment was carried out under controlled conditions in order to observe the effects of temperature on the aggressiveness of *F. avenaceum* and *P. medicaginis* on two pea varieties, the susceptible variety Santana and the tolerant EFB33. Inoculation was done at sowing and plants were grown under three regimes with day/night temperatures of: 13/10, 16/12 and 19/16°C. Three weeks after sowing disease symptoms were assessed and plant growth parameters measured. Increasing temperature affected disease severity on Santana (Fig. 1). *F. avenaceum* was generally less aggressive than *P. medicaginis* with the highest severities observed at the highest temperature. In contrast, *P. medicaginis* was most severe at the lowest temperature. Although there was no statistically significant effect of the temperature on severity on EFB33, there was a tendency that with increasing temperature severity of *P. medicaginis* increased while for *F. avenaceum* it decreased.



**Fig. 1** Disease index (DI) on EFB33 and Santana inoculated with *P. medicaginis* (Pm) and *F. avenaceum* (Fa) and grown under three different temperature regimes (low, medium, high). The horizontal line in the boxplot shows the median value, the bottom and tops of the box the 25th and 75th percentiles and the vertical lines the minimum and maximum values, outliers as single points.

### 138 - Physiologische und morphologische Reaktionen in Rapsgenotypen (*B. napus*) mit kontrastierender Resistenz gegen *Sclerotinia sclerotiorum*, dem Erreger der Weißstängeligkeit

*Physiological and morphological responses in oilseed rape genotypes (*B. napus*) contrasting in resistance to *Sclerotinia sclerotiorum* the causal agent of stem rot disease*

**Kerstin Höch, Andreas von Tiedemann**

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

Mit einem Anteil von 12,5% (ca. 1,5 Mio ha) an der Gesamtackerbaufläche zählt Raps (*Brassica napus* L.) zu den gegenwärtig wichtigsten Feldkulturen Deutschlands. Durch die Intensivierung des Rapsanbaus in den letzten Jahren stieg auch der Befallsdruck durch pilzliche Pathogene. *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary ist der Erreger der Weißstängeligkeit und kann bei starkem Befall im Raps zu Ertragsverlusten von mehr als 50% führen (Zhu et al. 2013). Neben Raps kann dieses Pathogen mehr als 450 weitere verschiedene Wirtspflanzen befallen und gilt weltweit als einer der wirtschaftlich bedeutendsten Pflanzenkrankheitserreger (Bolton et al. 2006, Wang et al. 2014). Eine Kontrolle des Befalls ist bisher nur durch das Ausbringen von Fungiziden möglich, da kommerzielle Sorten keine ausreichende Resistenz besitzen (Wulf 2010). Somit besteht großes Interesse an einem tieferen Verständnis der Interaktionsmechanismen zwischen Raps und *Sclerotinia* hinsichtlich einer langfristigen Verbesserung der Sortenresistenz.

Für die Interaktionsstudien wurde ein Inokulationssystem mit unterschiedlich anfälligen Rapsgenotypen etabliert, bestehend aus der Sommerrapsorte Loras (anfällig) und der chinesischen Rapsline Zhong You 821 (resistent). Der Fokus der Studien liegt auf der strukturellen Änderung der sekundären Zellwand. An Leindotter (*Camelina sativa*) konnte gezeigt werden, dass eine erhöhte *Sclerotinia*-Resistenz mit der Akkumulation von Monolignolen einhergeht (Eynck et al. 2012). Mittels histologischer Methoden soll die Einlagerung von phenolischen Komponenten, sowie die Gehalte an verschiedenen Ligninmonomeren in Stängelgewebe nach Infektion mit *S. sclerotiorum*

untersucht werden. Des Weiteren wurden Gewebeproben zu verschiedenen Zeitpunkten nach Inokulation genommen, um Transkripte von Schlüsselgenen des Phenylpropaoidstoffwechsels zu analysieren. Das nach RNA Extraktion und cDNA Synthese mittels quantitativer real-time PCR untersuchte Expressionsmuster umfaßt Schlüsselgene wie Phenylalanin-Ammonium-Lyase (PAL), Coumaroyl-CoA-3-Hydroxylase (C3H), 4-Coumarat-CoA-Ligase (4CL) und Cinnamoyl-CoA-Reductase (CCR).

#### Literatur

- EYNCK, C., SÉGUIN-SWARTZ, G., CLARKE, W.E., PARKIN I.A.P., 2012: Monolignol biosynthesis is associated with resistance to *Sclerotinia sclerotiorum* in *Camelina sativa*. *Mol Plant Pathol.* **13** (8), 887-899.
- BOLTON, M.D., THOMMA, B.P.H.J., NELSON, B.D., 2006: *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary: biology and molecular traits of a cosmopolitan pathogen. *Mol Plant Pathol.* **7** (1), 1-16.
- ZHU, W., WEI, W., FU, Y., CHENG, J., XIE, J., LI, G., YI, X., KANG, Z., DICKMAN, M.B., JIANG, D., 2013: A secretory protein of necrotrophic fungus *Sclerotinia sclerotiorum* that suppresses host resistance. *PLoS ONE* **8** (1): e53901. doi:10.1371/journal.pone.0053901.
- WANG, Z., FANG, H., CHEN, Y., CHEN, K., LI, G., GU, S., TAN, X., 2014: Overexpression of *BnWRKY33* in oilseed rape enhances resistance to *Sclerotinia sclerotiorum*. *Mol Plant Pathol.*: doi: 10.1111/mpp.12123.
- WULF, T., 2011: Phänotypisierung von Raps- und anderen Brassica-Genotypen zur Identifizierung von Resistenzquellen gegenüber *Sclerotinia sclerotiorum*. Dissertation Universität Göttingen, (<http://hdl.handle.net/11858/00-1735-0000-0006-AB4A-7>).

## **140 - Hyperspectral sensor techniques and population modelling of *Heterodera schachtii* for assessing the spatio-temporal dynamics of nematode infestation in sugar beet varieties under field conditions**

*Hyperspektrale Messtechniken und Populationsmodellierung von Heterodera schachtii zur Ermittlung der räumlichen und zeitlichen Dynamiken des Nematodenbefalls bei unterschiedlichen Zuckerrübensorten unter Feldbedingungen*

**Birgit Fricke, Kai Schmidt<sup>2</sup>, Matthias Daub<sup>3</sup>, Heiner Goldbach**

INRES-Pflanzenernährung, Landwirtschaftliche Fakultät, Rheinische Friedrich-Wilhelms Universität Bonn, Karlrobert-Kreiten Str. 13, 53111 Bonn, Deutschland, birgit.fricke@uni-bonn.de

<sup>2</sup>Nemaplot Bonn, Argelanderstr. 3, 53115 Bonn, Deutschland, kontakt@nemaplot.com

<sup>3</sup>Julius Kühn-Institut, Institut für Pflanzenschutz in Ackerbau und Grünland

Crop losses in sugar beet due to *Heterodera schachtii* attack are of major concern in many areas. Sustainable crop management provides resistant and tolerant varieties against pathogen infestation. The present study aims at monitoring the infestation process and to characterize specific phenotypic traits of different sugar beet cultivars related to nematode damage under field conditions.

The application of hyperspectral sensor techniques allows non-invasive monitoring of the leaf canopy. Assessing hyperspectral signatures from canopy reflection is used to describe the stress response of the plants. A high spectral resolution, however, creates massive amounts of data. Thus, the classification of vegetation vitality by different spectral vegetation indices from ratio of selected wavebands is used to reduce the amount of sensor information. Choosing the most appropriate wavebands to correlate with plant physiological parameters may then facilitate data collection and handling. It bears, however, the risk of losing important information.

In a novel approach, however, the entire spectral range of canopy reflection is considered. The classification by the Nemaplot<sup>®</sup> model (SCHMIDT 2011) is based on two steps. First, the model is fitted to the hyperspectral signature by transforming the wavelength information to specific numerical parameters. Second, these numeric parameters are interpreted with a discriminant analyses in order to classify the signature which correlates best with nematode infestation. The stress answer of sugar beets over the course of the day and across a season was sampled and data are presented where hyperspectral information is used to describe *Heterodera* population dynamics.

#### Literatur

59. Deutsche Pflanzenschutztagung "Forschen – Wissen – Pflanzen schützen: Ernährung sichern!" 23. bis 26. September 2014, Freiburg

SCHMIDT, K., 2011: Analyse hyperspektraler Signaturen mit doppelten Weibull-Funktionen. PFG. 5, 349-359.