

Das Transkriptom von *Pinus nigra* unter dem Einfluss von *Sphaeropsis sapinea*

CARLOS TRUJILLO-MOYA¹, SANNA OLSSON², SUSANNE MOTTINGER-KROUPA³, ERHARD HALMSCHLAGER³, REINHARD ERTL⁴, OLIVER GAILING⁵, BARBARA VORNAM⁵, JAN-PETER GEORGE⁶, MARCELA VAN LOO¹

¹ Bundesforschungszentrum für Wald (BFW), Institut für Waldbau, Waldwachstum und Genetik, Seckendorf-Gudent-Weg 8, 1131 Wien, Österreich, marcela.vanloo@bfw.gv.at

² Zentrum für Forstforschung, INIA-CSIC, Madrid (Spain), Carretera, de la Coruña km 7.5, E-28040 Madrid, Spanien

³ Universität für Bodenkultur (BOKU), Institut für Forstentomologie, Forstpathologie und Forstschutz, BOKU, Peter-Jordan-Straße 82, 1190 Wien, Österreich

⁴ Veterinärmedizinische Universität Wien (Vetmeduni), VetCore Forschungseinrichtung, Veterinärplatz 1, 1210 Wien, Österreich

⁵ Georg-August-University Göttingen, Büsgen-Institut, Abteilung für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Büsgenweg 2, D-37077 Göttingen

⁶ Universität Tartu, Fakultät für Wissenschaft und Technik, Tartu Observatory, Estland

Die europäische Schwarzkiefer (*Pinus nigra* J.F. Arnold) ist ein Nadelbaum mit großer wirtschaftlicher und ökologischer Bedeutung. Eine der größten Herausforderungen in der Waldbewirtschaftung von *P. nigra* ist die durch den Pilz *Sphaeropsis sapinea* (Fr.) Dyko & Sutton verursachte Pilzkrankheit, die zum Absterben der Triebspitzen und zum Absterben der Bäume führt. Das Verständnis der molekularen Reaktionen von *P. nigra* auf den Pilz blieb bisher unerforscht. Um dieses Pathosystem zu erforschen, wurden zweijährige getopfte Schwarzkiefern sämlinge zweier verschiedener Provenienzen (aus Österreich und Korsika) für ein Kontrollinfektionsexperiment verwendet. Nadelproben wurden 3, 8 und 21 Tage nach der Inokulation (dpi) von beiden Probengruppen (Mock-Kontrollen und inokulierte Pflanzen) genommen. Für die Normalisierung der Expression wurden zwei Kandidaten-Referenzgenen (RGs): ACT und ATUB ausgewählt. 21 mit der Verteidigung von *P. nigra* zusammenhängende Transkripte wurden für die RT-qPCR-Analyse für alle Zeitpunkte selektiert. Eine Hauptkomponentenanalyse (PCA) aller Transkripte zeigte eine deutliche unterschiedliche Expression bei den mit 21 dpi geimpften Pflanzen, so dass dieser Zeitpunkt für eine RNA-Sequenzierung am interessantesten war. Nach der RNA-Seq wurden Sequenzen zunächst an das Genom von *S. sapinea* angeglichen und die verbleibenden Sequenzen dann an die Transkriptome von *P. nigra* und *P. sylvestris* angeglichen. Für *P. sylvestris* wurde eine bessere Alignment-Rate (85 %) als für *P. nigra* (53 %) erzielt. In beiden Fällen wurde jedoch eine klare Trennung zwischen den Kontrollproben und den geimpften Proben aus Österreich und Korsika beobachtet, wie von der RT-qPCR erwartet. Im Durchschnitt wurden 3147 Gene (43 % überexprimiert, 57 % unterexprimiert) differenziell exprimiert, und die GO- und KEGG-Annotation unterstrich die Aktivierung von mit der Pflanzenabwehr zusammenhängenden Stoffwechselwegen (Interaktion zwischen Pflanze und Pathogen, Signaltransduktion von Pflanzenhormonen, MAPK-Signalweg) und des Sekundärstoffwechsels (Terpenoide und Phenole betreffende Stoffwechselwege).