



Deutsche
Phytomedizinische
Gesellschaft e.V.

16. Tagung des DPG Arbeitskreises Heil-, Duft- und Gewürzpflanzen

20. Februar 2019

Im Anschluss an das
**Bernburger Winterseminar für Arznei-
und Gewürzpflanzen 2019**

Arbeitskreisleiterin: Dr. Ute Gärber
Stellvertr. Arbeitskreisleiterin Dr. Annette Kusterer

Kurzfassungen

Für eine erfolgreiche Produktion

Krankheiten an Heil- und Gewürzpflanzen kennen und erkennen

Roswitha Ulrich

Dezernat 51.4, Regierungspräsidium Gießen, Schanzenfeldstrasse 8, 325578 Wetzlar

roswitha.ulrich@rpgi.hessen.de

Heil- und Gewürzkräuter besitzen viele, für die menschliche Gesundheit förderliche Eigenschaften. Leider können Sie auch krank werden. Nichtparasitäre Schadursachen, Pilze, Bakterien, Viren und tierische Schaderreger verursachen teilweise gravierende ökonomische ausfälle. Bedeutende nichtparasitäre Schadursachen sind Witterungsbedingungen (Kälte, Nässe, Hitze) und Kulturmaßnahmen des Anbauers. Viele parasitäre Krankheiten werden durch die Kulturbedingungen gefördert oder treten erst bei bestimmten Witterungs- oder Kulturbedingungen auf. Pilze – wie echter Mehltau und Falscher Mehltau, Rost, *Fusarium*, *Stemphylium*, *Alternaria* oder Weißer Rost verursachen Beläge und Pusteln auf den Blättern, Stängeln, Blüten und Früchten, Blattflecken, Triebsterben oder Welken bis hin zum Absterben der gesamten Pflanze. Schaderreger der Gattung *Phytophthora* und *Pythium* greifen am Stängelgrund und Wurzeln an. Pflanzenparasitäre Bakterien benötigen in der Regel Wunden oder natürliche Öffnungen um in die Pflanzen eindringen zu können. Typische Symptome eines Bakterienbefalls sind eckige, von einem im Durchlicht wässrigen, gelben Hof umgebene Blattflecken oder Triebsterben. Viren benötigen zur Übertragung Vektoren. Meist sind das tierische Schaderreger wie Blattläuse, Zikaden oder Nematoden. Auch der Mensch kann im Rahmen von Kulturarbeiten Viren übertragen. Typische Schadbilder eines Virusbefalls sind unregelmäßige Blattvergilbungen, Muster in Form von Ringen oder Bändern, Wuchsstauungen und Verkrüppelungen und Veränderungen der Blüten. Die Vielzahl der tierischen Schaderreger wurde im Vortrages nur kurz angesprochen. Detailliert vorgestellt wurden aus der gemeinsamen Arbeit von Frau Gärber die ökonomisch wichtigen Krankheiten: Johanniskrautwelke durch *Colletotrichum gloeosporioides* an *Hypericum perforatum*, Untersuchungen zu Vergilbungskrankheiten und Blattflecken an Schnittlauch (*Cladosporium allii cepae* und *Colletotrichum dematium* f. sp. *circinans*); *Mycosphaerella anethi* an Fenchel; Falscher Mehltau *Peronospora belbahrii* an Basilikum; Falscher Mehltau *Perofascia lepidii* an Kresse, *Colletotrichum malvarum* an Malven und der unbekannt Pilz an Kamille. Der Bekämpfung mit chemischen Pflanzenschutzmitteln sind durch die Rückstandsproblematik enge Grenzen gesetzt. Da zur Bekämpfung nur in der jeweiligen Kultur und für die Indikation zugelassenen oder genehmigte Pflanzenschutzmittel eingesetzt werden dürfen. Viele der oben genannten Krankheitskalamitäten beruhen auf der Einschleppung und Verbreitung der Krankheitserreger mit Saatgut und Jungpflanzen. Gesundes Saat- und Pflanzgut ist eine der wichtigsten Maßnahmen der Erzeugung von gesunden Heil- und Gewürzkräutern. Weitere Bausteinen sind Kulturmaßnahmen wie Fruchtfolge, Düngung, Auswahl des Feldes, Feldhygiene, Kultur- und Sortenwahl. Die Voraussetzung für jede vorbeugende und direkte Maßnahme ist die Diagnose der jeweiligen Schadursache. Hierbei unterstützen die Beratung und die Diagnoselabore der jeweiligen Bundesländer.

***Peronospora salviae-officinalis* - neue Erkenntnisse zu Infektionsbiologie, Epidemiologie und Wirtsspektrum**

Mascha Hoffmeister¹, Marco Thines², Yvonne Becker¹, Wolfgang Maier¹

¹ Julius Kühn-Institut Braunschweig, Institut für Epidemiologie und Pathogendiagnostik

² Biodiversity and Climate Research Centre (BiK-F), Senckenberg Gesellschaft für Naturforschung, Frankfurt am Main

Seit einigen Jahren ist Falscher Mehltau an Echter Salbei (*Salvia officinalis*) der bedeutendste pilzliche Schaderreger im Salbeianbau in Deutschland. Der Verursacher dieser Krankheit, *Peronospora salviae-officinalis*, wurde 2009 als neue Art mit enger Wirtsspezifität *S. officinalis* beschrieben. Da der Erreger partiell den Salbeianbau in Deutschland gefährdet sollen im Rahmen eines durch die FNR geförderten Projektes die wissenschaftlichen Grundlagen für die Kontrolle des Erregers geschaffen werden. Hierzu sollen insbesondere die Infektionsbiologie und Epidemiologie des Erregers im Detail aufgeklärt und der Krankheitsverlauf unter kontrollierten Bedingungen reproduziert und mittels geeigneter Mikroskopietechniken dokumentiert werden. Außerdem soll eine sensitive, spezifische und quantifizierende Nachweismethode zum Nachweis des Erregers in Saatgut und Bodenproben entwickelt werden. Mittels Monitoring sollte zudem die Verbreitung des Pathogens im deutschen Salbeianbau nachvollzogen werden.

Das Monitoring wurde in den Jahren 2016 und 2017 auf 5 ökologisch bewirtschafteten Flächen durchgeführt. Außerdem wurde ein intensiv wirtschaftenden Betrieb mit integriertem Pflanzenschutz parallel zum Monitoring betreut. Dabei konnte in allen untersuchten Salbeibeständen *P. salviae-officinalis* nachgewiesen werden. Der durch *P. salviae-officinalis* verursachte Schaden war im intensiv wirtschaftenden Betrieb trotz Einsatz von Pflanzenschutzmitteln am größten. Für den eindeutigen routinemäßigen Nachweis des Erregers konnten robuste molekularbiologische Methoden für *P. salviae-officinalis* in Blattmaterial etabliert werden. Der Nachweis findet durch DNA-Sequenzierung verschiedener Genregionen statt. Mit den etablierten spezifischen PCRs der ITS- und *cox2*-Regionen konnte Falscher Mehltau auch in Saatgut nachgewiesen werden. Um aber auch schon geringste Kontaminationen in Saatgut quantitativ nachweisen zu können, soll außerdem eine sensitive und spezifische qPCR, beruhend auf dem TaqMan-Prinzip, entwickelt werden. Der mit *P. salviae-officinalis* nah verwandte und weit verbreitete Falsche Mehltau des Basilikum (*P. belbahrii*) soll dabei nicht nachgewiesen werden. Um eine geeignete Genregion zu finden, welche das Design von spezifischen Primern erlaubt, wurde Ende 2018 das Gesamtgenom von *P. salviae-officinalis* in Kooperation mit der AG Thines in Frankfurt (BiK F) sequenziert.

Um die Infektionsbiologie des Erregers besser zu verstehen wurde zunächst eine ständige Erregerhaltung von *Peronospora salviae-officinalis* auf seinem Wirt *S. officinalis* in Klimakammern etabliert und optimiert. Mit frischem Inokulum aus der Erregerhaltung wurden in-vitro Versuche zur Konidienkeimung bei verschiedenen Inkubationstemperaturen durchgeführt. Die Ergebnisse dieser Versuche sollen in den kommenden Monaten durch Infektionsversuche validiert werden. Untersuchungen an künstlich infizierten Salbeipflanzen mittels konfokaler Laserscanningmikroskopie ergaben neue Einblicke in den Infektionsprozess und die Wirt-Parasit-Interaktion von *P. salviae-officinalis*.

Echter Mehltau an Löwenzahn – Charakterisierung des Pathogens und Etablierung eines Resistenztests

Stephanie Nehrlich, Helge Flüß, Brigitte Ruge-Wehling

Julius Kühn-Institut

Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen, Groß Lüsewitz

Mit der stetig wachsenden globalen Nachfrage nach Kautschuk des Parakautschukbaums (*Hevea brasiliensis*), dessen Anbau sich hauptsächlich auf tropische Klimazonen begrenzt und der zudem massiv durch den Pilz *Microcyclus ulei* (Henn.) Arx befallen wird bietet der Russische Löwenzahn (*Taraxacum koksaghyz*, TKS) eine potentielle Alternative zu *H. brasiliensis*. Die Firma Continental konnte zeigen, dass die technischen Qualitäten des Kautschuks von TKS für die Herstellung von Reifen (Auto, Flugzeuge) sehr gut geeignet sind. Eine weitere Verwertung ergibt sich aus dem ebenfalls aus der Wurzel gewonnenem Latex zur Herstellung von Laborhandschuhen. Ein Konsortium aus Züchtern, Züchtungsforschern und Industriepartnern wird seit 2013 vom BMEL gefördert um die Züchtung, den Anbau und die Verwertung von *Taraxacum koksaghyz* zu verbessern. Neben der Bereitstellung von molekularen Werkzeugen für die Züchtung beschäftigt sich das JKI in Groß Lüsewitz mit der Verbesserung der Mehltautoleranz. Dies ist notwendig, da bisher, im Gegensatz zu TKS, keinerlei Toleranz in der Art *T. officinale* selektiert werden konnte. Der Anbau von interspezifischen Hybriden zwischen *T. officinale* (TO) x *T. koksaghyz* (TKS) ist aber gewollt, da das Merkmal Kautschukgehalt von TKS mit agronomisch guten Eigenschaften (Blatt- und Wurzelmasse) von TO kombiniert werden soll. Ziel des Teilprojekts ist die Selektion toleranter TO-Genotypen nach künstlicher Inokulation der Gesamtpflanzen mit lokalen Pathogenherkünften. Tolerante TO-Genotypen werden einerseits mit anfälligen TO gekreuzt, um die Vererbung der Toleranz zu analysieren und andererseits mit mehltautoleranten TKS-Pflanzen, um mehltautolerantes Material für den Feldanbau zur Verfügung zu stellen.

Voraussetzung für die Selektion toleranter Genotypen ist die Etablierung eines zuverlässigen Resistenztests. In einem ersten Schritt ist es gelungen den obligat biotroph lebenden Pilz *in vitro* (Standardmedium von Murashige und Skoog) auf Blättern von TO zu erhalten. Eine Massenvermehrung des Pilzes unter diesen Bedingungen war nicht möglich. Daher wird der Pilz fast jahreszeitenunabhängig im Gewächshaus an TO-Pflanzen vermehrt. Zur Optimierung der Inokulation wurden drei verschiedene Techniken getestet. Im Resultat erwies sich die Sprühinokulation mit 1×10^5 Konidien/ ml Suspension als effektiv, da gut dispergierend, reproduzierbar und praktikabel gegenüber der Infektion mittels Abstäubung oder Abstempeln der Konidien auf das zu infizierende Blattmaterial. Bisherige Ergebnisse weisen darauf hin, das TO grundsätzlich höher anfällig gegenüber Mehltau ist im Vergleich zu TKS. Eine Toleranz innerhalb verschiedener TO konnte bisher nicht nachgewiesen werden. Zurzeit werden neue TO-Quellen im Gewächshaus getestet, die im Jahr 2018 unter Freilandbedingungen als weniger anfällig eingestuft wurden. Im Zuge der Pathogenvermehrung im Gewächshaus an Ganzpflanzen wurde ein Boniturschema (BN1 = resistent, BN9= hoch anfällig) etabliert und dieses wird unmittelbar zur Beurteilung der zurzeit durchgeführten Resistenztests genutzt.

Um den Pilz auch taxonomisch ansprechen zu können wurden ITS-Regionen des Pilzes von *Taraxacum* und weiteren Asteraceen sequenziert. Nach BLAST-Abgleich konnte *Podosphaera erigerontis-canadensis* (Lév.) U. Braun & T.Z. Liu. als Echter Mehltau an *T. officinale* und *T. koksaghyz* bzw. *Neoerysiphe nevoii* Heluta & S. Takam. an Ferkelkraut (*Hypochaeris radicata*), Wiesenbocksbart (*Tragopogon pratensis*) und Wiesenpippau (*Crepis biennis*) identifiziert werden.

Nach der Identifizierung von toleranten TO wird inokuliertes Blattmaterial des toleranten TO und des hoch anfälligen TO nach einer definierten Zeitreihe geerntet, RNA isoliert und auf Basis der synthetisierten cDNA eine differentielle Transkriptanalyse (MACE) durchgeführt. Transkripte, die exklusiv nur im Pool der resistenten Genotypen auftreten haben ein hohes Potential als Selektionsmarker für Mehltautoleranz in der Züchtung eingesetzt zu werden.