

## Identifizierung unterschiedlich exprimierter Gene von *Fraxinus excelsior* als Reaktion auf das Eschentriebsterben

Renata Callegari Ferrari<sup>1</sup>, Karuna Shrestha<sup>1</sup>, Tania Dominguez-Flores<sup>1</sup>, Victor Chano<sup>1</sup>, Maia Ridley<sup>2</sup>, Barbara Fussi<sup>3</sup>, Franziska Past<sup>4</sup>, Ben Bubner<sup>4</sup>, Wilfried Steiner<sup>5</sup>, Oliver Gailing<sup>1</sup>, Katharina B. Budde<sup>1</sup>

Das Eschentriebsterben, hervorgerufen durch den pathogenen Pilz *Hymenoscyphus fraxineus*, führt zu einem starken Rückgang der Gemeinen Esche (*Fraxinus excelsior*) in europäischen Wäldern. Aufgrund der hohen wirtschaftlichen und kulturellen Bedeutung dieser Baumart, werden in der Initiative "FraxForFuture" (Themenschwerpunkt: Waldschadensmanagement – Forstschutz und Kalamitätenschutz), verstärkte Anstrengungen zur Erforschung mit dem Ziel der Eindämmung der Krankheit unternommen. Im Rahmen dieses Projekts untersuchen wir die differenzielle Genexpression als Reaktion auf das Eschentriebsterben bei unterschiedlich anfälligen Eschengenotypen. Zu diesem Zweck wurden, tolerante und anfällige Genotypen aus klonalen Anpflanzungen und natürlichen Populationen nach einer im Verbundprojekt entwickelten standardisierten Methode identifiziert. Zehn Genotypen wurden durch Pfropfung vegetativ vervielfältigt, zwei Jahre lang unter Gewächshausbedingungen kultiviert und dann einen Monat lang in Klimakammern akklimatisiert, bevor ein kontrollierter Inokulationsversuch durchgeführt wurde. Kulturen des Referenzstammes von *H. fraxineus* mit hoher Pathogenität, der im Rahmen der FraxForFuture-Zusammenarbeit ausgewählt wurde, wurden im Labor vorbereitet und für die Inokulation aller zehn Genotypen verwendet. In die Blattstiele wurde oberflächlich eine Wunde von ca. 1 cm Länge geschnitten und Agarpfropfen aufgelegt, die entweder Agar mit dem Erreger oder sterilen Agar enthielten, und mit Parafilm umwickelt. Nach 17 Tagen wurden alle Blattstiele beprobt und die Infektion durch Transkriptquantifizierung (RT-qPCR) des Erreger-Haushaltsgens UBIQUITIN-CONJUGATING ENZYME E2 (UBC1) unter Verwendung eines Schwellenwerts von CT < 30 bewertet. Die Infektion wurde bei allen infizierten Genotypen bestätigt, nicht aber bei den Kontrollproben. Die Proben werden nun für die Transkriptomsequenzierung verwendet, um differenziell exprimierte Gene (DEGs) zu untersuchen. Nach der Identifizierung der DEGs werden Marker für Einzelnukleotid-Polymorphismen (SNPs) gesucht und ausgewählt. Unser Ziel ist es, Marker für das Screening, die Selektion und die Züchtung von toleranten Eschen in Deutschland zu entwickeln.

<sup>1</sup> Georg-August-Universität Göttingen, Buisgen-Institut, Abteilung für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Buisgenweg 2, 37077 Göttingen; <sup>2</sup> Institut für Pflanzenschutz in Gartenbau und urbanem Grün, Julius-Kühn Institut, Messeweg 11/12, 38104 Braunschweig; <sup>3</sup> Bayrisches Amt für Waldgenetik, Forstamtsplatz 1, 83317 Teisendorf; <sup>4</sup> Johann Heinrich von Thünen - Institut, Institut für Forstgenetik, Eberswalder Chaussee 3a, 15377 Waldsiedersdorf; <sup>5</sup> Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt, Abteilung Waldgenressourcen, Professor-Oelkers-Straße 6, 34346 Hann.-Münden