

RNAseq Analyse der Interaktion von Rosen mit *Diplocarpon rosae* und *Podosphaera pannosa* mit Hilfe der MACE-Technik

Enzo Klein¹; Helgard Kaufmann¹; Thomas Debener¹

¹Institut für Pflanzengenetik, Abteilung für molekulare Pflanzenzüchtung,
Gottfried Wilhelm Leibniz Universität Hannover
Herrenhäuser Str. 2, 30419 Hannover
klein@genetik.uni-hannover.de

Bei Rosen handelt es sich um die weltweit wirtschaftlich bedeutendsten Zierpflanzen. Neben Merkmalen wie Blütenfarbe und Blütenfüllung, welche das Aussehen der Pflanzen beeinflussen, oder dem Duft, gewinnt die Resistenzzüchtung immer mehr an Bedeutung. Ein besseres Verständnis der Wirt-Pathogen-Interaktion im System Rose kann diesen Prozess unterstützen.

Die hier präsentierte Arbeit befasst sich mit der Interaktion von Rosen mit den Pilzen *Diplocarpon rosae* und *Podosphaera pannosa*. Der hemibiotrophe Askomyzet *Diplocarpon rosae* ist die Ursache von Sternrußtau, einer der verbreitetsten und schädlichsten Krankheiten an Rosen. *Podosphaera pannosa*, der Erreger des echten Mehltau, ist vor allem in der Produktion von Rosen im Gewächshaus ein großes Problem. Im Gegensatz zu *Diplocarpon rosae* handelt es sich hierbei um einen obligat biotrophisch lebenden Pilz.

Um die Reaktion der Pathosysteme zu vergleichen, wurde eine RNAseq basierte Analyse mit der neuen MACE (Massive Analysis of cDNA Ends)-Technik durchgeführt. Diese erlaubt eine bessere Detektion und Quantifizierung von niedrig exprimierten Genen, da jedes sequenzierte Tag genau einem mRNA-Molekül entspricht. Die Transkriptomdaten wurden aus drei unabhängigen biologischen Wiederholungen einer Inokulation mit *Podosphaera pannosa* sowie *Diplocarpon rosae* („detached leaf assay“) für je drei Zeitpunkte (0, 24, 72 hpi) generiert. Dabei dienten nichtinokulierte Blätter als Kontrolle.