

## Thesen

- (1) Mit der verwendeten Makroarraytechnologie war es möglich das Pflanze-Pathogen-Interaktionstranskriptom von Gerste und Mehltau zu analysieren. Zahlreiche methodische und biologische Kontrollen bestätigten, dass reproduzierbare und verlässliche Daten erhoben wurden.
- (2) Im epidermalen Transkriptom (3.136 Unigene) der Interaktion von Gerste und *Bgh* wurden 207 pathogenregulierte Gene gefunden.
- (3) In *mlo*-resistenter Gerste kommt es, im Vergleich zu anfälliger Gerste, zu einer massiveren Anhäufung von PR-Gen-Transkripten. Der Unterschied ist quantitativer und nicht qualitativer Natur. Es wurden 26 resistenzassoziiert und sechs anfälligkeitsassoziiert exprimierte Markergene identifiziert. Die Grundgehalte von pathogenassoziierten Transkripten sind in nichtinokulierter, *mlo*-resistenter Gerste erhöht.
- (4) Der überwiegende Anteil der untersuchten Gene wurde sowohl in der Epidermis als auch im Blatt exprimiert. Die Mehrzahl der pathogenregulierten Gene hatte ihren Expressionsschwerpunkt in der Epidermis, 35 wurden als epidermisspezifisch definiert. Insgesamt wurden 290 epidermisspezifisch und 164 mesophyllspezifisch exprimierte Gene vorgeschlagen.
- (5) Die Transkriptomdaten deuten darauf hin, dass nach Pathogenbefall Stoffwechselwege, die zur Bildung von Zimtsäurederivaten und Tryptamin führen, induziert wurden. Möglicherweise führt dies zur Bildung der antifungalen Substanzen Gramin und Hordatol. In *mlo*-resistenter Gerste scheinen diese Stoffwechselwege stärker aktiviert zu sein.
- (6) HvSNAP34 wurde im TIGS-Screening als eine *downstream*-Komponente der *mlo*-vermittelten Resistenz bestätigt. Die Funktionsfähigkeit des hochdurchsatztauglichen TIGS-Systems im Pathosystem Gerste-*Bgh* wurde gezeigt.
- (7) GABA scheint keine Bedeutung bei der Signalweitergabe nach Pathogenstress zu haben. Vielmehr ist eine anaplerotische Funktion von GABA für den TCA-Zyklus denkbar.

