

Deutsche Phytomedizinische Gesellschaft

Zusammenfassungen der Arbeitskreisbeiträge



2009

Impressum

Redaktion: Dr. Falko Feldmann, Dr. Christian Carstensen

Deutsche Phytomedizinische Gesellschaft e. V.

Messeweg 11/12

D-38104 Braunschweig

Tel.: 0531 / 299-3213, Fax 0531 / 299-3019

E-mail: geschaeftsstelle@dpg.phytomedizin.org

www.phytomedizin.org

INHALT

AK Biologische Bekämpfung von Pflanzenkrankheiten, 19.03.2009	1
AK Mykologie, 26.03.2009.....	6
AK Nematologie, 11.03.2009.....	12
AK Nutzarthropoden und Entomopathogene Nematoden, 24.11.2009	23
AK Phytobakteriologie, 03.09.2009	32
PG Krankheiten an Getreide, 02.02.2009.....	44
PG Schädlinge in Getreide und Mais, 18./19.02.2009.....	50
PG Heil-, Duft- und Gewürzpflanzen, 17.02.2009 (Protokoll)	52
AK Tropen Subtropen 2009, 6.10. – 8.10. 2009	57
AK Populationsdynamik und Epidemiologie, 24./25.9. 2009	65
AK Viruskrankheiten der Pflanze, 08.04.2009	71
AK Vorratsschutz, 12.11. 2009.....	89
AK Wirbeltiere, 11.11. 2009.....	99
AK Wirt-Parasit-Beziehungen, 26.03.2009	105

AK BIOLOGISCHE BEKÄMPFUNG VON PFLANZENKRANKHEITEN, 19.03.2009

PROJEKTVORSTELLUNG: EINSATZ MIKROBIOLOGISCHER PRÄPARATE ZUR REGULIERUNG VON KRANKHEITEN AN ERDBEEREN

Bisutti, Isabella Linda¹, Sylla, Justine²

¹JKI, Institut für Biologischen Pflanzenschutz, Heinrichstrasse 243, 64287 Darmstadt, Deutschland

²FAG, Fachbereich Phytomedizin, Von-Lade-Str.1, 65366 Geisenheim, Deutschland
Contact: isabella.bisutti@jki.bund.de

Im ökologischen Erdbeeranbau können wichtige Krankheitserreger nur sehr begrenzt reguliert werden. Neben kulturtechnischen Maßnahmen und einer zielgerichteten Sortenwahl ist der Einsatz von mikrobiologischen Pflanzenschutz- und Pflanzenstärkungsmitteln daher besonders bedeutend.

Verschiedene Forschungsprojekte haben sich bereits intensiv mit dem Einsatz von Mikroorganismen zur Regulierung von Krankheiten an Erdbeeren beschäftigt; allerdings konzentrierten sich diese meist nur auf einen Schaderreger bzw. auf wenige antagonistische Mikroorganismen. Nicht berücksichtigt wurde ein möglicher Einfluss kombiniert applizierter Mikroorganismen auf einen Schaderregerkomplex von Erdbeeren.

Hauptziel des Forschungsprojekts ist die Entwicklung von Applikationssystemen für mikrobiologische Präparate, die für eine optimierte Schaderregerregulierung im ökologischen Erdbeeranbau geeignet sind. Das Forschungsprojekt ist ein Verbundprojekt zwischen dem JKI, Institut für Biologischen Pflanzenschutz in Darmstadt und der Forschungsanstalt Geisenheim. In Darmstadt wird der Schwerpunkt auf die Wurzel- und Bodenpathogene gelegt, während sich in Geisenheim auf Untersuchungen mit Blatt- und Fruchtpathogenen konzentriert wird.

In Laborversuchen (z.B. Dualkulturen) sollen Wirksamkeit ausgewählter Antagonisten sowie potenzielle Wechselwirkungen zwischen verschiedenen Antagonisten untersucht werden. Für diese Versuche sollen Mikroorganismen aus kommerziellen oder aus sich noch in der Entwicklung befindenden Produkten verwendet werden. Die Wirksamkeit und Kombinierbarkeit von Erfolg versprechenden Produkten wird anschließend im Gewächshaus an sensiblen Erdbeersorten geprüft. Abschließend werden im Freiland die bestmöglichen Produktkombinationen getestet, um einen Schaderregerkomplex zu regulieren.

STRUKTURELLE VERÄNDERUNGEN IN DER BAKTERIELLEN RHIZOSPHÄREN- GEMEINSCHAFT WÄHREND DER ENTWICKLUNG EINES SUPPRESSIVEN BODENS

Karin Schreiner¹, Alexandra Hagn¹, Martina Kyselková², Yvan Moëgne-Loccoz²,
Michael Schlöter¹

¹Institut für Bodenökologie, Abteilung Terrestrische Ökogenetik, Helmholtz Zentrum München, Ingolstädter Landstrasse 1, D-85764 Neuherberg, Deutschland

²CNRS, UMR 5557, Ecologie Microbienne, Villeurbanne, F-69622, France

Contact: karin.schreiner@helmholtz-muenchen.de

Gaeumannomyces graminis var. *tritici* (Ggt) ist der Erreger der Schwarzbeinigkeit von Weizen und Gerste. In Monokulturen kommt es normalerweise zu einem Krankheitsausbruch, dem jedoch nach einigen Vegetationsperioden ein Rückgang des Befalls folgt, der sogenannte „Take-all Decline“ (TAD). Es wird spekuliert, dass diese natürliche Biokontrolle auf der Entwicklung von Populationen antagonistischer Bodenmikroorganismen beruht.

In einem Gewächshausversuch wurde Sommergerste unter Pathogendruck in Monokultur angebaut, um die Entwicklung eines Ggt-suppressiven Bodens zu stimulieren. Im Rahmen von fünf unmittelbar aufeinander folgenden Vegetationsperioden konnte ein stabiles TAD-Stadium etabliert werden. Mittels molekularbiologischer t-RFLP Fingerprints wurden die strukturellen Veränderungen der bakteriellen Rhizosphären-Gemeinschaft während der TAD-Entwicklung aufgezeigt. Dabei zeigte sich, dass die Pflanze die Schlüsselrolle bei der Selektion dieser Gemeinschaft spielt, die Induktion antagonistischer Gene jedoch erst durch den Pathogenangriff erfolgt.

Die Vegetationszyklen Nummer 1 (Ausgangsstadium), 3 (stärkster Schwarzbeinigkeitsbefall) und 5 (Suppressivität) wurden daraufhin ausgewählt, um mittels eines phylogenetischen 16S rRNA Microarrays die bakteriellen Populationen der verschiedenen Stadien und die jeweils charakteristischen Indikator-Spezies zu identifizieren. Indikatoren für das Ausgangsstadium waren demnach *Actinobacteria* aus den Familien *Streptosporangiaceae*, *Nocardioidaceae* und *Pseudonocardiaceae*, sowie Vertreter der *Epsilonproteobacteria* (*Campylobacter*) und *Bacteroidetes* (*Rikenella*). Das Befallsmaximum dagegen war vor allem durch Vertreter der *Proteobacteria* charakterisiert, darunter *Alphaproteobacteria* (*Rhodospirillum*, *Xanthobacter*, *Bradyrhizobium*), *Betaproteobacteria* (*Alcaligenes defragans*, *Burkholderia cepacia*, *Hydrogenophaga palleronii*), *Gammaproteobacteria* (*Pseudomonas*, *Allochromatium*) und *Deltaproteobacteria* (*Myxococcus*, *Anaeromyxobacter*, *Cystobacter*). Des Weiteren wurden in diesem Stadium *Bacteroidetes* (*Blattabacterium*, *Flavobacterium columnare*), *Chloroflexi*, *Planctomycetes*, *Acidobacteria* und *Clostridia* (*Mogibacterium*) als Indikatorspezies nachgewiesen. Nach Ausbildung der Suppressivität waren *Rhizobiaceae* (*Agrobacterium* spp., *Rhizobium*, *Brevundimonas*) und andere *Alphaproteobacteria* (*Methylobacterium*, *Brucella*, *Bartonella*, *Blastochloris*, *Acidiphillum*, *Azospirillum*) kennzeichnend, ebenso verschiedene *Betaproteobacteria* (*Achromobacter*, *Alcaligenaceae*, *Neisseria elongata*, *Variovorax paradoxus*, *Burkholderia*) und *Gammaproteobacteria* (*Xanthomonadaceae*).

Fluoreszierende *Pseudomonaden* der Biokontroll-Cluster C-3, C-4 und C-5 konnten zwar im suppressiven Stadium nachgewiesen werden; sie waren jedoch keine signifikanten Indikatoren. Es ist daher anzunehmen, dass beim Take-all Decline neben fluoreszierenden *Pseudomonaden* zahlreiche andere Bodenbakterien ebenfalls eine wichtige Rolle spielen.

ALTERNATIVE PRÄPARATE ZUR REGULIERUNG DES FALSCHEN MEHLTAUS AN GURKE II: VOM BIOTEST ZUR DC UND ZURÜCK

A. Nowak¹, Konstantinidou-Doltsinis, S² und Schmitt, A.¹

¹JKI Institut für biologischen Pflanzenschutz, Heinrichstr. 243, 64287 Dramstadt, Deutschland

²NAGREF, Plant Protection Institute of Patras, Leoforos Amerikis and National Road, 26004 Patras Griechenland

Contact: andrea.nowak@jki.bund.de

Die Regulation des Falschen Mehltaus stellt im ökologischen Gurkenanbau eines der größten Probleme da. Pflanzenextrakte aus *Salvia officinalis* (Salbei) und *Glycyrrhiza glabra* L. (Süßholz) wurden im BÖL-Projekt „Strategiekombinationen zur Regulation des Falschen Mehltaus an Gurken unter Glas/Folie“ in Biotests sehr erfolgreich eingesetzt. Die Wirkung der Extrakte unter Praxisbedingungen war zum Teil deutlich geringer, wobei die Ergebnisse unter kontrollierten Gewächshausbedingungen sehr viel besser waren als auf dem freien Feld. Für die Unterschiede in der Wirksamkeit der Extrakte gegen den Falschen Mehltau konnten Anwendungsparameter wie Applikationszeitpunkt und – Häufigkeit als mögliche Ursachen festgestellt werden. Darüber hinaus ist die Kenntnis des Wirkmechanismus und der wirksamen Inhaltsstoffe wichtig, um Verbesserungen in Extraktion, Formulierung etc. sowie Qualitätssicherung vornehmen zu können. Die Extrakte wurden mit Hilfe von Phasentrennung durch verschiedene Lösungsmittel fraktioniert. Die so erhaltenen Fraktionen (Stoffklassen) wurden wiederum in Laborversuchen auf ihre Wirksamkeit getestet und wirksame Fraktionen chromatographisch getrennt. Biotests mit einzelnen chromatographisch separierten Inhaltsstoffen sind in Vorbereitung.

UNTERSUCHUNGEN ZUR BIOLOGISCHEN BEKÄMPFUNG VON PLASMODIOPHORA BRASSICAE

Preiß, Uwe¹, Albert, Guido¹, Wach, Christian², Liesenfeld, Swenja²

¹DLR R-N-H, 55545 Bad Kreuznach, Rüdeshheimer str. 60-68

²Fachhochschule Bingen, Berlinstr. 109 55411 Bingen am Rhein

Contact: uwe.preiss@dlr.rlp.de

Untersuchungen zur biologischen Bekämpfung von *Plasmodiophora brassicae* (uwe.preiss@dlr.rlp.de) Die Kohlhernie (*Plasmodiophora brassicae*) an landwirtschaftlichen Kulturen ist mit den z.Z. verfügbaren Pflanzenschutzmitteln nicht bekämpfbar. Im Rahmen eines vom rheinland-pfälzischen Ministerium (MWVLW) geförderten Projektes wurde nach Möglichkeiten gesucht *P. brassicae* Infektionen zu verhindern bzw. das Erregerpotential im Boden aktiv zu bekämpfen. Erste Erfahrungen aus Gewächshausversuchen und einem Freilandversuch werden dargestellt.

WECHSELWIRKUNGEN ZWISCHEN DEM BIOKONTROLLSTAMM HRO-C48 UND EINEM PHAGEN IM GEWÄCHSHAUS UND IM FELD IN DER RHIZOSPHERE VON RAPS

Wolf, Arite¹, Ulbricht, Katharina¹

¹Universität Rostock/ Biowissenschaften/ Mikrobiologie, A.-Einstein-Str. 3, 18051 Rostock

Contact: a.minkwitz@gmx.de

Eine Infektion durch einen virulenten Phagen kann die Konzentration sowie die Biokontrollaktivität eines in die Rhizosphäre eingebrachten nützlichen Bakterienstammes beeinflussen (Keel *et al.* 2002). In den vorliegenden Untersuchungen wurde der Einfluss eines Phagen auf die Populationsgröße des Biokontrollstammes *Serratia plymuthica* HRO-C48 und dessen Aktivität im Gewächshaus und im Feldversuch an Raps untersucht.

HRO-C48 hat eine antagonistische Aktivität gegenüber dem phytopathogenen Pilz *Verticillium sp. in vivo* sowie eine wachstumsfördernde Wirkung am Raps (Berg *et al.* 1999, Kurze *et al.* 2001, Müller and Berg 2007). Der Biokontrollstamm ist sensitiv gegenüber dem Phagen pC48-6. Der Phage ist lytisch und gehört zu dem *Siphoviridae* Morphotyp mit einer Gesamtgröße von ca. 165 nm. Die Genomgröße beträgt ca. 50 kB. Er zeigte eine hohe Spezifität gegenüber seinem Wirtstamm und bildete klare Plaques von ca. 3 mm Durchmesser.

Der Gewächshausversuch wurde in 50ml-Röhrchen mit je 5 g steriler Erde durchgeführt. Phagen und rifampicin-resistente Bakterien wurden in unterschiedlichen Ausgangskonzentrationen auf die Rapssamen aufgetropft (10^3 und 10^4 CFU g⁻¹; Phagen-Wirt-Verhältnisse: 1 und 0,01). Der Pilz wurde mit einer Konzentration von ca. 10^4 Zellen g⁻¹ in die Erde gegeben. Die Ergebnisse zeigten eine starke Vermehrung der Phagenkonzentration bei einer minimalen zugesetzten Konzentration der Wirtsbakterien von ca. 10^4 CFU g⁻¹. In diesem Falle wurde die Abundanz der Wirtszellen durch den Phagen signifikant reduziert. Betrug die Bakterienkonzentration weniger als 10^4 CFU g⁻¹, verzögerte sich die Vermehrung der Phagen, besonders bei geringer zugesetzter Phagenkonzentration. Der Einfluss der Phagen auf die Abundanz der Wirtsbakterien spiegelte sich auch in der wachstumsfördernden Wirkung des Bakterienstammes wider. Nach vier Wochen war die Sprosslänge der Keimlinge ohne Zugabe von Phagen durch die Wirkung des Biokontrollstammes signifikant erhöht. Bei Zugabe von Phagen jedoch war diese Wirkung um 15 bis 28% reduziert.

Im Feldversuch wurde der Biokontrollstamm durch Bio-priming (Müller and Berg 2007) an den Rapssamen appliziert. Es wurde eine Konzentration von ca. 10^6 CFU pro Samenkorn erreicht. Auch im Feld wurde die Abundanz der Wirtsbakterien durch die Phagen bis zu 4 Wochen nach Phagenzugabe reduziert. Die Konzentration der natürlich vorkommenden HRO-C48-Phagen in der Rhizosphäre von Raps erhöhte sich innerhalb der ersten sieben Tage stark auf ca. 10^7 PFU g⁻¹ durch die Applikation des Wirtstammes. In den Kontrollen lag diese bei ca. 10^2 bis 10^4 PFU g⁻¹. Selbst nach der Überwinterung betrug die Phagenabundanz in den Behandlungen noch ca. 10^6 PFU g⁻¹. Symptome der Verticilliumwelke oder eine wachstumsfördernde Wirkung des Biokontrollstammes konnten im Feld nicht festgestellt werden.

Literatur

- Berg, G.; Kurze, S. and Dahl, R. (1999): Isolated rhizobacteria for treatment of phytopathogenic fungal diseases. Europ. Patent No. 98124694.5, US- Patent 2662-001 US-1
- Keel, C.; Ucurum, Z.; Michaux, P.; Adrian, M. and Haas, D. (2002): Deleterious impact of a virulent bacteriophage on survival and biocontrol activity of *Pseudomonas fluorescens* strain CHA0 in natural soil. Mol. Plant-Microbe Interact. 15: 567-576.
- Kurze, S.; Bahl, H.; Dahl, R. and Berg, G. (2001): Biological control of fungal strawberry diseases by *Serratia plymuthica* HRO-C48. Plant Dis. 85: 529 - 534
- Müller, H. and Berg, G. (2007): Impact of formulation procedures on the effect of the biocontrol agent *Serratia plymuthica* HRO-C48 on Verticillium wilt in oilseed rape. BioControl DOI 10.1007/s10526-007-9111-3

Mitteilungen und Nachrichten

Aus den Arbeitskreisen der Deutschen Phytomedizinischen Gesellschaft (DPG):

Bericht zum Jahrestreffen 2009 der Arbeitskreise „Mykologie“ und „Wirt-Parasit-Beziehungen“ der DPG

Das Jahrestreffen 2009 der Arbeitskreise „Mykologie“ und „Wirt-Parasit-Beziehungen“ der Deutschen Phytomedizinischen Gesellschaft e.V. fand am 26. und 27. März 2009 an der Technischen Universität Kaiserslautern statt. Gastgeber war Herr Professor Dr. Matthias HAHN, der das Treffen mit seinen Mitarbeitern hervorragend organisierte. Wie in den vergangenen Jahren wurde das Jahrestreffen der beiden Arbeitskreise in einer gemeinsamen Arbeitssitzung am ersten Tag und zwei getrennten Sitzungen am zweiten Tag durchgeführt. Insgesamt waren mehr als 90 Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler zum gemeinsamen Treffen nach Kaiserslautern gekommen. Der Nachwuchs war auch in diesem Jahr besonders stark vertreten. Während des Treffens wurden 39 Vorträge und 12 Poster präsentiert. Die Themen waren vielfältig und behandelten die Wirt- und Nicht-Wirt-Spezifität, Pilz-Epidemien, Fungizid-Resistenz, das pilzliche Sekretom bei der Infektion, Virulenz- und Pathogenitätsgene, pflanzliche Abwehr-Mechanismen, die Rolle pflanzlicher Abwehrgene, u.a.

Das nächste gemeinsame Jahrestreffen der Arbeitskreise „Wirt-Parasit-Beziehungen“ und „Mykologie“ wird am 25. und 26. März 2010 an der Universität Konstanz stattfinden.

2009 Report on the Annual Meeting of the Study Groups 'Host-Parasite Interactions' and 'Mycology'

This year's Annual Meeting of the Study Groups 'Host-Parasite Interactions' and 'Mycology' of the German Phytomedicine Society (Deutsche Phytomedizinische Gesellschaft e.V.) was held on March 26–27, 2009 at Kaiserslautern Technical University. The meeting was hosted and perfectly organized by Professor Dr. Matthias HAHN and his coworkers. As for years, the meeting was organized as a joint workshop with one combined and two separate sessions. In total, more than 90 senior and junior scientists attended the joint meeting presenting 39 lectures and 12 posters. They covered diverse topics such as host and non-host specificity, fungicide resistance, fungal epidemics, compounds secreted by phytopathogenic fungi during infection, virulence and pathogenicity genes, plant defense signaling, and the role of plant defense genes, to name just a few.

The next joint meeting of the Study Groups 'Host-Parasite Interactions' and 'Mycology' will be held at Konstanz University on March 25–26, 2010.

Alle Zusammenfassungen/Abstracts wurden in der Zeitschrift *Journal of Plant Diseases and Protection*, 116 (5), 2009, S. 223-239, publiziert (Ergänzung Schriftleitung).

AK-Leiter „Wirt-Parasit-Beziehungen“
Prof. Dr. Uwe CONRATH (Aachen)
AK-Leiterin „Mykologie“
Dr. Monika HEUPEL (Bonn)

2 Study Group 'Mycology' 2009

Pathogenität von aus Zuckerrübe isolierten *Fusarium*-Spezies an Weizen

Daniela Christ¹, Ruben Gödecke², Andreas von Tiedemann², Mark Varrelmann¹

- 1 Institut für Zuckerrübenforschung, Abteilung Phyto-
medizin, Holtenser Landstr. 77, 37079 Göttingen
- 2 Universität Göttingen, Department für Nutzpflanzen-
wissenschaften, Abteilung Allgemeine Pflanzenpathologie
und Pflanzenschutz, Grisebachstr. 6, 37077 Göttingen
christ@ifz-goettingen.de

Bisher ging man aufgrund von Feldbeobachtungen und fehlender offensichtlicher *Fusarium*-Infektion von Zuckerrüben davon aus, dass diese als Vorfrucht den Infektionsdruck auf Weizen mit *Fusarium* mindern können. In amerikanischen Untersuchungen wurde jedoch für *F. graminearum* auch ein wirtspflanzenübergreifender Befall nachgewiesen. 2006/2007 konnten in Feldversuchen in Niedersachsen mehr als 10 unterschiedliche *Fusarium* Arten aus Zuckerrüben isoliert werden, deren Wirkung auf Weizen z.T. noch völlig ungeklärt ist.

Zur Überprüfung der Pathogenität wurde in Gewächshausversuchen Sommerweizen mit den sieben am häufigsten aus Zuckerrübe isolierten *Fusarium*-Spezies inokuliert und der FHB-Index bestimmt. Erwartungsgemäß wurden von *F. graminearum* die schwersten Symptome hervorgerufen. Es konnte kein signifikanter Unterschied zwischen den FHB-Indices von *F. graminearum* aus Zuckerrübe und der Positivkontrolle (*F. graminearum* aus Weizen) festgestellt werden. *F. culmorum* und *F. cerealis* erzeugten ebenfalls ausgebleichte Ähren und eine systemische Infektion. *F. equiseti*, *F. oxysporum*, *F. redolens* und *F. tricinctum* verursachten keine typischen FHB-Symptome. Dennoch waren die Hüll-, Deck- oder Vorspelzen zum Teil deutlich verfärbt. Zudem führte die Inokulation mit diesen Arten zu einer Verfärbung des Embryos und angrenzender Bereiche. Diese als „Black Point“ bezeichneten Symptome werden durch unterschiedliche Pilze (u.a. auch *Fusarium* spp.) verursacht, experimentell konnte dies aber bisher nur für *F. proliferatum* nachgewiesen werden. Die Ergebnisse zeigen, dass die aus Zuckerrübe gewonnenen Isolate auch im Weizen pathogen sind. Erntereste, die bei konservierender Bodenbearbeitung an der Oberfläche verbleiben, stellen damit eine potentielle Inokulumquelle in Zuckerrüben – Weizen – Fruchtfolgen dar.

Erste Ergebnisse zum Resistenzverhalten von Basilikum-Herkünften (*Ocimum basilicum* L.) gegen Falschen Mehltau (*Peronospora* sp.)

Roxana Djalali Farahani-Kofoet¹, Peter Römer², Rita Grosch³, Andreas Kofoet³

- 1 Leibniz-Institut für Gemüse- und Zierpflanzenbau
Großbeeren/Erfurt, Theodor-Echtermeyer-Weg 1,
14979 Großbeeren
- 2 GHG-Saaten GmbH, Albert-Drosihn-Str. 9, 06449
Aschersleben
- 3 Leibniz-Institut für Gemüse- und Zierpflanzenbau Großbeer
KofoetR@igzev.de

In den letzten Jahren wurde erstmals in größerem Umfang Falscher Mehltau (*Peronospora* sp.) an Basilikum (*Ocimum basilicum*) in der Schnitt- und Topfbasilikumproduktion beobachtet mit dem Ergebnis von erheblichen Ertragsausfällen. Die Bekämpfung von Falschem Mehltau ist aufgrund des derzeitigen Mangels an resistenten Sorten und der stark einge-

schränkten Möglichkeit in der Anwendung von Pflanzenschutzmitteln äußerst schwierig. Die Entwicklung von Zuchtmaterial von Basilikum mit Resistenz gegen *Peronospora* sp. ist daher eine wichtige Aufgabe für den Züchter. Die Verfügbarkeit einer geeigneten Resistenzprüfmethode ist Voraussetzung für die Selektion von resistentem Zuchtmaterial. Nach Klärung der optimalen Bedingungen des Erregers für Infektion, Latenz und Sporulation wurden zahlreiche Genotypen hinsichtlich der Resistenz gegenüber *Peronospora* sp. geprüft.

Zahlreiche Herkünfte, die aus Genoveser Art stammten, zeigten eine mittlere bis hohe Anfälligkeit gegenüber dem Erreger. Im Ergebnis der bisherigen Untersuchungen erwiesen sich nur einzelne Genotypen als gering anfällig gegenüber dem Falschen Mehltau.

Wechselbeziehungen zwischen *Heterodera schachtii* und *Rhizoctonia solani* an der Zuckerrübe: Berührungsloser Nachweis und Sortenvergleich

Christian Hillnhütter, Richard Alexander Sikora,
Erich-Christian Oerke

Universität Bonn, INRES-Phytophysiologie, Nußallee 9,
53115 Bonn, Deutschland
chillnhu@uni-bonn.de

Charakteristischerweise treten bodenbürtige Schadorganismen in Zuckerrübenfeldern häufig nesterweise auf. Für Teilschlag-spezifische vorbeugende Maßnahmen müssen leistungsfähige Sensoren in Verbindung mit Systemen zur Georeferenzierung vorhanden sein, um die Verteilung und Entwicklung der Pathogene erfassen und bewerten zu können.

In Inokulationsversuchen unter kontrollierten Bedingungen wurden für *Heterodera schachtii* und *Rhizoctonia solani* verschiedene Befallsintensitäten eingestellt und der Verlauf der Krankheiten in Zeitreihen über sechs Wochen erfasst. Besondere Beachtung galt dabei der Krankheits- und Schadentwicklung bei der Kombination der beiden Pathogene. In diesen Versuchen wurden unterschiedlich anfällige Sorten verwendet: eine *Heterodera*-resistente, eine *Rhizoctonia*-tolerante und eine für beide Versuchsorganismen anfällige Hochertragsorte. Veränderungen der Vitalität der verschiedenen Zuckerrübensorten durch die beiden Schaderreger wurden mit Hilfe berührungsloser Hyperspektralmessungen und Infrarot-Thermographie erfasst. Mit Vegetationsindizes wie dem Normalized Differentiated Vegetation Index konnten aus den Reflexionspektren der Blätter Rückschlüsse auf die Vitalität der Zuckerrübensorten gezogen werden. Durch die Hyperspektralmessungen konnte bereits in einem frühen Stadium des Befalls der Zuckerrüben eine Veränderung der Reflexion der Blätter festgestellt werden. Bei gleichzeitigem Befall durch *H. schachtii* und *R. solani* konnten schnellere Symptomentwicklung der Rübenfäule und frühzeitiges Absterben der Pflanzen nachgewiesen werden.

Zur genaueren Untersuchung der gefundenen Interaktion wurde in einem weiteren Versuch eine zeitlich versetzte Inokulation der beiden Schadorganismen realisiert. Die Nematoden wurden entweder direkt mit, oder zwei Wochen nach *R. solani* inokuliert. In diesem Versuch wurden wiederum mit Hilfe des Hyperspektralsensors Daten gewonnen um Rückschlüsse auf die Pflanzenvitalität zu ziehen. Die Behandlung mit gleichzeitiger Inokulation der Versuchsorganismen zeigte einen schnelleren Rückgang der Vitalität verglichen mit der zeitlich versetzten Inokulations-Variante.

Molecular approaches towards a hypovirus-based biocontrol of *Cryphonectria parasitica* in *Castanea sativa* stands in Southwest Germany

Carola Holweg, Berthold Metzler

Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg (FVA), Abt. Waldschutz, Wonnhaldestr. 4,
79100 Freiburg, Germany
berthold.metzler@forst.bwl.de

Since its first detection nearly 20 years ago, *Cryphonectria parasitica* has meanwhile become established in many chestnut stands in SW-Germany, especially in the Ortenau region of Baden-Württemberg and the region of the Weinstrasse of the Rhineland-Palatinate. Symptoms of this EU quarantine-regulated pathogen are stem cankers and crown dieback on the affected trees.

The genetic diversity of the fungal population still seems to be reflected by only a few groups of vegetative compatibility (vc). In a recent survey, we demonstrated that the common European vc-type EU-2 is widely distributed in the Ortenau. The spreading of the vc-group EU-65 in the Weinstrasse region could at first be suppressed by quarantine measures, for several years. However, neighbouring stands turned out to have become infected with EU-2, which evidently originated from a different source. Meanwhile, we detected eight different vc-types of *C. parasitica* in SW-Germany, both in forests stands and from single trees in private and public greens (the latter were eliminated immediately). This indicates that the disease was independently introduced in SW-Germany by at least eight different inocula. By applying molecular methods, we found that several populations of *C. parasitica* contain the European chestnut hypovirus CHV1. This is a new finding since the hypovirus was restricted to a single stand in the Ortenau for a long period. In addition, we observed a higher frequency of hypovirulent strains in the southern areas compared with the more northern ones. Based on these results, we are going to select adequate, i.e. vc-type-compatible, local hypovirulent strains in the laboratory. Hence, a strategy will be developed to apply biological control measures at locations where hypovirulence has not yet arrived.

Vergleich verschiedener molekularbiologischer Verfahren zum Nachweis von Fungizidresistenzen

Andreas Koch, Gerd Stammler

BASF SE, Agrarzentrum, Speyerer Strasse 2,
67117 Limburgerhof, Deutschland
gerd.stammler@basf.com

Molekularbiologische Verfahren zur Bestimmung von Fungizidresistenzen basieren in den meisten Fällen auf dem Nachweis von Mutationen im Zielprotein des fungiziden Wirkstoffs. Dies setzt die Kenntnis des Zielproteins voraus. Gegenüber klassischen *in vivo* oder *in vitro* Sensitivitätstests bieten molekularbiologische Methoden den Vorteil, dass keine Isolate gewonnen werden müssen und auch Pflanzenmaterial mit nicht mehr lebensfähigem Pilz, untersucht werden kann. Bei der Entwicklung eines genetischen Verfahrens ist es unerlässlich, dass die Methode artspezifisch ist. Dazu ist die Kenntnis der zu amplifizierenden DNA-Sequenz inklusive eventuell vorhandener Introns wichtig. Nach der PCR-Amplifikation der DNA-Sequenz, die die Resistenz verursachende Mutation enthält, bieten sich vor allem 3 Verfahren an. Führt eine Mutation zu einer Erkennungssequenz eines Restriktionsenzym (wie z.B. bei der G143A Mutation des Cytochrom b, im Falle der Strobilurin-Resistenz), so lässt sich die Mutation nach Hydrolyse mit dem entsprechenden Enzym nachweisen. Weitaus empfindlicher sind Nachweismethoden mittels Real-Time PCR, wobei darauf zu achten ist, die Diskriminierung von Wildtyp und Mutation mittels der Primer (ARMS-PCR) und nicht der Sonde vorzunehmen. Falls ein Aminosäureaustausch durch verschiedene Basentriplets codiert werden kann (siehe F129L-Mutation im Cytochrom b) oder an einer Stelle verschiedene Aminosäuren ausgetauscht werden kön-

nen (z.B. E198A,K im β -Tubulin) oder aber Mutationen in aufeinanderfolgenden Codons (z.B. A379G, I381V im CYP51) bestimmt werden sollen, ist die Pyrosequenzierung die Methode der Wahl. Diese Methode liefert die Sequenz-Information eines bestimmten DNA-Abschnittes und zudem lässt sich die relative Häufigkeit des mutierten Allels in einer Probe quantifizieren. Vor- und Nachteile der verschiedenen Methoden werden anhand von aktuellen Beispielen vorgestellt. Zudem wird die Problematik der Quantifizierung von Mutationen in Feldproben diskutiert.

Vegetationsindizes als Tool zur Erfassung der Befallsstärke von Blattkrankheiten an Zuckerrüben

Anne-Katrin Mahlein, Ulrike Steiner, Heinz-Wilhelm Dehne, Erich-Christian Oerke

Universität Bonn, Institut für Nutzpflanzenwissenschaften und Ressourcenschutz, Abteilung Pflanzenkrankheiten, Nussallee 9, 53115 Bonn
amahlein@uni-bonn.de

In der hyperspektralen Nah- und Fernerkundung von Pflanzen wird die Reflexion des Sonnenlichtes durch die Vegetationsdecke im sichtbaren, nah- und kurzwelligen Infrarotbereich erfasst. Unter Krankheitsbefall ändert sich, bedingt durch einen Einfluss der Pathogene auf Physiologie und Morphologie sowie durch krankheitspezifische Symptome die typische spektrale Signatur einer Pflanze. Vegetationsindizes, die sich aus der spektralen Reflexion berechnen lassen, ermöglichen oft Rückschlüsse auf physiologische Eigenschaften von Pflanzen. Das Potential dieser Methode zur berührungslosen Erfassung und Differenzierung von Pflanzenkrankheiten wurde am Beispiel der Zuckerrübe untersucht. Die pilzlichen Pathogene *Cercospora beticola* (Sacc.), *Erysiphe betae* (Vanha) und *Uromyces betae* (Pers.) Lev. beeinflussen die spektralen Eigenschaften von Zuckerrübenblättern aufgrund ihrer unterschiedlichen Lebensweise (pertotroph bzw. obligat biotroph) und Symptomausprägung in unterschiedlicher Weise.

Mit einem nicht abbildenden hyperspektralen Sensor wurden charakteristische Spektren befallener Zuckerrübenblätter täglich bis 21 Tage nach Inokulation erfasst. Aus den gewonnenen Daten wurden verschiedene Vegetationsindizes berechnet, welche z.B. mit der Vitalität von Blättern, aber auch mit dem Gehalt an Pigmenten wie Chlorophyll a/b oder Anthocyan korrelieren. Zusätzlich wurde täglich die Befallsstärke in Anteil befallener Blättfläche erfasst. Es war möglich eine starke negative lineare Korrelation zwischen verschiedenen Vegetationsindizes und der Befallsstärke durch die untersuchten Pathogene nachzuweisen. Eine Differenzierung zwischen gesunden und befallenen Pflanzen anhand Pathogenunspezifischer Indizes war möglich.

Befallsstärke von Blattkrankheiten an Zuckerrüben

Anne-Katrin Mahlein, Ulrike Steiner, Heinz-Wilhelm Dehne, Erich-Christian Oerke

Universität Bonn, Institut für Nutzpflanzenwissenschaften und Ressourcenschutz, Abteilung Pflanzenkrankheiten, Nussallee 9, 53115 Bonn
amahlein@uni-bonn.de

In der hyperspektralen Nah- und Fernerkundung von Pflanzen wird die Reflexion des Sonnenlichtes durch die Vegetationsdecke im sichtbaren, nah- und kurzwelligen Infrarotbereich erfasst. Unter Krankheitsbefall ändert sich, bedingt durch einen Einfluss der Pathogene auf Physiologie und Morphologie sowie durch krankheitspezifische Symptome die typische spektrale Signatur einer Pflanze. Vegetationsindizes, die sich

aus der spektralen Reflexion berechnen lassen, ermöglichen oft Rückschlüsse auf physiologische Eigenschaften von Pflanzen. Das Potential dieser Methode zur berührungslosen Erfassung und Differenzierung von Pflanzenkrankheiten wurde am Beispiel der Zuckerrübe untersucht. Die pilzlichen Pathogene *Cercospora beticola* (Sacc.), *Erysiphe betae* (Vanha) und *Uromyces betae* (Pers.) Lev. beeinflussen die spektralen Eigenschaften von Zuckerrübenblättern aufgrund ihrer unterschiedlichen Lebensweise (pertotroph bzw. obligat biotroph) und Symptomausprägung in unterschiedlicher Weise.

Mit einem nicht abbildenden hyperspektralen Sensor wurden charakteristische Spektren befallener Zuckerrübenblätter täglich bis 21 Tage nach Inokulation erfasst. Aus den gewonnenen Daten wurden verschiedene Vegetationsindizes berechnet, welche z.B. mit der Vitalität von Blättern, aber auch mit dem Gehalt an Pigmenten wie Chlorophyll a/b oder Anthocyan korrelieren. Zusätzlich wurde täglich die Befallsstärke in Anteil befallener Blättfläche erfasst. Es war möglich eine starke negative lineare Korrelation zwischen verschiedenen Vegetationsindizes und der Befallsstärke durch die untersuchten Pathogene nachzuweisen. Eine Differenzierung zwischen gesunden und befallenen Pflanzen anhand Pathogenunspezifischer Indizes war möglich.

Räumliche Verteilung von *Fusarium*-Arten und Mykotoxinbelastung in Weizenbeständen

Norbert Schlang, Ulrike Steiner, Heinz-Wilhelm Dehne, Erich-Christian Oerke

Universität Bonn, Institut für Nutzpflanzenwissenschaften und Ressourcenschutz (INRES) – Phytomedizin, Nussallee 9, 53115 Bonn
n.schlang@uni-bonn.de

Die wichtigsten Erreger der partiellen Taubährigkeit an Weizen in Mitteleuropa sind *F. avenaceum*, *F. culmorum*, *F. graminearum* und *F. poae*. Neben quantitativen Ertragsverlusten führt ein Befall mit diesen Arten zu einer Mykotoxinbelastung des Ernteguts.

An zwei Standorten in der Köln-Aachener-Bucht wurde die räumliche Verteilung der Häufigkeit und Intensität des Kornbefalls mit den verschiedenen *Fusarium*-Arten sowie die Mykotoxinbelastung der Körner untersucht. Hierzu wurden Standard- und RealTime-PCR Methoden sowie eine LC-MS/MS-Multimykotoxinanalyse-Methode angewendet. Die Ergebnisse wurden mit einem geographischen Informationssystem (ArcGIS) kartiert und ausgewertet. Es wurde ein aggregiertes Auftreten von Erregern und mykotoxinbelasteten Körnern festgestellt.

Räumliche Verteilung von *Fusarium*-Arten an Weizenähren

Constanze Sommer, Ulrike Steiner, Erich-Christian Oerke, Heinz-Wilhelm Dehne

Universität Bonn, INRES, Pflanzenkrankheiten, Nussallee 9, 53115 Bonn
csommer@uni-bonn.de

Pilze der Gattung *Fusarium* gehören weltweit zu den wichtigsten Schadpilzen im Getreideanbau. Die partielle Taubährigkeit im Weizen wird von einem Schaderregerkomplex, aus einer Vielzahl von *Fusarium*-Arten verursacht. Innerhalb eines Bestandes weisen typischerweise einzelne Ähren starke Symptome der partiellen Taubährigkeit auf, andere erscheinen befallsfrei.

Zur Untersuchung der Heterogenität des Auftretens von *Fusarium* spp. an Weizenähren wurden an mehreren Stellen eines Schrages auf einer Fläche von 1 × 1 m 25 Proben aus

einem georeferenzierten Raster von 20 × 20 cm gezogen. Die Probenahme fand zum Zeitpunkt der Vollreife statt. Ermittelt wurden der Ertrag und das mittlere Tausendkorngewicht innerhalb der Rasterproben. Zur Erfassung des *Fusarium*-Befalls wurden 120 Körner je Probe nach einer Oberflächen-desinfektion auf einem Selektivmedium ausgelegt und anhand der makro- und mikroskopischen Merkmale die auftretenden *Fusarium*-Arten identifiziert. Weiterhin wurde bei einer Rasterprobe die räumliche Verteilung der Ähren erfasst und die auftretenden *Fusarium*-Arten am oberen-, mittleren- und unteren Ährenanteil identifiziert und räumlich zugeordnet.

Zum Auftreten von *Colletotrichum gloeosporioides* an *Gaultheria* – Vergleich von Isolaten

Stephanie Nehrlich

Julius Kühn-Institut, Institut für Züchtungsforschung an Gartenbaulichen Kulturen und Obst, Erwin-Baur-Str. 27, 06484 Quedlinburg
stephanie.nehrlich@jki.bund.de

No abstract available.

Mutationen im Zielprotein (CYP51) der Demethylierungs-inhibitoren in phytopathogenen Pilzen und ihre praktische Relevanz

Gerd Stammler, Andreas Koch, Dieter Strobel, Martin Semar

BASF SE, Agrarzentrum, Speyerer Strasse 2, 67117 Limburgerhof, Deutschland
gerd.stammler@basf.com

Demethylierungsinhibitoren (DMI) hemmen die Ergosterol-Biosynthese in Pilzen durch Inhibition der Sterol 14 α -demethylase (CYP51). Bei der Bekämpfung von Getreide-Pathogenen stellen sie die zurzeit wichtigste Fungizidgruppe dar.

In europaweiten Monitoring-Studien zur DMI-Sensitivität bei *Mycosphaerella graminicola* konnte eine Häufigkeitsverschiebung zu höheren ED₅₀-Werten in Mikrotitertests festgestellt werden, die sich in den letzten Jahren stabilisierte. Insbesondere Aminosäuren-Austausche im CYP51 an den Positionen 136, 137, 379, 381 sowie Mutationen oder Deletionen in der YGYG-Region (459-462) wurden als Ursache für die unterschiedliche DMI-Sensitivität diskutiert. Einige Mutationen kommen alleine vor, andere nur in Kombination. Nahezu alle Haplotypen lassen sich in zehn Klassen (R-Typen) einteilen. Eine europaweite Kartierung der wichtigsten Anbauggebiete zeigte die Präsenz verschiedener CYP51 Haplotypen in allen untersuchten Regionen und selbst innerhalb eines Feldes. Haplotypen mit der I381V Mutation stellten in den meisten Regionen den größten Anteil der Population. Die Häufigkeit der V136A-Haplotypen war geringer, Wildtyp-Isolate traten nur selten auf. Korrelationen des Haplotyps mit der Sensitivität (ED₅₀) gegenüber Epoxiconazol im Mikrotitertest zeigten, dass innerhalb eines R-Typs eine breite ED₅₀-Variabilität vorliegt, die darauf schließen lässt, dass die bekannten Mutationen im CYP51 nur einen begrenzten Einfluss auf die Sensitivität gegenüber Epoxiconazol haben. In zahlreichen Feldversuchen über mehrere Jahre konnte auch keine Korrelation zwischen der Häufigkeit bestimmter Haplotypen und der Feldwirkung von Epoxiconazol festgestellt werden. Die Häufigkeit der Mutationen I381V und V136A wurde in Feldversuchen nach DMI-Behandlungen bestimmt um zu erkennen ob DMIs einzelne Haplotypen selektieren. Während manche Azole eher die Mutation I381V selektierten und V136A deselektierten, hatte Prochloraz eher einen gegenläufigen Effekt. Epoxiconazol zeigte keine signifikanten Selektionseffekte.

Untersuchungen zum CYP51 in *Puccinia triticina* ergaben, dass in diesem Pathogen die Wildtyp Sequenz in Europa vorherrscht und nur an Aminosäureposition 134 (homolog zu 137 in *M. graminicola*) in wenigen Isolaten eine Mutation gefunden wurde. Da diese Mutation in Isolaten mit unterschiedlichen ED₅₀-Werten gegenüber Epoxiconazol gefunden wurde, kann sie auch nur einen begrenzten Einfluss auf die Epoxiconazol Sensitivität haben.

Falscher Mehltau (*Perofascia lepidii*) an Kresse (*Lepidium sativum*) – ein unlösbares Problem?

Roswitha Ulrich

Regierungspräsidium Giessen, Pflanzenschutzdienst Hessen, Schanzenfeldstrasse 8, 35578 Wetzlar
roswitha.ulrich@rpgi.hessen.de

Für die Keimschalenproduktion der Gartenkresse (*Lepidium sativum*) wird viel Saatgut in hoher Qualität benötigt. Die Produktion dieses Saatgutes erfolgt großflächig auf Feldern. 2007 suchten Produzenten von Kressesaatgutes erstmals Hilfe bei den Pflanzenschutzdiensten der Länder. In den Vermehrungsbeständen gab es hohe Verluste durch einen Befall mit dem Falschen Mehltaupilz (*Perofascia lepidii* syn. *Peronospora lepidii* od. *Peronospora parasitica lepidii*). Der in der Keimschalenproduktion völlig unbekannt und unproblematische pilzliche Schaderreger, der die Pflanzen frühestens ab beginnender Rosettenbildung schädigt, be- und verhindert im Saatgutbestand die Ausbildung von Samen.

In einem Bestand zur Saatgutvermehrung waren bereits 4 Wochen nach der Aussaat hellergrüne, zurück gebliebene, kleinere Pflanzen mit gestauchtem Wuchs und verdrehten Blättern zu sehen. Die Blattunterseite dieser Pflanzen war von einem mehr oder weniger dichten weißen Belag bedeckt, wobei die grünen Blattadern gut sichtbar und ohne Belag waren. Die Blattränder besonders stark befallener Blätter zeigten eine ungleichmäßige, rötliche Anthocyanfärbung. Auch auf den mehr oder weniger verkrümmt und verdellten Blattstielen war dieser Belag, allerdings weniger dicht, zu sehen. Stark befallene Blätter verdrehten und krümmten sich nach unten. In diesem Stadium breitet sich der weiße puderige Belag auch auf die Blattoberseiten aus. An bereits geschossenen Pflanzen reicht die Palette der Symptome von einem kompletten Befall des gesamten Samenträgers bis hin zu Symptomen nur an einzelnen Verzweigungen des Blüten- oder Samenstandes. Bei einem Befall der Samenstände mit dem Falschen Mehltau sind neben dem typischen dichten weißen Belag auf allen Pflanzenteilen, Stängeln, Blättern, Blüten und Samenständen massive Verkrümmungen und Verdellungen der Stängel, Stauchungen der Blüten- und Samenstände, sowie vergilbte, verdrehte, verkleinerte, später nekrotisierende und absterbende Blätter zu finden. Unter dem Belag ist der Stängel streifig, grau bis violett verfärbt. Der dichte weiße Belag besteht aus unzähligen Konidienträgern und Konidien des Falschen Mehltaupilzes. Im Mikroskop sind die für Peronosporaceen typischen geweihartigen Sporenträger und die eiförmigen, an beiden Enden etwas zugespitzten Konidien (Sporen) mit einer Länge von 31 bis 38 μ m und einer Breite von 20 bis 24 μ m zu sehen. Die starken Verkrüppelungen und Stauchungen sind auf ein systemisches Wachstum des Pilzes und massive Eingriffe in den Wuchsstoffhaushalt der Pflanze zurückzuführen. *Perofascia lepidii* und *Albugo candida* wurden durch Pathoscan molekularbiologisch an Saatgut aus im vorigen Jahr erkrankten Beständen nachgewiesen. Bereits in den vergangenen Jahren waren den Vermehrern in den Beständen vereinzelt erkrankte Pflanzen aufgefallen. Ursache der starken Probleme im letzten Jahr waren vermutlich eine Anreicherung des Pilzes und die für den Pilz außerordentlich günstigen Witterungsbedingungen. Über die Biologie und die Ansprüche des Falschen Mehltaus (*Perofascia lepidii*) an Kresse ist wenig bekannt.

Ohne eine Lösung der Probleme mit dem Falschen Mehltau in Saatgutbeständen der Gartenkresse wird es in der Zukunft, zumindest für ökologisch wirtschaftenden Betrieben, in Deutschland keine Kressesamenproduktion mehr geben.

AK NEMATOLOGIE, 11.03.2009

AUSWIRKUNGEN ERHÖHTER RESSOURCENVERFÜGBARKEIT AUF DIE NEMATODENFAUNA EINES TROPISCHEN BERGREGENWALDES IN SÜDECUADOR

Ackermann, Michael¹, Krashevskaja, Valentyna², Maraun, Mark², Scheu, Stefan², Rueß, Liliane³
¹*Technische Universität Darmstadt, Institut für Zoologie, Schnittspahnstr. 3, 64287 Darmstadt, Deutschland*

²*Georg-August-Universität Göttingen, J.-F.-Blumenbach-Institut für Zoologie und Anthropologie, Berliner Str. 28, 37073 Göttingen, Deutschland*

³*Humboldt-Universität zu Berlin, Institut für Biologie, AG Ökologie, Invalidenstr. 42, 10115 Berlin, Deutschland*

Contact: ackermann.michael@gmx.net

Bergregenwälder der Anden in Südecuador gehören zu den artenreichsten Ökosystemen der Erde. Die Bodenfauna dieser Wälder wurde bisher jedoch kaum erfasst. Die vorliegende Studie untersucht die freilebenden Nematoden mit dem Fokus auf Auswirkungen erhöhter Nährstoffversorgung auf die Zusammensetzung der Gemeinschaftsstruktur. Versuchspartzen (0,10m², n=32) wurden über einen Zeitraum von zwei Jahren alle zwei Monate mit Kohlenstoff (C, Glukose), Stickstoff (N, NH₄NO₃), und Phosphor (P, NaH₂PO₄) in der fünffachen Menge des durchschnittlichen jährlichen Eintrags dieser Nährstoffe gedüngt. Die Applikation erfolgte in einem voll faktoriellen Blockdesign (n=4). Abundanz, trophische Struktur und Diversität der Nematoden wurden bis zur Familienebene ermittelt. Die unbehandelten Kontrollflächen zeigten mit 106 Ind./gTG Boden eine deutlich geringere Populationsdichte der Nematoden als z.B. Laubwälder gemäßiger Breiten. Zugabe von Nährstoffen führte zu keiner signifikanten Veränderung der Dichte der Nematoden. Im Gegensatz dazu hatte die Düngung Einfluss auf die trophische Zusammensetzung und die Diversität der Nematodengemeinschaft. Zugabe von C bewirkte einen Anstieg der Pilzfresser und eine Abnahme der Omnivoren, Räuber und Pflanzenfresser. Die Diversität ging von durchschnittlich 18 Familien im Kontrollboden auf 10 Familien in der kombinierten Behandlung mit C und P zurück. Der Maturity Index nahm von 3,22 auf den Kontrollflächen auf 1,93 bei Applikation von C+N+P ab. Dies weist auf eine starke Störung der Gemeinschaft hin. Insgesamt veränderte der erhöhte Nährstoffeintrag in den Boden die Struktur der Nematodengemeinschaft stark und wirkte sich insbesondere für K-Strategen negativ aus. Opportunistische Nematodenfamilien konnten dagegen die verfügbaren Nährstoffe effizient nutzen.

KARTOFFELN ALS FANGPFLANZE UND KURZANBAU SOWIE ANDERE NEUIGKEITEN IN NEMADECIDE 1.5 UND NEMADECIDE 2

Been, Thomas¹, Schomaker, Corrie¹, Molendijk, Leendert²

¹*Plant Research International, PB 16, 6700 AA, Wageningen, Niederlande*

²*Applied Plant Research (PPO-AGV), Wageningen University and Research, P.O. Box 430, NL-8200 AK Lelystad*

Contact: thomas.been@wur.nl

Neu analysierte Daten aus der angewandten Forschungsstation PPO-agv Lelystad sowie Ergebnissen aus laufenden Feld- und Gewächshausversuchen werden kontinuierlich in das Beratungssystem für pflanzenparasitäre Nematoden NemaDecide eingefügt. Die neue Version für Kartoffelzystemnematoden wurde dieses Vorjahr fertiggestellt. Die interessantesten

Zufügungen sind der Gebrauch der Kartoffel als Fangpflanze und der Kurzanbau von Pflanzkartoffel. Diese neuen Ergebnisse werden präsentiert und ihre Wirkung wird mit NemaDecide demonstriert. Inzwischen sind die Arbeiten an NemaDecide 2 mit Schwerpunkt *Meloidogyne chitwoodi*, *M. fallax* und *Pratylenchus penetrans* weiter fortgeschritten. Modelle, die die Konkurrenz zwischen mehreren Nematodenarten beschreibt, wurden sowohl hinsichtlich Ertragsverluste als auch für die Populationsdynamik entwickelt. Entsprechende Beispiele werden gezeigt.

VISUALIZATION OF CELLULAR AND SUBCELLULAR STRUCTURES OF THE ROOT KNOT NEMATODE INTERACTION BY CONFOCAL LASER SCANNING MICROSCOPY

Fester, Thomas¹

¹Permoserstrasse 15, 04318 Leipzig

Contact: thomas.fester@ufz.de

A simple method is presented to analyze structural details of the root knot nematode interaction in whole-mount material. The material is fixed by glutaraldehyde, cleared by chloralhydrate and analyzed by confocal laser scanning microscopy. The method was used to study the development of the root knot nematode interaction in *Zea mays* and *Arabidopsis thaliana*. Micrographs and 3D-reconstructions obtained allowed in particular to analyze giant cell nuclei and xylem development in the vicinity of giant cells. The experimental ease of sample preparation and microscopic analysis allowed parallel processing of multiple samples and statistical data analysis. Xylem development was particularly remarkable in the case of *Z. mays* and resulted in the formation of extensive xylem cages surrounding the giant cells. Monitoring of nuclear and nucleolar size distribution in giant cells clearly demonstrated different phases of nuclear development correlating with giant cell age and physiology.

WECHSELBEZIEHUNGEN ZWISCHEN HETERODERA SCHACHTII UND RHIZOCTONIA SOLANI AN DER ZUCKERRÜBE: BERÜHRUNGSLOSER NACHWEIS UND SORTENVERGLEICH

Hillnhütter, Christian¹, Sikora, Richard Alexander¹, Oerke, Erich-Christian¹

¹Universität Bonn, INRES-Phytophysiologie, Nußallee 9, 53115 Bonn, Deutschland

Contact: chillnhu@uni-bonn.de

Charakteristischerweise treten bodenbürtige Schadorganismen in Zuckerrübenfeldern häufig nesterweise auf. Für Teilschlag-spezifische vorbeugende Maßnahmen müssen leistungsfähige Sensoren in Verbindung mit Systemen zur Georeferenzierung vorhanden sein, um die Verteilung und Entwicklung der Pathogene erfassen und bewerten zu können.

In Inokulationsversuchen unter kontrollierten Bedingungen wurden für *Heterodera schachtii* und *Rhizoctonia solani* verschiedene Befallsintensitäten eingestellt und der Verlauf der Krankheiten in Zeitreihen über sechs Wochen erfasst. Besondere Beachtung galt dabei der Krankheits- und Schadentwicklung bei der Kombination der beiden Pathogene. In diesen Versuchen wurden unterschiedlich anfällige Sorten verwendet: eine *Heterodera*-resistente, eine *Rhizoctonia*-tolerante und eine für beide Versuchsorganismen anfällige Hohertragsorte. Veränderungen der Pflanzenvitalität der verschiedenen Zuckerrübensorten durch die beiden Schaderreger wurden mit Hilfe berührungsloser Hyperspektralmessungen und Infrarot-Thermographie erfasst.

Mit verschiedenen Vegetationsindizes wie dem Normalized Differentiated Vegetation Index konnten aus den Reflexionspektren der Blätter Rückschlüsse auf die Vitalität der Zuckerrübensorten gezogen werden. Durch die Hyperspektralmessungen konnte bereits in einem frühen Stadium des Befalls der Zuckerrüben eine Veränderung der Reflexion der Blätter festgestellt werden. Bei gleichzeitigem Befall durch *H.schachtii* und *R.solani* konnten schnellere Symptomentwicklung der Rübenfäule und frühzeitiges Absterben der Pflanzen nachgewiesen werden.

Zur genaueren Untersuchung der gefundenen Interaktion wurde in einem weiteren Versuch eine zeitlich versetzte Inokulation der beiden Schadorganismen realisiert. Die Nematoden wurden entweder direkt mit, oder zwei Wochen nach *R.solani* inokuliert. Von diesen Pflanzen wurden wiederum mit Hilfe des Hyperspektralsensors Daten gewonnen um Rückschlüsse auf die Pflanzenvitalität zu ziehen. Die Behandlung bei gleichzeitiger Inokulation der Versuchsorganismen zeigte einen schnelleren Rückgang der Vitalität verglichen mit der zeitlich versetzten Inokulations-Variante.

VIRULENCE IN DUTCH GLOBODERA PALLIDA POPULATIONS

Molendijk, Leendert¹, Thea van Beers¹, Corrie Schomaker², Plant Protection Service, Geertjesweg 15, P.O. Box 9102, NL-6700 HC Wageningen³

¹Applied Plant Research (PPO-AGV), Wageningen University and Research, P.O. Box 430, NL-8200 AK, Lelystad

²Plant Research International, Biometrics, PB 16, NL-6700 AA, Wageningen

³Loes den Nijs

Contact: leendert.molendijk@wur.nl

Resistance of potato varieties form the most important tool in the management strategy to control potato cyst nematodes. In the Netherlands partial resistant varieties against *G. pallida* are successfully used to keep populations below detection threshold levels. When new varieties are evaluated for resistance it is important that nematode populations used are relevant for the actual field situation. To determine whether the test populations that breeders use are still relevant the Dutch Plant Protection Service initiated a research project to survey the virulence of Dutch *G. pallida* field populations. PPO agv collected populations from fields where potato cyst populations raised above the expected maximum population density connected to the relative susceptibility of the cultivar. The fitness of 40 populations was brought to a comparable levels by multiplying the field populations on a susceptible variety. Ultimately the populations were tested on the partial resistant varieties Seresta, Innovator, Santé and compared with the susceptible variety Desirée at a population density of 5 nematodes/g soil. Results will be presented and the implications for European PCN management strategies will be discussed. Also the limitations of this evaluation are given and an ultimate virulence test will be discussed.

SCHÄDIGUNG VON ZUCKERRÜBEN DURCH HETERODERA SCHACHTII

Niere, Björn¹

¹Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Institut für Epidemiologie und Pathogendiagnostik

Contact: bjoern.niere@jki.bund.de

Das Ausmaß der Schädigung von Zuckerrüben durch Rübenzystennematoden (*Heterodera schachtii*) ist von mehreren Faktoren abhängig. Insbesondere die Besatzdichte der Nematoden und die Temperatur zum Zeitpunkt der Jugendentwicklung der Zuckerrüben haben einen starken Einfluss auf die Schädigung von Zuckerrüben. Die Bestimmung des Nematodenbesatzes erfolgt in der Regel durch die Entnahme einer Bodenprobe aus den oberen Bodenschichten. In Gefäßversuchen wurde der Einfluss von Rübenzystennematoden in Bodenschichten, die üblicherweise nicht beprobt werden, auf das Rübengewicht und die Populationsdichten von *Heterodera schachtii* untersucht. Ergebnisse werden vorgestellt.

GONADENENTWICKLUNGEN INNERHALB DER PLECTIDAE ALS ARGUMENT ZUR PARAPHYLIE HYPOTHESE

Seiml-Buchinger, René¹

¹*FU-Berlin, Institut Für Biologie/Zoologie, Königin-Luise-Str. 1-3, 12159 Berlin*

Contact: rseimlbuchinger@yahoo.de

Die Plectidae bilden zu den Secernentea ein nah verwandtes Taxon. Trotz ihrer Stellung zu einem so wichtigem Monophylum ist ihre eigene Systematik nicht eindeutig geklärt. Es gibt molekulare Hinweise zur Monophylie der Plectidae, morphologische zur Paraphylie. Die morphologischen Argumente basieren auf dem Vorhandensein zweier unterschiedlicher Klappenapparat-Typen innerhalb der Plectidae. Der parietinusartige Klappen-Typ kommt nur bei den Plectidae, der rhabditisartige Klappen-Typ tritt ebenfalls bei den Secernentea auf.

Ein weiteres wichtiges morphologisches Argument könnte die Entwicklung der Gonaden liefern, bei den Secernentea entstehen sie aus einem 4-zelligen Primordium, bei einigen Plectidae mit parietinusartigen Klappen ist die Gonadenentwicklung aus zwei getrennten, je 2-zelligen Primordia bekannt und beschrieben. Die Untersuchung der Gonadenentwicklung bei sechs weiteren *Plectus*-Arten und einem *Anaplectus*, die Klappenapparate sind alle parietinusartig, bestätigte sich die Bildung der Gonaden aus zwei getrennten Primordien. Dieses Entwicklungsmuster konnte allerdings nicht bei allen Plectidae gefunden werden. Drei *Plectus*-Arten, in diesem Fall mit rhabditisartigen Klappenapparaten, zeigte sich das Entwicklungsmuster der Secernentea. Es findet sich nur eine Gonadenanlage mit vier Zellen. Neben den Klappenapparaten kann dieses als weiteres morphologisches Argument für die Paraphylie der Plectidae gedeutet werden.

Mitteilungen und Nachrichten

Aus den Arbeitskreisen der Deutschen Phytomedizinischen Gesellschaft (DPG):

Tagung der DPG-Arbeitskreise „Nematologie“ und „Freilebende Nematoden“ – 2009

Im Jahr 2009 traf sich der Arbeitskreis „Nematologie“ der Deutschen Phytomedizinischen Gesellschaft (DPG) gemeinsam mit dem Arbeitskreis „Freilebende Nematoden“ vom 11. bis 12. März an der Landwirtschaftskammer Nordrhein-Westfalen, Kreisstelle Aachen/Düren/Euskirchen, Rütger-von-Scheven-Straße 44, 52349 Düren. Ein ganz besonderer Dank gebührt Herrn Ewald ADAMS und seinem Team von der Landwirtschaftskammer Nordrhein-Westfalen für die Bereitstellung der Räumlichkeiten und die hervorragende Bewirtung während der Veranstaltung sowie dem Rheinischen Rübenbauer-Verband und der Zuckerfabrik Pfeifer & Langen für die Übernahme des Mittagessens am 11. März. Fünfundzwanzig Teilnehmer hatten am Vormittag des 11. März zudem die Gelegenheit, unter fachkundiger Führung von Dr. DUMBECK, RWE Power AG, den Tagebau Garzweiler zu erkunden. An der Arbeitskreistagung nahmen 78 Teilnehmer aus Deutschland, Niederlande, Österreich und der Schweiz teil. In 20 Vorträgen und 3 Postern wurden aktuelle Arbeiten zu nematologischen Fragestellungen vorgestellt. Einen gewissen Schwerpunkt stellten Arbeiten zu *Heterodera schachtii* anlässlich dessen Entdeckung vor 150 Jahren dar. Desweiteren behandelten die Beiträge das breite Spektrum grundlagenorientierter und angewandter Arbeiten in der Nematologie, von morphologischen und taxonomischen Fragestellungen, über Diversität freilebender Nematoden bis hin zu Wirt-Parasit-Interaktionen und Bekämpfungsverfahren pflanzenparasitärer Nematoden. Sämtliche Kurzfassungen der Arbeitskreistagung sind auf der Homepage der DPG (www.phyto-medizin.org) einzusehen. Die nächste gemeinsame Tagung der beiden Arbeitskreise findet am 16. und 17. März 2010 am Staatlichen Weinbauinstitut in 79100 Freiburg (www.wbi-freiburg.de) statt. Die Organisation vor Ort übernimmt dankenswerterweise Dr. Peter KNUTH.

Für den AK Nematologie:

Dr. Johannes HALLMANN (JKI Münster),

Dr. Peter KNUTH (LTZ Augustenberg)

Für den AK Freilebende Nematoden:

Prof. Dr. Liliane RUESS (Humboldt Universität zu Berlin)

Die Zusammenfassungen einiger Vorträge werden im Folgenden wiedergegeben.

150 Jahre Entdeckung von *Heterodera schachtii*

Johannes HALLMANN

Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen,
Institut für Epidemiologie und Pathogendiagnostik, Toppheideweg 88,
48161 Münster

E-Mail: johannes.hallmann@jki.bund.de

Vor 225 Jahren begann der Berliner Chemiker und Naturforscher Franz Carl ACHARD mit der systematischen Züchtung und dem Anbau von Zuckerrüben. Um 1850 erlebte der Rübenanbau in Mitteldeutschland einen starken Aufschwung. Infolge eines intensiven Anbaus der Zuckerrüben in Fabriknähe, häufig in Monokultur, gingen die Erträge bereits nach kurzer Zeit zurück; die Böden wurden rübenmüde. Auf der Suche nach der Ursache für den Ertragsrückgang beobachtete

Hermann SCHACHT 1859 „kleine weiße Pünktchen“ an den Wurzeln von Zuckerrüben. „In Ermangelung eines Mikroskops hielten wir die Pünktchen für Milben, bei genauer Untersuchung zeigte sich dagegen, dass sie aus einem häutigen Sacke, der an beiden Enden etwas spitz zulief und dort die beiden Leibesöffnungen hatte, bestanden. Die eine dieser Oeffnungen war bei den größeren Säckchen mit einer schleimigen am Rande erhärteten Masse umgeben, in welcher sich häufig sehr kleine längliche runde Eier, die einen Wurm umschlossen, befanden“. Die Helminthologen N. LIEBERKÜHN und G. WAGENER sahen in diesem Nematoden eine neue, bisher unbekannte Art. Im Jahre 1868 wies Julius KÜHN nach, dass dieser Nematode Ursache der Rübenmüdigkeit war. Es dauerte noch weitere 3 Jahre, bis A. SCHMIDT 1871 der neuen Nematodenart letztendlich seinen Namen gab: „In seiner Bescheidenheit wollte der Entdecker mit Benennung seines Fundes den Zoologen von Fach nicht vorgehen. So mag denn der Rüben-Nematode als ein kleines Ehrenkmal des zu früh von uns entrissenen tüchtigen Forschers dastehen und sich als *Heterodera schachtii* in die Wissenschaft einreihen“. *Heterodera schachtii* ist heute in allen bedeutenden Rübenanbaugebieten verbreitet und stellt dort einen bedeutenden Schaderreger dar. Da die Stammform der Zuckerrübe sehr wahrscheinlich die an der Mittelmeer- und Nordseeküste beheimatete *Beta vulgaris* L. ssp. *maritima* ist, vermutet man auch das ursprüngliche Auftreten von *H. schachtii* in dieser Region.

(DPG AK Nematologie und freilebende Nematoden)

Die AG Nematoden im Rheinland – Entstehung und Aufgaben

Fritz NELLES

Landwirtschaftlicher Informationsdienst Zuckerrübe, Dürener Straße 71,
50189 Elsdorf

E-Mail: fritz.nelles@liz-online.de

Auf einer Jahrestagung des Landwirtschaftlichen Informationsdienstes Zuckerrübe (LIZ) Anfang 1997 machte ein Vergleich der Ertragsniveaus verschiedener Regionen die diesbezüglich unbefriedigende Situation im Rheinland deutlich. Bei der Ursachenforschung kristallisierten sich mit Bodenstruktur/Bodenbearbeitung, Nährstoffangebot und *Heterodera schachtii* drei Bereiche heraus, wo sich Handlungsbedarf abzeichnete. Bei den Nematoden war es der Anbau resistenter Zwischenfrüchte, der, anders als in den Versuchen, in der Praxis oft nur mäßigen Erfolg bei der Kontrolle des Rübenzysten-nematoden zeigte. Deshalb wurde eine Arbeitsgruppe Nematoden gebildet, der auch Vertreter der JKI-Außenstelle Elsdorf, des Pflanzenschutzdienstes der Landwirtschaftskammer Rheinland und des Rheinischen Rübenbauverbandes beitraten. Im Laufe des nunmehr 12jährigen Bestehens hat sich die AG Nematoden mit den verschiedensten Fragestellungen beschäftigt, Lösungsansätze erarbeitet und deren Umsetzung in der rübenanbauenden Praxis begleitet. Stellvertretend sind nachstehend einige Beispiele aufgeführt: Mit einem Leitfaden als „Einmaleins zum erfolgreichen Zwischenfruchtanbau“ und einer PC-gestützten Entscheidungshilfe, mit deren Hilfe bei den konkreten, aktuellen Anbaubedingungen die mögliche Wirkung auf Nematodendichten und Zuckerertrag berechnet werden kann, startete die Arbeit. Zusätzlich wurde eine Folienreihe zur biologischen Nematodenbekämpfung erstellt, die den beratenden Institutionen die Möglichkeit erleichtern sollte, dieses Thema in Vorträgen aufzugreifen. Neben der Symptombeschreibung und der sinnvollen Nutzung von Infrarot-Luftbildaufnahmen waren darin weitere Angebote zur Optimierung des Verfahrens Anbau resistenter Zwischenfrüchte beschrieben bis hin zu einem Ausblick auf den Anbau resistenten-

ter Zuckerrübensorten mit ersten Ergebnissen. Voraussetzung für ein vernünftiges Bekämpfungsmanagement ist die Kenntnis der Nematoden-Besatzdichte im Boden. Angesichts der Tatsache, dass eine aufwändige Feldbeprobung in der Praxis nicht oder nicht vernünftig durchgeführt wird, kann mit dem von der AG Nematoden entwickelten Verfahren der Erdschwadbeprobung (nach der Verladung von Feldrandmieten mittels Lademäusen) der Praxis ein Verfahren angeboten werden, das den Erdschwad als ausgezeichnete Stichprobe für die Bestimmung des Nematodenbesatzes nutzt. Mit Hilfe eines jährlich zu ermittelnden Faktors wird dabei die Nematodendichte im Erdschwad in ein adäquates Feld-Niveau umgerechnet. Für den Rübenkopfnematoden *Ditylenchus dipsaci*, auch in Teilen der Köln-Aachener Bucht vorkommend, wurde mit der Bestimmung der Kopfschnittflächenfäule eine Boniturmethode entwickelt, die einen Vergleich der Empfindlichkeit von Sorten gegenüber diesem Schädling ermöglicht. Jährliche Sortenscreenings, an denen sich auch das Landwirtschaftliche Technologiezentrum Augustenberg in Stuttgart, die ARGE Franken und die Schweizerische Fachstelle für Zuckerrübenbau beteiligen, sind Grundlage für die Bewertung von Sorten und Sortenstämmen. Bedingt durch die agrarpolitische Maßnahme zur Restrukturierung des Zuckerrübenbereichs mit abgesenkten Quotenmengen und Auszahlungspreisen hat in den letzten Jahren vermehrt Raps als Blattfruchtalternative Einzug in die Rübenfruchtfolgen gehalten. Um Raps als zusätzliche Wirtspflanze für den Rübenzystemnematoden in der Fruchtfolge mit Zuckerrüben bewerten zu können, wird dessen Populationsentwicklung versuchsmäßig betrachtet. Um eine Nematodenvermehrung am Ausfallraps zu unterbinden, wurde mit dem PC-gestützten „Ausfallraps-Manager“ ein Instrument geschaffen, das die Landwirte auf Basis regionaler Bodentemperaturen rechtzeitig vor Vermehrung der Nematoden warnt und bei der richtigen Terminierung der Ausfallraps-Bekämpfung unterstützt. Zukünftig wird die Arbeit der AG Nematoden neben der weiteren Betrachtung des Rapses in Rübenfruchtfolgen vor allem geprägt sein durch die Entwicklung eines effizienten Nematodenmanagements. Ziel ist die wirtschaftliche Optimierung aller Möglichkeiten von der Fruchtfolgegestaltung über die biologische Bekämpfung mittels Zwischenfrüchten bis zum Anbau toleranter bzw. resistenter Zuckerrüben.

(DPG AK Nematologie und freilebende Nematoden)

Leistung nematodentoleranter Zuckerrübensorten: Auswertung von Anbauversuchen der AG Nematoden im Rheinland aus den Jahren 2004 – 2008

Christian HEINRICHS

Landwirtschaftskammer Nordrhein-Westfalen, Pflanzenschutzdienst,
Siebengebirgsstraße 200, 53229 Bonn
E-Mail: christian.heinrichs@lwk.nrw.de

Auf vielen Standorten mit langjährigem und intensivem Zuckerrübenanbau hat sich ein latenter Nematodenbefall eingestellt. So kann bereits durch eine geringe Befallsdichte – besonders in Verbindung mit verspäteten Saatterminen oder ungünstigem Witterungsverlauf - die Ertragsbildung stärker beeinträchtigt werden als gemeinhin angenommen wird. Inwieweit die neuen nematodentoleranten Rübensorten eine Alternative gegenüber dem Anbau von resistenten Zwischenfrüchten oder Zuckerrübensorten sind, wurde in mehreren Versuchen geprüft. Die nunmehr 5-jährigen Daten aus 41 Einzelversuchen zeigen: Im Gegensatz zu Normalsorten erbringen tolerante Sorten auch unter Nematodenbefall hohe Rübenenerträge. Gleichzeitig vermehren sie Nematoden in einem geringeren Umfang als

Normalsorten. Die nematodentoleranten Sorten können schon bei geringem, latentem Nematodenbefall zum Anbau kommen, denn sie erreichen bereits ohne Nematodenbefall ähnlich hohe Rübenenerträge wie die Normalsorten. Treten dann Nematoden schädigend auf und sind die Wachstumsvoraussetzungen zum Beispiel durch späte Saatzeit, zwischenzeitlichen Trockenstress usw. zusätzlich erschwert, erbrachten die geprüften toleranten Sorten Ertragsvorteile von 10 bis 20% bereinigtem Zucker je ha. In Einzelversuchen lagen die Ertragsvorteile sogar über 30%. Während des Versuchszeitraums kam es unter rheinischen Anbauverhältnissen lediglich auf 5 Standorten zu Mindererträgen (maximal 5%) gegenüber einer Normalsorte. In allen Fällen lag dabei die Nematodenbelastung im Bereich der Nachweisgrenze. Auch der Nachweis, dass die Nematodenvermehrung beim Anbau einer toleranten Sorte deutlich geringer ausfällt, konnte erbracht werden. Je nach Jahresverlauf kam es bei den toleranten Sorten im Durchschnitt der Versuchsjahre zu Pf/Pi-Werten von 1,0 bis 3,5. In der gleichen Versuchsreihe vermehrten die Normalsorten den Befall mit dem Faktor 4,5 bis 10,0. Bezieht man den Nematodenabbau innerhalb einer Fruchtfolge mit in die Betrachtung ein, erfolgte auf fast allen Versuchsstandorten sogar eine deutliche Befallsreduzierung. Insgesamt bleibt festzuhalten, dass innerhalb des Nematodenmanagements von *Heterodera schachtii* die toleranten Zuckerrüben, nicht zuletzt wegen der hohen wirtschaftlichen Vorzüglichkeit, eine entscheidende Rolle spielen.

(DPG AK Nematologie und freilebende Nematoden)

Untersuchungen zur Kontrolle von *Heterodera schachtii* durch die Bekämpfung von Ausfallraps nach dem Temperatursummenmodell

Matthias DAUB

Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Institut für Pflanzenschutz in Ackerbau und Grünland, Dürener Strasse 71, 50189 Elsdorf
E-Mail: matthias.daub@jki.bund.de

Seit einigen Jahren nimmt die Anbaufläche von Winterraps stetig zu. Im Zeitraum 2006 bis 2007 stiegen die Rapsanbauflächen Niedersachsens um 13,3 % und Nordrhein-Westfalens um 6,3 %. Die gute Wirtspflanzeeignung von Raps für *Heterodera schachtii* ist spätestens seit den Untersuchungen von Julius KÜHN zur Verwendung von Raps als Fangpflanze vor über 130 Jahren bestens bekannt. Mit einem ähnlichen Ansatz von Raps als Fangpflanze wird in neuerer Zeit die frühzeitige Bekämpfung von Ausfallraps empfohlen. Hierbei kommt der temperaturabhängigen Entwicklung von *H. schachtii* eine zentrale Bedeutung zu. In einem Gewächshausversuch wurden mit *H. schachtii* inokulierte Rapspflanzen (ca. 3000 Eier und Larven/100 ml) durch Anfärbung aller Nematodenstadien in Wurzeln, sowie das Substrat bei Temperatursummen von 135°C, 225°C, 324°C, 396°C, 441°C, 522°C (Basistemperatur 8°C) untersucht. Bei 135°C konnte eine starke Einwanderung von Nematoden mit ca. 1400 Larven/g Wurzelfrischmasse festgestellt werden. Erste Weibchen traten im Substrat bereits nach 225°C auf. Nach 324°C wurde im Substrat eine Vermehrung von Pf/Pi = 7,8 festgestellt. In einem weiteren Versuch in Mikropots mit chemischer Bekämpfung von Ausfallraps bei 239°C, 329°C und 399°C wurde in der Kontrolle (keine Ausfallrapsbekämpfung) sowie bei 329°C und 399°C Vermehrungen von *H. schachtii* festgestellt. Da Ausfallraps schon deutlich vor der Ernte und danach in zeitlich versetzten Abständen auflaufen kann, bleibt für die Ausfallrapsbekämpfung in der Praxis nur ein sehr begrenztes Zeitfenster.

(DPG AK Nematologie und freilebende Nematoden)

Sind Aphelenchiden auch Partikelfresser?

Dieter STURHAN

Arnthstr. 13D, 48159 Münster

E-Mail: sturhandh@web.de

Bau und Feinstruktur von Mundhöhle und Oesophagus liefern wichtige Hinweise auf die Art der Nahrungsaufnahme von Nematoden. Während die Nahrung der „Partikelfresser“ von großen Beutetieren bei den räuberischen Nematoden bis hin zu Bakterien und anderen Mikroorganismen bei den Bacteriophagen und Microbivoren reicht, nehmen – nach herrschender Ansicht – phytophage, myceliophage und bestimmte räuberische Nematoden über ihren Mundstachel nur flüssige Nahrung auf (Viren allerdings eingeschlossen, ebenso „flexible“ Zellbestandteile), darunter die Aphelenchiden. Im Darmlumen von drei aus Bodenproben isolierten mycophagen *Aphelenchoides*-Arten wurden Endosporen von Bakterien der Gattung *Pasteuria* nachgewiesen, bei *Aphelenchoides* spp. und bei *Laimaphelenchus*-Populationen aus einer Holz- und einer Bodenprobe „Sporen“ unbekannter systematischer Zuordnung. Bei mehreren bodenlebenden *Aphelenchoides*-Arten unterschiedlicher Herkunft wurden im Darm begeißelt erscheinende, bis zu 14 µm lange und 3 µm dicke, in unreifem Entwicklungsstadium kettenförmig angeordnete Organismen festgestellt. Ähnliche Organismen von zumeist leicht spiralförmiger Form kamen auch bei *Bursaphelenchus fraudulentus* aus einer Laubholzprobe vor. Myzelfragmente unbekannter Pilze fanden sich im Darm von Weibchen, Männchen und juvenilen Individuen von *B. fraudulentus*, isoliert aus Stammholzproben von Laubbäumen an vier Stellen in Deutschland. Die parasitären oder kommensalen bzw. als Nahrung dienenden Organismen können vermutlich, zumindest teilweise, nur per os in den Darm der Aphelenchiden gelangt sein.

(DPG AK Nematologie und freilebende Nematoden)

Biofumigation gegen pflanzenparasitäre Nematoden: Chancen und Grenzen

Johannes HALLMANN¹, Matthias DAUB², Wolfgang SCHÜTZ³, Michaela SCHLATHÖLTER⁴, Holger BUCK⁵, Florian RAU⁵, Rita GROSCH⁶

¹ Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Institut für Epidemiologie und Pathogendiagnostik, Topphaideweg 88, 48161 Münster

² JKI, Institut für Pflanzenschutz in Ackerbau und Grünland, Dürener Straße 71, 50189 Elsdorf

³ JKI, Institut für ökologische Chemie, Pflanzenanalytik und Vorratsschutz, Erwin-Baur-Str. 27, 06484 Quedlinburg

⁴ P.H. Petersen Saatzeitung Lundsgaard GmbH, 24977 Grundhof

⁵ Kompetenzzentrum Ökolandbau Niedersachsen GmbH, Bahnhofstraße 15, 27374 Visselhövede

⁶ Institut für Gemüse- und Zierpflanzenbau, Theodor Echtermeyer Weg 1, 14979 Großbeeren

E-Mail: johannes.hallmann@jki.bund.de

Die Biofumigation gilt als ein viel versprechendes Verfahren für die Bekämpfung pflanzenparasitärer Nematoden. Gute Bekämpfungserfolge werden u. a. aus U.S.A., Australien und Italien berichtet. Doch führt die Biofumigation auch unter gemäßigten Klimabedingungen und in hiesigen Anbausystemen zu einer guten Nematodenbekämpfung? Dieser Fragestellung wurde im Rahmen des Programms zur Innovationsförderung des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz nachgegangen. In mehreren Feldversuchen auf Praxisbetrieben wurden der Wirkungsgrad und die Wirkungssicherheit der Biofumigation gegen verschiedene pflanzenparasitäre Nematoden untersucht. Die Ergebnisse haben gezeigt, dass für eine nachhaltige Reduzierung pflanzen-

parasitärer Nematoden mittels der Biofumigation Arten bzw. Sorten einzusetzen sind, die während des Anbaus nicht zu einer Vermehrung der jeweiligen Nematoden führen. Weiterhin sollte die Biofumigationkultur bei möglichst hohen Bodentemperaturen (ca. 20°C) eingearbeitet werden, d. h. spätestens Anfang/Mitte September. Eine abschließende Versiegelung des Bodens durch leichtes Anwalzen bzw. einer Beregnung (ca. 40 mm) erhöht die Verweildauer der Wirkstoffe im Boden und damit den Wirkungsgrad. Unter diesen Bedingungen ist eine Bekämpfung von *Meloidogyne hapla*, *Pratylenchus* spp. und *Ditylenchus dipsaci* möglich. Das Verfahren lässt aber noch viele Fragen offen, wie z. B. Höhe der erforderlichen N- und S-Versorgung im Boden oder Nebenwirkungen auf nicht Zielorganismen. Ungeachtet der noch offenen Fragen bietet die Biofumigation eine Chance für die nachhaltige Bekämpfung pflanzenparasitärer Nematoden. Das Bekämpfungspotenzial dieses jungen Verfahrens ist aber bei weitem noch nicht ausgeschöpft. Beachtliche Wirkungssteigerungen werden vor allem von neuen Sorten bzw. Arten mit entsprechend hohen Glucosinolatgehalten erwartet.

(DPG AK Nematologie und freilebende Nematoden)

Untersuchungen zur Schadwirkung von *Heterodera filipjevi*

Eberhard GROßE

Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Institut für nationale und internationale Angelegenheiten der Pflanzengesundheit, Stahnsdorfer Damm 81, 14532 Kleinmachnow

E-Mail: eberhard.grosse@jki.bund.de

Erst seit einigen Jahren ist bekannt, dass in Deutschland neben *Heterodera avenae* auch *Heterodera filipjevi* weit verbreitet ist. Ob dieser Getreidezystennematode ebenso wie die Art *H. avenae* Getreide schädigen kann, ist weitgehend unbekannt. In Dänemark und Schweden soll *H. filipjevi* von wirtschaftlicher Bedeutung sein, weshalb dortige Importeure ausländischer Getreidesorten auf entsprechende Nematodenresistenz achten. Nachdem von uns im Jahre 2006 durchgeführte Gefäßversuche keine ausreichenden Ergebnisse brachten, führten wir in 2008 weitere Gefäßversuche im Klimaschrank (bis zum Vierblattstadium) und im Freiland (bis zur Kornernte) mit Sommergetreide durch. Die Tests im Klimaschrank wurden in Trinkbechern mit jeweils 120 g unverseuchtem bzw. verseuchtem Boden durchgeführt. Insgesamt prüften wir mit zwei Verseuchungsstufen (1875 bzw. 7500 infektiöse Nematodenlarven pro 100 g Boden). Im Freilandversuch wurden die Pflanzen im Vierblattstadium mit den Wurzelballen in Rosentöpfe mit 3000 g gedämpften lehmigen Sandboden gepflanzt und unter einem Glasdach aufgestellt. Die Ergebnisse wurden mit dem t-Test bzw. Tukey-Test verrechnet. Bei den Hafersorten Lorenz (A) und Ivory (R) wurden trotz hoher Bodenverseuchungen durch *H. filipjevi* weder der Grünmasse noch der Kornertrag deutlich reduziert. Die Sommergerstensorten Isotta (R) und Christina (A) reagierten auf die Nematodenverseuchung mit einer Reduzierung des Grünmasseertrages um 24-43% und hinsichtlich des Kornertrages um 16-38%. Noch stärker als die Sommergerste wurden die Sommerweizensorten Taifun (A) und Triso (A) geschädigt. Der Grünmasseertrag reduzierte sich nematodenbedingt um 33-59% und der Kornertrag um 31-43%. Die nematodenbedingten Mindererträge gingen einher mit einer starken Reduzierung der Anzahl ährentragender Halme sowie mit Zwiewuchs. Auch zeigte sich, dass bis zum Vierblattstadium aufgetretene Nematodenschäden von der Pflanze nicht mehr entscheidend kompensiert werden können.

(DPG AK Nematologie und freilebende Nematoden)

Auftreten von *Heterodera schachtii* auf rekultivierten Neulandflächen des rheinischen Braunkohle Tagebaus – Ableitungen für ein angepasstes Nematodenmanagement

Matthias DAUB

Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen,
Institut für Pflanzenschutz in Ackerbau und Grünland, Dürener Straße
71, 50189 Elsdorf

E-Mail: matthias.daub@jki.bund.de

Auf landwirtschaftlich genutzten Rekultivierungsflächen im rheinischen Braunkohlegebiet traten in der Vergangenheit regelmäßig starke Schäden an Zuckerrüben durch *Heterodera schachtii* im zweiten und dritten Anbaujahr auf. Mit dem Ziel, die Ursachen dafür besser zu verstehen und geeignete Bekämpfungsmaßnahmen für Neulandflächen zu entwickeln, besteht seit 1993 eine Forschungs Kooperation zwischen dem Julius Kühn-Institut (ehemals BBA) und der Gruppe Rekultivierung Land- und Forstwirtschaft der RWE Power AG. Ausgehend von teils hohen Abundanzen von *H. schachtii* im Vorfeld des Tagebaus, überleben die Nematoden die Abtragung, Durchmi-

schung und Verkipfung des Bodens. Die Ausbreitung sowie horizontale und vertikale Verteilung von *H. schachtii* auf Neulandflächen unterscheiden sich grundsätzlich von befallenen Flächen auf natürlich gewachsenem Boden. Durch die Verkipfungs- und Planiertechnik der Rekultivierung kommt es auf der Fläche zu sehr eng abgegrenzten Strukturen, die vermutlich aufgrund verschiedener Dichtlagerung zu deutlichen Unterschieden in der Populationsdichte von *H. schachtii* führen. Ein teils flächiger Besatz von Wirtspflanzen (z. B. „Wildrüben“) fördert in besonderer Weise die Überdauerung von *H. schachtii* bis zum ersten Zuckerrübenanbau. Auf jungen Rekultivierungsflächen können Besatzdichten mit *H. schachtii* unterhalb der wirtschaftlichen Schadschwelle zu sehr starken Vermehrungen mit einigen tausend bis zehntausend Eiern und Larven/100 ml Boden führen. Ein natürlicher Rückgang von *H. schachtii* auf Neuland ist deutlich geringer als auf natürlich gewachsenen Böden und stellt somit eine besondere Herausforderungen an das Nematodenmanagement, insbesondere vor dem Hintergrund einer deutlichen Ausweitung des Anbaus von nematodentoleranten Zuckerrübensorten oder dem Anbau von zusätzlichen Wirtspflanzen wie Winterraps.

(DPG AK Nematologie und freilebende Nematoden)

Report on the Annual Meeting of the Working Group Nematology

In 2009 the Working Group „Nematology“ of the German Phytomedical Society (Deutsche Phytomedizinische Gesellschaft, DPG) met with the Working Group “Free Living Nematodes” from March 11 to 12, at the Landwirtschaftskammer Nordrhein-Westfalen, Kreisstellen Aachen/Düren/Euskirchen, Rütger-von-Scheven-Straße 44, 52349 Düren. For the kind invitation and excellent local arrangements the organizers warmly thank Ewald Adams and his team from the Landwirtschaftskammer for providing the meeting facilities and the excellent service throughout the meeting. Sincere thanks are also given to the Rheinischer Rübenbauer-Verband and Pfeiffer & Langen for sponsoring the lunch on March 11th. A small group of participants used the opportunity to tour the open coal mining area of Garzweiler kindly guided by Dr. Dumberg from RWE Power AG. The total attendance of the meeting was 78 participants from Germany, The Netherlands, Austria and Switzerland who presented 20 oral presentations and 3 posters. To commemorate the 150 year anniversary of *Heterodera schachtii* several presentations focused on the history, biology and control of the beet cyst nematode. However, other presentations covered the broad field of Nematology from fundamental and applied aspects in plant nematology all the way to nematode ecology and molecular aspects of plant-nematode interactions. A complete overview of all abstracts can be viewed at the homepage of the DPG (www.phytomedizin.org). The next joint meeting of the two working groups will be held from March 16-17, 2010 at the Staatliches Weinbauinstitut in Freiburg (www.wbi-freiburg.de). Local arrangements will be organized by Dr. Peter Knuth.

Johannes Hallmann and Peter Knuth, Working Group “Nematology”
Liliane Rueß, Working Group “Free Living Nematodes”

The recent history of research on *Heterodera schachtii*

F.M.W. Grundler

Institut für Pflanzenschutz, Universität für Bodenkultur,
Peter-Jordan-Strasse 82, A-1190 Wien, Austria,
grundler@boku.ac.at

Research of the recent 50 years on *Heterodera schachtii* can be assigned to three main research fields: control of the pathogen in the field, breeding of resistant plants, and analysis of the interaction of the nematode with its host. As a result of the rise of organic chemistry a number of nematicidal compounds were introduced for nematode control in sugar beet after the Second World War. First, phytotoxic fluids and later plant compatible granulates were used until the early 1980 s. Increasing awareness of environmental aspects in pest control led to a limitation and finally a ban of the application of nematicides in sugar beet. At the same time research on bio-control via antagonists and organic soil amendments has been intensified and is still important. Research on nematode resistance in sugar beet can be traced back to the early 1950 s, however, it took decades until a first resistant variety entered the market around 2000, quickly followed by tolerant beet varieties with an improved yield performance. In 1997, a first candidate gene supposed to confer resistance against *H. schachtii* was cloned. Nematode resistant catch crops entered the market in the 1980 s and are still important in controlling *H. schachtii*. Since the first description many ecological and microscopic studies have been performed to shed

light on the interaction of *H. schachtii* with its host. *In vivo* studies finally facilitated the analysis of behavioural and cellular dynamics. With the establishment of *Arabidopsis thaliana* as a model host molecular biology found its way into studies on the host-parasite interaction. Plant molecular and physiological responses to the infection by *H. schachtii* are now known in more detail and information is available on effector molecules released by the nematodes, but we are still far away from fully understanding the complex biology of *H. schachtii*.

Survey of poorly growing patches in potato fields by helicopter

A. van der Sommen, A.S. van Bruggen, L. den Nijs

Plant Protection Service, Geertjesweg 15, P.O. Box 9102,
NL-6700 HC Wageningen, The Netherlands,
l.j.m.f.den.nijs@minlnv.nl

At the end of June, potato fields (both seed and ware potatoes) are checked for the presence of poorly growing patches by helicopter. These patches can be caused by nematodes. Soil samples were taken from these patches to check whether nematodes really caused the poor growth. The soil samples were sent to the National Reference Laboratory of the Plant Protection Service in Wageningen for analysis. The free-living nematodes and cyst nematodes were extracted from the soil using respectively the Oostenbrink and the Kort elutriator. Identification of the nematodes was done by morphology and PCR. In 2008, onehundredtwo badly growing patches were sampled. In comparison to previous years (2007: 51, 2006: 70) this is a high number). A possible explanation might be the lack of rain in the month of May. In sixty patches, potato cyst nematodes (PCN) were found. These results are used for surveying the virulence in The Netherlands. On ten of these patches, a potato cultivar was grown with another resistance gene than the PCN species present. The beginning of the summer is not favourable for finding Trichodorids. However, in eighteen patches these nematodes were found. Remarkable is that in these eighteen patches eight different Trichodorid species were identified. In sixty-one badly growing patches *Pratylenchus* spp. were found. In total five different species were identified of which *P. neglectus* was the most abundant (forty-eight patches). The most aggressive *Pratylenchus* found in the survey was *P. penetrans*, this nematode was found in four patches. The samples were also checked for the presence of *Meloidogyne* spp.; in eight patches root-knot nematodes were found. The quarantine root-knot nematodes *M. chitwoodi* and *M. fallax* were detected respectively in two and one patch. These patches were all situated in areas known to be infested with these nematodes.

Effects of the Mi-1 and the N root-knot nematode resistance gene on infection and reproduction of *Meloidogyne enterolobii* on tomato and pepper cultivars

S. Kiewnick, M. Dessimoz, L. Franck

Agroscope Changins-Wädenswil ACW, Research Station ACW,
Plant Protection and Extension Fruit and Vegetables, Schloss
P.O.Box, 8820 Wädenswil, Switzerland, sebastian.kiewnick@acw.admin.ch

Root-knot nematodes (*Meloidogyne* spp.) are the most important nematode species in Switzerland, causing great damage especially in organic greenhouse production systems. Recently, *Meloidogyne enterolobii* was found in greenhouses in north-east Switzerland. Based on sequence data comparison of the COI and ITS region from *M. mayaguensis* populations from Florida and Brazil and *M. enterolobii* type material from China, it could be demonstrated that the two species are identical. *Meloidogyne mayaguensis* has been identified in Africa, Central American and Caribbean countries, the US and France and is considered highly pathogenic as it can overcome a number of resistance genes. Due to the limited availability of control measures in organic farming systems, the use of root-knot nematode-resistant tomato and pepper cultivars might help to mitigate yield losses caused by *M. enterolobii*. Therefore, the potential of *M. enterolobii* to reproduce on tomato and pepper cultivars carrying the *Mi-1* and *N* gene, respectively, was investigated. The Swiss *M. enterolobii* populations reproduced well on all root-knot nematode-resistant plant cultivars tested. On average, the population obtained from the organic farm was more virulent, producing higher gall indices, numbers of egg masses and eggs per gram root. Reproduction factor values (P_f/P_i) ranged from 12 to 109 on resistant plant cultivars and from 23 to 44 on the susceptible cultivar 'Moneymaker' depending on the *M. enterolobii* population used. The *M. arenaria* population used as a control reproduced only on the susceptible cv. 'Moneymaker' confirming that the *Mi-1* and *N*-resistance genes were effective in these greenhouse experiments. Our findings confirm the ability of *M. enterolobii* (syn. *M. mayaguensis*) to reproduce on tomato and pepper genotypes carrying the *Mi-1* and *N* nematode-resistance gene. However, further studies are needed to test more genotypes and to evaluate alternative control measures for their potential to control *M. enterolobii*.

Effects of the endophytic fungus *Piriformospora indica* on plant growth and development of sedentary root nematodes

R. Daneshkhah, V. Peharz, J. Hofmann, K. Wiczorek, F.M.W. Grundler

Institut für Pflanzenschutz, Universität für Bodenkultur, Peter-Jordan-Strasse 82, A-1190 Wien, Austria, roshanak.daneshkhah@boku.ac.at

The endophytic fungus *Piriformospora indica* was first described in 1997. Experiments revealed the growth promotion effects of this Basidiomycete with different plant species, which in many aspects are similar to effects of arbuscular mycorrhizal fungi. However, in contrast to mycorrhizal fungi, this fungus can be cultured axenically. Further, enhancement of plant defence against root and shoot pathogens and increase of tolerance against high salt concentration and drought stress were found. The aim of this study was to analyse the effects of *P. indica* on growth of *Arabidopsis thaliana* and *Solanum lycopersicum*, as well as the systemic and direct effects of fungus inoculation on the infection of the cyst nematodes *Heterodera schachtii* and the root-knot nematodes *Meloidogyne incognita*. Infection with the fungus increased both dry and fresh weight as well as shoot growth. The vegetation period was shortened. Reduced length and highly branched root system were observed during the co-cultivation even without direct contact of the mycelium with the root. Fungus growth in the root led to a reduction of gall number by *M. incognita* in tomato plants grown in pots and cyst number as well as infection rate by *H. schachtii* in *Arabidopsis* plants grown axenically on agar. In split-root system experiments the systemic effect of fungus infection was investigated. Whereas, in case of *H. schachtii* (*Arabidopsis*-axenic culture) no effects were detected, a significant reduction of gall formation was observed with *M. incognita* (*Arabidopsis*-axenic culture).

Occurrence of the beet cyst nematode (*Heterodera schachtii*) in Austrian sugar beet production regions and a comparison of a susceptible and a tolerant beet variety

G. Sigl¹, H. Eigner², F. Kempl², F.M.W. Grundler¹

¹ Institut für Pflanzenschutz, Universität für Bodenkultur, Peter-Jordan-Strasse 82, A-1190 Wien, Austria, gerhard.sigl@gmx.at

² Zuckersforschung Tulln, Josef-Reither-Str. 21-23, A 3430 Tulln, Austria

In 2008 the field infestation with *Heterodera schachtii* was analysed at 48 sites in the main Austrian sugar beet production regions. At all sites the susceptible variety Valentina (susc.) and the tolerant variety Pauletta (tol.) were tested. Soil samples were taken after the emergence of the cotyledons and analysed for nematode infestation with three different methods (counting of cysts, counting of eggs and juveniles, and determination of hatched juveniles by semi-quantitative PCR). Samples of both varieties were taken at 23 sites from plots of 2.25 m² size in 4 replicates at the end of August. At the end of September, from the 23 sites 7 were selected and samples were taken from plots of 7.5 m² in 4 replicates. P_1 and P_f values were determined for these plots. Important yield and quality traits were analysed from all samples. Infestation was classified in the following categories: no (0 juveniles/100 g soil), low (< 501 juveniles/100 g soil), medium (501 < 1001 juveniles/100 g soil), and high (> 1001 juveniles/100 g soil). White sugar yield (WSY) (according to the "Braunschweiger Formel") did not differ between the varieties within each infestation category, although Valentina (susc.) produced 0.77 t/ha more mean WSY without nematodes, but 1.85t/ha less mean WSY with medium infestation. Through all infestation levels, the mean white sugar content of Valentina (susc.) was 0.59% significantly higher than Pauletta (tol.). While the relative WSY (Valentina/Pauletta) from the 7.5 m² plots did not differ significantly between the infestation categories, a significant decrease below 1 was found in the 2.25 m² plots. In general, a trend could be observed revealing Valentina to be more productive without nematode infestation and Pauletta to be advantageous with nematode infestation.

Ecology of *Heterodera schachtii*: The soil is a dangerous place for this plant-parasite

A. Westphal¹, J. Borneman², J.O. Becker³

¹ Julius Kühn-Institut, Federal Research Centre for Cultivated Plants, Institute for Plant Protection in Field Crops and Grassland, Toppeideweg 88, 48161 Münster, andreas.westphal@jki.bund.de

² Department of Plant Pathology and Microbiology, University of California, Riverside, CA 92521, U.S.A.

³ Department of Nematology, University of California, Riverside, CA 92521, U.S.A.

The sugar beet cyst nematode, *Heterodera schachtii* is a major problem in the production of sugar beet and cruciferous vegetable crops worldwide. Since its discovery in Germany, it has spread widely and can also be found in production areas in California. At the Riverside campus of the University of California, a soil had been amended with sugar beet cyst nematode-infested soil from a nearby field station in 1975. After initial establishment of the nematode associated with severe damage to host plants, *H. schachtii* population densities declined after several years of monoculture with susceptible hosts of the nematode. A biologically specifically suppressive soil had developed. In greenhouse and field studies suppressiveness was eliminated with various biocide treatments and it was transferable with small portions of soil. Nematode cysts

that had developed in this suppressive soil transferred suppressiveness as well. These cysts contained a number of potentially nematode-parasitic fungi, including *Dactylella oviparasitica* and various *Fusarium* spp. The prevalence of *D. oviparasitica* in suppressive soil was demonstrated with culture-independent detection methods. Although several species of *Fusarium* were also present in suppressive soil-derived cysts, *D. oviparasitica* had the highest nematode-suppressing potential when tested under greenhouse and field microplot conditions. Results of these investigations demonstrated the potential usefulness of microorganisms that naturally reduce population densities of *H. schachtii* in sustainable agricultural production.

Depth distribution of plant-parasitic nematodes affects damaging potential on crops

A. Westphal¹, F.A. Robinson²

- ¹ Julius Kühn-Institut, Federal Research Centre for Cultivated Plants, Institute for Plant Protection in Field Crops and Grassland, Toppheideweg 88, 48161 Münster, andreas.westphal@jki.bund.de
- ² Texas A&M University, College Station, TX, U.S.A

Plant-parasitic nematodes are greatly dependent on the edaphon for their life activities and the complex soil matrix has various degrees of suitability for nematodes. For example, soil temperature, moisture, and gas concentrations impact the soil environment and vary with soil depth. Biotic factors include possible parasitism by microorganisms or predatory activity of the mesofauna along with food availability and behavioral cues. The availability of root feeding sites varies greatly with depth. Perhaps because of practical considerations, soil samples for predicting risk for nematode damage are typically taken shallow, often at plow depth. Investigations of *Rotylenchulus reniformis* have shown that this plant-parasitic nematode can occur at high population densities at various soil depths. Under host plants, cotton or soybean, in deep-rooting soil, large populations occur far below the plow zone and are capable of causing damage to the crops. Agronomic practices such as tillage and crop rotation impact the dynamics of this depth distribution. Among methods for manipulating plant-parasitic nematode populations, the use of resistant crops has particular potential for reducing impacts of nematodes below the plow zone. These distribution patterns may also explain why nematicide applications to shallow soil layers often only min-

imally benefit plant growth since deeper-occurring populations may damage the crop. Distribution patterns of plant-parasitic nematodes below conventional sampling depths appear important in plant damage and merit further investigation.

Quarantine nematodes in Switzerland – current situation

R. Eder¹, I. Roth¹, J.E. Frey², M. Oggenfuss², S. Kiewnick¹

- ¹ Agroscope Changins-Wädenswil Research Station ACW, Nematology, Schloss, CH-8820 Wädenswil, Switzerland, reinhard.eder@acw.admin.ch
- ² Agroscope Changins-Wädenswil Research Station ACW, Molecular Diagnostics, Schloss, CH-8820 Wädenswil, Switzerland

Root-knot nematodes (*Meloidogyne* spp.) are the most important group of plant-parasitic nematodes in Switzerland causing significant problems in vegetable production areas. The most common root-knot nematode species is *Meloidogyne hapla*, followed by the tropical and subtropical species *M. incognita*, *M. javanica* and *M. arenaria*, which are found in greenhouses only. In a survey conducted in the year 2002, the quarantine nematode *M. chitwoodi* was found in greenhouses in Switzerland. Furthermore, surveys conducted from 2003 through 2006 revealed the presence of the closely related quarantine species *M. fallax* in some locations. However, these quarantine nematodes are confined to a few greenhouses only and have not yet spread further confirming that the phytosanitary measures were successfully implemented. In the years 2006 through 2008 only *M. fallax* was found in samples from infested greenhouses. An intensive survey conducted in 2009 will clarify if *M. chitwoodi* is still present in Switzerland. In addition to the quarantine species *M. chitwoodi* and *M. fallax*, the tropical species *M. enterolobii* (senior synonym of *M. mayaguensis*), which was placed on the European and Mediterranean Plant Protection Organization (EPPO) alert list in 2008, was found in greenhouses in Switzerland. So far, there are only two populations present. However, the pest risk assessment conducted for the EPPO region in 2009 will decide whether this species will be considered as a new quarantine pest. *Meloidogyne enterolobii* is considered to be one of the most pathogenic and virulent species known, particularly because it is able to overcome all root-knot nematode resistance genes. If this species is considered a quarantine pest, intensive surveys are needed to evaluate where in the EPPO region this species is already present.

**AK NUTZARTHROPODEN UND ENTOMOPATHOGENE
NEMATODEN, 24.11.2009**

**CLASSICAL BIOLOGICAL CONTROL OF THE INVASIVE FRUIT FLY
BACTROCERA INVADENS WITH *FOPIUS ARISANUS* IN EAST AFRICA**

Thomas S. Hoffmeister, Katharina Merkel, Samira A. Mohamed & Sunday Ekesi

Population Ecology Lab, University of Bremen, FB2, Leobener Straße NW2, D-28359 Bremen

Since 2003, the invasive tephritid fruit fly *Bactrocera invadens* has spread across Eastern and Central Africa and is a major pest of mangoes (*Mangifera indica*) destroying up to 80 % of the harvest. Mangoes are an important vitamin source for the local population and belong to the most important fruits for export in these countries. Native parasitoid species get encapsulated by the invasive fruit fly and thus have no impact on their populations. Therefore, *Fopius arisanus* has been introduced from Hawaii and is currently tested for its efficacy in the biological control of the fruit fly. Here we report on the first results of these studies and discuss possible non-target effects on indigenous parasitoid species and other fruit-infesting tephritid species.

Report on the 28th Annual Meeting of the Working Group “Beneficial Arthropods and Entomopathogenic Nematodes”

The 28th Annual Meeting of the Working Group “Beneficial Arthropods and Entomopathogenic Nematodes” of DPG and DGaE was held on November 24–25, 2009, at the Gartenbauzentrum Schleswig-Holstein in Ellerhoop. The meeting was perfectly organized by Heike Rose and Tobias Plageman from the Landwirtschaftskammer Schleswig-Holstein and was attended by 49 participants from research institutions, universities, extension services and biocontrol companies. The scientific programme comprised 25 contributions (20 presentations, four posters and one scientific movie), covering the following topics: (1) biocontrol of major agricultural pests, (2) impact of climate change on population dynamics of pests and beneficials, (3) invasive species and their control by beneficials, (4) role of beneficials in agroecosystems, (5) mode of action, selection, production and application of beneficials. The meeting started on the 24th early afternoon, continued during the “evening session” in a nice restaurant at Pinneberg nearby the venue and closed at noon of the following day. For the first time, it was held in combination with the “18th Workshop of Biological Control”, where representatives of private and governmental extension services, biocontrol manufacturers and other practitioners of biological control in horticulture annually meet for networking and exchange of ideas, accompanied by short reports on practical work. About one third of our group also participated on this workshop which subsequently started on 25th. It was decided to repeat this attractive “double event” also in the following years. Our next meeting will take place from the 30th of November until 1st of December 2010 at the Julius Kühn-Institute Berlin-Dahlem. We would like to thank all contributors who submitted their abstracts for publication.

Dr. Annette Herz and Prof. Dr. Ralf-Udo Ehlers

Efficiency of entomopathogenic nematodes on the frit fly *Oscinella frit* under laboratory and field conditions

N. El-Wakeil^{1,2}, I. Bormann² & C. Volkmar²

- ¹ Pests and Plant Protection Dept., National Research Center, Dokki, Cairo, Egypt; n_emara@islamway.net
- ² Institute of Agricultural and Nutritional Sciences, Martin-Luther-University Halle-Wittenberg, Halle

Insect pests can cause great damage during the establishment phase of wheat because few tillers are present and many seedlings can be killed by a low incidence of pest individuals. Larvae of dipterous stem-borer frit fly *Oscinella frit* (L.) can cause considerable damage in newly sown summer wheat. Frit fly population was surveyed by using different colour water traps to determine the suitable date to control this pest. The efficiency of three types of entomopathogenic nematodes (EPNs) and one pyrethroid insecticide (Karate SC 9.4% (lambda-cyhalothrin)) were evaluated to control frit fly in the laboratory and also in the field on two wheat varieties (German (Triso) and Egyptian (Sakha 93)). Wheat seedlings of the German variety grew more rapidly than those of the Egyptian variety, causing differences concerning frit fly oviposition and infestation. The EPN *Heterorhabditis bacteriophora* had a higher efficiency in the laboratory than *Steinernema carpocapsae*, while the latter was better in the field. The numbers of frit flies caught in the water traps were recorded in two peaks on May 4 and 11, 2009. On May 4, 56, 49 and 34 flies

were caught in the blue, white and yellow traps, respectively. The corresponding records on May 11 were 18, 39 and 16 flies. Populations of frit-fly larvae were higher in the untreated than treated plots. EPNs and Karate were sprayed on April 23 and on May 7. All treatments caused a reduction in frit fly infestation and increased larval mortality. The yield index was higher in the German than in the Egyptian variety in weight of grains/plot and yield/ha. Yield of all treated plots was higher than those of untreated plots. Karate and *S. carpocapsae* treatments resulted in significantly lower population densities of frit fly and significantly higher yields, followed by treatment with *S. feltiae*. The results indicated that the tested compounds were effective against frit fly. EPN may be used as biological control agents in IPM programmes.

Experience with *Amblyseius swirskii* in cucumber

M. Scharf

Pflanzenschutzdienst Hamburg, Hamburg;
michael.scharf@bwa.hamburg.de

The predatory mite *Amblyseius swirskii* feeds on eggs and primary larval stages of white flies, thrips and spider mites and on pollen. Trials were made by the Pflanzenschutzdienst Hamburg to show the impact of *A. swirskii* on pest infestation in cucumber. Potential effects on pest development were observed in one greenhouse compartment with *A. swirskii* releases in comparison to one without adding the predatory mite. About 4 weeks after transplanting, 100–120 *A. swirskii*/m² were released. *A. swirskii*, white flies and thrips were counted weekly on yellow and blue sticky traps and on leaves. The predatory mite established at high level on cucumber leaves for at least 3 months. White flies (*Trialeurodes vaporariorum*) were reduced twenty fold compared to the compartment without releases of *A. swirskii*. In both compartments the parasitic wasp *Encarsia formosa* was released in addition. *Frankliniella occidentalis* was the dominant species of thrips, which were reduced about tenfold in the compartment with *A. swirskii*-releases. In contrast, the effect on spider mite populations was minimal. According to our results, the application of *A. swirskii* in combination with the standard beneficials *Encarsia formosa* against white flies and with *Amblyseius cucumeris* against thrips can be recommended. In cucumber one preventive release will be sufficient.

Entomopathogenic nematodes for the control of diapausing larvae of the Codling moth (*Cydia pomonella* L.)

J. Kienzle¹, D. Heinisch⁴, J. Kiefer³, M. Trautmann⁵, F. Volk³, J. Zimmer² & C.P.W. Zebitz⁶

- ¹ Kernen, Germany; jutta@jutta-kienzle.de
- ² DLR Rheinpfalz, Rheinbach
- ³ Biofa AG, Münsingen
- ⁴ Bio-Obst GmbH Baderitz, Sornzig- Ablas
- ⁵ KOB Bavendorf, Ravensburg
- ⁶ University of Hohenheim, Institute of Phytomedicine, Stuttgart

The efficacy of entomopathogenic nematodes (EPN) against overwintering larvae of the codling moth (*Cydia pomonella* L.)

was reported by LACEY et al. (2006). In a project financed by the "Deutsche Bundesstiftung Umwelt" several methods of CM control were tested in order to check for their antagonistic potential and to further improve application. The potential of EPN as a tool for resistance management in codling moth control was examined. In a first approach, the hideout spots of overwintering codling moth larvae were identified. For this purpose, different part of the trees and the posts were removed and stored separately until hatching of the adults. Most larvae were found (1) in the bottom part of the stem, (2) in aerial roots in the upper part of the trees, (3) in bamboo posts cracked open, (4) in pinewood posts with vertical cracks. Fourteen large plot trials in different regions with application in autumn were assessed in summer of the following season. In two small plot trials trees were removed and hatching of adult moths was assessed in 2007/08 and 2008/09. The application of *Steinernema feltiae* with a rate of $0,75 \times 10^9$ per ha and meter tree height in most cases reduced the infestation in the field in the year following application. Efficacy was ranging between 40 to 50% when weather conditions were favourable. If the weather conditions were not favourable during a period of about 12 hours after application, efficacy of the treatment was decreasing. In Germany, except in Northern Germany, weather conditions are favourable for EPN application usually only during a few days in autumn. Since the organization of EPN application is easier to organize after harvest when temperatures are lower, the use of the low-temperature-active nematode species *Steinernema feltiae* is recommended, except for orchards with irrigation systems. Further research is done on the development of formulations reducing the risk of low efficacy during unfavourable weather conditions.

References

LACEY, L.A., S.P. ARTHURS, T.R. UNRUH, H. HEADRICK, R. FRITTS Jr., 2006: Entomopathogenic nematodes for control of codling moth (Lepidoptera: Tortricidae) in apple and pear orchards: effect of nematode species and seasonal temperatures, adjuvants, application equipment and post-application irrigation. *Biol. Control* 37, 214-223.

Biology, genetic identification and effectiveness of biological control agents against *Otiorhynchus* spp.

J. Hirsch & A. Reineke

Geisenheim Research Center, Department of Phytomedicine, Geisenheim; hirsch@fa-gm.de

Several members of the weevil genus *Otiorhynchus* (Coleoptera: Curculionidae) are becoming increasingly important as pests in a wide variety of horticultural crops worldwide. Among them, the black vine weevil *Otiorhynchus sulcatus* is the most important and therefore best studied species. Besides *O. sulcatus*, a recent survey in Germany and other European countries has shown that several other *Otiorhynchus* species are present on diverse horticultural crops, causing more or less similar leaf notches like adult *O. sulcatus*. While the feeding on the foliage of their host plants by adult weevils can be regarded as a less significant damage, the feeding of soil-borne larvae on the roots can be lethal especially for recently transplanted cuttings or younger plants. Species identification of adult weevils is difficult but the morphological determination of *Otiorhynchus* larvae is almost impossible. The determination of the respective species, especially in the damaging larval stage, is a prerequisite for developing and applying efficient pest management strategies. We therefore developed a diagnostic PCR-RFLP method to identify 16 *Otiorhynchus* and 7 other weevil species, independently of their developmental stage. This molecular identification

method is robust, cost-effective and provides reliable results within at most five hours after DNA isolation. We suggest using it in the future by plant protection services for diagnostic purposes. To evaluate future control options, we also assessed the efficiency of natural antagonists such as fungi or predators against some of the most common *Otiorhynchus* species. Among them, we tested the fungus *Beauveria bassiana* strain ATCC 74040 (Naturalis®) against adult weevils in bioassays. Our first results indicate that different *Otiorhynchus* species are differentially susceptible towards this fungus. Carabid beetles are regarded as effective natural antagonists against Coleopteran larvae, however, their potential against *Otiorhynchus* larvae is yet unknown. In first laboratory studies we demonstrated that *Harpalus* and *Nebria* ground beetle species feed on *Otiorhynchus* larvae. Field surveys in nurseries or market gardens have shown that both species are occurring in numbers high enough to cause a substantial reduction of the pest. Currently, we are developing a molecular method to detect weevil DNA in the gut or stomach of ground beetles in order to evaluate the influence of carabids against *Otiorhynchus* larvae in the field.

Use of the entomopathogenic nematode *Steinernema carpocapsae* against the adult stage of *Otiorhynchus sulcatus*

T. Ufer¹, A. Peters², A. Wrede¹

- 1 Chamber of Agriculture Schleswig-Holstein – Department for Horticulture, Ellerhoop-Thiensen; awrede@lksh.de
- 2 e-nema GmbH, Schwentimental

The black vine weevil *Otiorhynchus sulcatus* is well known as a major pest in container grown woody ornamentals. Their biological control with entomopathogenic nematodes (EPN), e.g. *Heterorhabditis bacteriophora*, has been proven to be a suitable method in horticultural practice many years ago. However, the control of the adult beetles to prevent oviposition in horticultural crops is not yet sufficiently solved. Only chemical insecticides or labour intensive collection are possible. According to the efficacy of EPN as a potential agent in controlling the imagines of *Curculio caryae* or *Blattodea* spp., a laboratory trial with *Steinernema carpocapsae* against beetles of *O. sulcatus* was carried out. Boxes (20 × 20 × 5 cm) were filled up to 0.5 cm with a mixture of sand and peat based substrate (v:v = 1:1). A small shoot of *Taxus baccata* and 4 cm² of wet filter paper were added. Each of the 8 cages (treatment and control in 4 replicates) included 5 beetles. A trap was developed for EPN application (patent pending) consisting of a gel-like formulation filled into 3 grooves (1 ml each) under a 90 cm² artificial, wooden shelter. Untreated controls consisted of the trap with the gel-like formulation without nematodes. The artificial shelters were placed into the boxes one day after the beetles. The trial was located in a greenhouse cabinet with natural daylight (approx. 12:45 hours) and an average air temperature of 19.5°C (SD = 3.9°C). After 14 days the number of living and parasitized *O. sulcatus* was determined. All of the 20 beetles in the *S. carpocapsae* treatment were killed, in contrast to the control, where all the beetles were still alive. The result of 100% mortality clearly indicates that not only larval and pupal stages of *O. sulcatus* are susceptible to EPN, but also adults can be parasitized. The successful control of the beetles might relate with the need of the weevils for a shelter during daylight, where they were exposed to nematodes for a longer time to facilitate nematode infestation. The innovative formulation can prolong nematode survival and produce favourable conditions for infestation. Further trials in larger scale are necessary to assess the suitability of this method for horticultural purposes. A combination with an attractant resulting in an "attract and kill" strategy for *O. sulcatus* adults would be of special interest.

Influence of climate change on insects and natural pest in horticulture

C. Tölle-Nolting, R. Meyhöfer & H.-M. Poehling

Institute of Plant Diseases and Plant Protection, Leibniz Universität Hannover, Hannover

The climate will continue to change within the next years as it did in the last century. Important changes are related to the amount of greenhouse gases in the atmosphere and current enrichments are followed by increasing temperatures (warmer winters and nights) and more extreme changes in short term periods of heat and precipitations (heavy rains and dry spells). Besides several direct and indirect large scale impacts on ecosystems it is likely that horticultural pest and their natural enemies are affected.

The most important factors for insect development are temperature and precipitation. It has been supposed that under a warmer climate, species will move to more northern areas and that species, which cannot migrate, will diminish their area but increase in their abundance. At higher temperatures insects develop faster and more generations of pest are expected. The warmer winters will decrease winter mortality and the pests will reach the plants in a more vulnerable stadium. But very hot temperatures will increase the mortality of insects. A change in the temperature can also lead to an asynchrony between prey and predator/parasitoid, if they are triggered by different abiotic factors, e.g. photoperiod and temperature. The development of the dark-coloured caterpillar *Melitaea cinxia*, for example, is depending on the sunlight, while its light-coloured specialist parasitoid *Cotesia melitaeorum* is mainly influenced by air temperature (VAN NOUHUYS and LEI 2004). Precipitation is another important factor for insects. Rain can prevent the development of insects and heavy rains can wash the insects off the leaves and increase mortality. In return drought can make the plants more vulnerable for herbivores due to a decreased nutrient uptake and a decreased level of secondary compounds. But the different feeding guilds react in a different way to drought. Gall formers are likely to react negatively, chewing insects are not reacting to moderate drought and sucking insects seem to react positively. Parasitoids seem to deal better with dryness, but all respond negatively to heavy droughts.

Hence we need more information about variation in pest/natural enemy interaction pattern under different temperature/humidity scenarios and under realistic experimental conditions before reliable predictions can be performed. It is the aim of the KLIFF-Network (KLImaFolgenForschung in Niedersachsen) to study the influence of climate change on agriculture, forestry and water management and develop adaptation strategies. In particular we will focus in our sub-project on the reaction of some of the coming pest species in horticultural crops and interactions with natural enemies under changing temperatures and precipitation.

References

VAN NOUHUYS, S., G.C. LEI, 2004: Parasitoid-host metapopulation dynamics: the causes and consequences of phenological asynchrony. *J. Anim. Ecol.* 73, 526–535.

The determination of temperature as an important driving force for population dynamics processes of coccinellids as aphid predators

S. Krenzel & B. Freier

Julius Kühn-Institut, Institut für Strategien und Folgenabschätzung im Pflanzenschutz, Kleinmachnow

The ladybirds *Coccinella septempunctata* and *Propylea quatuordecimpunctata* belong to the most important natural enemies of cereal aphids. Since a couple of years the invasive species *Harmonia axyridis* increasingly colonizes maize and other arable crops such as wheat fields. There is indication that the expected global warming will change the predatory potential and the intraguild relationships of these species. Possible differences between the species *Coccinella septempunctata* and *Harmonia axyridis* are matter of particular interest. Aim of the present study was the systematic analysis of currently existing knowledge on the temperature as driving variable in population dynamics of coccinellids and identification of existing knowledge gaps concerning the influence of elevated temperatures on coccinellids and their regulatory effects.

The compartment network approach was used. That means, the population of each coccinellid was divided into different compartments and the most important state variables, such as immigration, development, reproduction, feeding and survival, were determined for each compartment. Because the effect of temperature as the most important driving variable for these state variables varies, the determination of these relationships was necessary for each state variable separately.

The collected data from previous investigations and literature showed indications of a relative similarity of the temperature-dependent reactions of the two species *Coccinella septempunctata* and *Harmonia axyridis* in some important processes. The two species are nearly comparable in development thresholds, temperature optima and duration of development. However, they differ considerably, for example, in oviposition rate. In 2008/09, some laboratory experiments at the Julius Kühn-Institute concerning mortality in regard to different temperature regimes were performed. These investigations indicated differences between the two species *Coccinella septempunctata* and *Harmonia axyridis*.

However, our knowledge about that influence is still very incomplete. In particular, there is a deficiency of comparative investigations. In addition, divergent investigation conditions, such as temperature regime used, nutrition quality and quantity as well as duration of investigation, complicate the secondary analysis of existing data. Within a new climate chamber, used for the so-called "Arche Noah Experiment", conditions can be better controlled. Preliminary results of this experiment with defined predator communities showed advantages for *Harmonia axyridis* over *Coccinella septempunctata* at higher temperature as a result of different effects, such as intraguild competition and predation.

Analysis of virulence of Baculoviruses to improve the biological control of cutworms (*Agrotis* sp.)

J.T. Wennmann & J.A. Jehle

Julius Kühn-Institute, Institute for Biological Control, Darmstadt

Different cutworm species are serious economic pests of most vegetable and field crops nearly all over the world. They are extremely difficult to control due to their soil dwelling behaviour. In Germany, the economically most important cutworm is *Agrotis segetum*, whereas in Egypt, the black cutworm *A. ipsilon* is a severe pest. In recent years, the black cutworm became an increasingly important pest in Middle Europe. An ecologically sound control method for many agricultural pests is the application of baculoviruses, which are insect-pathogenic viruses and have been developed to highly specific and environmentally benign insect control agents. Cutworms can be infected by three different baculoviruses AgseNPV, Agip-NPV and AgseGV. We aim to study the virulence mechanisms of these viruses by molecular tools and hence improve the application of these viruses as biological control agents. By applying bacmid technology, candidate virulence genes of the

viruses will be identified and functionally characterized. Knowledge of virulence genes is a prerequisite to optimize the application of these viruses. The efficacy of the viruses will be tested in greenhouse and/or field experiments. In co-operation with a biopesticide producing company a product will be developed.

This project shall result in the optimization of the control of different cutworm species with different baculovirus isolates. By identifying and characterizing genes involved in the virulence, basic knowledge on the genetic requirements for their specific infectivity towards different cutworm species will be obtained. In collaboration with a company, experienced in producing and formulating baculovirus bio-control agents, test formulations of these viruses will be produced and tested in greenhouse and field experiments in Egypt and in Germany. The project will help to develop environmentally safe biological control methods of a pest species complex, which is extremely difficult to control and that will reduce the application of more toxic chemical insecticides and hence will also reduce exposure of consumers to chemical residues.

The South American Tomato Moth, *Tuta absoluta*, a new pest in Germany: An assessment of biological control options

O. Zimmermann & B. Wührer

AMW Nützlinge GmbH, Pfungstadt

The South American tomato moth, *Tuta absoluta* (Gelechiidae), has been recorded in Europe since 2006. It was introduced from South America and has spread all over Europe. It is already among the most important tomato pests in Spain. High economic losses are expected, e.g. in the Netherlands additional insecticide treatments against *T. absoluta* will cost up to 4 million Euro per year. In 2009, *T. absoluta* was observed in Germany for the first time.

The larvae are mining in leaves and stems of their host plants and can reach up to nine generations per season in greenhouses. The adult moth is unremarkably coloured and spreads actively to other locations. Host plants are Solanaceae and beside tomatoes include potatoes and ornamental *Solanum* species. An effective control of *T. absoluta* is difficult.

Chemical insecticides are not sustainable because they can lead to resistance and residue problems on tomato fruits. Pheromone traps are being offered for monitoring and mass trapping but can only be part of a control strategy. Natural enemies and insect pathogens (viruses, *Bacillus thuringiensis*, entomopathogenic fungi, nematodes, larval parasitoids) are principally suitable, but there is little or no practical experience with them.

In Spain, egg parasitoids (*Trichogramma achaeae*) are combined with predatory bugs (*Nesidiocoris* sp., *Macrolophus* sp.). But they are slow in controlling the pest and have to be used at high dosages. Such a control strategy could also be adapted for Germany but must be optimized and modified to using indigenous beneficial species. There are scientific results that show that *T. achaeae* which is being used in Spain cannot overwinter in Central Europe. This contradicts reports of *T. achaeae* being a cosmopolitan species. First experiments on suitable species for Germany are in progress. The Potato Tuber Moth *Phthorimaea operculella*, which is closely related to *T. absoluta*, has been controlled successfully in a greenhouse by using the TrichoKarte „Gewächshaus“, which employs a mixture of indigenous *Trichogramma* species.

A suitable integrated control strategy for *T. absoluta* in Germany is urgently needed because of the anticipated high economic losses and the risk of abandoning the long-term successes of biological control in tomato greenhouses and reverting to insecticide treatments and its disadvantages. The biological control of *T. absoluta* is possible in principle, but needs further investigations.

Preliminary trials to evaluate efficacy of stable fly parasitoids for control of tephritid fruit fly pests

A. Herz¹, N. Becker², K. Köppler³ & H. Vogt³

¹ Julius Kühn-Institute, Institute for Biological Control, Darmstadt; annette.herz@jki.bund.de

² University of Applied Sciences, Geisenheim

³ Julius Kühn-Institute, Institute for Plant Protection in Fruit Crops and Viticulture, Dossenheim

Several species of the Dipteran family Tephritidae belong to the most serious fruit pests worldwide. Polyphagous species like the Medfly, *Ceratitis capitata* Wiedemann, but also more specialized ones (eg. species of the genus *Rhagoletis*) are difficult to control due to the lack of registered efficient pesticides. Releases of effective parasitoids may help to improve biological control of these pests. Literature reports on the use of Pteromalidae (Hymenoptera, Chalcidoidea), practically used for stable fly control, against *C. capitata* in Spain and South Africa, caused us to test several commercially available parasitoid species for their capacity to parasitize puparia of *C. capitata*, *Rhagoletis cerasi* L., the European cherry fruit fly, as well as *R. completa*, a North-American species developing on walnut and currently invasive in Europe. At first, mated females of the Pteromalids *Nasonia vitripennis* (Walker), *Spalangia cameroni* Perkins, *Muscidifurax raptor* Girault & Sanders and *M. zaraptor* Kogan & Legner were subjected in a non-choice situation to puparia of the particular Tephritid species or puparia of the blow fly *Lucilia sericata* Meigen, a preferred host of all tested parasitoid species. *N. vitripennis* readily accepted *L. sericata* as host (95% of offered puparia parasitized) but refused *C. capitata* as well as *R. cerasi* in this experiment (0% parasitism). In contrast, *M. raptor*, *M. zaraptor* and *S. cameroni* were able to parasitize the Tephritid puparia, although *S. cameroni* attacked puparia of *R. cerasi* (8% parasitism) to a much lesser extent than those of *C. ceratidis* (54% parasitism). *M. raptor* and *M. zaraptor* also accepted puparia of *R. completa*. In a next step, the preference for a particular host species was tested in a choice situation (puparia of Tephritidae versus those of *Lucilia*, *Rhagoletis* versus *Ceratitis*). *M. zaraptor* parasitized puparia of *C. capitata* more successfully than those of *L. sericata* (0.9 eggs/female versus 0.67 eggs/female within 4 h of contact) or *R. cerasi* (0.7 eggs/female versus 0.4 eggs/female within 4 h of contact). The other parasitoid species preferred the larger host, *L. sericata*. Further trials will evaluate the searching efficacy of the different parasitoids (*S. cameroni*, *M. raptor*, *M. zaraptor*) for location of puparia buried in the soil as it is the case in the field situation.

Preliminary results of trials to control the corn rootworm with entomopathogenic nematodes

P. Knuth

LTZ Augustenberg, Außenstelle Stuttgart, Stuttgart

Since abandoning the seed treatments with neonicotinoide insecticide the chemical control of the Western corn rootworm (*Diabrotica virgifera virgifera*) in Germany became rather difficult and subject of controversial public discussions. Results provided by CABI Europe from Hungary in 2005/2006, indicate that the application of entomopathogenic nematodes, in particular *Heterorhabditis bacteriophora*, is considered as an effective tool to control larvae of the Western corn rootworm. The LTZ has launched a research project in 2009 aiming to explore the survival of the antagonist under climate and soil conditions of the Upper Rhine Valley, when the nematode is released during sowing. In an infested field, rootworm larvae emerge about six weeks after sowing. Accordingly, the survival of the nematode for several weeks without host larvae is

a vital prerequisite. In addition, it is necessary to elaborate a practical technology for nematode application, in particular application technology, date and type of treatment (liquid or granules), application rate of the nematode and to assess efficacy and profitability.

The trials were conducted in the vicinity of Freiburg on two fields with sandy and loamy soils, respectively. Seven treatments were set up at each of the two sites. These included: (1) nematodes applied in suspension of 200 l/ha applied at sowing into the seed furrow at a rate of 112,000 larvae per row meter or 1.5 billion per ha, (2) nematode suspension as treatment Nr.1 but with 400 l/ha water volume, (3) nematode suspension as treatment Nr.1 placed 5 cm aside the seed furrow in 5 cm below the seed level, (4) same treatment as Nr. 3, but with 400 l/ha water volume, (5) applied as granules at sowing into sowing row at the rate 10 kg/ha (corresponding to 150,000 larvae per g), (6) nematode suspension with 200 l/ha as a post emergence application during the 4-leaf stage of corn, about 15 cm aside the corn row and in 15 cm depth, (7) nematode suspension as treatment Nr. 6, but with 400 l/ha water volume. Nematode survival in the soil was assessed by a standard bioassay. Twenty individual soil samples/treatment were taken in weekly intervals (per treatment) within the interrow space. Each of these samples received 20 mealworms and was incubated at room temperature. The rate of mealworm parasitism by the residual nematodes was then recorded. Surprisingly, even 10 weeks after application at low rates *H. bacteriophora* was *bacteriophora* still parasitizing mealworms in the bioassay. The soil type had a significant impact on the mortality of the mealworms. Mortality of the mealworms in loamy soils (treatments Nr 1 and 2) reached 45% even four weeks after application, whereas in the sandy soil mortality dropped below 30% after four weeks. Due to the poor flow ability the results obtained with the granules are not reliable. Presumably, only 3 kg/ha instead of 10 kg/ha were applied and this might not have been sufficient for the required control rate. Unexpectedly, the application of the nematodes as granules produced a mortality of mealworms of about 30% after 4 weeks. Assuming the granules formulation can be improved in terms of flowability, this application method will certainly be a very promising option, since the necessary equipment is likely to be available for most farmers. These preliminary results obtained in the first year are quite promising for the biological control of the corn rootworm in the State of Baden-Württemberg.

Initial investigations on the ability of the indigenous larval parasitoid *Bracon brevicornis* to control the Box Tree Pyralid *Diaphania perspectalis* in Germany

O. Zimmermann & B. Wührer

AMW Nützlinge GmbH, Pfungstadt

Since its first appearance in the Upper Rhine Valley in 2007, the neo-zoic Box Tree Pyralid *Diaphania perspectalis* (= *Glyphodes perspectalis*) has locally established on *Buxus* sp. in home gardens and parks in Germany. It was found mainly along the river Rhine and in nearby regions. The larvae overwinter as L2 larval stages and can already start causing new damages in March. *D. perspectalis* is actively migrating into new areas and its spread might be enhanced by repeated introductions of infested plants. Thus, it is highly recommended to carefully check imported *Buxus* sp. plants. For controlling the Box Tree Pyralid, advisory services currently recommend the biological products Neem and *Bacillus thuringiensis*, as well as chemical pesticides (e.g. thiacloprid). Spraying insecticides has only limited success because the pyralid larvae are protected by their webbing. The potential of using parasitoids has, so far, received little attention although it could be a biological and residue-free alternative for gardens and parks.

Except for laboratory trials with the egg parasitoid *Trichogramma brassicae* there is no information on parasitoids of *D. perspectalis* in Germany. Therefore, the suitability of this potential antagonist against the Box Tree Pyralid was investigated in laboratory experiments. The objective of an integrated control strategy could be to reduce the development of the pest populations during spring by controlling the overwintering larvae through the release of larval parasitoids and the ovipositing adults with *Trichogramma* wasps. As part of a research project on the control of the European Corn Borer *Ostrinia nubilalis* the indigenous braconid larval parasitoid *Bracon brevicornis* is available through a large scale rearing.

Larvae of *D. perspectalis* (last larval stage) were exposed to single parasitoid females of *B. brevicornis* in Petri dishes. The parasitization was observed for one week. After four days, 87% of the larvae were paralysed, which means an irreversible immediate stop of feeding activities. Oviposition was observed on 77% of the paralysed larvae. However, the larvae of the braconid wasp could not develop in *D. perspectalis* and died. Possibly, alkaloid substances of the Box Trees negatively influenced the development of the parasitoids. In any case, the host-feeding did not result in immediate adverse effects on the parasitoid adults. On average, 14 eggs were laid on each pyralid larva during a period of four days. Frequent host-feeding activities of the braconid wasps were observed. They sting or bite the host larva, perforating the host body, and feed on the haemolymph. The trials have shown that *B. brevicornis* accepts *D. perspectalis* as a host, but cannot complete its development in it. In 2010, the potential of the combined use of braconid wasps and *Trichogramma* species will be tested under field conditions.

Behaviour and development of the parasitoid *Bracon brevicornis* – an enemy of the European corn borer *Ostrinia nubilalis*

U. Wyss¹, B. Wührer² & O. Zimmermann^{2,3}

¹ Institut für Phytopathologie, Universität Kiel

² AMW Nützlinge GmbH, Pfungstadt

³ JKI Darmstadt

In recent years, in Germany, the ectoparasitic wasp *Bracon brevicornis* (Hym. Braconidae) was quite often detected parasitising *Ostrinia nubilalis* larvae in infested maize crops. For this reason a video film (duration 14 1/2 min.) was produced that documents the behaviour and development of the braconid parasitoid. Infested maize stalks were partially cut open to reveal the host larvae (L4 – L5) and were then presented under a stereomicroscope to mated *B. brevicornis* females. As a typical response, the *Ostrinia* larvae first tried to protect themselves by spinning a web within the cut stalk that was then partially covered by frass and faeces. The wasp, standing nearby, continuously observed this mending process with great care, waiting for the right moment for the first sting to paralyse the mighty larva by injecting a venom. Several attempts with the partially protruded ovipositor preceded the first very quick successful sting, upon which the host larva responded violently. Several minutes elapsed, continuously observed by the parasitoid, until the affected larva gradually calmed down. Then it was stung again. The paralysed *Ostrinia* larva was then removed from the stalk to document host feeding and oviposition. First host feeding stings evoked again a strong defensive response. Finally, after the larva had calmed down completely, host feeding was initiated by forceful deep ovipositor stings. The emerging haemolymph was immediately imbibed. Host feeding was followed by protruding the ovipositor at almost full length along the body of the host. The egg was then seen to flow out from a lateral slit of the ovipositor. Oviposition of two successive eggs could be documented. Subsequent sequences show that many (up to 30) eggs are

deposited at different portions of the paralysed, still pulsating host. The development of the parasitoid from egg deposition until adult emergence was recorded at 27–28°C. Emphasis was placed on the following features: Embryonic development, hatch of the L1 larvae that immediately start feeding, food ingestion at high magnification, the rapid growth of the larvae until they are fully developed after about three days. These larvae start to spin a dense silken pupation cocoon. Final sequences show the praepupa and pupa within the cocoon and how, five days after the onset of pupation, an adult male and female emerged from the cocoon.

Effects of imidacloprid and thiamethoxam applied on sugar beet seeds on *Poecilus cupreus* larvae

B. Baier & D. Schenke

Julius Kühn-Institute, Institute for Ecological Chemistry, Plant Analysis and Stored Product Protection, Berlin

Imidacloprid and thiamethoxam, neonicotinoids with different chemical properties, were investigated to determine their effects on *Poecilus cupreus* when applied on sugar beet seeds. For this purpose, laboratory tests were carried out with larvae of this carabid beetle in natural substrate (Lufa 2.1). The purchased sugar beet seeds that had been coated with either Gaucho® WS 70 (imidacloprid) or Cruiser® 70 WS (thiamethoxam) were characterised by the corn weight and the content of active ingredient per seed. Used seeds contained 781 (± 147) µg imidacloprid/seed and 749 (± 96) µg thiamethoxam/seed, respectively. The tests were carried out in plastic boxes with different surface areas (384, 188 and 92 cm²) but the same height (6 cm). Additionally, glass tubes (2,5 cm diameter, 7 cm height and 5 cm² inner surface) were used. This setup simulated a 2, 4, 8 and 154-fold seed density in relation to the maximum field rate of 130,000 sugar beet seeds/ha. Each test unit was equipped with one coated seed in the middle of the unit 1.5 cm deep within the soil and one 24 to 48 h old larva. Apart from investigation of the efficacy towards the carabid beetle, the diffusion of the active substances imidacloprid and thiamethoxam from the seeds into the soil was determined by residue analyses of soil samples in different distances from the seed. The lethal effects of imidacloprid on *Poecilus cupreus* decreased with increasing surface area of the boxes. The lethal effect was 100% in the case of the 154-fold seed density and only 6% in the case of the twofold seed density. In comparison, thiamethoxam caused > 90% mortality in all simulated cases of seed density. During the whole test period, the residues of imidacloprid in the closer soil fraction remained closely around the seed ($r = 1.2$ cm). Thiamethoxam was distributed in a significantly larger content in a radius of 3.6 cm compared to imidacloprid. The greater water solubility of thiamethoxam was presumably the reason for a clearly greater seed dressing zone of this substance. Therefore the higher probability of contact between *Poecilus cupreus* and thiamethoxam could be one reason for the more pronounced effects in comparison to imidacloprid.

Control of the woolly apple aphid (*Eriosoma lanigerum* Hausm.) by releasing earwigs (*Forficula auricularia* L.) and support oil applications

I. Toups¹, J. Zimmer¹, M. Trautmann², M. Beer³, S. Buchleither⁴ & A. Herz⁵

¹ DLR Rheinpfalz, Kompetenzzentrum Gartenbau, Rheinbach

² Kompetenzzentrum Obstbau Bodensee, Ravensburg

³ Öko-Obstbau Norddeutschland Versuchs- und Beratungsring e.V., Jork

⁴ Beratungsdienst Ökologischer Obstbau e.V., Ravensburg

⁵ Julius-Kühn Institut Darmstadt, Institut für biologischen Pflanzenschutz, Darmstadt

In order to develop an on-farm strategy to control the woolly apple (*Eriosoma lanigerum* Hausm.) aphid in organic orchards a research project funded by the Federal Agency for Agriculture and Food, Germany, was conducted from 2007 to 2009 in cooperation with different research facilities in Germany. The focus was directed at the release of the common earwig (*Forficula auricularia* L.), possibilities to enhance populations in the field and applications of oils to control the woolly apple aphid. Additional trials were conducted to determine the pollution of apples by earwigs' excrements and the influence of mechanical soil management on the overwintering earwigs. Round robin tests in the field where made in cooperation with fruit growers in the region of Lake Constance. The healthy stages of the earwigs from all sites were examined in laboratory. Earwigs as natural predators of woolly apple aphids climb the trees at the end of May/beginning of June. By then the population of woolly apple aphid may have reached high infestation levels. To keep infestations at moderate levels until the earwigs appear, oil applications were made in early spring to complement the release of earwigs. Results show that the efficacy of released earwigs was hardly determinable and depended on the prior infestation intensities. When the earwigs appear in the trees lots of other beneficial organisms were found, like ladybeetles (Coccinellidae) and their larvae as well as larvae of hover flies (Syrphidae) and green lacewings (Chrysopidae), which all feed on woolly apple aphid and seem to obscure the earwigs' predation. The trials included comparisons between oil application by brush and by spraying in combination with earwig release, respectively. The brushing was made in April when the first woolly colonies can be found in the orchards. For better efficacies the spraying must be accomplished before the aphids start to produce their woolly cover. At high infestation levels the oil application by brushing proved to be much more effective, but is time consuming. The efficacies for spraying were highly variable. At low infestation levels an oil application in April before the aphids start to produce their woolly covers seems to limit the development of the aphids. However at higher infestation levels a spraying seems to have no influence on the population development. The release of earwigs alone was not sufficient to control a high infestation of woolly apple aphid. A combination of long term promotion of earwigs' population with an oil application (brushing or spraying) in early spring, together with the impact of all natural enemies including *Aphelinus mali* can be a promising strategy to keep the infestation by woolly apple aphid at reasonable levels.

Earwigs can become sick too!

U. Koch, H. Bathon, A. Herz & R.G. Kleespies

Julius Kühn-Institute, Institute for Biological Control, Darmstadt, Germany; annette.herz@jki.bund.de

Common earwigs (*Forficula auricularia* L.) are important predators of serious pests in fruit growing, e.g. the woolly apple aphid (*Eriosoma lanigerum* Hausm.). Enhancement of natural pest control was tested in a joint research project by collecting of earwigs from orchards with high population densities and subsequent release into plantations heavily infested by the woolly apple aphid at several locations in Germany (see Toups et al., 2010, within this issue). Releasing beneficials, which had been collected in nature for biocontrol, may pose the risk to transfer parasitoids and diseases from one population to another. To evaluate this risk, samples of several hundred earwigs were taken from the different collections and analyzed for their health status in the laboratory. After freez-

ing, earwigs were dissected and examined for the presence of macroorganisms (larvae of parasitoids, nematodes etc.) under the stereomicroscope. Smear tissue preparations with subsequent Giemsa staining were made from selected individuals of the samples and investigated by light microscopy. In some cases examinations by electron microscopy were conducted. Less than 10% of the different earwig populations from Lake Constance region, Rhineland-Palatinate and Lower Saxony were found to be parasitized during the three years of the study. *Triarthria setipennis* Fallén (Dipt., Tachinidae) was the dominant parasitoid in samples from Lake Constance region (2007: 49 parasitized out of 1187 dissected, 2008: 27 out of 663, 2009: 28 out of 987). Larvae of this tachinid were also found in earwigs from other locations. The nematode *Mermis nigrescens* Dujardin (Nemtoda, Mermithidae) was detected in three earwigs from samples taken in 2007 at the Lake Constance region and in higher numbers from earwigs collected in 2008 and 2009 at all locations (Lake Constance region: 13 of 663 dissected in 2008, 84 of 987 in 2009; Rhineland-Palatinate: 36 of 689 in 2008, 55 of 783 in 2009; Lower Saxony: 26 of 823 in 2008, 7 of 740 in 2009). Pathogenic microorganisms were also detected. Microsporidia were isolated for the first time in earwigs from all locations. Infection studies have to be conducted to clarify life cycle and ultrastructure of all developmental stages. Light and electron microscopy as well as phylogenetic analyses will be necessary for final determination of these cell parasites as well as of other pathogens, found in a few specimens from the Lake Constance region. According to these results, the health status of natural earwig populations can be considered as satisfactory and it seems that the most important antagonists of earwigs already occur in different regions in Germany thus limiting the risk of contamination of earwig populations by active release of specimen from other regions.

A cDNA-AFLP and qRT-PCR approach to identify genes involved in CpGV-resistance of the codling moth, *Cydia pomonella*

N.A. Gund & A. Reineke

Geisenheim Research Center, Department of Phytomedicine, and University of Hohenheim, Institute of Phytomedicine, Department of Applied Entomology, Stuttgart

The codling moth, *Cydia pomonella*, occurs worldwide in apple growing regions and is one of the most serious insect pests in apple orchards. The larvae are polyphagous and can also damage quinces, cherries, plums, apricots, walnuts, and pears. Larvae tunnel into the fruits to the core where they feed on developing seeds. Without any control, damage can reach up to 95% in an apple orchard. The *C. pomonella* granulovirus (CpGV), Family Baculoviridae, is one of the most powerful tools for reducing *C. pomonella* populations, especially in organic farming. Since 2003, less sensitive codling moth populations against this virus emerged in Germany and in other European countries (France, Italy, Switzerland, the Netherlands and Austria). The populations had a up to 1000-fold reduced sensitivity against the Mexican isolate of this virus, CpGV-M. Single-pair cross experiments indicated that the putative dominant CpGV-M resistance gene is located on the Z-chromosome (sex chromosome) of the codling moth (ASSER-KAISER et al. 2007). For identifying genes prospectively involved in the development of CpGV resistance, a gene expression profiling approach was chosen. CpGV-M resistant codling moth larvae in the fourth instar were exposed for a certain period of time to virus-contaminated and virus-free diet via "droplet feeding". Two different CpGV strains were involved in this assay: CpGV-M, for which resistance is known to exist in the field, and CpGV-I12, a new isolate from Iran, with apparent resistance-breaking effects. As a control a virus-free diet was used. Complementary DNA-amplified fragment

length polymorphism (cDNA-AFLP) analysis and subsequent quantitative Real Time-PCR (qRT-PCR) were applied to identify and to compare the expression levels of different genes putatively involved in the resistance process between the different samples. Genes, which were differentially expressed in *C. pomonella* larvae fed on virus-contaminated or virus-free diet were isolated from cDNA-AFLP gels and were sequenced. Among them, one candidate gene showed a high homology to insect intestinal mucins, which are known to be involved in defence reactions of insects against pathogen infections. Expression of this gene after various time points of CpGV infection will be monitored in the future.

References

ASSER-KAISER, S., E. FRITSCH, S. UNDRORF-SPAHN, J. KIENZLE, K.E. EBERLE, N.A. GUND., A. REINEKE, C.P.W. ZEBITZ, D.G. HECKEL, J. HUBER, J.A. JEHLE, 2007: Rapid emergence of baculovirus resistance of codling moth due to sex-linkage and concentration-dependent dominance. *Science* 317, 1916.

Influence of humidity, water application volume and a formulation on the control potential of the entomopathogenic nematode *Steinernema feltiae* on overwintering larvae of the codling moth *Cydia pomonella*

T. Navaneethan & R.-U. Ehlers

Institute for Phytopathology, Dept. of Biotechnology and Biological Control, Christian-Albrechts-University Kiel, Kiel; ehlers@biotec.uni-kiel.de

Codling moth (*Cydia pomonella* L.) is a serious pest of pome fruit. Diapausing cocooned larvae overwinter in cryptic habitats in the soil around or the bark of infested trees. The entomopathogenic nematode *Steinernema feltiae* (Rhabditida: Steinernematidae) is used to control diapausing codling moth larvae. However, efficacy can be variable. The objective of this study was to define environmental conditions favouring the performance of the nematodes. Virulence of *Steinernema feltiae* was superior to *S. carpocapsae*. Cocooned larvae were more susceptible than non-cocooned larvae. Mortality of pupa was low. The humidity in the substrate was assessed measuring the water activity (a_w -value). *S. feltiae* was unable to infect larvae at a_w -values ≤ 0.9 . Cocooned larvae died at lower a_w -values than non-cocooned larvae. Mortality of cocooned larvae did not further increase after half an hour of exposure, whereas the mortality increased with increasing exposure time in non-cocooned larvae. LC_{50} and LC_{90} considerably decrease with increasing relative humidity in the air. The negative influence of the relative humidity was less important at a relative humidity surpassed 80% than the effect of water activity in the substrate, which can be increased by spraying larger water volumes. When *S. feltiae* was formulated in a surfactant-polymer-formulation, mortality significantly increased when compared to application in water only. In summary, following recommendations can be drawn from the results: 1. Application should be against cocooned larvae, because they are more susceptible. 2. Relative humidity should at least be at 80% during application and few hours after application. 3. The lower the relative humidity, the high should be the application volume of water. 4. The surfactant-polymer-formulation should be used, particularly when suboptimal environmental conditions cannot be expected.

Heat and desiccation tolerance of selected hybrid strains of the entomopathogenic nematode *Heterorhabditis bacteriophora*

J. Mukuka & R.-U. Ehlers

Institute for Phytopathology, Dept. of Biotechnology and Biological Control, Christian-Albrechts-University Kiel, Kiel; ehlers@biotec.uni-kiel.de

Genetic selection can be a powerful tool to increase beneficial traits in biological control agents. Heat and desiccation tolerance of the entomopathogenic nematode *Heterorhabditis bacteriophora* Poinar (Rhabditidomorpha: Strongyloidea) were significantly increased by cross breeding tolerant parental strains and successive genetic selection. These strains originated from a prior screening among 60 strains for increased stress tolerance. During genetic selection, the selection pressure was constantly increased and only the most tolerant 10% of the nematode populations were propagated for further selection steps. Assessment of tolerance and selection for both traits was performed with and without prior adaptation to the stress conditions. Eleven selection steps were performed to increase heat tolerance. A final overall increase in mean heat tolerance of 5.5°C was achieved when nematodes had been adapted to heat stress. For non-adapted tolerance an increase of 3.0°C from 40.1° to 43.1°C was recorded. For comparison, a commercial strain had a mean tolerated temperature after adaptation of 38.2°C and of 36.5°C without adaptation. For assessment of the desiccation tolerance the mean tolerated water activity (a_w -value) of a population was measured. Cross-breeding most tolerant strains reduced the a_w -value from 0.67 to 0.65 after adaptation and from 0.9 to 0.7 without prior adaptation. The following six selection steps could not increase the tolerance whether nematodes had been adapted to stress or not. In comparison, the commercial strain tolerated a mean a_w -value of 0.985 after adaptation and 0.951 without adaptation. Further investigation will have to assess trait stability and possible trade-off effects. This study is a first important step on the road towards domestication of the entomopathogenic nematode *H. bacteriophora*.

Complementary sex determination and inbreeding avoidance in the parasitic wasp *Bracon brevicornis*

A.C. Weeda, A. Thiel & T.S. Hoffmeister

Population Ecology Lab, University of Bremen, FB2, Bremen; weeda@uni-bremen.de

In species with single-locus complementary sex determination (sl-CSD), sex is determined by multiple alleles at a single locus. In the haplodiploid Hymenoptera, sl-CSD results in females, if individuals are heterozygous (2n) at the sex locus, and in males, if they are hemi- (n) or homozygous (2n). Diploid males originate from matched matings, i.e. if a female wasp mates with a male carrying a sex allele matching one of hers. Given successful development, they are sterile and, additionally to having zero fitness, accrue costs on females they mate with. As a consequence of matched matings, parasitic wasps with sl-CSD rapidly show effects of inbreeding depression in small populations. In nature, females of *Bracon brevicornis* produce clusters of eggs when parasitizing host insects and thus, there is a large potential for inbreeding through sib-matings. This is especially for mass rearing in biological control programmes. An obvious question is how *B. brevicornis* may avoid the associated costs. We investigated three

different potential mechanisms of inbreeding avoidance. 1) Males and females may emerge asynchronously and may not meet on the natal patch due to immediate dispersal. 2) Females may reject mating attempts early in their life and thus, before dispersal and 3) females may employ kin-recognition to reject brothers as mating partners. Our experiments suggest that by appropriate mating systems, this parasitoid has behavioural mechanisms that allow to reduce the severe costs thought to be associated with sl-CSD.

Banker plant system for predatory flies of the genus *Coenosia* Meigen, 1826

S. Kühne¹, D. Pohl² & J. Klatt³

¹ Julius Kühn-Institute, Kleinmachnow; stefan.kuehne@jki.bund.de

² Süleyman Demirel University, Plant Protection Department, Isparta, Turkey

³ Landwirtschaftskammer Nordrhein-Westfalen, Münster

Predatory flies of the genus *Coenosia* (Diptera: Muscidae) are polyphagous predators and feed on important greenhouse pests, including whiteflies (Aleyrodidae), fungus gnats (Sciaridae) and leafminers (Agromyzidae), but also on leafhoppers of the genus *Eupteryx* and *Empoasca* and small dipteran species (Ephydriidae, Drosophilidae) (Kühne 1998). The wide range of prey used as food makes them very flexible, hence especially useful (Kühne 2000). Furthermore, they are the only beneficials that can kill adult stages of these pests. In 1996–2000 *Coenosia attenuata* Stein, 1902 were first applied against the mentioned pests in ornamental and vegetable (cucumbers, tomatoes) crops on more than 20 ha of greenhouse area in Germany. In some big enterprises like Anthura Arndt GmbH (Borken-Burlo) *Coenosia* flies have been established since 1999 and help to reduce the whole costs for biological control. Their presence is also an indicator for reduced pesticide application. In 1998, *C. attenuata* was first found in cotton fields in Turkey (Pohl, 2003). In 2002, *C. attenuata* was recorded for the first time in greenhouses from the Neotropical Region in Ecuador and Peru (Martinez-Sanches et al. 2002). The efficacy of *C. attenuata* as a biological control agent of *Trialeurodes vaporariorum* (Homoptera: Aleyrodidae) in greenhouse vegetables was studied in Portugal and Spain (Aguilera 2004, Rodriguez et al. 2004, Pinho et al. 2009, Tapia et al. 2008). In 2009, the authors discovered *C. attenuata* in greenhouses in Antalya, Turkey, for the first time and a greenhouse experiment was set up to establish *C. attenuata* by offering one box with plantation substrate (coconut fibre) for egg depositing and as a food source. The substrate was mixed with oat flakes. Fungus mycelium was growing on the oat flakes in the substrate and provided the basic food for fungus gnats larvae. Because *Coenosia* larvae feed on fungus gnat larvae and the adult *Coenosia* feed on adult fungus gnats we succeeded to establish the predators within the greenhouse for more than three months. Further investigations were interrupted due to other use of the greenhouse. The establishment of *Coenosia* by release of 1100 flies in a greenhouse of the Botanical Garden in Berlin in 2009 was not successful. We assumed that geckos living in the greenhouse fed on the flies and cockroaches nesting in the rearing substrate destroyed the food source for *Coenosia*.

AK PHYTOBAKTERIOLOGIE, 03.09.2009

DIFFERENZIERUNG VON ERWINIA-STÄMMEN DURCH SNPS (DIFFERENTIATION OF ERWINIA STRAINS BY SNPS)

Gehring, Isabel¹, Geider, Klaus²

¹HIP Uni Heidelberg, JKI Dossenheim

²JKI Dossenheim

Contact: klaus.geider@jki.bund.de

Der Feuerbranderreger *Erwinia amylovora* hat sich von Nordamerika aus weltweit verbreitet. Wie bereits durch PFGE Analysen gezeigt wurde, sind die isolierten *Erwinia amylovora* Stämme abhängig von ihrer geographischen Herkunft gruppierbar. Sequenzanalysen zeigten einen Single Nucleotid Polymorphismus (SNP) im *galE* Gen zwischen einem Stamm aus Nordamerika, Ea273, und dem deutschen Isolat Ea1/79. Es wurden weitere *E. amylovora*-Isolate unterschiedlichen Herkunft auf diesen SNP getestet. Hierbei entsprachen alle nordamerikanischen Stämme der Sequenz von Ea273 und alle anderen getesteten Stämme, die in Europa und Neuseeland isoliert wurden, der Sequenz von Ea1/79. Einige Stämme aus dem Osten Kanadas zeigen weitere SNPs im *galE*-Gen. Dies spricht für die lange endemische Verbreitung des Feuerbrands in diesem Gebiet. Durch Sequenzanalysen konnten SNPs im *galE* Gen von *E. pyrifoliae* für Isolate aus Korea und Japan gefunden werden. Auch diese Stämme sind daher mit der *galE* Gen differenzierbar. Die Unterscheidung zwischen *Erwinia* Arten durch PCR ist mit Hilfe von SNPs in "house keeping genes", wie z.B. *recA* und *gpd*, möglich. Dies erfolgt durch Zyklen mit verschiedenen annealing Temperaturen. Auch mit real-time PCR lassen sich so Sequenzunterschiede zur Differenzierung nutzen. Nukleotid-Sequenzen des *wbdN* Gens und der *lsc* Region ermöglichten eine Differenzierung mittels PCR. Eine Untersuchung von Freilandproben und somit eine Einschätzung, welche epiphytischen *Erwinia* Arten auf Blüten nachweisbar sind, kann mit diesen Primern durchgeführt werden.

MOLECULAR AND BIOCHEMICAL COMPARISON OF PLANT-ASSOCIATED BACTERIA IN THE GENUS ERWINIA (MOLEKULARER UND BIOCHEMISCHER VERGLEICH PFLANZEN-ASSOZIIERTER BAKTERIEN DER GATTUNG ERWINIA)

Geider, Klaus¹, Gehring, Isabel², Gernold, Marina², Kube, Michael³, Müller, Ina¹, Reinhardt, Richard³, Wensing, Annette⁴

¹JKI Dossenheim

²HPI Uni Heidelberg and JKI Dossenheim

³MPI Mol. Genetik, Berlin

⁴Jacobs-University Bremen

Contact: Klaus.Geider@jki.bund.de

The genomes of *Erwinia amylovora* (by others) and the related Asian pear pathogen *E. pyrifoliae* as well as the genomes of the antagonistic bacteria *E. billingiae* and *E. tasmaniensis* have been sequenced by us. They share a high number of related genes including gene cluster for EPS synthesis. *E. billingiae* is most divergent and is lacking the *hrp/dsp* region. Another missing feature is the lack of the *lsc* gene and operon for sucrose metabolism. Accordingly, *E. tasmaniensis* seems best suited for competition in flowers with *E. amylovora* to control fire blight. All four species secrete 6-thioguanine (6TG), an inhibitor of DNA repair in mammalian cells and some bacteria. Many *E. amylovora* strains from North America and most *E. pyrifoliae*

strains secrete 2,5-D-dihydrophenylalanine (DHP), an inhibitor of the shikimate pathway for synthesis of aromatic amino acids in microorganisms and plants. DHP and 6TG from *E. amylovora* and *E. pyrifoliae* strains may interfere with microorganisms of the pathogen environment. Other genes on the chromosomes encoding for lysozymes or bacteriocines were cloned and expressed in *E. coli*. They may be silent in the host cells and only induced during critical situations of the bacteria.

DIAGNOSE VON FEUERBRAND AN BIRNBÄUMEN IN KÄRNTEN (DIAGNOSIS OF FIRE BLIGHT ON PEAR TREES IN CARINTHIA)

Gernold, Marina¹, Bartosik, Marja-Liisa², Geider, Klaus³

¹HIP Uni Heidelberg, JKI Dossenheim

²Pflanzenschutzdienst Kärnten, Austria

³JKI Dossenheim

Contact: klaus.geider@jki.bund.de

Im Spätsommer 2008 wurden in Kärnten, Österreich, an Birnbäumen nekrotische Symptome beobachtet, die auf Feuerbrand hinwiesen. Proben vom Frühjahr 2009 waren überwiegend positiv für *Erwinia amylovora*, im Spätjahr war der Feuerbranderreger nicht mehr so oft nachzuweisen. Die Bakterien wurden aus befallenem Holz extrahiert bzw. in Kärnten in Kochsalzlösung aufbereitet, hier am JKI Dossenheim über Nacht kultiviert und mit PCR auf *E. amylovora* und *Erwinia billingiae* getestet. Im Probenmaterial war *E. billingiae* gegenüber *E. amylovora* dominant oder sogar ausschließlich vorhanden. Durch die hohe EPS-Synthese dieser Bakterienart wird auch der PCR-Nachweis von *E. amylovora* verändert. Neuere Primer aus der *ams*-Region von *E. amylovora* gaben oft mit *E. billingiae* Signale. Wir haben deshalb mehrere Primer-Paare zum Nachweis von *E. amylovora* geprüft und in einem Fall besonders hohe Spezifität und Zuverlässigkeit gefunden. Signale für *E. billingiae* wurden in vielen Fällen durch real time PCR mit SYBR Green bzw. TaqMan-Sonden bestätigt. Einzelkolonien wurden 2008 auch mit MALDI-TOF Analyse der Proteine ganzer Zellen analysiert und meist *E. amylovora* bzw. *E. billingiae* zugeordnet (zusammen mit MPI molekulare Genetik, Berlin). Es ist abzuschätzen, dass in nekrotischem Gewebe der Feuerbranderreger meist durch *E. billingiae* verdrängt wird und sich dort weitere Epiphyten ansiedeln.

INHIBITION OF ORGANIC ACIDS ON GROWTH OF ERWINIA AMYLOVORA (HEMMWIRKUNG ORGANISCHER SÄUREN AUF DAS WACHSTUM VON ERWINIA AMYLOVORA)

Konecki, Katrin¹, Gernold, Marina², Spitteller, Dieter³, Wensing, Annette⁴, Geider, Klaus¹

¹JKI Dossenheim

²HPI Uni Heidelberg and JKI Dossenheim

³MPI chem. Ökologie Jena

⁴Jacobs University Bremen

Contact: klaus.geider@jki.bund.de

For control of *Erwinia amylovora*, the causative agent of fire blight, we have investigated several potential biocontrol approaches. A bacterial isolate, strain BK1, which has not yet been taxonomically classified, produced a growth inhibition zone on a lawn of *E. amylovora*. Culture supernatants of BK1 have been analyzed for the active components. A strikingly high amount of acetic acid was observed. Growth inhibition of *E. amylovora* was also observed for

neutralized supernatants. Subsequently, sensitivity of *E. amylovora* against several short chain fatty acids was investigated. Neutralized solutions of acetic acid, propionic acid, butyric acid, iso-butyric acid, valeric acid and capronic acid were tested. We used mainly the *E. amylovora* strain Ea1/79, also with streptomycin-resistance and transformants with plasmids carrying the *lux*-operon, the *gfp* or the *rfp* gene. Bacterial bioluminescence is strictly coupled to energy-metabolism of the cell with a fast and sensitive signals for growth inhibition. Fluorescence is a constant marker correlated to the amount of cells in suspension. The antagonistic effect on plant material was determined on immature pear slices, apple blossoms, and pear shoots. An inhibitory effect could be established with low inoculation densities of *E. amylovora* for its propagation in plant tissue. Propionic acid and capronic acid showed a good inhibition *in vitro* studies and will be further investigated for control of fire blight.

SELEKTION ANTAGONISTISCHER MIKROORGANISMEN ZUR BIOLOGISCHEN KONTROLLE VON KRANKHEITSERREGERN DES STEIRISCHEN ÖLKÜRBIS

Michael Fürnkranz¹, Henry Müller¹, Gabriele Berg¹

¹*Technische Universität, Institut für Umweltbiotechnologie, Petersgasse 12/1, 8010 Graz, Österreich*

Contact: m.fuernkranz@tugraz.at

In den letzten Jahren wurden bei der steirischen Ölkürbisernte vermehrt hohe Fruchtfäulebedingte Ernteausfälle verzeichnet. Hauptverursacher dieser Fruchtfäule ist der Ascomycet *Didymella bryoniae*, jedoch sind auch andere Erreger, wie z. B. *Erwinia carotovora*, daran beteiligt. Basierend auf einem Cocktail aus unterschiedlichen antagonistischen Mikroorganismen soll ein Präparat zum Schutz und zur Stärkung des Steirischen Ölkürbis entwickelt werden. Bakterien und Pilze (vorwiegend Endophyten) wurden aus drei verschiedenen Ölkürbissorten isoliert und *in vitro* auf ihre antagonistische Aktivität gegen *D. bryoniae* getestet. Von 868 getesteten Isolaten zeigten 46 eine deutliche Wachstumsinhibierung des Pathogens. Weiters konnte aus Pflanzen unterschiedlicher Kürbissorten, die aus Oberflächen sterilisierten Samen gezogen und unter sterilen Bedingungen gewachsen sind, aus unterschiedlichen Mikrohabitaten ein potenzieller Biokontrollstamm isoliert und mittels BOX-PCR charakterisiert werden. Kultivierungsunabhängige SSCP-Fingerprint-Analysen sollen den Einblick in die Strukturen mikrobieller Lebensgemeinschaften, die mit dem Ölkürbis assoziiert sind, vervollständigen. So konnte die Samenbürtigkeit von *Bacillus* sp. und *Enterobacter* sp., sowie einer Reihe von Ascomyceten mittels molekularbiologischer Methoden nachgewiesen werden. Anstehende Dualkulturtests gegen bakterielle Pathogene des Steirischen Ölkürbis sollen Aufschluss über das potenzielle antagonistische Spektrum der positiv getesteten Stämme geben und Ziel führend für die Produktentwicklung sein.

Selection of antagonistic microorganisms for biological control of pathogens of the Styrian oilseed pumpkin

BIOLOGICAL CONTROL OF FIRE BLIGHT WITH BACTERIOPHAGES AND LYSOZYME (BIOLOGISCHE KONTROLLE DES FEUERBRANDS MIT BAKTERIOPHAGEN UND LYSOZYM)

Müller, Ina¹, Lurz, Rudi², Jelkmann, Wilhelm¹, Geider, Klaus¹

¹*JKI Dossenheim*

²*MPI Mol. Genetik, Berlin*

Contact: klaus.geider@jki.bund.de

Erwinia amylovora is the causative agent of fire blight causing large losses of pome fruit. As alternative to the currently used streptomycin, bacteriophages and their lysis-genes could be applied for biocontrol. Several *E. amylovora*-specific bacteriophages were characterized for their host range and lysis-capability. The genomes were sequenced. Two of them show high similarity to an annotated phage and differ only in six single nucleotide polymorphisms (SNPs) from each other. One SNP was used to distinguish the two phages by PCR. For other phages, which are members of a different group, contigs were assembled with similarities to other phage sequences in nucleotide databases. Several specific PCR-primers placed them in at least two groups. The primers were also applied for bacteriophage field isolates. By electron microscopy it was possible to classify the phages further and to measure the length of their genomes. They belong to the order of Caudovirales, family Podoviridae and Myoviridae, respectively. Structural proteins of the phages were identified by MALDI-TOF-analysis. The bacteriophages were tested for their potential to reduce fire blight symptoms on immature pears and apple flowers. After treatment fire blight symptoms such as browning and oozing were visibly reduced. Combination of phages was much more efficient than the use of single isolates. Their application on inoculated apple flowers led to a reduction of *E. amylovora*. Viral lysozyme genes were cloned in an inducible expression vector and reduced plating efficiency of *E. amylovora*. In liquid culture a decline in optical density was measured. Insertion of the lysozyme-gene in a broad-host range vector and transfer of the lysis genes to *E. amylovora* could reduce the pathogen population.

MALDI-TOF ANALYSE VON PROTEINEN GANZER ZELLEN FÜR DIE DIAGNOSE VON ERWINIA UND PANTOEIA ARTEN (MALDI-TOF ANALYSIS OF PROTEINS FROM WHOLE CELLS FOR DIAGNOSIS OF SPECIES WITHIN ERWINIA AND PANTOEIA)

Wensing, Annette¹, Gernold, Marina², Zimmermann, Stefan³, Ullrich, Matthias¹, Geider, Klaus⁴

¹Jacobs University Bremen

²HIP Uni Heidleberg, JKI Dossenheim

³Med. Mikrobiologie und Hygiene, Uni Heidelberg

⁴JKI Dossenheim

Contact: a.wensing@jacobs-university.de

Zur schnellen und zuverlässigen Identifizierung von Krankheitserregern kann neben klassischen Methoden wie Nachweismedien oder PCR-Analyse die Massenspektrometrie Einzelisolate taxonomisch zuordnen. Nach Aufschluss ganzer Zellen wird durch MALDI-TOF das Spektrum kleiner Proteine gegen eine Datenbank bekannter Organismen abgeglichen. Nahe verwandte Organismen wie *Erwinia persicina* und *E. rhapontici* sind mit klassischen Methoden wie mit der 16S-rDNA kaum zu unterscheiden. Die MALDI-TOF Analyse von 15 Isolaten aus der *E. persicina/E.rhapontici* Gruppe zeigte teilweise Übereinstimmung beider Arten. Einige Isolate konnten klar einem jeweiligen Typ zugeordnet werden. Bei der Differenzierung zwischen entfernten Arten wie *Pantoea stewartii* und *P. agglomerans* gab es deutliche Unterschiede. Isolate aus der *Pantoea* Gruppe wurden mit spezifischen PCR-Primen analysiert und teilweise *P. stewartii* zugeordnet. Über MALDI-TOF Analyse wurden diese Isolate auch als *P. stewartii* identifiziert. Der Typ-Stamm von *P. dispersa* wurde in die Datenbank aufgenommen und kann von anderen *Pantoea*-Arten unterschieden werden. Das BioTyper Verfahren kann auch nahe verwandte Arten zuverlässig bestimmen. Eine routinemäßige Identifikation ist damit in den meisten Fällen möglich. Außerdem kann die MALDI-TOF-Analyse auch unbekannte Bakterien miteinander vergleichen.

Aus den Arbeitskreisen der Deutschen Phytomedizinischen Gesellschaft (DPG):

Tagung des DPG-Arbeitskreises „Phytobakteriologie“ – 2009

Der Arbeitskreis Phytobakteriologie traf sich am 3. und 4. September 2009 im Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen (JKI), Institut für Pflanzenschutz in Obst- und Weinbau in Dossenheim. Gastgeber des sehr gut organisierten Treffens war Prof. Dr. Klaus GEIDER mit seiner Arbeitsgruppe. 24 Vorträge deckten sowohl praktische als molekulare Aspekte der Phytobakteriologie ab und gaben den ca. 40 Teilnehmern einen Überblick über das Fachgebiet. Mit einer Führung durch die Gewächshäuser des Instituts endete die Tagung.

Für den AK Phytobakteriologie:
Prof. Dr. Matthias ULLRICH (Jacobs University Bremen)
und Dr. Esther MOLTMANN (Landwirtschaftliches
Technologiezentrum Augustenberg, Stuttgart)

Die Zusammenfassungen einiger Vorträge werden im Folgenden wiedergegeben.

1) Development of methods to test the resistance of *Pelargonium* to bacterial diseases

Josefine ENGEL¹, Martin GEIBEL², Klaus RICHTER¹

¹ Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen (JKI), Institut für Resistenzforschung und Stresstoleranz, Erwin-Baur-Straße 27, 06484 Quedlinburg

² Elsner pac® Jungpflanzen GbR, Kipsdorfer Straße 146, 01279 Dresden
E-Mail: klaus.richter@jki.bund.de

Pelargonium is one of the most important ornamental plants in home and garden. Cultivars are propagated vegetatively. Two bacterial pathogens (*Xanthomonas hortorum* pv. *pelargonii*, *Ralstonia solanacearum*) cause bacterial wilt and blight result-

ing in high economic losses. The first symptom of both diseases is the characteristic wilting of single leaves. After the invasion of the bacteria, infected stems become brown or black and the whole plant is dying. Symptomatically, these two bacterial diseases can not be distinguished but a microbiological differentiation is possible. As the inoculation pathway is different for these species an aim of this project was to develop reliable inoculation methods for both pathogens. These were developed on plant material provided by Elsner pac[®] Dresden using bacterial strains of the collection of the Institute of Resistance Research and Stress Tolerance and the German Collection of Microorganisms and Cell Cultures (DSMZ). For the inoculation with *X. hortorum* pv. *pelargonii*, contaminated scissors were used, because in praxis the disease transmission occurs by cutting plant parts during the propagation process. As the natural inoculation by *R. solanacearum* is via roots, the bacteria suspension was filled into pots and the roots of respective plants were cut (wounded) with a knife to improve the bacteria invasion. By using these methods, six of 91 genotypes of Pelargonium could be found as resistant against *Xanthomonas* and four of 116 against *Ralstonia*. Resistant are plants without any symptoms and without bacteria inside. As the most important result, three genotypes could be identified as resistant to both pathogens. The resistant genotypes will be used in the resistance breeding process.

(DPG AK Phytobakteriologie)

2) Infektionsversuche an Apfelblüten mit dem Feuerbranderreger *Erwinia amylovora*

Romeo HERR

Universität Hohenheim, Institut für Genetik, FG Allg. Virologie,

Emil-Wolff-Str. 14, 70599 Stuttgart

E-Mail: r.herr@uni-hohenheim.de

Die Infektion von Blüten stellt eine gefährliche Phase im Krankheitsverlauf des Feuerbrands dar und wird daher von Prognosemodellen erfasst. Zur Verbesserung dieser Modelle wurde in Laborversuchen der Einfluss verschiedener Temperatur- und Feuchtebedingungen auf die Infektion von Apfelblüten untersucht. Zweijährige in Containern getopfte Bäume der Sorten Gala und Golden Delicious wurden ab Januar im Gewächshaus zur Blüte gebracht. Die Narben von bis zwei Tage alten Blüten wurden mit einer Bakterien suspension 10^8 KBE/ml befeuchtet und 24 Stunden bei 24°C oder 48 Stunden bei 18°C und einer Luftfeuchte von 85% inkubiert. Die Bakterien vermehrten sich in dieser Zeit auf 10^7 KBE/Blüte. Danach wurde ein einmaliges Nässeereignis in drei Varianten durchgeführt: (1) die Blüten wurden für 12 Stunden 100% Luftfeuchte ausgesetzt, (2) die Blüten wurden mit sterilem deionisiertem Wasser leicht übersprüht, was einem Tau von 0,02 mm entsprach, (3) die Blüten wurden mit Wasser übersprüht, was einem Niederschlag von 0,1 mm entsprach. Die Nässe erleichtert den (mit Nekrosen, die weiter als bis zum Fruchtknoten reichen) betrug im Mittel:

Befallene Blüten der Sorte Gala nach künstlicher Inokulation:
Bei 18°C: ohne Nässe: 0,4%, Variante (1): 4,0%, (2): 0,7%, (3): 46%

Bei 24°C: ohne Nässe: 1,0%, Variante (1): 1,1%, (2): 5,3%, (3): 50%

Befallene Blüten der Sorte Golden Delicious nach künstlicher Inokulation:

Bei 18°C: ohne Nässe: 0,4%, Variante (1): 0,7%, (2): 1,0%, (3): 26%

Bei 24°C: ohne Nässe: 2,6%, Variante (1): 2,7%, (2): 7,4%, (3): 30%

(Die Unterschiede zwischen den Sorten und den Temperaturen sind statistisch nicht signifikant.)

Im Versuchsansatz ohne Nässe und in den Varianten (1) und (2) ist der Befall gering. Eine deutliche und statistisch signifikante Steigerung tritt durch Übersprühen mit 0,1 mm Wasser ein. (DPG AK Phytobakteriologie)

3) Feuerbrandsituation 2009

Esther MOLTSMANN¹, Romeo HERR²

¹ Landwirtschaftliches Technologiezentrum Augustenberg, Außenstelle Stuttgart, Reinsburgstr. 107, 70197 Stuttgart

² Universität Hohenheim, Institut für Genetik, FG Allg. Virologie,

Emil-Wolff-Str. 14, 70599 Stuttgart

E-Mail: esther.moltmann@ltz.bwl.de

Der Feuerbrand ist eine sehr wechselhaft auftretende Krankheit, die in einzelnen Jahren große Schäden verursachen kann. Nach den starken Befallsjahren 2007 und 2008 ist das Jahr 2009 ein schwaches Feuerbrandjahr. Sowohl bei der Birne als auch beim Apfel kam es nur vereinzelt zu Neuinfektionen. Lediglich Altbefall aus dem Vorjahr wurde wieder aktiv. Eine Ursache hierfür ist die Witterung während der für Infektionen kritischen Blütezeit des Kernobstes. In 2007 bzw. 2008 überstiegen die während der Lebensdauer einer Blüte aufsummierten Stundenwerten über 18°C die Schwelle von 110 bereits zu Blühbeginn bzw. in der Vollblüte deutlich und blieben während der restlichen Blühperiode auf dieser Höhe. In 2009 dagegen wurde die kritische Schwelle nur während der Birnenblüte in den badischen und nordwürttembergischen Anbaugebieten kurzzeitig überschritten und fiel sofort wieder ab. Erst als die Apfelblüte weitgehend abgeschlossen war, wurden wieder die für Infektionen erforderlichen Temperaturen erreicht. Außer durch die Witterungsbedingungen wird der Befall eines Jahres durch den Vorjahresbefall und das aktuelle Infektionspotential (Anwesenheit der Bakterien in den Blüten) bestimmt. Das aktuelle Infektionspotential wird durch die Untersuchung von landesweit gezogenen Blütenproben (30 bis 60) von alten Befallsstandorten auf Besiedlung mit Feuerbranderregern mittels PCR abgeschätzt. In 2008 waren 1/3 der Proben positiv, während es in 2007 und 2009 nur einzelne (2 Proben) waren. Ausgehend von einem niedrigen Vorjahresbefall baute sich in 2007 das Infektionspotential durch hohe Temperaturen ab Blühbeginn während der Blüte offenbar erst auf. In 2008 war es bedingt durch den starken Ausgangsbefall in 2007 bei Überschreiten der kritischen Schwelle während der Vollblüte bereits deutlich erhöht, und es kam zu einem massiven Neubefall an den positiv beprobten Standorten. Der starke Befall von 2008 blieb für 2009 ohne Folgen, da die Temperaturen meist unterhalb der Schwelle blieben und die Blüten daher kaum besiedelt wurden. An zwei alten Befallsstandorten mit Streuobstbäumen und Ertragsanlagen von Apfel, Birne und Quitte wurden die Cankeraktivität, die Besiedlung der Blüten und ersten Infektionen in 2009 exemplarisch untersucht. Die Ergebnisse ergänzen die landesweiten Beobachtungen.

(DPG AK Phytobakteriologie)

4) Leaf spots on corn salad [*Valerianella locusta* (L.) Laterr.] caused by the bacterium *Acidovorax valerianellae* – insights into biology and development of diagnostic tools

Katja THIELE, Frank RABENSTEIN

Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen (JKI), Institut für Epidemiologie und Pathogendiagnostik, Erwin-Baur-Str. 27, 06484 Quedlinburg

E-Mail: ep@jki.bund.de

Black leaf spots on corn salad [*Valerianella locusta* (L.) Laterr.] caused by the bacterium *Acidovorax valerianellae* (Av) have been observed in Germany since in 1999 (1) and have also been

reported in other European countries. Symptoms generally appeared after humid climate periods; they make the affected batches nonmarketable. In France the disease is responsible for about 10% losses every year (2). So far contaminated seeds or infested soil are considered as the major infection sources (2, 3).

To further investigate the epidemiology of the disease a research project was started, which first aims at improving the serological and DNA-based detection of the pathogen in plants and seeds. Since the bacteria may further grow during packaging and trade, highly sensitive and specific detection methods are required.

Using different *Av* isolates several polyclonal antisera (pAS) and a broad panel of monoclonal antibodies (mAbs) were developed. While all pAS strongly crossreacted with other bacterial species some of the mAbs displayed a high specificity to *Av*. They were successfully applied in a TAS-ELISA format to detect the pathogen in extracts from infected plants. After enrichment of bacterial cells through incubation in a semiselective culture medium (4) the method could be used for *Av* detection in seed lots too. Several mAbs were also applicable for immuno-histochemical detection of *Av*. Bacterial cells could be visualised in ultrathin sections for the first time in intercellular spaces of infected corn salad leaf tissue by immunogold labelling and transmission electron microscopy.

On the genome level 50 isolates of *Av* were analysed by amplified rDNA restriction analysis (ARDRA) (5) for sequence differences in their 16S rDNA and for variations in genome organization by BOX PCR (6). First results indicate that the *Av* isolates can be classified into two main groups by ARDRA pattern. This finding was confirmed by BOX PCR. The members of ARDRA groups show very similar BOX pattern respectively and are near clustered by analysis with the GelCompare software. In a next step several BOX PCR fragments were cloned and sequenced to obtain species specific sequences for DNA based detection of *Av*.

(1) MOLTSMANN, E. et al., 2000: Blattflecken an Feldsalat durch das Bakterium *Acidovorax valerianellae*. Gemüse 36(12), 10-12.

(2) GRONDEAU, C., R. SAMSON, 2009: Detection of *Acidovorax valerianellae* in corn-salad seeds, seed transmission of the pathogen and disease development in the field. Plant Pathology 58, 846-852.

(3) GRONDEAU, C., V. CERCEAU, C. BUREAU, R. SAMSON, 2003: Evidence that *Acidovorax valerianellae*, bacterial black spot of corn salad (*Valerianella locusta*) agent, is soil transmitted. *Pseudomonas syringae* and related pathogens. Biology and Genetics, 89-91.

(4) GRONDEAU, C., C. MANCEAU, R. SAMSON, 2007: A semiselective medium for the isolation of *Acidovorax valerianellae* from soil and plant debris. Plant Pathology 56, 302-310.

(5) VANECHOUTTE, M. et al., 1992: Rapid Identification of Bacteria of the Comamonadaceae with Amplified Ribosomal Dna-Restriction Analysis (Ardra). Fems Microbiology Letters 93, 227-234.

(6) MARTIN, B. et al., 1992: A Highly Conserved Repeated Dna Element Located in the Chromosome of *Streptococcus pneumoniae*. Nucleic Acids Research 20, 3479-3483.

(DPG AK Phytobakteriologie)

5) Untersuchungen zu Anfälligkeiten verschiedener Apfelsorten gegenüber Feuerbrand im Glashaus

Ulrike PERSEN, Richard GOTTSBERGER, Johann SCHAFFER

AGES/Institut für Pflanzengesundheit, Spargelfeldstraße 191, 1220 Wien, Österreich

E-Mail: ulrike.persen@ages.at

Die zunehmende Ausbreitung des Feuerbranderreger (*Erwinia amylovora*) in Österreich und damit verbundene Rodungen stel-

len die Obstbaupraxis verstärkt vor die Frage der Sortenwahl bei Nachpflanzen oder Neupflanzungen. Um die unterschiedlichen Empfindlichkeiten verschiedener Apfelsorten unter gleichen, kontrollierten Bedingungen zu erarbeiten, wurden an der AGES, Institut für Pflanzengesundheit, in den Jahren 2007 und 2008 Versuche durchgeführt.

In Glashaus-Quarantänekabinen wurden an dreizehn verschiedenen in Europa bedeutenden oder für die Zukunft relevanten Kulturapfelsorten bzw. Unterlagen künstliche Inokulationen mit einem österreichischen Referenzstamm von *E. amylovora* durchgeführt um die Feuerbrandanfälligkeit dieser Sorten zu vergleichen. Die Sorten 'Jonagored supra', 'Gala Galaxy selecta', 'Fuji KIKU 8', 'Golden Delicious Kl. B', 'Elstar', 'Braeburn Mariri Red', 'Rewena', 'Cameo' Caudle, 'Crimson Crisp' COOP39 (alle auf M 9, T337), 'Topaz' auf Malus M7, MM111 und M9 (T337) sowie die Unterlagen M9 (T337), Malus M7, Malus MM 111, Supporter 4 (Pi80) und Malus A2 wurden auf ihre Blüten- und Triebanfälligkeit untersucht.

Bei den untersuchten Apfelsorten war keine Sorte dabei, die sich bei visueller Bonitur an Trieben und Blüten als Feuerbrand-tolerant erwies. Nur eine Sorte zeigte trotz künstlicher Inokulation keine Symptome an den Blüten ('Crimson Crisp' COOP39). Die Häufigkeit von Feuerbrand-Blütensymptomen variierte zwischen 2% ('Rewena') und 48% ('Golden Delicious Kl. B Laimburg'). Weiters erwiesen sich 'Braeburn Mariri Red', 'Elstar', 'Fuji KIKU 8', und 'Cameo' Caudle als wenig empfindlich, 'Golden Delicious Kl. B', 'Gala Galaxy selecta' und 'Jonagored supra' als anfällig.

Um die Ausbreitungsgeschwindigkeit des Erregers in der Pflanze festzustellen, wurden Bäumchen in 10 cm lange Stückchen geschnitten und je nach Beschaffenheit so aufgearbeitet, dass *E. amylovora* Bakterien extrahiert werden konnten.

Mit einer adaptierten qPCR Methode konnte *E. amylovora* auch an symptomlosen Pflanzenteilen in unterschiedlichen Dichten nachgewiesen werden. Die Ausbreitungsdynamik des Erregers scheint sortenspezifischen Unterschieden unterworfen zu sein. Auch in den Pflanzen derselben Apfelsorte zeigt die Vermehrung des Erregers deutliche zeitliche und räumliche Schwankungen. Zur Aufklärung dieser Mechanismen sind weitere vergleichbare Untersuchungen notwendig.

(DPG AK Phytobakteriologie)

6) Reliability and sensitivity of diagnostic methods for detection of *Clavibacter michiganensis* subsp. *michiganensis* in seeds and plant material

Radwan M. FTAYEH, Andreas VON TIEDEMANN, Birger KOOPMANN, Klaus RUDOLPH

Division of Plant Pathology and Crop Protection, Department of Crop Sciences, University of Goettingen, Germany

E-Mail: rftayeh@yahoo.com

Clavibacter michiganensis subsp. *michiganensis* (CMM), the causal agent of bacterial canker of tomato, was at first described 1909 in Michigan (USA) and has since spread to nearly all main tomato growing areas world-wide by infested seeds and latently infected tomato plantlets. For an effective control of the disease a sensitive and reliable semi-selective growth medium for CMM is very decisive. Therefore, we tested 5 published semi-selective media on 30 CMM strains originating from many different countries. We found that the mean recovery rates on the media mSCM, D2ANX, SCM, CMM-1 and the medium suggested in 2005 (ANONYMOUS, 2005) by the European Plant Protection Organisation (EPPO) reached 6.86%, 70.34%, 95.87%, 93.81% and 0%, respectively within 7 days. After 10 days the mean recovery rates were: 35.64%, 70.34%, 96.51%, 93.81% and

19.38% respectively. Because their low selectivity (SCM and CMM-1), or because the media are time consuming and very toxic for many CMM strains (mSCM and the new EPPO medium), these media are not satisfactory. When the media were tested for detecting CMM in latently infested seeds or in latently infected plants with high contamination by saprophytic bacteria, all of them revealed false negative results and appear not well suited for reliable health certifications of tomato seeds and plants. Because few latently infected plantlets can cause high yield losses in large greenhouses, the sensitivity of the media tested appears not to be sufficient for an effective disease control. Thus, our results may be an explanation for the occurrence of canker disease in 2006 and 2007 in new locations, such as Syria, Austria and Germany, although officially certified tomato seeds and plants were cultivated there. Therefore, we developed a new sensitive and reliable semi-selective medium for CMM, which allowed a fast growth of most CMM strains tested (within 4 to 7 days) and possesses a high selectivity. This medium has been used in combination with a new PCR-protocol. By applying this so-called Bio-PCR method as few as 120 cfu ml⁻¹ of CMM were detected in plant homogenates within 4 days, when the density of contaminating saprophytic bacteria was 2×10^7 or 2×10^8 ml⁻¹. This new diagnostic method can be advised for routine seed testing as well as for detecting CMM in plant material, in modern as well as in simply equipped laboratories.

ANONYMOUS, 2005: *Clavibacter michiganensis* subsp. *michiganensis*. PM 7/42. Bull. OEPP/EPPO Bulletin 35, 275-283.

(DPG AK Phytobakteriologie)

7) Characterization of a novel epoxide antibiotic isolated from *Pantoea agglomerans* 48b/90

Ulrike F. SAMMER¹, Beate VÖLKSCH¹, Dieter SPITELLER²

¹ FSU Jena, Institut für Mikrobiologie/Mikrobielle Phytopathologie, AG Völksch, Neugasse 25, 07743 Jena, Deutschland

² Bioorganic Chemistry, Max Planck Institute for Chemical Ecology 07745 Jena, Deutschland

E-Mail: ulrike.sammer@uni-jena.de

Microbial pathogens pose a major threat to many plants and can cause enormous losses in agriculture. Microorganisms that antagonize pathogens can offer a way to fight plant diseases that is more environmentally friendly than chemical treatment; such diseases include fire blight, which is caused by *Erwinia amylovora* and affects many rosaceous plants, e.g. apple and pear. Suitable strains for biocontrol agents are often plant-associated microorganisms that are forced under natural conditions to defend their ecological niches and thus adapted to compete with plant pathogens. The species *Pantoea agglomerans* (formerly *Erwinia herbicola*) comprises many strains that are promising sources for biocontrol agents. *P. agglomerans* are ubiquitous in nature, inhabiting plant surfaces, water, soil, animals and humans. Several *Pantoea* isolates are known to efficiently inhibit *E. amylovora* in planta. *In vitro* experiments have revealed some antibiotics from *P. agglomerans* and uncovered how they act against *E. amylovora*. The known antibiotics produced by *P. agglomerans* strains, which belong to diverse chemical classes and affect different molecular targets, exhibit both narrow and broad spectrum activity. *P. agglomerans* 48b/90 (Pa48b), an epiphyte from soybean leaves, attracted our attention because it strongly inhibits the growth of plant pathogens *E. amylovora* and *Pseudomonas syringae* pv. *glycinea* (Psg), as well as the opportunistic fungal pathogen *Candida albicans*. Since the mode of action of Pa48b against plant and human pathogens, is elusive, we looked for the molecular basis for the biocontrol potential of Pa48b. The epiphyte Pa48b has been

isolated from soybean leaves and found to be well adapted to its niche. Pa48b produces an antibiotic with broad activity against Gram-negative bacteria e.g. *Erwinia amylovora*, *Agrobacterium tumefaciens*, *Escherichia coli*, several *Pseudomonas syringae* pathovars, *Serratia marcescens*, the Gram-positive *Bacillus subtilis* and the yeasts *Candida albicans* and *Yarrowia lipolytica*. Consequently, Pa48b is a promising biocontrol agent against various microbial plant diseases.

In order to characterize the compound with high activity against plant pathogens and *Candida albicans*, a bioassay-guided isolation approach was used. A highly polar antibiotic was obtained after anion exchange chromatography and HILIC-HPLC purification. The purified antibiotic turned out to be stable at extreme pH; in addition, it was resistant to heat and treatment with proteinase K and β -lactamase. Its formation is associated with growth and it is temperature dependent: its rate of production is optimal between 8°C and 12°C. Using HR-ESI-MS and NMR experiments, the structure of the compound was identified as 2-amino-3-(oxirane-2,3-dicarboxamido)-propanoyl-valine (1). This compound has already been isolated by SHOJI et al. (1989) from *Serratia plymuthica* CB-25. However, 1 has been neither isolated from *P. agglomerans* nor characterized as highly active against plant pathogens such as *E. amylovora* and *P. syringae* pathovars. In contrast to the impact of many antibiotics from *P. agglomerans* such as pantocin A and B or herbicolin O, the impact of 2-amino-3-(oxirane-2,3-dicarboxamido)-propanoyl-valine cannot be compensated for by supplementing the medium with amino acids or casein hydrolysate. Therefore 1 is different than most other antibiotics from *P. agglomerans* strains.

(DPG AK Phytobakteriologie)

8) Pheno- and genotypic comparison of *Pantoea agglomerans* strains of diverse origins: Assessment of their virulence potential

Beate VÖLKSCH¹, Susanne THON¹, D. Ilse JACOBSEN², Matthias GUBE¹

¹ Friedrich-Schiller-Universität Jena, Institut für Mikrobiologie, Molekulare Phytopathologie 07743 Jena, Germany

² Department of Microbial Pathogenicity Mechanisms, Leibniz Institute for Natural Product Research and Infection Biology e. V. (HKI), 07745 Jena, Germany

E-Mail: beate.voelksch@uni-jena.de

Pantoea species are ubiquitous in nature and occasionally associated with infections caused by contaminated clinical material. Especially *P. agglomerans* is considered an opportunistic pathogen of humans, resulting in classification as biosafety level 2 organism. Otherwise, *P. agglomerans* strains are amongst the most effective biocontrol agents against fire blight and other bacterial and fungal plant diseases. However, their use as biocontrol agents is limited in several countries due to the classification as biosafety level 2 organism. Since species of the genus *Pantoea* and closely related species of other Enterobacteriaceae genera are phenotypically very similar, many clinical isolates are misassigned into *P. agglomerans* based on use of quick commercial-offered biochemical tests. Our objective was to find markers enabling discrimination between clinical and plant isolates and thus to assess their virulence. We characterized 27 *Pantoea* strains, including 8 *P. agglomerans* isolates of clinical, and 11 of plant origin by biochemical tests and genotyping, including analysis of 16S rDNA and *gapA* gene sequences, and pattern polymorphisms of ITS- and ERIC/REP-DNA. All data showed that no discrete evolution occurred between plant-associated and clinical *P. agglomerans* isolates.

Based on the typing results, five clinical and five plant-associated *P. agglomerans* strains were tested on a model plant and in embryonated eggs. On soybean plants *P. agglomerans* strains

independent of their origin could develop stable epiphytic populations. Surprisingly, in the embryonated egg model there was no difference of virulence between clinical and vegetable *P. agglomerans* isolates. However, these strains were significantly less virulent than a phytopathogenic *P. ananatis* isolate.

We could find no experimental evidence that different *P. agglomerans* isolates show adaptations to different niches and specifically to warm blooded hosts. Thus, it might be necessary to reconsider the biosafety level of *P. agglomerans*.

(DPG AK Phytobakteriologie)

Literatur

Report on the Annual Meeting of the Working Group “Phytobacteriology”

The DPG Working Group Phytobacteriology of the German Phytomedical Society (DPG) met on September 3-4 at the Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen (JKI), Institut für Pflanzenschutz im Obst- und Weinbau in Dossenheim. The perfectly organized meeting was hosted by Prof. Dr. Klaus Geider and his team. Twenty-four lectures covered applied as well as molecular aspects of phytobacteriology and the ca. 40 participants received a good overview of recent phytobacteriological research projects. The meeting ended with a guided tour through the institute's glasshouses.

Prof. Dr. Matthias Ullrich (Jacobs University Bremen) and Dr. Esther Moltmann (Landwirtschaftliches Technologiezentrum Augustenberg, Stuttgart)

Development of methods to test the resistance of *Pelargonium* to bacterial diseases

J. Engel¹, M. Geibel² & K. Richter¹

¹ JKI, Institut für Resistenzforschung und Stresstoleranz, Quedlinburg; klaus.richter@jki.bund.de

² Elsner pac® Jungpflanzen GbR, Dresden

Pelargonium is one of the most important ornamental plants in home and garden. Cultivars are propagated vegetatively. Two bacterial pathogens (*Xanthomonas hortorum* pv. *pelargonii*, *Ralstonia solanacearum*) cause bacterial wilt and blight resulting in high economic losses. The first symptom of both diseases is the characteristic wilting of single leaves. After the invasion of the bacteria, infected stems become brown or black and the whole plant is dying. Symptomatically, these two bacterial diseases can not be distinguished but a microbiological differentiation is possible. As the inoculation pathway is different for these species an aim of this project was to develop reliable inoculation methods for both pathogens. These were developed on plant material provided by Elsner pac® Dresden using bacterial strains of the collection of the Institute of Resistance Research and Stress Tolerance and the German Collection of Microorganisms and Cell Cultures (DSMZ). For the inoculation with *X. hortorum* pv. *pelargonii*, contaminated scissors were used, because in praxis the disease transmission occurs by cutting plant parts during the propagation process. As the natural inoculation by *R. solanacearum* is via roots, the bacteria suspension was filled into pots and the roots of respective plants were cut (wounded) with a knife to improve the bacteria invasion. By using these methods, six of 91 genotypes of *Pelargonium* could be found as resistant against *Xanthomonas* and four of 116 against *Ralstonia*. Resistant are plants without any symptoms and without bacteria inside. As the most important result, three genotypes could be identified as resistant to both pathogens. The resistant genotypes will be used in the resistance breeding process.

Leaf spots on corn salad [*Valerianella locusta* (L.) Laterr.] caused by the bacterium *Acidovorax valerianellae* – insights into biology and development of diagnostic tools

K. Thiele & F. Rabenstein

Julius-Kühn-Institut, Institut für Epidemiologie und Pathogendiagnostik, Quedlinburg; ep@jki.bund.de

Black leaf spots on corn salad [*Valerianella locusta* (L.) Laterr.] caused by the bacterium *Acidovorax valerianellae* (*Av*) have been observed in Germany since in 1999 and have also been reported in other European countries. Symptoms generally appeared after humid climate periods; they make the affected batches nonmarketable. In France the disease is responsible for about 10% losses every year. So far contaminated seeds or infested soil are considered as the major infection sources. To further investigate the epidemiology of the disease a research project was started, which first aims at improving the serological and DNA-based detection of the pathogen in plants and seeds. Since the bacteria may further grow during packaging and trade, highly sensitive and specific detection methods are required. Using different *Av* isolates several polyclonal antisera (pAS) and a broad panel of monoclonal antibodies (mAbs) were developed. While all pAS strongly crossreacted with other bacterial species some of the mAbs displayed a high specificity to *Av*. They were successfully applied in a TAS-ELISA format to detect the pathogen in extracts from infected plants. After enrichment of bacterial cells through incubation in a semiselective culture medium the method could be used for *Av* detection in seed lots too. Several mAbs were also applicable for immuno-histochemical detection of *Av*. Bacterial cells could be visualised in ultrathin sections for the first time in intercellular spaces of infected corn salad leaf tissue by immunogold labelling and transmission electron microscopy. On the genome level 50 isolates of *Av* were analysed by amplified rDNA restriction analysis (ARDRA) for sequence differences in their 16S rDNA and for variations in genome organization by BOX PCR. First results indicate that the *Av* isolates can be classified into two main groups by ARDRA pattern. This finding was confirmed by BOX PCR. The members of ARDRA groups show very similar BOX pattern respectively and are near clustered by analysis with the GelCompare software. In a next step several BOX PCR fragments were cloned and sequenced to obtain species specific sequences for DNA based detection of *Av*.

Untersuchungen zu Anfälligkeiten verschiedener Apfelsorten gegenüber Feuerbrand im Glashaus

U. Persen, R. Gottsberger & J. Schaffer

AGES/Institut für Pflanzengesundheit, Wien; ulrike.persen@ages.at

Die zunehmende Ausbreitung des Feuerbranderregers (*Erwinia amylovora*) in Österreich und damit verbundene Rodungen stellen die Obstbaupraxis verstärkt vor die Frage der Sortenwahl bei Nachpflanzen oder Neupflanzungen. Um die unterschiedlichen Empfindlichkeiten verschiedener Apfelsorten unter gleichen, kontrollierten Bedingungen zu erarbeiten wurden an der AGES, Institut für Pflanzengesundheit, in den Jahren 2007 und 2008 Versuche durchgeführt. In Glashaus-Quarantänekabinen wurden an dreizehn verschiedenen in Europa bedeutenden oder für die Zukunft relevanten Kulturapfelsorten bzw. Unterlagen künstliche Inokulationen mit einem österreichischen Referenzstamm von *E. amylovora* durchgeführt um die Feuerbrandanfälligkeit dieser Sortenzu vergleichen. Die Sorten ‘Jonagored supra’, ‘Gala Galaxy selecta’, ‘Fuji KIKU 8’, ‘Golden Delicious Kl. B’, ‘Elstar’, ‘Braeburn Mariri Red’, ‘Rewena’, ‘Cameo’ Caudle, ‘Crimson Crisp’ COOP39 (alle auf M 9 (T337), ‘Topaz’ auf Malus M7, MM111 und M9 (T337) sowie die Unterlagen M9 (T337),

Malus M7, Malus MM 111, Supporter 4 (Pi80) und Malus A2 wurden auf ihre Blüten- und Triebanfälligkeit untersucht. Bei den untersuchten Apfelsorten war keine Sorte dabei, die sich bei visueller Bonitur an Trieben und Blüten als Feuerbrand-tolerant erwies. Nur eine Sorte zeigte trotz künstlicher Inokulation keine Symptome an den Blüten ('Crimson Crisp' COOP39). Die Häufigkeit von Feuerbrand-Blütensymptomen variierte zwischen 2% ('Rewena') und 48% ('Golden Delicious Kl. B Laimburg'). Weiters erwiesen sich 'Braeburn Mariri Red', 'Elstar', 'Fuji KIKU 8', und 'Cameo' Caudle als wenig empfindlich, 'Golden Delicious Kl. B', 'Gala Galaxy selecta' und 'Jonagored supra' als anfällig. Um die Ausbreitungsgeschwindigkeit des Erregers in der Pflanze festzustellen, wurden Bäumchen in 10 cm lange Stückchen geschnitten und je nach Beschaffenheit so aufgearbeitet, dass *E. amylovora* Bakterien extrahiert werden konnten. Mit einer adaptierten qPCR Methode konnte *E. amylovora* auch an symptomlosen Pflanzenteilen in unterschiedlichen Dichten nachgewiesen werden. Die Ausbreitungsdynamik des Erregers scheint sortenspezifischen Unterschieden unterworfen zu sein. Auch in den Pflanzensorten derselben Apfelsorte zeigt die Vermehrung des Erregers deutliche zeitliche und räumliche Schwankungen. Zur Aufklärung dieser Mechanismen sind weitere vergleichbare Untersuchungen notwendig.

Reliability and sensitivity of diagnostic methods for detection of *Clavibacter michiganensis* subsp. *michiganensis* in seeds and plant material

R.M. Ftayeh, A. von Tiedemann, B. Koopmann & K. Rudolph

Division of Plant Pathology and Crop Protection,
Department of Crop Sciences, University of Göttingen;
rftayeh@yahoo.com

Clavibacter michiganensis subsp. *michiganensis* (CMM), the causal agent of bacterial canker of tomato, was at first described 1909 in Michigan (USA) and has since spread to nearly all main tomato growing areas world-wide by infested seeds and latently infected tomato plantlets. For an effective control of the disease a sensitive and reliable semi-selective growth medium for CMM is very decisive. Therefore, we tested five published semi-selective media on 30 CMM strains originating from many different countries. We found that the mean recovery rates on the media mSCM, D2ANX, SCM, CMM-1 and the medium suggested in 2005 (Anonymous, 2005) by the European Plant Protection Organisation (EPPO) reached 6.86%, 70.34%, 95.87%, 93.81% and 0%, respectively within 7 days. After 10 days the mean recovery rates were: 35.64%, 70.34%, 96.51%, 93.81% and 19.38% respectively. Because their low selectivity (SCM and CMM-1), or because the media are time consuming and very toxic for many CMM strains (mSCM and the new EPPO medium), these media are not satisfactory. When the media were tested for detecting CMM in latently infested seeds or in latently infected plants with high contamination by saprophytic bacteria, all of them revealed false negative results and appear not well suited for reliable health certifications of tomato seeds and plants. Because few latently infected plantlets can cause high yield losses in large greenhouses, the sensitivity of the media tested appears not to be sufficient for an effective disease control. Thus, our results may be an explanation for the occurrence of canker disease in 2006 and 2007 in new locations, such as Syria, Austria and Germany, although officially certified tomato seeds and plants were cultivated there. Therefore, we developed a new sensitive and reliable semi-selective medium for CMM, which allowed a fast growth of most CMM strains tested (within 4 to 7 days) and possesses a high selectivity. This medium has been used in combination with a new PCR-protocol. By applying this so-called Bio-PCR method as few as 120 cfu ml⁻¹ of CMM were detected in plant homogenates within 4 days, when the

density of contaminating saprophytic bacteria was 2×10^7 or 2×10^8 ml⁻¹. This new diagnostic method can be advised for routine seed testing as well as for detecting CMM in plant material, in modern as well as in simply equipped laboratories.

Characterization of a novel epoxide antibiotic isolated from *Pantoea agglomerans* 48b/90

U.F. Sammer¹, B. Völksch¹ & D. Spiteller²

- 1 Friedrich-Schiller-Universität Jena, Institut für Mikrobiologie, Mikrobielle Phytopathologie, Jena; ulrike.sammer@uni-jena.de
- 2 Bioorganic Chemistry, Max Planck Institute for Chemical Ecology, Jena

Microbial pathogens pose a major threat to many plants and can cause enormous losses in agriculture. Microorganisms that antagonize pathogens can offer a way to fight plant diseases that is more environmentally friendly than chemical treatment; such diseases include fire blight, which is caused by *Erwinia amylovora* and affects many rosaceous plants, e.g. apple and pear. Suitable strains for biocontrol agents are often plant-associated microorganisms that are forced under natural conditions to defend their ecological niches and thus adapted to compete with plant pathogens. The species *Pantoea agglomerans* (formerly *Erwinia herbicola*) comprises many strains that are promising sources for biocontrol agents. *P. agglomerans* are ubiquitous in nature, inhabiting plant surfaces, water, soil, animals and humans. Several *Pantoea* isolates are known to efficiently inhibit *E. amylovora* in planta. *In vitro* experiments have revealed some antibiotics from *P. agglomerans* and uncovered how they act against *E. amylovora*. The known antibiotics produced by *P. agglomerans* strains, which belong to diverse chemical classes and affect different molecular targets, exhibit both narrow and broad spectrum activity. *P. agglomerans* 48b/90 (Pa48b), an epiphyte from soybean leaves, attracted our attention because it strongly inhibits the growth of plant pathogens *E. amylovora* and *Pseudomonas syringae* pv. *glycinea* (Psg), as well as the opportunistic fungal pathogen *Candida albicans*. Since the mode of action of Pa48b against plant and human pathogens, is elusive, we looked for the molecular basis for the biocontrol potential of Pa48b. The epiphyte Pa48b has been isolated from soybean leaves and found to be well adapted to its niche. Pa48b produces an antibiotic with broad activity against Gram-negative bacteria e.g. *Erwinia amylovora*, *Agrobacterium tumefaciens*, *Escherichia coli*, several *Pseudomonas syringae* pathovars, *Serratia marcescens*, the Gram-positive *Bacillus subtilis* and the yeasts *C. albicans* and *Yarrowia lipolytica*. Consequently, Pa48b is a promising biocontrol agent against various microbial plant diseases. In order to characterize the compound with high activity against plant pathogens and *C. albicans*, a bioassay-guided isolation approach was used. A highly polar antibiotic was obtained after anion exchange chromatography and HILIC-HPLC purification. The purified antibiotic turned out to be stable at extreme pH; in addition, it was resistant to heat and treatment with proteinase K and β -lactamase. Its formation is associated with growth and it is temperature dependent: its rate of production is optimal between 8°C and 12°C. Using HR-ESI-MS and NMR experiments, the structure of the compound was identified as 2-amino-3-(oxirane-2,3-dicarboxamido)-propanoyl-valine (1). This compound has already been isolated by Shoji et al. (1989) from *Serratia plymuthica* CB-25. However, compound no. 1 has been neither isolated from *P. agglomerans* nor characterized as highly active against plant pathogens such as *E. amylovora* and *P. syringae* pathovars. In contrast to the impact of many antibiotics from *P. agglomerans* such as pantocin A and B or herbicolin O, the impact of 2-amino-3-(oxirane-2,3-dicarboxamido)-propanoyl-valine cannot be compensated for by sup-

plementing the medium with amino acids or casein hydrolysate. Therefore, compound no. 1 is different from most other antibiotics from *P. agglomerans* strains.

Pheno- and genotypic comparison of *Pantoea agglomerans* strains of diverse origins: Assessment of their virulence potential

B. Völksch¹, S. Thon¹, D.I. Jacobsen² & M. Gube¹

¹ Friedrich-Schiller-Universität Jena, Institut für Mikrobiologie, Molekulare Phytopathologie, Jena; beate.voelksch@uni-jena.de

² Department of Microbial Pathogenicity Mechanisms, Leibniz Institute for Natural Product Research and Infection Biology e.V. (HKI), Jena

Pantoea species are ubiquitous in nature and occasionally associated with infections caused by contaminated clinical material. Especially *P. agglomerans* is considered an opportunistic pathogen of humans, resulting in classification as biosafety level 2 organism. Otherwise, *P. agglomerans* strains are amongst the most effective biocontrol agents against fire blight and other bacterial and fungal plant diseases. However, their use as biocontrol agents is limited in several countries

due to the classification as biosafety level 2 organism. Since species of the genus *Pantoea* and closely related species of other Enterobacteriaceae genera are phenotypically very similar, many clinical isolates are misassigned into *P. agglomerans* based on use of quick commercially offered biochemical tests. Our objective was to find markers enabling discrimination between clinical and plant isolates and thus to assess their virulence. We characterized 27 *Pantoea* strains, including 8 *P. agglomerans* isolates of clinical, and 11 of plant origin by biochemical tests and genotyping, including analysis of 16S rDNA and *gapA* gene sequences, and pattern polymorphisms of ITS- and ERIC/REP-DNA. All data showed that no discrete evolution occurred between plant-associated and clinical *P. agglomerans* isolates. Based on the typing results, five clinical and five plant-associated *P. agglomerans* strains were tested on a model plant and in embryonated eggs. On soybean plants *P. agglomerans* strains independent of their origin could develop stable epiphytic populations. Surprisingly, in the embryonated egg model there was no difference of virulence between clinical and vegetable *P. agglomerans* isolates. However, these strains were significantly less virulent than a phytopathogenic *P. ananatis* isolate. We could find no experimental evidence that different *P. agglomerans* isolates show adaptations to different niches and specifically to warm blooded hosts. Thus, it might be necessary to reconsider the biosafety level of *P. agglomerans*.

PG KRANKHEITEN AN GETREIDE, 02.02.2009

SORTENUNTERSCHIEDE BEI DER SEPTORIA- ANFÄLLIGKEIT

Erven, Tobias¹, Kleinhenz, Dr. Benno¹

¹ZEPP, Rüdeshheimer Straße 60-68, 55545 Bad Kreuznach

Contact: erven@zepp.info

In den vergangenen Jahren ist die Weizenblattkrankheit *Septoria tritici* (Roberge in Desmaz.) in allen Weizenanbaugebieten vermehrt aufgetreten. Neben der Witterung, weiteren Standortfaktoren und ackerbaulichen Maßnahmen hat die Sortenwahl einen entscheidenden Einfluss auf den Verlauf einer Septoria- Epidemie. Das Bundessortenamt stuft die aktuellen Sorten von gering bis stark anfällig bezüglich *S. tritici* ein, wobei die Mehrzahl der Sorten im Bereich mittlerer Anfälligkeit zu finden ist. Die Auswertung der Boniturdaten, die an vielen Standorten in Deutschland erhoben wurden, ergab Sortenunterschiede für den Zeitpunkt des Erstauftretens von Läsionen. Bei gering anfälligen Sorten wurde dieser Termin mindestens eine Woche später bonitiert als bei stark anfälligen Sorten. Des Weiteren wurden neben deutlichen Unterschieden im Verlauf der Befallshäufigkeit auf den oberen drei Blättern signifikante Unterschiede für die AUDPC- Werte (area under the disease progress curve, gesamt Befall über den Verlauf einer Vegetationsperiode als Fläche unter der Befallskurve dargestellt) verschiedener Sorten ermittelt. Diese Ergebnisse belegen eine gute Korrelation zur BSA- Note für Sorten geringer und starker Anfälligkeit. Die Parameter Pykniendichte und Latenzzeit wurden im Labor untersucht. Dabei zeigte sich, dass bei stark anfälligen Sorten die Pykniendichte signifikant doppelt so hoch ist im Vergleich zu einer gering anfälligen Sorte. Die Latenzzeit, die unter kontrollierten Bedingungen mit einer Einzelblattmethode überprüft wurde, zeigte ebenfalls eine Abhängigkeit zur Weizensorte. Unter optimalen Bedingungen von 22°C wurde die kürzeste Latenzzeit mit 12 Tagen bei der anfälligen Sorte Drifter gemessen. Im Temperaturbereich zwischen 10°C und 22°C unterschied sich die Latenzzeit von einer gering und einer stark anfälligen Sorte im Mittel um 3,5 Tage. Die Untersuchungen zur Septoria- Anfälligkeit verschiedener Weizensorten zeigen, dass einige Sorten den Befall des Erregers erfolgreich begrenzen können. Bei Sorten mit geringer Anfälligkeit baut sich die Epidemie langsamer auf, da die Latenzzeit länger ist und Läsionen erst später auftreten. Zudem ist die Befallsstärke und die Anzahl der Pyknidien pro cm² Blattfläche geringer im Vergleich zu stark anfälligen Sorten.

Aus den Arbeitskreisen der Deutschen Phytomedizinischen Gesellschaft (DPG):

DPG-Arbeitskreis Integrierter Pflanzenschutz – Projektgruppe Krankheiten im Getreide – 2009

Die 22. Tagung der Projektgruppe (PG) Krankheiten im Getreide des Arbeitskreises (AK) Integrierter Pflanzenschutz fand am 2. und 3. Februar 2009 im Julius Kühn-Institut – Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen in Braunschweig statt. Schwerpunktthemen waren u. a. Ährenfusariosen und Mykotoxine in Getreide, Fungizidresistenz, *Ramularia*-Blattflecken an Gerste und Fungizidintensität.

Die nächste Tagung ist für den 1. und 2. Februar 2010 in Braunschweig geplant.

PG-Leiter: Dr. Helmut TISCHNER, Freising

Die Zusammenfassungen eines Teils der Vorträge – soweit von den Vortragenden eingereicht – werden im Folgenden wiedergegeben.

Untersuchungen an *Fusarium graminearum* - Isolat mit in vitro induzierter quantitativer Azol-Resistenz

Rayko BECHER¹, Ursula HETTWER², Petr KARLOVSKY², Holger B. DEISING¹, Stefan G. R. WIRSEL¹

¹Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften, AG Phytopathologie und Pflanzenschutz, Ludwig-Wucherer-Str. 2, 06099 Halle/Saale

²Georg-August-Universität Göttingen, Department für Nutzpflanzenwissenschaften, AG Molekulare Phytopathologie und Mykotoxinforschung, Grisebachstr. 6, 37077 Göttingen
E-Mail: rayko.becher@landw.uni-halle.de

Aufgrund der Resistenzbildung gegenüber anderen systemischen Fungiziden spielen die Azol-Fungizide derzeit eine wichtige Rolle beim chemischen Pflanzenschutz im Getreide. Bisher untersuchte Resistenzerscheinungen gegen diese Fungizid-Klasse bildeten sich verhältnismäßig langsam heraus und führten nur zu quantitativen Sensitivitätsverlusten. Es wird allerdings diskutiert, dass der starke Druck, der derzeit auf den Azolen lastet, zu einer Verschärfung der Resistenzproblematik führen könnte.

Obwohl die Partielle Taubährigkeit – auch *Fusarium Head Blight* (FHB) genannt – ein Problem von nicht unerheblicher Bedeutung im weltweiten Weizenanbau ist, fanden bisher kaum Untersuchungen von Resistenzentwicklung bei *Fusarium graminearum*, dem Hauptverursacher dieser Krankheit, statt. Um zunächst Aussagen über ein grundlegendes Resistenzpotential treffen zu können und gleichzeitig definiertes Material für molekularbiologische Untersuchungen zu gewinnen, führten wir *in vitro* eine Adaptation an Tebuconazol durch. Die daraus hervorgegangenen Isolate wurden anschließend hinsichtlich ihres erworbenen Insensitivitätsniveaus gegenüber Tebuconazol, auftretenden Kreuzresistenzen, sowie hinsichtlich ihrer Fitness und Virulenz untersucht. Ein besonderes Augenmerk lag auf der Analyse etwaiger Veränderungen in der Mykotoxin-Produktion im Vergleich von nicht-adaptierten Vorläufer-Stamm und Azol-adaptierten Abkömmlingen.

(DPG AK IP, Projektgruppe Krankheiten im Getreide)

Prüfung von Wintertriticale-Sorten auf die Belastung mit Deoxynivalenol (DON)

Christian GUDDAT

Thüringer Landesanstalt für Landwirtschaft/Abteilung Pflanzenbau, Apoldaer Straße 4, 07778 Dornburg
E-Mail: Christian.Guddat@tll.thueringen.de

Triticale zeigte in Untersuchungen repräsentativer Ernteproben in Thüringen in den zurückliegenden Jahren eine erhöhte Belastung der Körner mit dem Mykotoxin Deoxynivalenol (DON). Dies stellt ein Gesundheitsrisiko für Mensch und Tier dar. Hohe DON-Gehalte sind daher bei der Verwendung von Triticale als Schweinefutter oder als Rohstoff zur Bioethanolherstellung mit sekundärer Futtermittelverwertung unerwünscht. Zur Minderung des Risikos von Ährenfusariumbefall und hohen DON-Gehalten werden für den Getreideanbau weite Fruchtfolgen, wendende Bodenbearbeitung und Fungizidmaßnahmen empfohlen. Eine weitere, wesentliche Komponente ist die Wahl von Sorten mit guter Resistenz gegen Ährenfusarium. Im Gegensatz zu Weizen wird die Anfälligkeit von Triticale-Sorten gegenüber Ährenfusarium derzeit nicht vom Bundessortenamt eingestuft. Ziel einer länderübergreifenden Zusammenarbeit (Thüringen, Bayern, Sachsen, Sachsen-Anhalt, Mecklenburg-Vorpommern, Brandenburg) ist es, eine Einschätzung wichtiger Triticale Sorten zu erarbeiten. In Feldversuchen wurden Sorten mit größerer Anbaubedeutung sowie aussichtsreiche Wertprüfungsstämme mehrjährig und an mehreren Orten mit mindestens zwei Wiederholungen geprüft. Um möglichst praxisvergleichbare Bedingungen zu schaffen, wurden die Versuchspartzellen mit Maisstoppeln kontaminiert. Die Beurteilung der Sorten erfolgte anhand des am Erntegut bestimmten DON-Gehaltes. Dieser variierte im Zeitraum 2003 bis 2008 zwischen den Sorten, Jahren und Orten. Nach bisherigen Einschätzungen lässt sich Triticale bezüglich der „Neigung zur DON-Bildung“ in Sorten mit relativ geringerem, höherem und mittlerem bzw. stärker schwankendem DON-Gehalt unterteilen. Aufgrund der stärkeren Variationen sind mehrjährige Untersuchungen an einer ausreichenden Anzahl von Orten für eine sichere Einschätzung notwendig. Die Anbaubedeutung von Triticale-Sorten ist wegen der komplexen Eigenschaften sehr unterschiedlich und wird im wesentlichen von der Ertragsfähigkeit und -sicherheit bestimmt. Grundsätzlich sollten im Triticaleanbau die den Ährenfusariumbefall fördernden Faktoren minimiert werden. Falls dennoch Triticale nach Mais oder Getreide angebaut und auf wendende Bodenbearbeitung verzichtet werden muss, sind Sorten mit einer geringeren „Neigung zur DON-Bildung“, wie z. B. 'Benetto', zu bevorzugen. Fällt die Anbauentscheidung nach Vorfrucht Mais oder Getreide zugunsten einer Sorte mit stärkerer „Neigung zur

DON-Bildung“, ist wendende Bodenbearbeitung dringend zu empfehlen.

(DPG AK IP, Projektgruppe Krankheiten im Getreide)

Epidemieverlauf von *Ramularia collo-cygni* in verschiedenen Wintergerstensorten; Einfluss auf die optimale Bekämpfung

Michael Heß¹, Stephan Weigand², Hans Hausladen¹

¹Technische Universität München, Wissenschaftszentrum Weihenstephan Lehrstuhl für Phytopathologie, Am Hochanger 2, 85350 Freising

²Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Institut für Pflanzenschutz, Lange Point 10, 85354 Freising

E-Mail: m.hess@lrz.tum.de

Während wir noch bis vor 20 Jahren einen stetigen Ertragsanstieg im Getreideanbau in Europa verzeichnen konnten, beobachten wir in den letzten Jahren gerade in den intensiven Anbauregionen stagnierende Erträge. Gleichzeitig treten vermehrt Schaderreger auf, die von unseren etablierten integrierten Pflanzenschutzsystemen nicht oder nur unzureichend erfasst werden. Die Kontrolle stellt dabei eine neue Herausforderung für die Wirtschaftlichkeit im Anbau dar.

Im Gerstenanbau wird das Auftreten von Blattflecken seit etwa 15 Jahren zunehmend stärker beobachtet und als Problem erkannt. Die frühzeitige Abreife führt zu quantitativen und qualitativen Ertragseinbußen. Gerade in Süddeutschland kam es in den letzten Jahren regelmäßig zu einem massiven Befall. Die schnelle Abreife wird dabei häufig mit Witterungsparametern wie Strahlung in Verbindung gebracht. Obwohl bei den Ursachen das Zusammenspiel mehrerer Faktoren zu dem beobachteten, epidemischen Ausbreiten des Blattfleckenkomplexes führt, kommt dem Auftreten des Pilzes *Ramularia collo-cygni* die zentrale Bedeutung zu.

Im Rahmen eines gemeinsamen Forschungsvorhabens der Bayerischen Landesanstalt für Landwirtschaft und des Lehrstuhls für Phytopathologie der Technischen Universität München wird in den folgenden drei Jahren der Einfluss des Blattfleckenkomplexes auf Ertrags- und Qualitätsparameter der Gerste untersucht. Datengrundlage bildet das Monitoring von Gerstenkrankheiten, bei dem das Auftreten von *Ramularia collo-cygni* in der Kombination verschiedener diagnostischer Methoden in Feld- und Laboruntersuchungen einheitlich erfasst wird. Zur gezielten Untersuchung wichtiger epidemiologischer Einflussfaktoren werden als weiterer Schwerpunkt intensive Untersuchungen in Feldversuchen und unter kontrollierten Bedingungen im Gewächshaus durchgeführt. Ziel ist es, geeignete Entscheidungsgrundlagen für die gezielte Bekämpfung zu entwickeln.

Im Jahr 2008 konnte über PCR schon frühzeitig an allen untersuchten Standorten *Ramularia collo-cygni* nachgewiesen werden, was die weite Verbreitung des Erregers in Bayern bestätigt und auf eine hohe Latenz hinweist. Eine sichere visuelle Erfassung der Symptomatik im Feld war dagegen nur vereinzelt und erst spät zum Einsetzen der Abreife hin möglich. Ursache liegt in dem typischen Epidemieverlauf des Erregers und der schwierigen Differenzierung zu ähnlichen Symptombildern, die sich bei der Gerste oft überlagern.

In den vergangenen Jahren konnte mehrfach gezeigt werden, dass das Abreifeverhalten der Gerste ein wichtiger Einflussfaktor auf die r Epidemie zwischen der Latenz des Erregers und dem Auftreten der Sporulation und Symptomatik ist. Um diesen Einfluss des Epidemieverlaufs auf die optimale Bekämpfung zu untersuchen, wurden in einem Versuch Wintergersten aus unterschiedlichen Reifegruppen mit Fungizidkombinationen behandelt, die sich in ihrer Wirksamkeit gegenüber *Ramularia collo-cygni* unterschieden. Auf dem Standort konnte bereits früh die Latenz des Erregers nachgewiesen werden.

Die Ergebnisse bestätigten den deutlichen Einfluss der Pflanzenentwicklung auf den Epidemieverlauf. Entsprechend der Reifegruppe kam es zu einem früheren bzw. späteren Einsetzen der Epidemie. Unabhängig davon war der Bekämpfungserfolg vor allem von der *Ramularia*-Wirkung der Fungizidvariante abhängig.

Die Ergebnisse dokumentieren, dass frühzeitige und sichere Diagnose und die Kontrolle von *Ramularia collo-cygni* eine wichtige Voraussetzung für eine optimale Ertragsabsicherung sind. Die Zusammenhänge zwischen Sorte, Pflanzenentwicklung, Witterung und der Epidemiologie von *Ramularia collo-cygni* sind dabei Gegenstand der weiteren Forschung.

(DPG AK IP, Projektgruppe Krankheiten im Getreide)

Fusarium-Auftreten in Dauerfeldversuchen am Standort Dahnsdorf (Fläming)

Marga Jahn¹, Frank Ellner²

¹Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen (JKI), Institut für Strategien und Folgenabschätzung im Pflanzenschutz, Stahnsdorfer Damm 81, 14532 Kleinmachnow

²JKI, Institut für ökologische Chemie, Pflanzenanalytik und Vorratsschutz, Königin-Luise-Straße 19, 14195 Berlin

E-Mail: marga.jahn@jki.bund.de

In zwei Dauerfeldversuchen – zur Bewertung von Pflanzenschutzstrategien (Strategievergleich) und zum notwendigen Maß der Pflanzenschutzmittelanwendung – wurden verschiedene Bewirtschaftungssysteme (BS) in sechsgliedrigen Fruchtfolgenrotationen (1996 bis 2007 sowie 2003 bis 2008) verglichen. Der Versuchsstandort ist durch sandigen Boden und häufige Vorsommertrockenheit gekennzeichnet. Die Anwendung von Fungiziden erfolgte nach Überschreitung erregerspezifischer Schwellenwerte, eine gezielte Behandlung gegen *Fusarium* spp. erfolgte 1998 und 2002 mit Folicur sowie 2001 mit CARAMBA.

Auf den insgesamt vier vorhandenen Winterweizenfeldern im Strategievergleich (BS 1 bis 3) wurde bis 2005 ausschließlich die Sorte ‘Pegassos’ (Note 4 in der Beschreibenden Sortenliste: gering bis mittel anfällig für Ährenfusarium), ab 2006 im WW 1 ‘Akratos’ (Note 3: gering anfällig), im WW 2 ‘Paroli’ (Note 6: mittel bis stark anfällig) angebaut. Im Versuch zum notwendigen Maß (BS 4) standen die Sorten ‘Cubus’ (Note 4) und ‘Akteur’ (Note 4).

Die Krankheit trat in lediglich vier Versuchsjahren – 1998, 2001, 2002, 2007 – im Feld sichtbar auf. Insgesamt war der *Fusarium*-Befall an der Ähre eher niedrig ($\leq 5\%$ Befallshäufigkeit). Zwischen den unbehandelten Kontrollen und den Behandlungsvarianten sowie zwischen den Intensitätsstufen waren keine eindeutigen Unterschiede vorhanden. Die Vorfrucht Mais als Hauptfaktor für die Förderung des *Fusarium*-Befalls konnte auch bei geringem Befall nachgewiesen werden. Im Versuch zum notwendigen Maß (2007) war der Befall mit ca. 10 % in beiden Weizenfeldern (‘Cubus’ nach Mais und ‘Akteur’ nach Kartoffel) überraschend hoch.

Der Gesamtbefall der Körner im Strategievergleich war nur im Jahr 2002 mit etwa 10 bis 20 % in allen Varianten hoch. Mit Ausnahme von 2007 lag in allen weiteren Jahren der Befall unter 5 %. Ein Befall im Feld führte nicht zwingend zu deutlichem Erntegutbefall. Vorfrucht Mais und insbesondere die höhere Anfälligkeit der Sorte förderten den Erntegutbefall. Im Versuch zum notwendigen Maß war auch der Erntegutbefall in beiden Weizen mit nahezu 20 % am höchsten.

Der Mykotoxin-Gehalt wurde in den meisten Jahren bestimmt. Die DON-Werte spiegelten nur in den Jahren 1998 und 2007 (in beiden Versuchen) die Höhe des Erntegutbefalls weitgehend wider; sowohl die Vorfrucht Mais als auch die höhere Anfälligkeit der Sorte führten zu höheren Werten. Der Grenz-

wert für DON von 1,25 mg/kg wurde jedoch im Strategievergleich in keinem Falle überschritten. Im Versuch zum notwendigen Maß lagen die DON-Werte deutlich höher und damit über dem Grenzwert.

(DPG AK IP, Projektgruppe Krankheiten im Getreide)

Einfluss des Wachstumsreglers Cycocel auf den Gehalt des Fusariumtoxins Deoxynivalenol

Elisabeth OLDENBURG

Julius Kühn-Institut, Institut für Pflanzenschutz in Ackerbau und Grünland, Braunschweig

E-Mail: elisabeth.oldenburg@jki.bund.de

Im Getreideanbau werden häufig Wachstumsregulatoren zur Halmverkürzung eingesetzt. Dies erhöht die Standfestigkeit der Pflanzen und verringert die Lagergefahr. Lager führt häufig zu einem erhöhten *Fusarium*-Befall der Körner aufgrund der in Bodennähe befindlichen Ähre. Durch den Einsatz des Wachstumsregulators verringert sich der Abstand der befallsanfälligen Getreideähre zur *Fusarium*-Infektionsquelle am Boden, sodass dies ebenso zu erhöhten Befallsrisiken führen könnte.

Es wurde ein 2-jähriger Feldversuch (2006 und 2007) am Standort des Julius Kühn-Instituts, Braunschweig (ehemals FAL) durchgeführt, um den Einfluss der Pflanzenlänge auf den Gehalt des Fusariumtoxins Deoxynivalenol (DON) in Weizenkörnern zu untersuchen. In diesem Feldversuch (randomisierte Blockanlage) wurden 6 Winterweizen-Sorten mit unterschiedlichen Eigenschaften bezüglich der Pflanzenlänge (BSA-Noten 2 bis 7) und der *Fusarium*-Anfälligkeit (BSA-Noten 2 bis 5) ohne und mit (1,5 l/ha) Cycocel (CCC) angebaut. Der Versuch war zudem in zwei Blöcke mit den Bodenbearbeitungsverfahren Pflug sowie Mulchsaat mit Maisstoppeln aufgeteilt. Durch die Mulchsaat sollte der vom Boden ausgehende *Fusarium*-Infektionsdruck erhöht werden. Zum Zeitpunkt der Vollblüte (BBCH 65) wurde die Pflanzenlänge vom Boden bis zur Ährenspitze an 20 Messpunkten pro Variante gemessen. Die Ernte der Körner erfolgte mit einem Parzellenmährescher zum praxisüblichen Zeitpunkt. Die geernteten Körner wurden mittels ELISA auf DON untersucht.

In beiden Versuchsjahren wurde kein direkter Zusammenhang zwischen der Pflanzenlänge, die im Bereich von 73 und 114 cm variierte, und dem DON-Gehalt der Körner, der im Bereich von 40 und 1200 µg/kg variierte, festgestellt. Der Vergleich der mit und ohne CCC behandelten Sorten ergab keine Unterschiede in den DON-Belastungen der Körner. Ausschlaggebend für das Niveau der DON-Kontaminationen waren die Anfälligkeitseigenschaften der Sorten gegenüber *Fusarium*, die Art der Bodenbearbeitung sowie die Witterungsbedingungen im jeweiligen Versuchsjahr.

(DPG AK IP, Projektgruppe Krankheiten im Getreide)

Einfluss des Blühverhaltens des Weizens auf die Infektion mit *Fusarium graminearum* und die Mykotoxinbildung

Rebecca SCHUSTER, Frank M. ELLNER

Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Institut für ökologische Chemie, Pflanzenanalytik und Vorratsschutz, Königin-Luise-Str. 19, 14195 Berlin
E-Mail: frank.ellner@jki.bund.de

Primärinfektionen von Weizenähren mit *Fusarium*-Species treten am häufigsten zur Zeit der Blüte auf, während der sich die Spelzen der Blütchen öffnen. Sporen können so ins Blütcheninnere gelangen, wo sie später auskeimen und Infektionen verursachen können.

Offen blütigere Weizensorten gelten allgemein als anfälliger, auch wenn bisher dafür keine quantitativen Studien vorliegen wie z. B. für Gerstensorten: Geschlossen blühende, zweizeilige Sorten sind hier weniger *Fusarium* anfällig als die sechszeiligen, offen blühenden Sorten. Außerdem wird die Bedeutung der an den Blütchen verbleibenden, entleerten Antheren im Infektionsprozess diskutiert.

Im Mittelpunkt unserer Versuche standen die Fragen, ob eine Reduzierung der Blütchenöffnung während des Blühvorgangs die Stärke von Primärinfektionen reduzieren kann und ob die Anwesenheit von verblühten Staubbeuteln Infektionen fördert. Wir imitierten zunächst offenes (chasmogames) und geschlossenes (cleistogames) Blühen durch Injektion von Konidien-Suspensionen in bzw. zwischen die Blütchen von Weizenähren. Die Infektionsstärke einzelner Weizenährchen wurde bestimmt durch die Analyse der Mykotoxine mittels HPLC und Nachsäulenderivatisierung.

Die Injektionen der Konidien in die Blütchen ergaben sowohl nach früher (3 Tage) als auch nach später (10 Tage) Ernte signifikant höhere DON-Gehalte als die Injektionen zwischen die Blütchen. Die Mittelwerte für Spritzungen in die Blütchen lagen bei 5,8 (+/-3,0) µg/Ährchen und 43,4 (+/-17,2) µg/Ährchen. Die Mittelwerte für Spritzungen zwischen die Blütchen ergaben 0,4 (+/-7,0) µg/Ährchen und 11,1 (+/-19,0) µg/Ährchen. Bis zu 500 Konidien pro Blütchen bestand eine gute Korrelation zwischen Konidienzahl und DON-Gehalt.

In einem weiteren Versuch dokumentierten wir den Öffnungszustand (geöffnet oder geschlossen) von Weizenblütchen und die Anwesenheit von Antheren während einer Sprühinfektion (*F. gram.*) durch digitale Fotografie. In Ährchen mit geschlossenen Blütchen vor der Blüte, also ohne heraushängende Antheren, war nach 10 Tagen überwiegend kein DON nachweisbar. 5 Ährchen mit geschlossenen Blütchen nach der Blüte, also mit heraushängenden Antheren, enthielten DON (0,5 bis 1,5 µg/Ährchen), bei 91 Ährchen konnte kein DON nachgewiesen werden. 32 Ährchen mit mindestens einem geöffneten Blütchen während des Blühvorgangs enthielten DON-Konzentrationen von 0,2 bis 7,2 µg/Ährchen (Mittelwert 2,0 (+/-2,2) µg/Ährchen). Der Unterschied zwischen den DON-Gehalten der geschlossenen Blütchen vor und nach der Blüte (also mit und ohne heraushängende Staubbeutel) ist nicht signifikant. Die Anwesenheit von Antheren führte nicht zu höheren Infektionen. Der DON-Gehalt geöffneter Blütchen ist dagegen signifikant höher als der der beiden anderen Gruppen (Signifikanzniveau von $\alpha = 0,05$, Irrtumswahrscheinlichkeit $P = 1,5 \times 10^{-5}$).

(DPG AK IP, Projektgruppe Krankheiten im Getreide)

Ergebnisse zu Ährenfusariosen/Mykotoxine aus dem Projekt „Qualitätssicherung in der Weizenproduktion“ der Interessengemeinschaft der Erzeugergemeinschaften in Sachsen e.V. – IGE

Andela THATE¹, Peter ALBRECHT²

¹Sächsisches Landesamt für Umwelt, Landwirtschaft und Geologie (LfULG), Stübellee 2, 01307 Dresden

²Ingenieurbüro Albrecht & Partner, Dorfstraße 5b, 01665 Klipphausen OT Sora

E-Mail: Andela.Thate@smul.sachsen.de

In der Weizenproduktion hat sich das Spannungsfeld zwischen Produktionssicherheit und Verbraucherschutz auf der einen und den sich ändernden Rahmenbedingungen und Produktionsverfahren auf der anderen Seite verstärkt. Der steigende Anteil von Winterweizen und Mais in der Fruchtfolge stößt an phytosanitäre Grenzen und erhöht zwangsläufig das Produktionsrisiko. Hierzu zählt die Problematik des Befalls

mit Ährenfusariosen und Mykotoxingehalten im Erntegut. Mehrjährige Untersuchungen zeigten, dass in einigen Regionen in Sachsen aufgrund des Anbaus gefährdender Vorfrüchte (Mais, Weizen) und verbleibenden Stoppelresten auf der Bodenoberfläche (hoher Prozentsatz konservierender Bodenbearbeitung) ein erhöhtes Risikopotenzial vorliegt. Bei günstigen Infektionsbedingungen zur Weizenblüte kann dies zu Problemen mit Ährenfusariosen/Mykotoxingehalten führen (z. B. 2002, 2007). In den Jahren 2007 und 2008 wurde auf Initiative der Interessengemeinschaft der Erzeugergemeinschaften (IGE) ein Projekt zur „Qualitätssicherung in der Weizenproduktion“ in Sachsen durchgeführt. Versuchsansteller war die Firma Albrecht & Partner.

Im Rahmen des Projektes wurden an zwei Löss-Standorten Versuche im Winterweizen zum Einfluss unterschiedlicher Vorfrüchte (Winterraps, Silomais und Winterweizen), Bodenbearbeitung (Pflug, pfluglos) und Sorten (Akteur, Türkis, Tommi, Toras) in Abhängigkeit vom Fungizideinsatz angelegt.

Zur Weizenblüte 2007 lagen optimale Witterungsbedingungen für Ährenfusariuminfektionen vor. Dies bestätigten die nachfolgenden, detaillierten Untersuchungen mit höheren Mykotoxingehalten im Erntegut.

In den Versuchen differierten die Ertragsergebnisse und Mykotoxingehalte exemplarisch. Die Ertragswirkung durch die Rapsvorfrucht lag am Standort Meißen im Durchschnitt der Fungizidvarianten und Sorten gegenüber Weizenvorfrucht bei 6,6 dt/ha und gegenüber Maisvorfrucht bei 8,4 dt/ha (Pflug) bzw. 17,6 dt/ha (pfluglos). Ebenso verhielt sich der Mykotoxingehalt mit Deoxynivalenol (DON) im Erntegut. Im Sortendurchschnitt wurden in der unbehandelten Variante nach Rapsvorfrucht/pfluglos 645 µg/kg DON im Erntegut ermittelt, nach Winterweizen/pfluglos 1448 µg/kg, nach Silomais/Pflug 2801 µg/kg und nach Silomais/pfluglos 7685 µg/kg. Ebenso konnten in Risikosituationen deutliche Sortenunterschiede aufgezeigt werden. Während nach Rapsvorfrucht keine Unterschiede hinsichtlich Ertrag und DON-Gehalten sichtbar waren, fiel die Sorte Tommi bereits nach Weizenvorfrucht mit höheren DON-Gehalten auf. Nach Maisvorfrucht erbrachte die gering anfällige Sorte Toras die besten Ertragsergebnisse. Während nach Silomais/Pflug die DON-Gehalte von Toras noch unter der gesetzlich vorgeschriebenen Höchstmenge lagen, konnte nach pflugloser Bestellung auch mit dieser wenig anfälligen Sorte kein Qualitätsgetreide mehr erzeugt werden. Auffällig war auch, dass mit zunehmenden Mykotoxingehalten die Wirkungsgrade der Blütebehandlungen abnahmen. Während nach Vorfrucht Raps ca. 50 % Wirkungsgrad erreicht wurden, lag dieser bei Vorfrucht Silomais/pfluglos nur noch bei 28 %. Insgesamt zeigte sich deutlich, dass Sorte und Fungizideinsatz zwar gute Mechanismen sind, um Mykotoxingehalte zu senken, dass diese Faktoren aber in Risikosituationen schnell an ihre Grenzen stoßen. 2008 dagegen gab es keine Probleme mit Ährenfusariosen.

Im Projekt konnte im Jahr 2007 auch die Aussagekraft von Vorernte-Untersuchungen hinsichtlich der DON-Gehalte überprüft werden. Die durchgeführten Tests bestätigten, dass Vorernteuntersuchungen (7 bis 10 Tage vor der Ernte) für Weizenschläge sinnvoll sind und der landwirtschaftlichen Praxis in Sachsen empfohlen werden können.

Zusammenfassend ist festzustellen, dass die Ergebnisse der Praxis begleitenden Untersuchungen im Projekt die Risikofaktoren und die Möglichkeiten ihrer Begrenzung exemplarisch aufzeigen. Die Demonstration der Feldversuche vor Ort und die Darstellung der Ergebnisse sind ein wichtiger Bestandteil der Information und Beratung der Landwirte. Die Nutzung aller Möglichkeiten um Risikosituationen im Weizenanbau zu vermeiden, ist in der Praxis dringend umzusetzen.

(DPG AK IP, Projektgruppe Krankheiten im Getreide)

Fungizideinsatz in der Gerste unter Berücksichtigung des Blattfleckenkomplexes – Versuchsergebnisse aus Bayern

Stephan WEIGAND¹, Michael HEß², Hans HAUSLADEN²

¹Institut für Pflanzenschutz der Bayerischen Landesanstalt für Landwirtschaft, Lange Point 10, 85354 Freising

²Lehrstuhl für Phytopathologie der Technischen Universität München, Wissenschaftszentrum Weihenstephan, Am Hochanger 2, 85350 Freising
E-Mail: stephan.weigand@lfl.bayern.de

Der „Blattfleckenkomplex der Gerste“ umfasst die durch *Ramularia collo-cygni* (*Rcc*) hervorgerufenen Schadsymptome, sowie die nichtparasitären oder physiologischen Blattverbräunungen (PLS). Die Zusammenfassung erfolgt aufgrund der unzureichenden diagnostischen Trennung beider Symptome im Feld, andererseits wegen möglicher kausaler Gemeinsamkeiten in ihrer Entstehung. Im Rahmen eines gemeinsamen Forschungsvorhabens der Bayerischen Landesanstalt für Landwirtschaft und des Lehrstuhls für Phytopathologie der Technischen Universität München wird in den folgenden drei Jahren der Einfluss des Blattfleckenkomplexes auf Ertrags- und Qualitätsparameter der Gerste untersucht, mit dem Ziel, geeignete Entscheidungsgrundlagen für den gezielten Fungizideinsatz zu entwickeln. Epidemiologische Untersuchungen von *Rcc* im Feld werden hierbei im Labor ergänzt durch molekularbiologische Nachweismethoden und Infektionsstudien unter kontrollierten Bedingungen.

Das Monitoring der Gerstenkrankheiten als Grundlage für die Bekämpfungsentscheidungen nach dem „Gerstenmodell Bayern“ ist bisher auf die „klassischen“ Schaderreger begrenzt. Netzflecken waren in den zurückliegenden Jahren die wichtigste Krankheit der Wintergerste. Auch im Jahr 2008 überschritten sie an 28 der 55 Monitoringstandorte die Bekämpfungsschwellen. Ähnlich häufig trat der Zwergrost auf (29 Überschreitungen). Dieser gewinnt witterungsbedingt, vor allem aber durch den verbreiteten Anbau stärker anfälliger Sorten in den letzten Jahren zunehmend an Bedeutung. Im nasskalten Frühjahr 2008 traten die *Rhynchosporium*-Blattflecken an 18 Standorten bekämpfungsrelevant auf, Mehltau dagegen nur an einem Standort. Auch bei der Sommergerste dominierte 2008 der Zwergrost das Krankheitsgeschehen in Bayern (Schwellenüberschreitung an 13 von 23 Standorten), gefolgt von Mehltau (an 8 Standorten) und den später auftretenden Netzflecken (an 6 Standorten).

Die größte Ertragsrelevanz wurde jedoch 2008 in Bayern nicht durch die klassischen Schadpathogene der Gerste hervorgerufen, sondern durch das vielerorts starke Auftreten des Blattfleckenkomplexes (*Rcc*/PLS). Die ersten typischen Symptome traten deutlich nach dem Ährenschieben auf, gefolgt von einer raschen Nekrotisierung der oberen Blätterlagen. In vielen früheren Jahren fiel diese späte Schadwirkung oft zusammen mit einer schnellen natürlichen Abreife, weshalb selbst wirksame Fungizide selten Mehrerträge von über 5 bis 10 dt/ha erzielen konnten. 2008 war die Abreife jedoch an mehreren Versuchsstandorten nicht wasserlimitiert. Daher konnten durch den Fungizideinsatz in der Wintergerste Mehrerträge von bis zu 30 dt/ha realisiert werden (Doppelbehandlung: 1,0 l/ha Input in BBCH 32 und 1,8 l/ha Amistar Opti + 0,6 l/ha Gladio in BBCH 49). Die Wirkung der verschiedenen Präparate korrelierte in den Fungizidversuchen sehr gut mit der nekrotisierten Blattfläche der oberen beiden Blätterlagen in BBCH 75. Chlorthalonil (im Amistar Opti und im noch nicht zugelassenen Credo) und Prothioconazol (im Input und Fandango) zeigten hierbei die beste Wirkung, während Boscalid (im Champion) im Gegensatz zum Vorjahr gegen diesen Schadkomplex nicht überzeugen konnte. An anderen Exaktversuchsstandorten traten da-

gegen weder der Blattfleckenkomplex noch andere Schaderreger stärker auf, so dass dort selbst viele Einmalbehandlungen unwirtschaftlich blieben. Auch an diesen Standorten ließ sich jedoch *Rcc* durch PCR bereits frühzeitig nachweisen, meist schon ab BBCH 32. Zur Klärung der primären Ursachen des Blattfleckenkomplexes bzw. der Epidemiologie des Schaderregers *Rcc* besteht daher ein erheblicher Forschungsbedarf.

(DPG AK IP, Projektgruppe Krankheiten im Getreide)

Mitteilungen und Nachrichten

Ergebnisprotokoll der 19. Tagung des DPG-Arbeitskreises Integrierter Pflanzenschutz, Arbeitsgruppe „Schädlinge in Getreide und Mais“

Das 19. Treffen der Arbeitsgruppe fand am 18. und 19. Februar 2009 in Braunschweig im Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen (JKI) statt. Es nahmen etwa 35 Personen teil, darunter Vertreter des amtlichen Pflanzenschutzdienstes, von Behörden, der Industrie und der Forschung. Zu Beginn der Tagung berichteten die Vertreter aus den Bundesländern über die Populationsdynamik der Schadtieren in Getreide und Mais im Jahr 2008. Anschließend wurden in Kurzvorträgen verschiedene Aspekte des Auftretens von Maisschädlingen, Weizengallmücken, Drahtwürmern und Getreideviren beleuchtet, bevor ein Überblick über den aktuellen Stand der Zulassungssituation bei Insektizidbeizen im Getreide gegeben wurde. Dem „Workshop“-Charakter der Veranstaltung entsprechend wurde im Anschluss an die einzelnen Vorträge rege diskutiert.

Berichte der Pflanzenschutzdienste aus den Bundesländern
Bundesweit traten Schadinsekten in Getreide und Mais im Jahr 2008 nur in wenigen Fällen ertragswirksam in Erscheinung. So war der herbstliche Befallsflug 2007 mit Getreideblattläusen trotz einer hohen Virusbelastung aufgrund der nachfolgend niedrigen Temperaturen unproblematisch. Lediglich in Mecklenburg-Vorpommern ergaben sich nach deutlicher Befallsentwicklung in den Frühsaaten im Versuch Mehrerträge durch den Einsatz von Insektizidbeizen im Wintergetreide. Ansonsten blieben die im Herbst 2007 vorsorglich angelegten Beiz- und Insektizidversuche ohne Aussagekraft. Für das Frühjahr 2009 wird nach den teilweise frostreichen Temperaturen im Januar von bis zu -25 °C (Hessen) allgemein nicht mit einem problematischen Auftreten von BYDV gerechnet. Das durch Zikaden übertragbare WDV erreichte im Jahr 2008 erstmals auch in Niedersachsen Befallsstärken von bis zu 10%, war ansonsten aber bedeutungslos. Auch das Auftreten von Sattel- und Weizengallmücken war bundesweit nicht ertragswirksam, obwohl beispielsweise in Schleswig-Holstein eine gute Koinzidenz zwischen dem Gallmückenflug und dem zur Eiablage geeigneten Entwicklungsstadium der Kulturen gegeben war. Als Grund hierfür kommen unter anderem ungünstige Witterungsereignisse während der empfindlichen Phase des Getreides in Betracht. In anderen Bundesländern wie Mecklenburg-Vorpommern, Sachsen oder Rheinland-Pfalz flogen die Weizengallmücken erst deutlich nach der im Frühjahr 2008 sehr kurzen Phase des Ährenschiebens und kamen in der Masse zu spät für eine erfolgreiche Eiablage. Andere Getreideschädlinge wie Getreidehähnchen und Blattläuse als Saugschädlinge waren im Frühsommer 2008 allgemein unbedeutend. Probleme ergaben sich besonders in Brandenburg mit einem beachtlichen Auftreten von Getreidelaufkäfern, wandernden Wurzelnematoden und Erdräupen.

Mit wachsender Maisanbaudichte treten auch die Maisschädlinge immer stärker in Erscheinung. Insbesondere der Maisszünsler verbreitet sich zunehmend und ist bislang lediglich in Schleswig-Holstein noch nicht nachgewiesen worden. Die Befallshäufigkeiten waren allerdings im Jahr 2008 aufgrund ungünstiger Witterungsbedingungen zum Flugzeitpunkt verbreitet geringer als im Vorjahr. Anhand einiger Funde von Puppenhüllen wurde in Sachsen auf das Auftreten einer zweiten Maisszünslergeneration geschlossen, die auch in Baden-Württemberg nachgewiesen wurde. Der im Frühjahr regional erhebliche Befall mit Blattläusen im Mais wurde im Verlauf

der Saison durch die Aktivität natürlicher Gegenspieler weitgehend kontrolliert. Vereinzelt konnte nach stärkerem Blattlausbefall auch BYDV in Maispflanzen nachgewiesen werden. Wie im Vorjahr trat der Maiswurzelbohrer auf verschiedenen Flächen in Baden-Württemberg und Bayern auf.

Maisschädlinge

Herr KRÜSSEL (LWK Niedersachsen) berichtete von einer weiteren Ausbreitung des Maisszünslers im Süden des Landes, während die Hauptmaisangebiete im Norden und Osten Niedersachsens noch nicht betroffen seien. Insgesamt wird in Niedersachsen mittlerweile auf einer Fläche von 475 000 ha Mais angebaut. Obwohl die Befallshäufigkeit im Jahr 2008 mit 1 bis 5% noch nicht bekämpfungsrelevant war, wurde die Sensibilisierung für dieses Thema in der Beratung verstärkt, unter anderem durch Veranstaltungen zur Optimierung mechanischer Bekämpfungsverfahren. Ziel sei es, den Befallsumfang in Niedersachsen auf einem geringen Niveau zu halten.

In einem Vortrag zum Sexualdimorphismus beim Maiswurzelbohrer zeigte Herr GLOYNA (BTL Sagerheide) anhand von Literaturrecherchen und intensiven eigenen Studien, dass die Färbung der Flügeldecken oder die Länge der Fühler nicht zur sicheren Geschlechtsbestimmung ausreichen. Vielmehr verfügten die *Diabrotica*-Männchen über spezialisierte Borsten am Protarsus, die bei der Paarung eine wichtige Rolle spielen und den Weibchen fehlen. Eine Unterscheidung der Geschlechter ist auch über das Puppenstadium möglich, da die Weibchen kleine spezifische Höcker auf ihrer Oberfläche aufweisen.

Wie Herr BUNDSCHUH (LTZ Augustenberg) mitteilte, wurden im Jahr 2008 in Baden-Württemberg im Ortenaukreis mittels Pheromonfallen insgesamt 76 Maiswurzelbohrer gefangen, sowie an einem anderen Standort ein Käfer. Die vorgeschriebenen Maßnahmen zur Eradikation der gefundenen *Diabrotica*-Populationen in den Befalls- und Sicherheitszonen wurden durchgeführt. Für das Jahr 2007 lagen die dabei vom Land aufgewendeten Kosten für die *Diabrotica*-Bekämpfung (Insektizideinsatz, Pheromonfallen ohne Personalkosten) pro Befalls- und Sicherheitszone bei etwa 170 000 Euro.

Weizengallmücken

Frau VOLKMAR (Uni Halle) stellte Vergleichsuntersuchungen an verschiedenen Weizensorten zum Befall mit Weizengallmücken und Thripsen vor. Am Standort Silstedt ergaben sich bei guter Koinzidenz und hoher Flugaktivität mit bis zu 300 Männchen in Pheromonfallen innerhalb von drei Tagen große Sortenunterschiede im Ährenbefall. Am stärksten befallen waren häufig angebaute Sorten wie „Potential“ mit bis zu 18 Larven/Ähre. Diese wiesen ebenso einen höheren Anteil an geschädigten Körnern auf. Der Thripsbefall war im Jahr 2008 deutlich schwächer als 2007.

Herr HEIMBACH (JKI Braunschweig) gab einen Überblick über das umfangreiche Datenmaterial des bundesweiten Gallmückenmonitorings im Jahr 2008. Die ersten Auswertungen ergaben, dass die Ährenbonitur unbedingt zwischen BBCH 73 und 75 durchgeführt werden muss. 2008 lag in der Regel eine deutliche bessere Koinzidenz zwischen Befallsflug und der empfindlichen Phase des Getreides (BBCH 49 – 61) vor als im Vorjahr. Weitere Auswertungen des Datenmaterials werden in nächster Zeit erfolgen. Einer Fortführung des Projektes im Jahr 2009 wurde allgemein zugestimmt. Dabei sollen neben den Pheromonfallen auch wieder Weißschalen zum Auffangen der in den Boden abwandernden Larven eingesetzt werden, da diese gut geeignet scheinen die Befallsdichte anzuzeigen.

Frau HAAS (JKI Quedlinburg) stellte ein neues Projekt zur Entwicklung molekularer Marker zur Resistenzzüchtung gegen Weizengallmücken vor, bei dem unter anderem die Genetik der Resistenz in englischen Sorten aufgeklärt werden soll.

Drahtwürmer

Nachdem in Frankreich bereits seit 2006 ein „Drahtwurm-Monitoring“ stattfindet, wurden im Jahr 2008 im Rahmen eines ersten Monitorings auch in Deutschland Pheromonfallen zum Fang von Schnellkäfern eingesetzt, wie Herr PETERSEN (Fa. Syngenta) berichtete. Dieses Monitoring soll im Jahr 2009 möglichst bundesweit fortgeführt werden. Ziel ist dabei festzustellen, welche Arten regional von Bedeutung sind, ob sich die Pheromonfallen des Furlan-Typs von der Handhabung her eignen und ob sich die für den Ackerbau zukünftig eventuell bedeutendste Art mit kurzem Entwicklungszyklus von ein bis zwei Jahren, *Agriotes sordidus*, immer weiter ausbreitet. Es besteht das Angebot der Firma Syngenta, pro Standort fünf artspezifische Pheromonfallen bereitzustellen. Die relativ aufwendige Fallenbetreuung und die schwierige Artbestimmung müssen allerdings sichergestellt werden.

In Rheinland-Pfalz beteiligte sich Herr BURGHAUSE (DLR R.-P.) im Jahr 2008 an dem Projekt. Er zeigte anhand der Pheromonfallenfänge erhebliche Standortunterschiede in der Artensammensetzung: Während im Rheintal im Südosten des Landes zu 98 bis 100% *Agriotes sordidus* gefangen wurde, konnte an zwei anderen Standorten in Höhenlage ausschließlich *Agriotes obscurus* identifiziert werden. In den eigentlich mit artspezifischem Pheromon bestückten Fallen wurden häufig auch jeweils fremde *Agriotes*-Arten gefangen. Der Anteil solcher Fehlfänge lag bei knapp 30%.

Herr BUSCH (LALLF M.-V.) bearbeitete die Fallenfänge von sechs Standorten in Mecklenburg-Vorpommern. An jedem der Standorte wurden jeweils vier artspezifische Pheromonfallen des Furlan-Typs eingesetzt: Es kamen die Arten *Agriotes lineatus*, *A. obscurus* und *A. sputator* vor. Die Art *A. sordidus* wurde an den sechs Standorten nicht gefangen. Auch Herr BUSCH stellte Fehlfänge der Pheromonfallen von durchschnittlich 25 bis 30% fest.

Getreideviren

Herr SCHLIEPHAKE (JKI Quedlinburg) rief im Namen von Herrn RABENSTEIN zunächst zur Teilnahme an einem Projekt zum bundesweiten Monitoring des Gerstengelbmosaikvirus, Typ 2 (BaYMV 2) auf. Ziel ist die Erstellung einer Datenbasis, um den Stand der Ausbreitung des durch den Pilz *Polymyxa graminis* übertragenen BaYMV 2 zu dokumentieren. Ein entsprechendes Anschreiben an die Länder mit dem Aufruf zur Probeneinsendung ist bereits im Dezember 2008 ergangen.

In einem zweiten Vortrag berichtete Herr SCHLIEPHAKE über Untersuchungen zur Wirtsspezifität verschiedener WDV-Stämme bei der Übertragung durch *Psammotettix alienus* auf Weizen, Gerste oder Hafer. Es stellte sich heraus, dass manche Stämme offenbar nicht von einer Kultur auf die andere übertragen werden. Diese WDV-Stämme konnten mittels molekularer Charakterisierung eindeutig in WDV-Weizenstämme, WDV-Gerstenstämme und WDV-Haferstämme differenziert werden. Aufgrund geringer Sequenzhomologie könnten diese Genotypen als separate Viren betrachtet werden.

Stand der Zulassungssituation bei Insektizidbeizen im Getreide

Abschließend kündigte Herr HEIMBACH (JKI Braunschweig) an, dass für das Jahr 2009 voraussichtlich kein insektizides Saatgutbehandlungsmittel für die Vektorenbekämpfung im Getreide zur Verfügung stehen wird. Lediglich im Winterweizen ist Contur Plus gegen die Brachfliege noch längerfristig zugelassen. Es wird zukünftig bei Saatgutbehandlungsmitteln wohl strenge Auflagen zur Reduzierung der potentiellen Abdriftwerte geben (z. B. kulturspezifische Heubachgrenzwerte, Sachkunde für Beizung, technische Verbesserungen der Beizanlagen, Haftmittel).

Der nächste Termin der Arbeitsgruppe für das 20. Treffen wurde auf den 24. und 25. Februar 2010 festgelegt und findet wie gewohnt im direkten Anschluss an die Tagung der DPG-Arbeitsgruppe Raps statt.

Gert PETERSEN (LK Schleswig-Holstein)
und Udo HEIMBACH (JKI Braunschweig)

PROTOKOLL

ZUR 10. SITZUNG DER PROJEKTGRUPPE „HEIL-, DUFT- UND
GEWÜRZPFLANZEN“ DES ARBEITSKREISES „PHYTOMEDIZIN IM GARTENBAU“
DER DEUTSCHEN PHYTOMEDIZINISCHEN GESELLSCHAFT (DPG)

Datum: 17. Februar 2009

Ort: Landesanstalt für Landwirtschaft, Forsten und Gartenbau (LLFG)
des Landes Sachsen - Anhalt
Strenzfelder Alle 22
06406 Bernburg

Teilnehmer: 20 Teilnehmer (siehe Teilnehmerliste)

Verteiler: Teilnehmer der Projektgruppensitzung
an alle Mitarbeiter der PG und Personen, welche die PG unterstützen
DPG-Vorstand
Deutscher Fachausschuss für Arznei-, Gewürz- und Aromapflanzen
Thüringer Interessenverband Heil-, Duft- und Gewürzpflanzen

Tagesordnung:

- TOP 1: Begrüßung
- TOP 2: Genehmigung der Tagesordnung
- TOP 3: Genehmigung des Protokolls der 9. Sitzung vom 20. Februar 2007
- TOP 4: Leitfaden: Krankheiten und Schädlinge im Arznei- und
Gewürzpflanzenanbau
Frau Dr. U. Meyer, Julius Kühn-Institut - Bundesforschungsinstitut für
Kulturpflanzen (JKI) Kleinmachnow
- TOP 5: Erdrauch und Kalmus als neue Arznei- und Gewürzpflanzen
Herr Dr. R. Schmatz, Thüringer Landesanstalt für Landwirtschaft, Referat
Pflanzenschutz, Erfurt - Kühnhausen
- TOP 6: Standardwerk Arznei- und Gewürzpflanzen, Kapitel Pflanzenschutz:
Status Quo (Kurzinformation zur Fertigstellung)
Prof. Dr. W. Dercks, Fachhochschule Erfurt, Fakultät
Landschaftsarchitektur, Gartenbau und Forst, Studiengang Gartenbau
- TOP 7: Aktualisierung der Adressdateien, insbesondere der E-mail-Adressen
(Es ist geplant, den Versand der Einladungen und Protokolle künftig
per mail abzuwickeln.)
Frau Dr. U. Gärber, Julius Kühn-Institut - Bundesforschungsinstitut für
Kulturpflanzen (JKI) Kleinmachnow
- TOP 8: Verschiedenes

Zu TOP 1:

Herr Prof. Dr. Dercks eröffnete die 10. Sitzung der Projektgruppe und begrüßte die Teilnehmer.

Zu TOP 2:

Die Tagesordnung wurde einstimmig angenommen.

Zu TOP 3:

Zum Protokoll der letzten Sitzung gab es keine Einwände oder Ergänzungen.

Zu TOP 4:

Frau Dr. Ulrike Meyer stellte das Projekt zur Erstellung eines Praxisleitfadens zu Krankheiten und Schädlingen im Arznei- und Gewürzpflanzenanbau vor. Das Projekt wird von der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) im Rahmen des Bundesprogramms Ökologischer Landbau gefördert und hat eine Laufzeit von 18 Monaten (1.6.08-30.11.09). Die Projektleitung übernahm die Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität (Lehr- und Versuchsanstalt Klein-Altendorf), weitere Projektteilnehmer sind die Landesanstalt für Landwirtschaft, Forsten und Gartenbau Sachsen-Anhalt (Dezernat Pflanzenschutz), der Förderverein Ökoplant e.V. Ahrweiler sowie das Julius Kühn-Institut (Institut für Pflanzenschutz in Gartenbau und Forst).

Das Vorhaben basiert auf der Erkenntnis, dass für einen wirtschaftlich erfolgreichen ökologischen Anbau von Arznei- und Gewürzpflanzen eine hohe Qualität des Endproduktes unverzichtbar ist. Dafür ist der effiziente Umgang mit auftretenden Schadursachen von großer Bedeutung. Um den Produzenten zu befähigen, Schadursachen frühzeitig zu erkennen und geeignete Gegenmaßnahmen einzuleiten, müssen durch Wissenschaft und Forschung erarbeitete Kenntnisse praxisgerecht aufbereitet und als diagnostisches Hilfsmittel und Handlungsanweisung zur Verfügung gestellt werden.

Als wissenschaftliche Basis des geplanten Leitfadens dient das 2007 erschienene Saluplanta-Handbuch Arznei- und Gewürzpflanzen, Bd. 3. Die Modifizierungen für den Leitfaden betreffen vor allem die Zielgruppe und die Darstellungsweise. Der Leitfaden wird in einer gedruckten Fassung sowie als CD erscheinen, wobei auf der CD der Leitfaden noch um einige Kulturen und Informationsebenen erweitert wird. Die für den ökologischen Anbau bedeutsamen Kulturen wurden nach Röhrich (2003) ausgewählt und werden im einzelnen mit den wichtigsten auftretenden Schadursachen beschrieben, wobei der Fokus auf dem Schadbild, der Erregerbiologie, möglichen vorbeugenden und direkten Regulierungsmaßnahmen und aussagekräftigem Bildmaterial liegt. Ein vorangestellter einleitender Teil wird gehäuft auftretende bzw. polyphage Schaderreger darstellen. Der geplante Aufbau des Leitfadens wurde beispielhaft demonstriert mit entsprechend der Planung zusammengestelltem Text- und Bildmaterial zu Schwarzer Bohnenlaus (polyphager Erreger), Kälteschäden an Basilikum (abiotische Schadursache), Dillverzweigung (viröse Schadursache), Blattflecken an Koriander durch *Pseudomonas syringae* pv. *coriandricola* (bakterieller Erreger), Malvenrost (pilzlicher Erreger) und Minzblattkäfer (tierischer Erreger).

Zum Stand der Arbeiten berichtete Frau Dr. Meyer, dass die erste Phase mit organisatorischen Aufgaben, der Bekanntmachung des Projektes in Fachkreisen und der Kontaktierung ausgewählter Einrichtungen und Experten mit anschließender Materialsichtung und -sammlung zu großen Teilen erfolgreich abgeschlossen wurde. Es konnte bisher zu 46 der geplanten 51 Kulturen Material von verschiedenen Schadursachen beschafft werden. Dabei wird aber insbesondere im Bereich der abiotischen Probleme noch Material benötigt. Sofern Material vorhanden, bat Frau Dr. Meyer, dieses für den Leitfaden zur Verfügung zu stellen.

Die weiteren Arbeiten im Projekt werden sich mit der Bearbeitung und Bewertung des vorhandenen Materials, der Beschaffung noch fehlender Bilder sowie dem Erstellen von Schaderregerbeschreibungen beschäftigen. Daneben wird weiter der Kontakt zu Fachleuten gesucht, um ein aussagekräftiges Bild über die Bedeutung der einzelnen Schadursachen zu erhalten und die Zusammenstellungen wissenschaftlich abzusichern. Ab Mitte des Jahres soll dann mit Hilfe eines redaktionell erfahrenen Mitarbeiters der Universität Bonn sowie der Expertise der Fachhochschule Weihenstephan die endgültige Zusammenstellung des Leitfadens und im Anschluss der Vertrieb erfolgen.

Das Projekt wurde mit großem Interesse aufgenommen und als eine gute Ergänzung zu dem wissenschaftlichen Werk des Saluplanta-Handbuches gewertet. Zur Frage, inwieweit verschiedene Anbauformen wie Freilandanbau und Gewächshausproduktion, in dem Leitfaden berücksichtigt werden, ist ergänzend zu erwähnen, dass hier eine Unterscheidung vorgenommen werden soll, da das Schaderregerauftreten und die daraus resultierenden Regulierungsmaßnahmen unter den verschiedenen Produktionsbedingungen unterschiedlich sind. Herbizidschäden dagegen werden nicht beschrieben, da sich der Leitfaden auf Kulturen im ökologischen Anbau bezieht. Als Hilfestellung für den Praktiker bei der Diagnose soll im Leitfaden speziell auf Verwechslungsmöglichkeiten bei den Schadursachen hingewiesen werden, was in der Diskussionsrunde als besonders wichtig eingeschätzt wurde.

Zu TOP 5:

Herr Prof. Dr. Dercks präsentierte einen Vortrag von Herrn Dr. Schmatz zur Inkulturnahme von zwei „neuen“ Arzneipflanzen in Thüringen und den mit dem Anbau verbundenen Problemen hinsichtlich der Unkrautbekämpfung. Die Gewinnung der erforderlichen Drogen für die Arzneimittelindustrie erfolgte früher in erster Linie durch Sammlungen in der Natur, was zu einer Bedrohung des Fortbestandes einzelner Arten führte. Beim kontrollierten integrierten Anbau von Arznei- und Gewürzpflanzen ist die Erzeugung größerer Mengen von Rohstoffen mit einer bestimmten Qualität möglich. Wichtige Kulturen sind in Thüringen Kamille, Pfefferminze, Baldrian, Fenchel, Johanniskraut und Melisse, die in hoher Qualität unter kontrollierten Bedingungen in größerem Umfang angebaut werden. Kamille mit einem Anbauumfang von 962 ha in 2008 ist die bedeutendste Arzneipflanze in Thüringen, gefolgt von Pfefferminze mit 186 ha, Fenchel und Johanniskraut mit je 41 ha Anbaufläche. Zur Gewinnung bestimmter Inhaltsstoffe befinden sich in Thüringen einige wenig verbreitete Kulturen wie Rosenwurz und Traubensilberkerze bereits im Anbau. Weitere Kulturen, deren Anbau in Thüringen derzeit erprobt wird, sind Erdrauch und Kalmus.

Erdrauch (*Fumaria officinalis* L.) aus der Pflanzenfamilie der Pavaeraceae ist als ein relativ schwer bekämpfbares Unkraut bekannt und gedeiht vorrangig auf besseren Böden. Aufgrund seiner Inhaltsstoffe, den Alkaloiden wie Fumarin, Scoulerin u.a., stellt Erdrauch eine Arzneipflanze dar, die gegen verschiedene Beschwerden, u. a. auch gegen Schuppenflechte, Anwendung findet. Kalmus (*Acorus calamus* L.), auch als deutscher Ingwer bezeichnet, bevorzugt sonnige Stellen an Uferzonen von Gewässern. Seine ätherischen Öle als Inhaltsstoffe wirken krampflösend, beruhigend und antimikrobiell. Zum Anbau kommen Herkünfte mit geringem beta-Asaron-Gehalt, um mögliche Nebenwirkungen auszuschließen. Kalmus wird in anderen Ländern auf Flächen mit Anstaubewässerung angebaut, wodurch keine Probleme mit Unkräutern entstehen. Solche Flächen sind in Deutschland nicht verfügbar. Für beide Kulturen besteht unter den hiesigen Anbaubedingungen ein hoher Unkrautdruck.

Eine wesentliche Voraussetzung für die Erzeugung von Rohstoffen in hoher Qualität ist die Unkrautbekämpfung, da im Erntegut nur eine bestimmte Menge an Fremdbestandteilen

enthalten sein darf. Für zahlreiche Arznei- und Gewürzpflanzen wurde inzwischen die Genehmigung der Anwendung von Herbiziden gemäß § 18 a PflSchG erteilt. Bei neuen Kulturen fehlen meistens Kenntnisse über geeignete Herbizide bzw. liegen keine Daten zur Beurteilung der Rückstandssituation für die Herbizidwirkstoffe in diesen Kulturen vor. Für die Unkrautbekämpfung in Erdrauch und Kalmus wurden deshalb Genehmigungen gemäß § 18 b PflSchG genutzt, um die Unkrautprobleme beim Anbau dieser Kulturen zu lösen. Bei Erdrauch wurden entsprechende Genehmigungen für TARGA SUPER gegen Ausfallgetreide und Quecke und PRIMUS gegen dikotyle Unkräuter erteilt. In Kalmus wurde eine § 18 b-Genehmigung für BASTA gegen Problemunkräuter (laubabgeschirmte Anwendung) erteilt. Im Genehmigungsverfahren erfolgte die Beurteilung der Rückstandssituation der Herbizidwirkstoffe im Erntegut der beiden Kulturen durch Extrapolation der Rückstandsdaten von anderen Teekräutern bzw. Wurzelgemüse unter Berücksichtigung der Eigenschaften der Herbizidwirkstoffe. Die Kontrolle der Wirkung der angewendeten Herbizide erfolgt in beiden Kulturen im Frühjahr 2009. Sofern Erfahrungen zur Unkrautbekämpfung in diesen „neuen“ Arzneipflanzen in anderen Bundesländern vorliegen, sind Hinweise und weitere Tipps erbeten.

TOP 6:

Herr Prof. Dr. Dercks berichtete über die baldige Fertigstellung von Band 1 „Grundlagen des Arznei- und Gewürzpflanzenbaus“ des Handbuches Arznei- und Gewürzpflanzen. Das Kapitel „Pflanzenschutz“ wurde federführend von Herrn Prof. Dr. Dercks in Zusammenarbeit mit Herrn Dr. Schmatz, Herrn Prof. Dr. Backhaus und Frau Aedtner bearbeitet. Herr Prof. Dr. Dercks nahm kurz Stellung zu der gegenwärtigen Situation in der Pflanzenschutzmittelzulassung. So z. B. sind derzeit insgesamt 1062 Pflanzenschutzmittel mit 259 Wirkstoffen zugelassen, wobei ca. 221 Mittel mit ca. 86 Wirkstoffen im Arznei- und Gewürzpflanzenanbau Anwendung finden. Pro Anwendung stehen meistens nur ein bis maximal drei Wirkstoffe zur Verfügung, so dass ein Resistenzmanagement kaum möglich ist.

TOP 7:

Zukünftig sollen alle Informationen (vor allem Einladungen und Protokolle) aus der Projektgruppe Heil-, Duft- und Gewürzpflanzen nur noch elektronisch weitergeleitet werden. Die Einladung zur Projektgruppensitzung einschließlich Tagesordnung wird jedes Jahr an alle aktiven Mitglieder der Projektgruppe verschickt. Zusätzlich wird die Sitzung der Projektgruppe im Programm (Flyer) des Bernburger Winterseminars angekündigt. Das Protokoll zur Projektgruppensitzung erhalten neben den Mitgliedern auch diejenigen, die an der jeweiligen Sitzung teilgenommen haben. Für einen reibungslosen Informationsaustausch bitten wir um eine Aktualisierung der Adressen (siehe Anlage).

TOP 7:

Herr Dr. Plescher berichtete über ein Problem im Kamillenanbau. In Thüringen sind Krankheitserscheinungen an Kamille aufgetreten, deren Ursache unklar ist. Die Blätter der Pflanzen verfärben sich bzw. vertrocknen vollständig. Zur 2. Pflücke bilden die Pflanzen nur noch Notblüten. Das Referat Pflanzenschutz der TLL hat als eine mögliche Ursache *Ramularia matricariae* identifiziert. Im Rahmen eines kleinen Projektes zur diagnostischen Identifizierung des Schaderregers, das vom Thüringer Ministerium für Landwirtschaft, Naturschutz und Umwelt finanziert wird, wird die Firma Pharmaplant in Artern das Problem an Kamille aufgreifen. Die Anbauer berichten über stärkere Schäden insbesondere nach Getreideanbau (Weizen und Gerste). Die Fruchtfolgegestaltung beim Kamillenanbau ist sehr begrenzt und eine Änderung nicht möglich. Die Anbauer vermuten, dass die an Gerste vorkommende *Ramularia*-Art auch Kamille befällt. In Zusammenarbeit mit dem JKI soll dem nachgegangen und befallenes Blattmaterial untersucht werden.

Das nächste Treffen der Projektgruppe wird am ersten Tagungstag des Bernburger Winterseminars 2010 (23. Februar 2010) stattfinden.

U. Gärber

Frau Dr. Ute Gärber

W. Dercks

Prof. Dr. Wilhelm Dercks

Report on the Annual Meeting of the Working Group “Phytomedicine in the Tropics and Subtropics” 2009

The working group “Phytomedizin in den Tropen und Subtropen” (Phytomedicine in the Tropics and Subtropics) of the Deutsche Phytomedizinische Gesellschaft (German Phytomedical Society, DPG) met this year at the annual Conference Tropentag 2009 – International Research on Food Security, Natural Resource Management and Rural Development in Hamburg. The Tropentag is traditionally hosted by the universities of Bonn, Hohenheim and Göttingen/Kassel-Witzenhausen (alternating venues), and organized by the hosting universities in collaboration with the Council for Tropical and Subtropical Research (ATSAP e.V.) and BEAF/GTZ. Hamburg was added as a conference venue and in the future, other European universities will participate in organizing the Tropentag. In 2010, the Tropentag will be held for the first time at the Eidgenössische Technische Hochschule (ETH) Zürich in Switzerland.

The theme of the Tropentag 2009 was “Biophysical and Socio-economic Frame Conditions for the Sustainable Management of Natural Resources”. The conference took place October 6–8, 2009 in Hamburg, Germany. The conference had a record of 710 participants (a total of 1150 persons registered for the conference) from 83 countries; this was the highest number of participants ever registered at the Tropentag. It demonstrates again, that this conference is one of the most important international conferences on development-oriented research in Europe. Issues related to phytomedicine and plant protection in the tropics and subtropics were covered during the oral and guided posters sessions on “Management of Plant Pests and Diseases” and during the sessions on “Abiotic and biotic pressure”.

The Tropentag 2010 will be held at the Eidgenössische Technische Hochschule (ETH) Zürich, Switzerland, 14–16 September 2010.

Dr. Björn Niere (Julius Kühn-Institut, Braunschweig) and Dr. Monica Frosch (Regierungspräsidium Giessen)

Development of a Species Distribution Model for Lepidopteran Stem Borers and Associated Parasitoids in Kenya

Klaus Mithöfer¹, George Otieno Ongamo¹, Bruno Leru^{2,1}

- ¹ International Center of Insect Physiology and Ecology (ICIPE), Environmental Health, Kenya
- ² Institut de Recherche pour le Développement (IRD), France

Maize [*Zea mays* L.] and sorghum [*Sorghum bicolor* (L.) Moench] are among the most important cereal crops in Africa and any factor affecting their production is considered a threat to food security in the continent. In Kenya, these crops are grown mainly by small scale farmers under rain fed farming system. However, the produce rarely meets the mean annual demands and with the projected climate change, food deficit and associated implications may worsen as demand to feed the growing population rises.

There is therefore need to identify sustainable options that would enhance cereal production without compromising the quality of the environment of which reducing losses associated with field insect pests have been given serious consideration. Lepidopteran stem borers are the major field insect pests with yield losses estimated between 10 and 21% in different climatic zones in Kenya. Integrated pest management (IPM) approach has used in different occasions as a measure to minimise pest

associated losses. However, development of pest management strategies requires a profound understanding of the ecology of the target species and associated natural enemies.

Over the last two decades, ICIPE has made considerable contributions to improve understanding on ecology of the pest species and the role of wild habitats on their dynamics. In their studies, ICIPE scientists have examined the spatial distribution of indigenous and invasive stem borers and their parasitoids. New approaches based on environmental data, Geographic Information Systems (GIS) and ecological niche modelling offer new opportunities to study and explain the geographical distribution of species. They also allow the development of prediction models, an important tool to develop pest management strategies and research based on climate change scenarios. This is of foremost importance to evaluate the future spread of invasive species and their control through related parasitoids. The study presents the development of species distribution model (niche model) for stem borer species and parasitoids based on bioclimatic envelopes. The results will be discussed regarding IPM development and its application for climate change based studies with focus on invasive stem borer species and their parasitoids.

Key words: Climate change, GIS, species distribution model, stem borer

Contact address: Klaus Mithöfer, International Center of Insect Physiology and Ecology (ICIPE), Environmental Health, P.O. Box 30772, 00100 Nairobi, Kenya, e-mail: kmithoefer@icipe.org

The Interactions of Arbuscular Mycorrhiza Fungi (AMF) with other Bio-control Agents in the Control of *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*

Lilian Wanjiru Mbuthia, Henning von Alten, Gisela Grunewaldt-Stöcker

Leibniz Universität Hannover, Institute of Plant Diseases and Plant Protection, Germany

Biological control has been exploited as an alternative for the chemical control of plant diseases and is currently accepted as a key practice in sustainable agriculture as it is based on the management of natural resources. However, inconsistencies in success of bio-control have directed research to finding ways of reducing its variability by combining applications of bio-control agents.

The research presented here aimed at exploiting the use of arbuscular mycorrhiza fungi (AMF), an important and widely spread component of the rhizosphere known to reduce damage caused by soil-borne pathogens, together with other known bio-control agents. It focused at getting insight on probable synergistic interactions as well as understanding how varying conditions would influence such interactions.

The interactions were studied regarding the control of *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* (FOL), a soil-borne pathogen that causes wilting in tomatoes, using AMF and *Trichoderma harzianum* (T-22) as the biological antagonists. Additional factors studied in the interaction included investigating the influence of nutrition by varying levels of Phosphorous to include a high and low level of P-fertilisation, and two types of substrates, i.e. sand and a sand peat mixture.

The results indicate the possibility of synergistic control effects achieved by the combination of AMF and T-22. However, there were clear differences regarding the influences of the substrate, P-level as well as environmental growing conditions. The most clear was the distinctive difference in symptom development of FOL under varying P-levels with plants having high P showing typical FOL symptoms of yellowing followed by gradual wilting, while those having low P directly wilted without yellowing.

Key words: Arbuscular Mycorrhiza Fungi, AMF, biological control, *Fusarium oxysporum*, *Trichoderma harzianum*

Contact address: Lilian Wanjiru Mbuthia, Leibniz Universität Hannover, Institute of Plant Diseases and Plant Protection, Herrenhäuser Str. 2, D-30419 Hannover, Germany, e-mail: mbushyciru@yahoo.com

The Environmental Fate of Agrochemicals in Paddy Rice Fish Farming Systems in Northern Viet Nam

Maria Anyusheva, Nguyen La, Marc Lamers, Thilo Streck

University of Hohenheim, Department of Soil Science and Land Evaluation, Germany

During the last decades, high population growth and export-oriented economics have led to a tremendous intensification of rice production in North Viet Nam, which in turn has significantly increased the amount of agrochemicals applied in rice cropping systems. Since pesticides are toxic by design, there is a natural concern on the impact of their presence on the environment and human health. In northern Viet Nam, irrigated and rain-fed paddy rice production systems were identified to be the major non-point source of agrochemical pollution to surface and ground water, which are often directly used for domestic purposes. Hence, the quantification and forecast of pesticide losses to ground and surface water from paddy rice fields is of indispensable concern and a prerequisite for accessing the potential environmental exposure and risk of water pollution across vulnerable landscapes. The aim of the present study was to investigate the environmental fate of pesticides in paddy rice fish farming systems and to evaluate the risk of surface and ground water pollution. The study site is the Chieng Khoi watershed located in the mountainous region of northern Viet Nam. During consecutive rice cropping seasons (2007 and 2008) we intensively measured the water regime (inflow, outflow, water level, soil moisture) and the pesticide concentration in various system components (paddy water, soil water, pond water, soil sediment, inflow and outflow water) of an integrated paddy field – fish pond system. Two pesticides (Dimethoate and Fenitrothion) with different physico-chemical properties were manually applied. Preliminary results of the field experiment indicate that under current management practices considerable quantities of pesticides are lost to the surface and ground water.

Key words: Agrochemicals, Viet Nam, paddy rice

Contact address: Maria Anyusheva, University of Hohenheim, Department of Soil Science and Land Evaluation, Emil-Wolff-Strasse, 70599 Stuttgart, Germany, e-mail: maria.anyusheva@uni-hohenheim.de

Integrated Pest Management Training and Information Flow among Smallholder Horticulture Farmers in Kenya

Nigat Bekele¹, Dagmar Mithöfer¹, David Amudavi^{1,2}, Gideon Obare²

¹ International Centre of Insect Physiology and Ecology (ICIPE), Kenya

² Egerton University, Agricultural Economics and Agribusiness Management, Kenya

Horticulture is a key sector of the Kenyan economy. It improves household welfare through providing income, satisfying domestic food needs and improving human nutrition. Next to market access pests and diseases are the major constraints. With the adoption of Farmer Field Schools (FFS) and Common Interest Groups (CIG) as information sources in horticultural production, it is not yet understood how effective the two approaches enhance environmentally and health friendly production practices such as integrated pest management (IPM). It is expected that IPM information is to a greater extent communicated among farmers belonging to farmer groups because of the enhanced interaction among group members. This paper presents findings of farmer preferences in the choice of information sources and assesses factors that influence IPM information reception and sharing. The analysis applies a bivariate probit regression model for reception and sharing of IPM information to survey data from a random sample of 487 smallholder horticultural producers who are either FFS members, CIG members or non-group based farmers. IPM information and knowledge in this paper is defined as a range of practices including scouting, sanitation, crop rotation, mixed cropping, hand picking, solarisation, planting resistant varieties, applying plant extracts and selective pesticide application. Findings show that government extension staff, NGOs, friends, and neighbours are the three most important information sources for horticulture production and IPM. FFS farmers have more knowledge on IPM practices than CIG and non-group based farmers. Regression results show that membership in farmer groups, gender, education, locality, household size, land per capita, distance to extension service, frequency of listening to radio and literate household members significantly influence information flow. FFS farmers are more likely to receive IPM information than individual farmers whereas CIG farmers are not distinguishable from individual farmers with respect to receiving IPM information. Unlike FFS and non group based farmers, CIG farmers are more likely to share IPM information. Implications may be that the intensive training of FFS farmers promotes information reception and knowledge accumulation but promotes close knit interaction in the group which prevents information leaving the group. This is being further tested.

Key words: Farmer field schools, integrated pest management, Kenya, smallholder horticulture

Contact address: Nigat Bekele, International Centre of Insect Physiology and Ecology (ICIPE), Economic Impact Assessment, Horticulture Programme, Plant Health Division, Icipe Duduville Campus Kasarani Off Thika Road, 254 Nairobi, Kenya, e-mail: nbekele@icipe.org

Do Green Lacewings (*Mallada signata*) Contribute to the Mortality of *Helicoverpa* on Transgenic Bt Cotton?

Habibullah Bahar, John Stanley, Peter Gregg, Alice del Socorro

University of New England, Agronomy and Soil Science, Australia

Over 85% of the Australia cotton crop is transgenic, expressing Bt genes for the control of the key pests *Helicoverpa armigera* and *H. punctigera*. Using Bt cotton has reduced the number of pesticide applications, paving the way for a more concerted effort with integrated pest management (IPM), especially enhancing the impacts of natural enemies. There is field evidence that *Helicoverpa* larvae are surviving on Bt cotton. This study examines the predatory performance of a

generalist predator, the green lacewing (*Mallada signata* (Schneider)) feeding on *H. armigera* eggs and larvae on Bt (Bollgard II®) or conventional cotton. Prey consumption rates on single leaves were measured under laboratory conditions in small arenas. Prey consumption rates on whole plants of Bt and conventional cotton varieties were investigated in controlled environment cabinets. *H. armigera* eggs or larvae were distributed evenly across seven plant positions; the stem, petioles, squares, flowers, bolls and upper and lower sides of leaves. Two, four-day-old, lacewing larvae were released and surviving *Helicoverpa* eggs and larvae recorded after 24 h for *H. armigera* eggs and 72 h for *H. armigera* larvae experiments. In the small arenas, lacewing larvae fed on similar numbers of *H. armigera* eggs (ave. 15) or larvae (ave. 8) whether searching Bt or conventional cotton leaves. Likewise, similar numbers of eggs were consumed by lacewing larvae searching whole plants of either Bt (ave. 15) or conventional (ave. 14) varieties in 24 hours. On whole Bt cotton plants 83% of the *H. armigera* larvae died. Mortality increased to 98% when the two lacewing larvae were present. Lacewings on conventional cotton consumed 65% of the prey. This 'mopping-up' of surviving *Helicoverpa* on Bt cotton by lacewing larvae has the potential to reduce immediate pest damage but perhaps more importantly remove potentially Bt-resistant genotypes.

Key words: Biological control, green lacewing, *Helicoverpa armigera*, *Mallada signata*, transgenic cotton

Contact address: Habibullah Bahar, University of New England, Agronomy and Soil Science, 2351 Armidale, Australia, e-mail: mbahar2@une.edu.au

The Efficacy of *Bacillus amyloliquefaciens* on Late Blight Development and Biomass of *Phytophthora infestans* in Tomato Leaf Tissue

Muna Sultan, Heinz-Wilhelm Dehne, Ulrike Steiner

University of Bonn, Institute of Crop Science and Resource Conservation (INRES), Germany

Bacillus amyloliquefaciens, re-isolated from the biocontrol agent FZB 24® (Biotechnik GmbH, Germany) has shown promising results in biological control of late blight caused by *Phytophthora infestans*. However, the mechanisms and metabolites involved are only poorly understood. In order to gain a better understanding of the mechanisms of action of the bacteria or their metabolites in reducing the disease severity of late blight, directly or indirectly by induced resistance, real time quantitative PCR were performed to determine the effect of foliar application on the pathogen biomass in tomato leaf tissues.

B. amyloliquefaciens cells and the excreted metabolites (culture filtrate) harvested after 72 hours of incubation time were applied on foliar parts of tomato plants in the greenhouse 24 h before inoculation with the pathogen (10^5 sporangia ml⁻¹). The effects were investigated on attached leaves as well as on detached leaves which were cut immediately after inoculation and incubated in plastic boxes under the same environmental conditions as the plants. Samples of attached and detached leaves were taken 3 h, 6 h, 12 h, 24 h, 48 h, 96 h, and 144 h after inoculation corresponding to different developmental stages after infection.

From frozen dried leaf tissues DNA was isolated using the Plant Mini Kit Method. Real-time PCR reactions were performed with PinFRAS-Forward primer (CATTACATTGCTCATGGCTTTC) and PinFRAS-Reverse primer (ATCACGCGGGGACAAATG) in an ABI Prism®7000 SDS instrument. The results were reported as the absolute amount of DNA of *P. infestans*. The correlation coefficient of the standard curve was at least 0.99 while the slope ranged from -3.1 to -3.8.

Both, bacterial cells as well as the metabolites were effective in preventing infection; they inhibited the pathogen

biomass development in the tissue of the tomato leaves and significantly reduced the expansion of existing late blight lesions. The suppression of disease symptoms and pathogen growth was evident from the first stages of infection.

The efficacy of the bacteria or their metabolites in reducing the development of *P. infestans* was higher in attached than detached tomato leaves. Six days after inoculation, compared to untreated leaves, both treatments reduced the pathogen biomass by 83% on attached leaves compared to 40% (cells) and 60% (metabolites) on detached ones. The amount of pathogen DNA detected in detached leaves was 4.7 (untreated samples), 17 (cells) and 10 (metabolites) times higher than in attached leaves. There was an increase in treatment efficacy to suppress the pathogen development. The results provide evidence for an additionally activation of plant defense responses.

Key words: *Bacillus amyloliquefaciens*, metabolites, *Phytophthora infestans*, quantification, real time PCR

Contact address: Muna Sultan, University of Bonn, Institute of Crop Science and Resource Conservation (INRES), Nussallee 9, 53115 Bonn, Germany, e-mail: muna_soltan@yahoo.com

Interactions Between the Omnivorous Bug *Orius laevigatus* and the Entomopathogenic Nematode *Steinernema feltiae*, Natural Enemies of the Western Flower Thrips, *Frankliniella occidentalis*

Bishnu Kumari Bhandari¹, Moshe Coll²

¹ Leibniz Universität Hannover, Plant Disease and Plant Protection, Germany

² Hebrew University of Jerusalem, Entomology, Israel

Studies were carried out to explore the possible interaction between predatory bug *Orius laevigatus* and entomopathogenic nematode *Steinernema feltiae*, natural enemies of western flower thrips, (predation, parasitism and synergisms) in both laboratory and field condition in Israel. Starved adult females *Orius* and fifth instars were placed in petridishes with filter paper socked with nematode suspension (5000 ml⁻¹ water) and filter paper socked only with water served as a control treatment. Significantly shorter survival time of *Orius laevigatus* was observed in nematode treatments as compare to control. About 80% of the *Orius laevigatus* were observed infected with nematode. In the study the new food preference of *Orius* in the presence and absence of nematodes, negative response of predator towards the nematode recorded; the predator clearly avoided the nematode-infected arenas. In the experiments, ability of *Orius* to differentiate nematode infected thrips and healthy one; it was found that *Orius* was unable to preferentially feed on healthy thrips. In the study about impact of the nematodes on western flower thrips population, no significant differences were found in WFT populations in control and nematode treatments. Similarly, there was no significant different in the population of *Orius* in control and nematode treatments. *Orius* and nematode were found to be incompatible to each other in laboratory condition. It seems less possibility of combine use of these natural enemies to control western flower thrips population. No significant impact of the nematode was found to control western flower in the presence of naturally occurring *Orius* in Arava valley, Israel.

Key words: Predator, *Orius*, Parasitoid, *Steinernema*, Western flower thrips

Contact address: Bishnu Kumari Bhandari, Leibniz Universität Hannover, Plant Disease and Plant Protection, Dorotheen Straße 7-556, 30419 Hannover, Germany, e-mail: bhandari.bishnu@gmail.com

Identification of Root-knot Nematode Species Infecting Banana and Grape Orchards in Ismailia Governorate, Egypt

Mohamed Baklawa¹, Samia Massoud², Gamal El-Kady³

- ¹ Julius Kühn-Institut, Federal Research Centre for Cultivated Plants, Institute for National and International Plant Health, Germany
- ² Suez Canal University, Department of Agricultural Botany, Egypt
- ³ Suez Canal University, Department of Plant Protection, Egypt

Samples of banana and grape roots infected with root-knot nematode, *Meloidogyne* spp., were collected from three different regions viz. Abou-Khalifa, Abou-Swair regions and Faculty of Agriculture Experimental Farm; representing Ismailia governorate, Egypt; and extracted females were used to identify detected root-knot nematode populations by using perineal patterns and SCAR-PCR techniques. Examination of the perineal patterns of the root-knot nematode females revealed the presence of three different species of *Meloidogyne*. Four root-knot nematode populations were identified as *M. incognita* from banana roots in Abou-Khalifa region, from grape roots in Abou-Swair region and from banana and grape roots in Faculty of Agriculture Experimental Farm. One root-knot nematode population was identified as *M. arenaria* from grape roots in Abou-Khalifa region, and one root-knot nematode population was identified as *M. javanica* from grape roots in Abou-Swair region. Using Sequence Characterized Amplified Region (SCAR) based PCR assays and DNA Gel Documentation System (D.G.D.S) programme analysis to identify the detected root-knot nematode populations, the same results were obtained and the species *M. incognita*, *M. arenaria* and *M. javanica* were easily differentiated. A 1200 bp fragment was detected in four root-knot nematode populations from banana roots in Abou-Khalifa region, grape roots in Abou-Swair region and from banana and grape roots in Faculty of Agriculture Experimental Farm. These populations were identified as *M. incognita*. A 420 bp fragment was detected in one root-knot nematode population identified as *M. arenaria* from grape roots in Abou-Khalifa region. In addition a 670 bp fragment was detected in one root-knot nematode population identified as *M. javanica* from grape roots in Abou-Swair region.

Key words: *Meloidogyne* spp., root-knot nematode

Contact address: Mohamed Baklawa, Julius Kühn-Institut, Federal Research Centre for Cultivated Plants, Institute for National and International Plant Health, Messeweg 11/12, 38104 Braunschweig, Germany, e-mail: mohamedbaklawa@yahoo.com

Occurrence of Cereal Cyst Nematodes (*Heterodera* spp.) in Wheat Fields in Ismailia Governorate, Egypt

Mohamed Baklawa¹, Samia Massoud², Björn Niere¹

- ¹ Julius Kühn-Institut, Federal Research Centre for Cultivated Plants, Institute for National and International Plant Health, Germany
- ² Suez Canal University, Department of Agricultural Botany, Egypt

Cereal cyst nematodes (*Heterodera* spp.) are important plant-parasitic nematodes of wheat and occur in most wheat growing regions of the world. In Egypt and particularly in Ismailia Governorate, relatively little information is available on the occurrence of cereal cyst nematodes in wheat fields. Therefore, a survey to determine the occurrence and distribution of cereal cyst nematodes in wheat fields was carried out in 2008. Seven different localities representing Ismailia gover-

norate, Egypt, were surveyed for the presence of cyst nematodes. Soil and root samples were taken to the lab and standard nematode extraction procedures were followed to determine juveniles and cysts, respectively, in the soil. Females if present in roots of wheat plants were removed and counted. The results of this work reveal that *H. avenae* is widely distributed in wheat fields of several regions in Ismailia governorate, Egypt. However, no cyst nematodes were detected during the survey in samples from El-Wasfia region and from the experimental farm of the Faculty of Agriculture, Suez Canal University. Samples from Abou-Khalifa and Abou-Swair revealed that wheat fields were slightly infested with cyst nematodes. Highest population densities and frequency of occurrence of second stage juveniles, cysts and females were recorded in samples collected from El-Shark, El-Kasaseen and Sarabium. Cereal cyst nematode populations from wheat fields in different regions of Ismailia governorate were identified as *H. avenae*. Morphometric identification of the populations from the surveyed locations revealed no distinct variations in shape and size of eggs, females, cysts, vulval cone and second stage juveniles among the populations from Ismailia, Egypt. The investigated populations also showed a great morphometric similarity to a German population of *H. avenae*. Data on population densities, frequency of occurrence and morphometrics are presented.

Key words: Egypt, *Heterodera avenae*, wheat

Contact address: Mohamed Baklawa, Julius Kühn-Institut, Federal Research Centre for Cultivated Plants, Institute for National and International Plant Health, Messeweg 11/12, 38104 Braunschweig, Germany, e-mail: mohamedbaklawa@yahoo.com

Integrated Pest Management in Organic Vegetable Soybean Production

Srinivasan Ramasamy, Fu-Cheng Su, Chun-Chu Huang, Mei-ying Lin, Yun-che Hsu

AVRDC – The World Vegetable Centre, Entomology Unit, Taiwan

Vegetable soybean (*Glycine max* L. Merrill) is an important vegetable in East and Southeast Asia. To control pests, farmers resort to repeated applications of synthetic chemical pesticides, the residues of which hinder the crop's potential for export. During 2006–2008 AVRDC – The World Vegetable Center developed an integrated pest management package for use in organic production systems. It was observed that *Helicoverpa armigera*, *Spodoptera litura*, and *S. exigua* caused slight defoliation during early crop stages; *Bemisia tabaci*, *Megalurothrips usitatus* and *Edwardsiana flavescens* were the major sucking insects; *Omiodes indicata* caused serious damage through leaf webbing; and *Porthesia taiwana* occasionally appeared as a major pest after eight weeks. *Etiella zinckenella* emerged as a major pod-borer during the pod stage. During autumn, *Maruca vitrata* also appeared. The integrated pest management package consists of sex pheromones, sticky traps, and bio-pesticides. Sex pheromone traps and sticky traps were used throughout the growing season to monitor and mass-trap the target insects. Neem was sprayed to control the sucking insects and defoliators in the early crop stages. *Bacillus thuringiensis* subsp. *aizawai* (Bta) was sprayed with neem to control *O. indicata* and *P. taiwana*. During the pod stage, the Bta and neem combination was sprayed against *E. zinckenella*. *Maruca vitrata* nucleopolyhedrovirus was also sprayed when *M. vitrata* damage was noticed. The package was compared with an untreated control (2006 and 2008), as well as farmers' practice (2007). The pod damage was significantly higher in control plots (2.45–17.9%) compared with

integrated pest management (1.32–6.93%) plots. However, the integrated pest management plots did not record lower damage than the farmers' practice (0.92–1.8%). Although the total pod yield is mostly higher in integrated pest management plots (5.69–11.49 t/ha) than control plots (5.08–12.06 t/ha), the graded pod yield is always higher in integrated pest management plots than in control plots. During spring, farmers' practice recorded higher graded pod yield (8.9 t/ha) than integrated pest management (4.9 t/ha). Hence, it can be concluded that the integrated pest management package can successfully manage pests in organic vegetable soybean, and contribute to higher graded pod yields depending on the season and pest pressure.

Key words: Integrated pest management, organic production system, vegetable soybean

Contact address: Srinivasan Ramasamy, AVRDC – The World Vegetable Centre, Entomology Unit, 60, Yi-Min Liao, 74151 Shanhu, Taiwan, e-mail: srini.ramasamy@worldveg.org

Improving Methods for Inoculation of Endophytic *Fusarium oxysporum* to Tissue Culture Banana Plants

Christian Hillnhütter¹, Thomas Dubois², Danny Coyne², Erostat Nsubuga³, Richard A. Sikora¹

- ¹ University of Bonn, Institute of Crop Science and Resource Conservation (INRES), Germany
- ² IITA-ESARC, IITA-Uganda, Uganda
- ³ Agro-Genetic Technologies Ltd., Uganda

Bananas (*Musa* spp.) are among the most important food crops worldwide. Plant-parasitic nematodes and insects are major limiting factors affecting cooking banana production in East Africa. The use of endophytic microorganisms that colonize the root system is a novel tool for biological management of plant parasitic nematodes on other crops in particular banana. Mutualistic fungal endophytes are known to improve plant growth, induced resistance, reduce nematode, insect and fungal diseases. It has also been shown that they produce metabolites that are toxic to these pests. The objective of this study was the improvement of existent methods of inoculation and the development of new techniques for apply endophytes to tissue culture banana plants before transplanting to the field. The investigations were tested in the production system of an established banana tissue culture producer in Uganda, Agro-Genetic Technologies Ltd. (AGT). Farmers buy clean planting material at AGT and plant the disease free tissue culture plants into fields contaminated with pests and diseases. The goal was to improve endophyte colonisation of these commercial plantlets, in order to provide healthy and biologically enhanced plants to the farmers. Two inoculation techniques were tested; in the first, the maize-bran technique as developed the International Institute of Tropical Agriculture (IITA-Uganda) and in the second, a new inoculation technique in which plants were set in planting trays and then the trays drenched in a spore suspension as developed by Bioversity (Costa Rica). These experiments were conducted at the facilities of AGT in Uganda with a nematode antagonistic *Fusarium oxysporum* isolate with known biological control activity. The results indicated a negative effect of the maize bran carrier on banana plant growth. There was a negative relationship between the amount of maize bran used and plant growth as well as plant mortality. In contrast the inoculation of the endophyte with the tray-soil drenching method produced resulted in effective colonisation of roots and corms by the non-pathogenic *F. oxysporum* antagonist. The results of this study demonstrated, the use of soil drench inoculation of endophytes resulted in a more labour and time effective inoculation system for commercial tissue culture banana plantlet inoculation.

Key words: Banana, endophyte inoculation, *Fusarium oxysporum*, tissue culture, Uganda

Contact address: Christian Hillnhütter, University of Bonn, Institute of Crop Science and Resource Conservation (INRES), Nussallee 9, 53115 Bonn, Germany, e-mail: chillnhu@uni-bonn.de

Determinants of Pesticide Handling Practices in Vegetable Production in Kenya

Ibrahim Ndegwa Macharia¹, Hermann Waibel¹, Dagmar Mithöfer²

- ¹ Leibniz Universität Hannover, Institute of Development and Agricultural Economics, Germany
- ² International Centre of Insect Physiology and Ecology (ICIPE), Kenya

Pesticide handling practices have a strong bearing on the exposure of pesticide toxic effects to target and non target organism. A clear understanding of factor associated with farmers pesticide handling practices was thus deemed necessary in the design and implementation of policy intervention. To accomplish this, a survey of 425 respondents was conducted in 2008 with questions on the pesticide use, handling practices, risk perceptions, experiences of pesticide negative impacts (health effects and intoxication of livestock) and main sources of pesticide use information.

A two-equation bivariate-probit model was initially developed with risk perceptions as endogenous variable. Results showed that risks perception was significantly influenced by experiences of pesticide negative impacts, number of years in agricultural production (experience), global GAP certification, advice on pesticide use from pesticide dealers, target markets and geographical location. A second model to explain pesticide handling practices indicated that variation in global GAP certification, record keeping, vegetable plot sizes and geographical location are the main determinants.

These results highlight the necessity for training of farmers on pesticide risks, safe handling, averting behaviours and Integrated Pest Management. The information content of training should be more specific and more practical for pesticide storage, disposal of empty pesticide bottles and rinsate and human protection during pesticide handling. The results also point to specific locations with higher unsafe practices in the handling of pesticide. Focusing efforts on these geographical areas may have the most measurable effects on pesticide safe handling. It would be an added advantage to include farmers, in the design of the programme to better understand and reflect their needs in pests control.

Key words: Farmers, integrated pest management, pesticides handling practices, policy intervention, risk perception

Contact address: Ibrahim Ndegwa Macharia, Leibniz Universität Hannover, Institute of Development and Agricultural Economics, Alverser Weg 1, +49 30419 Hannover, Germany, e-mail: macharia@ifgb.uni-hannover.de

High-throughput Expression Profiling of Xylem Sap Proteome of Tomato from Both Susceptible and Resistant Genotypes with LC-MSMS

Diwakar Dahal¹, Andreas Pich², Kerstin Wydra¹

- ¹ Leibniz Universität Hannover, Institute of Plant Disease and Plant Protection, Germany
- ² Medizinische Hochschule Hannover, Institute of Toxicology

The unidirectional long distance transport of water and nutrients in all vascular plants are principally carried out by xylem and phloem which is essential for the coordinated growth and developments of all plant organs. The xylem sap has been considered as the primary conduit for water and minerals translocation from roots to aerial parts but evidences of containment of organic macromolecules especially proteins in the sap are emerging continuously. However, the comprehensive proteome profile of the xylem sap is still at large. The xylem sap proteins from healthy adult tomato plants collected under root pressure exudates system were separated with one dimensional gradient polyacrylamide gel electrophoresis (1-D SDS PAGE). The analysis of whole protein bands by LC MALDI TOF/TOF MS revealed for the first time as many as 200 proteins in the sap. The xylem sap proteome displayed several physiologically important groups of proteins such as cell wall metabolism proteins; proteases; networks of defense related proteins including PR proteins, antioxidants, detoxifying agents, resistance proteins, and peroxidase; signalling molecules; transport proteins; transcription and transcription factors; and enzymes of both primary and secondary metabolism. The presence of peroxidase, cell wall associated proteins, proteases, and defense proteins were reported to be conserved in many plants indicating that they are involved in xylem growth, development, and differentiation process essential for the formation of functional xylem conduit. The presence of many signalling and transport proteins is expected to be required for root to shoot communication. The identification of numerous proteins without known functions may provide candidates with novel physiological functions. The xylem sap not only showed the presence of secretory proteins but also non-secretion signal proteins. The comparison between the healthy xylem proteins of the susceptible (WVa700) and resistant (Hawaii7996) plants showed the occurrence of higher percent of defense proteins and peroxidase in the resistant genotypes.

Key words: Cell wall proteins, defense proteins, mass spectrometry, secretory signal proteins, tomato, xylem sap proteome

Contact address: Diwakar Dahal, Leibniz Universität Hannover, Institute of Plant Disease and Plant Protection, Karl-Wiechert Allee 15, 30625 Hannover, Germany, e-mail: dahal@ipp.uni-hannover.de

Factors Influencing Host Plant Preference of *Phyllotreta striolata*

Franziska Beran¹, Srinivasan Ramasamy², Carmen Büttner¹, Inga Mewis¹, Christian Ulrichs¹

- ¹ Humboldt-Universität zu Berlin, Department for Horticultural Sciences, Germany
- ² AVRDC – The World Vegetable Centre, Entomology Unit, Taiwan

The striped flea beetle, *Phyllotreta striolata*, is a serious pest of crucifer crops in the tropics. This study aimed to elucidate the chemical interaction of this flea beetle species with its host plant to develop attractant-based lures, which may serve as efficient alternatives to chemical control. We focused on glucosinolates, the characteristic secondary metabolites of crucifers, and their hydrolysis products, which are known to be involved in host plant finding and/or acceptance of insect specialists, such as *P. striolata*. The feeding preference of *P. striolata* was examined among seven economically important crucifer crops (cabbage, kai-lan, Chinese cabbage, pak-choi, winter rape, leafy mustard, and radish). The leaf glucosinolate content and profile was analysed using high performance liquid chromatography and the total, aliphatic, and indolyl glucosinolate content was correlated with the

bioassay data. The corresponding glucosinolate hydrolysis products were analysed with gas chromatography-mass spectrometry. Moreover, the leaf surface, which is the location of initial contact with the potential host plant, was examined using scanning electron microscopy. In multiple choice experiments, radish was the most preferred host plant, followed by leafy mustard, pak-choi, winter rape, and Chinese cabbage. Antixenosis (non-preference) was observed for *Brassica oleracea* var. *capitata* (cabbage) and var. *alboglabra* (kai-lan). The total glucosinolate content in the crops ranged from ~10 µmole/g dry weight in cabbage to ~130 µmole/g dry weight in radish and leafy mustard. Allylthiocyanate, a volatile GS hydrolysis product and known attractant for *P. striolata* was detected in leafy mustard (~1.5 µmole/g fresh weight) as well as in the non-preferred cabbage (~0.02 µmole/g fresh weight). Although *P. striolata* prefers to feed on plants with a higher concentration of glucosinolates, especially of aliphatic glucosinolates, the rejection of kai-lan and cabbage could not be explained from the results. Upon examining the leaf surface of the host plants, crystal structures from epicuticular waxes occurred only on cabbage and kai-lan. The waxy surface may hinder *P. striolata* from attaching to the leaves and block access to nutrients or infochemicals such as glucosinolates; it could be contributing to the insects's antixenosis.

Key words: Crucifer, glucosinolates, host plant preference, *Phyllotreta striolata*

Contact address: Franziska Beran, Humboldt-Universität zu Berlin, Department for Horticultural Sciences, Lentzeallee 55–57, 14195 Berlin, Germany, e-mail: franzi.beran@gmx.de

Interactions between the Mycoherbicide *Fusarium oxysporum* f. sp. *strigae* and *Sorghum* Roots

Ndambi Beninweck Endah¹, Georg Cadisch¹, Abulegasim Elzein¹, Annerose Heller²

- ¹ University of Hohenheim, Dept. of Plant Production and Agroecology in the Tropics and Subtropics, Germany
- ² University of Hohenheim, Institute of Botany, Germany

The potential mycoherbicide, *Fusarium oxysporum* f. sp. *strigae* (Foxy 2), expressed high efficacy in controlling the root-parasitic weed *Striga hermonthica* in pot experiments. Preliminary microscopic investigations of Striga-free sorghum roots showed that hyphae of Foxy 2 digested root cortical cells but could not cross the endodermal barrier into the central cylinder. However, sorghum roots infected by Striga revealed hyphae of Foxy 2 within *Striga* haustoria growing into the central cylinder of sorghum. We performed light and transmission electron microscopic studies to understand this tissue specific reaction. The endodermal barrier of roots was overcome by wounding and were inoculated to observe for possible colonisation. Light Microscopy showed that hyphae had invaded the central cylinder close to the wound but were not found a few centimetres from the wound indicating that they could not grow within the central cylinder. *Sorghum* therefore manifested a tissue specific reaction (incompatibility) against Foxy 2 within the central cylinder. Furthermore, the action of Foxy 2 in sorghum was compared with a pathogenic strain *F. proliferatum* using the seed coating delivery system. Coated seeds were grown on filter paper and semithin sections of roots showed that both Foxy 2 and *F. proliferatum* colonised and digested the cortical cells but Foxy 2 was slower. *F. proliferatum* invaded and destroyed the cells of the central cylinder three weeks after sowing while the hyphae of Foxy 2 were blocked at the endodermis. Transmission electron microscopic studies revealed that sorghum reacted to the presence of both strains by manifesting osmiophilic material and distorted cytoplasm in cortical cells which was not observed in

the control roots. Protein analysis was used to evaluate the possible production of PR (pathogenesis related) proteins by sorghum infected with Foxy 2. Proteins were extracted and analysed for differences in the protein expression pattern of infected and non-infected roots. Results to date suggested that Foxy 2 probably did not cause the production of such potential PR-proteins. However, further investigations are needed to clarify these host-myoherbicide interactions and to assess potential risks in the application of such biological control mechanisms.

Key words: Biocontrol, *Fusarium oxysporum*, mycoherbicide, PR proteins, sorghum, *Striga hermonthica*

Contact address: Ndambi Beninweck Endah, University of Hohenheim, Dept. of Plant Production and Agroecology in the Tropics and Subtropics, Garbenstr. 13, 70599 Stuttgart, Germany, e-mail: matni3@yahoo.com

Investigations of Biotic Agents Associated with Dieback Disease of *Dalbergia sissoo* Roxb. in Bangladesh

Hans-Peter Mühlbach¹, Hanny Tantau¹, Stephanie Vogel¹, Steffi Renk¹, Dorothee Schultz¹, M. Imdadul Hoque², Rakha Hari Sarker², Jana Schulze¹, Salim Khan³

- 1 University of Hamburg, Biocentre Klein Flottbek and Botanical Garden, Germany
- 2 University of Dhaka, Department of Botany, Bangladesh
- 3 Tissue Culture Section, BCSIR, Bangladesh

The dieback of sissoo (*Dalbergia sissoo* Roxb.) is a devastating disease occurring in Bangladesh as well as in India, Nepal, Pakistan and Afghanistan. The dieback symptom complex is characterised by wilting and subsequent loss of side branches leading to stagheadedness, constantly accompanied by gummosis on the trunk. Trees die within short time after the first appearance of symptoms. Fungi, bacteria and insects were reported to be associated with the dieback syndrome, but the causal agent(s) were not yet unequivocally identified. Our studies are focused on the molecular detection and characterisation of putative pathogens in leaf, wood and bark specimens from dieback affected sissoo trees, which had been collected at various sites in Bangladesh.

In a first approach we isolated bacteria from dieback-affected and unaffected specimens and started characterisation by sequence analyses including 16S rDNA and typical genes (RNA polymerase, RNase P, gyrase, among others). The sequence data indicated the association with the dieback syndrome of still unassigned bacteria belonging to the genus *Pseudomonas*. Hypersensitivity assays on indicator plants (*Chenopodium quinoa*, *Nicotiana tabacum*) revealed the phytopathogenic potential of several isolates.

On the other hand, the fungal pathogen *Fusarium solani*, which was supposed to be one of the major causes of sissoo dieback, was hardly detectable by means of molecular characterisation in our specimens, whereas *F. oxysporum* and in particular *Lasiodiplodia theobromae*, a well known pathogen associated with dieback syndromes of various tropical plants, could be clearly identified.

To make the situation even more complicated, electron microscopic inspection of leaf homogenates revealed the presence of virus-like particles of 60–130 nm in diameter. Preparation and gel electrophoretic analysis of double stranded RNA (dsRNA) allowed cloning and sequencing of cDNA fragments with similarity to viral replicases. Therefore, viral infections are also likely to contribute to the dieback disease.

In conclusion, our data provide clear evidence for a diverse aetiology of the dieback syndrome of *D. sissoo*, and strongly argue for intensive future efforts to the understanding and possibly controlling of this disastrous disease.

Key words: *Dalbergia sissoo*, dieback, DOP-PCR, *Fusarium oxysporum*, *Lasiodiplodia theobromae*, *Pseudomonas*, Viral dsRNA

Contact address: Hans-Peter Mühlbach, University of Hamburg, Biocentre Klein Flottbek and Botanical Garden, Ohnhorststrasse 18, 22609 Hamburg, Germany, e-mail: muehlbach@botanik.uni-hamburg.de

The Response of Tea Tree Oil as a Biofungicide against Early Blight Disease in Tomato Crop (*Lycopersicon esculentum* Mill.) in Sudan

Azza Siddig Hussien Abbo¹, Mohamed Osman Idris², Mustafa M. A. Elballa³

- 1 Georg-August Universität Göttingen, Department of Crop Sciences, Institute of Plant Pathology and Plant Protection, Germany
- 2 University of Khartoum, Department of Crop Protection, Sudan
- 3 University of Khartoum, Department of Crop Horticulture, Sudan

The tomato crop (*Lycopersicon esculentum* Mill.) originated in tropical central and South America. In Sudan, tomato is gaining importance and its consumption has increased, it ranks as the first vegetable crop in Sudan. Tomatoes are subject to a large number of pests and diseases from the time of emergence to harvest. Among these; Early Blight is the most important fungal disease of tomato, induced by *Alternaria* spp. Current research is designed to investigate the potential of Early Blight biocontrol strategy through the use natural alternatives to pesticides with the aim of promoting sustainable agricultural development and economic growth. The antifungal effect of tea tree (*Melaleuca alternifolia*) essential oil against *Alternaria* spp. was studied *in vitro* and *in vivo*. The inhibition effect of four different concentrations (0.5%, 1%, 2% & 3%) of tea tree oil or melaleuca oil on the linear growth of the pathogen was evaluated in potato dextrose agar. The inhibitory effect of the tea tree oil was examined in the nursery during 2007/2008 winter season using a susceptible open pollinated tomato cultivar Peto 68 and recommended fungicide for early blight disease of tomato Ridomil® Gold MZ 68WP for comparison. The results performed that the antifungal effect of tea tree oil against *Alternaria* spp. was enhanced significantly *in vitro* and *in vivo* with the least disease intensity of 12.50% when tomato plants treated with the concentration 3% of the tea tree oil when compared to the fungicide treatment 17.88% and the control (untreated plants) 27.08% disease intensity. Biocontrol methods based on inhibition of the spore germination of causal agents are achieving significance. Some of the advantages of these methods over chemical methods include absence of residual toxicity, the harmlessness to the nature and costless.

Key words: *Alternaria* spp., early blight disease, *Melaleuca alternifolia*, Sudan, tomato

Contact address: Azza Siddig Hussien Abbo, Georg-August Universität Göttingen, Department of Crop Sciences, Institute of Plant Pathology and Plant Protection, Grisebachstrasse 6, 37077 Göttingen, Germany, e-mail: nennsh@yahoo.com

The Cost of Invasion Control Measures Subtropical *Ailanthus altissima* (Mill) Swingle in Hesse

Hilda Luz Lezcano Caceres, Gerhard Gerold

Georg-August Universität Göttingen, Department of Landscape Ecology, Germany

The introduction of species to Europe has a long history but in recent times the invasion of alien species has reach new levels due to globalisation. Vulnerable ecosystems and the increase of invasive alien species (IAS), which are favoured by the human-made climate-change have led to a change in the composition of ecosystems and are endangering local species, communities and biotopes. AIS introduce new pests and diseases previously unknown to the ecosystems.

Alien invasive species introduce pests and diseases, affect agriculture and forestry negatively and damage buildings and roads, thereby raising the costs for management and control. They burden the European economy to an ever increasing degree and therefore can be seen as a major challenge for biodiversity conservation in Europe. In this study we calculate the costs of different measures for controlling the invasive subtropical species *Ailanthus altissima* (Mill.) Swingle.

The genus *Ailanthus* (Simaroubaceae, Quassia family) is a native of India, eastern China, Thailand, Malaysia, Borneo, the Philippines, Sumatra, Java, Indonesia, the Solomon Islands, New Guinea and northern Australia. *A. altissima*, commonly known as "Tree of Heaven", is today a naturalized and invasive species in disturbed areas in Europe and North America, particularly in metropolitan areas.

During the winters of 2005 to 2007, data about management, salaries, equipment and facilities costs for the control of *A. altissima* in Hesse (Germany) were collected. Park-managers, hospital allergy doctors, private and public garden workers and the vegetation management director of Deutsche Bahn, section Baden-Württemberg and Hessen, were interviewed to obtain further information about investments, local management, new methods, actual researches and strategies used on the control of invasive species.

Especially for Hesse (Germany) it is estimated that the uncontrolled spread of invasive species may cause annual costs of several million of Euros to the public and the private sector.

Key words: Aliens species, cost control, management

Contact address: Hilda Luz Lezcano Caceres, Georg-August Universität Göttingen, Department of Landscape Ecology, Goldschmidtstraße 5, 37077 Göttingen, Germany, e-mail: HildaLezcano@daad-alumni.de

A Survey of the Longhorned Beetles Species (Cerambycidae) on Acacia Trees in the Gum Arabic Belt of Sudan

Maymoona Ahmed Eisa, Mechthild Roth

Technische Universität Dresden, Institute of Forest Botany and Forest Zoology, Germany

A field study was conducted in 2007 and 2008 in northern Kordofan state in the gum Arabic belt (Sudan) on longhorned beetles (Cerambycidae), infesting Acacia species (*A. senegal*, *A. mellifera*, *A. seyal*) connected with severe economical losses of gum Arabic yield. The study focused on the assessment of pest species spectrum and infestation characteristics (e.g., number, location and direction of holes of infestation). Environmental and silvicultural parameters were measured to predict the infestation; those are crown size, crown diameter, tree age, tree temperature, tree height and dbh. Spectrum and relative abundance of pest species were determined by catch results of flight interception traps, microclimatic conditions by data loggers, silvicultural parameters of trees by direct measurements.

Longhorned beetle species affecting *A. senegal* on the study sites were: *Crossotus subocellatus* (Fairmaire, 1886), *Titoceres jaspideus* (Audinet Serville, 1835), *Crossotus albicollis* (Guérin, 1844), *Coelodon servum* White, 1853, *Doesus telephoroides* Pascoe, 1862, *Tithoes maculatus* (Fabricius, 1792), *Crossotus strigifrons* (Fairmaire, 1886). The results show that all of the

Acacia tree species i.e. *A. senegal*, *A. mellifera*, and *A. seyal* indicate presence of holes of infestation by the longhorned beetles. Infestation rate of trees ranged between 20 and 100% on the study sites (n = 6). With the exception of presence of holes in the North direction in *A. senegal*, holes were present in all directions of the tree trunk. *A. mellifera* indicated maximum presence of holes in the trunk, and *A. senegal* in the branches. Infestation rate correlated primarily with the age of the trees.

Key words: *Acacia mellifera*, *Acacia senegal*, *Acacia seyal*, Cerambycidae, gum belt, infestation, longhorned beetles, Sudan

Contact address: Maymoona Ahmed Eisa, Technische Universität Dresden, Institute of Forest Botany and Forest Zoology, Piennnerstr. 7, 01735 Tharandt, Germany, e-mail: maymoonaeisa@yahoo.com

Genetic Characterisation of Resistance Genes Against Black Spot (*Diplocarpon rosae* Wolf) in Rose Populations

Ameha Y. Gebreyesus, Thomas Debener

Leibniz Universität Hannover, Institute for Plant Genetics, Germany

Developing resistant cultivars against black spot (*Diplocarpon rosae* Wolf) has been a challenge in breeding garden roses. Genetic characterisation is an important step to identify and utilise new sources of such resistant traits in germplasm collections. This study was initiated to characterise black spot resistance gene(s) in a wild rose species *Rosa majalis*; to determine whether it is identical to the Rdr1, number and inheritance of gene(s) involved, and develop molecular markers and map the position in the genome. Forty-six F1 crosses of *R. majalis* and *R. pisocarpa*, 90 F1 crosses of *R. majalis* and König Stanislaus, 16 control genotypes, and 4 black spot single-spore isolates were used to carry out phenotypic (inoculation) assay, microsatellite marker, ploidy level and sequence analyses. Seven of the 46 segregating genotypes were found susceptible to F004, S009, DortE4 and D002 isolates. However, infection severity with D002 and DortE4 was not high as with the other isolates. In both flow cytometry and microsatellite marker analyses, the resistant parent (*majalis*) and segregating genotypes were found to be tetraploids, while *pisocarpa* is a diploid. Microsatellite marker loci, developed for Rdr1; 69E24Mica_F1, 29Mica_F5, 155SSR and Rdr1_gener³-pp co-segregated with the resistance against F004 and S009. Hence, the resistance gene in *Rosa majalis* could be identical to Rdr1 or a different gene within the Rdr1 cluster. All alleles which were specific to *pisocarpa* were absent in any of the segregating progenies in the *majalis* × *pisocarpa* cross. It suggests all progenies in this cross could be derived from selfing within the seed parent *majalis*. Gene prediction using a 1.7kb region cDNA sequence of resistant segregating genotypes resulted in NBS-LRR type disease resistance gene. Further nucleotide and protein-protein BLAST analyses confirmed that the sequence is part of a putative disease resistance gene in roses. A phylogenetic tree using 25 sequence data of different rose species indicated a closer similarity between the sequence and RGA8 of *R. multiflora*. Chi-square test results of 3:1 in *R. majalis* selfing and 1:1 in *majalis* – König Stanislaus cross segregations suggest a single dominant gene found in simplex (Rrrr) configuration in the parent *R. majalis*.

Key words: Microsatellite marker, *Rosa majalis*, black spot

Contact address: Ameha Y. Gebreyesus, Leibniz Universität Hannover, Institute for Plant Genetics, Jagerstr. 3–5/712, 30167 Hannover, Germany, e-mail: ameha_ya@yahoo.com

Report on the Annual Meeting of the Working Groups “Population Dynamics and Epidemiology” of DPG and “Epigeic Arthropods” of DGaE

The meeting of the working groups “Epigeic Arthropods” and “Population Dynamics and Epidemiology” of DGaE and DPG took place on September, 24–25, 2009 in Freising.

It was organized by Dr. Thomas Kreuter and team from Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Institut für Agrarökologie, Ökologischer Landbau und Bodenschutz, Freising. In total, 21 specialists from research and practice – University of Halle-Wittenberg, Julius Kuehn-Institut (Münster and Kleinmachnow), National Research Center, Dokki (Giza, Egypt), Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Bio-Chem agrar, Callistus-Gemeinschaft für Zoologische und Ökologische Untersuchungen, Senckenberg Forschungsinstitut und Naturmuseum, and Biosphärenreservatsverwaltung Mittelelbe – attended the meeting.

During the two half-days of the meeting, 12 contributions were presented on the following subjects: *Anoplophora glabripennis*, *Anoplophora chinensis*, *Monochamus alternatus* (Cerambycidae), *Cylindera germanica* (Carabidae, Cicindelinae), *Diabrotica virgifera virgifera* Le Conte, 1868 (Chrysomelidae, Coleoptera), *Harmonia axyridis* (Coccinellidae), and spiders (Arachnida: Araneae); pests and beneficials in agro-ecosystems; effect of jasmonic acid application on economically important insect pests; and evaluation of wheat midges and thrips.

The working group will meet again in two years in Halle. The meeting will be organized by Prof. Dr. Christa Volkmar, Institute of Agricultural and Nutritional Sciences, Martin-Luther-University Halle-Wittenberg.

Thomas Kreuter, Freising, Christa Volkmar, Halle (Saale)

Ausbreitung des Westlichen Maiswurzelbohrers *Diabrotica virgifera virgifera* Le Conte, 1868 (Chrysomelidae: Coleoptera) in Bayern 2007–2009

U. Benker

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL),
Institut für Pflanzenschutz, Freising-Weihenstephan;
ullrich.benker@lfl.bayern.de

Der Westliche Maiswurzelbohrer *Diabrotica virgifera virgifera* wurde vermutlich 1992 im Zuge des Balkankrieges aus Nordamerika nach Europa eingeschleppt. Aus der Umgebung des Belgrader Flughafens breitete sich dieser bedeutende Maischädling seitdem Jahr für Jahr in alle Richtungen aus. Als 2001 das natürliche Verbreitungsgebiet des Quarantänekäfers Österreich erreichte, wurden auch in Bayern gefährdete Bereiche wie Flugplätze, Häfen, Autobahnraststätten etc. mit Pheromonfallen ausgestattet. *Diabrotica virgifera virgifera* folgt nicht nur aktiv per Käferflug dem Maisanbau. Er nutzt auch Handel und Tourismus aus und lässt sich mittels moderner Verkehrsmittel über weite Strecken passiv verbreiten.

Mitte August 2007 konnten über das reguläre Monitoring in Bayern fast zeitgleich am Münchener Flughafen (Oberbayern) ein *Diabrotica*-Exemplar und im Donautal bei Passau (Niederbayern) ein besonders stark befallenes Maisfeld mit 212 Käfern ermittelt werden. In Feldern nahe dieses „Hot spots“ gingen 24 Käfer in die Fallen. Etwas südlich im so genannten Rottal/Inntal, in einem weitgehend durch Mais-Monokultur geprägten Gebiet, wurden Anfang September zwei weitere Käfer gefangen. Somit wurden 2007 insgesamt 239 Westliche Maiswurzelbohrer in Bayern ermittelt. Im Rahmen

der *Diabrotica*-Bekämpfungsmaßnahmen nach Entscheidung der EU-Kommission wurden noch 2007 zunächst um die befallenen Felder Befallszonen von mindestens einem Kilometer Radius sowie Sicherheitszonen von zusätzlichen fünf Kilometern festgesetzt. Weiterhin mussten in den Befallszonen mit einem Insektizid die adulten Käfer behandelt werden. Auch die Pheromonfallenzahl wurde deutlich erhöht. Im Folgejahr war Mais nach Mais in den Sicherheitszonen nur auf Antrag und mit Auflagen in Verbindung mit einem intensiven Monitoring erlaubt.

Im Jahr 2008 wurde die Zahl an Pheromonfallen in Niederbayern von 369 auf 2079, in Oberbayern von 232 auf 325 erhöht. Trotz der durchgeführten Maßnahmen stieg die Zahl der Standorte mit positiven Käferfunden auf 90 an, obwohl in der Saison 2008 insgesamt „nur“ 222 Käfer in Bayern gefangen wurden. Neben dem Stadtbereich Passau (28 Käfer) und dem Landkreis Passau (174 Käfer) dehnte sich das Befallsgebiet nun auch auf die Landkreise Deggendorf (16 Käfer) und Straubing-Bogen (4 Käfer) aus. Im Bereich des Münchener Flughafens blieben dagegen alle ausgebrachten Pheromonfallen negativ. Die Ausdehnung des Befallsgebietes 2008 hatte zur Folge, dass von der Tilgungsstrategie nach EU-Vorgabe auf eine Eingrenzungsstrategie umgeschwenkt wurde.

Im Jahr 2009 zeigte sich das Befallsgebiet noch weiter auseinander gezogen. Am Ende der Saison sank die Käferzahl zwar auf insgesamt 100 (aktualisierter Stand: 07.10.2009, siehe www.lfl.bayern.de), aber mit der Oberpfalz war ein bisher *Diabrotica*-freier Regierungsbezirk besiedelt worden. Auf den Stadtbereich Passau fielen 6, den Landkreis Passau 72, den Landkreis Deggendorf 10, den Landkreis Straubing-Bogen 2, den Stadtbereich Regensburg 2 sowie den Landkreis Regensburg 8 Käfer. Insgesamt zeigte sich eine auffällige Korrelation zwischen der Ausdehnung des *Diabrotica*-Befallsgebietes und dem Verlauf der Flüsse Donau und Inn bzw. der fast parallel dazu führenden Autobahnen A 8 von Linz in Österreich nach Passau sowie der A 3 von Passau nach Regensburg. Im Landkreis Berchtesgadener-Land wurde bei der Stadt Freilassing ein einzelnes Exemplar gefunden. Die Autobahn von Salzburg nach München sowie der Salzburger Flughafen liegen in unmittelbarer Nähe.

Auftreten und Schadpotential der Quarantäne-Bockkäfer *Anoplophora glabripennis*, *Anoplophora chinensis* und *Monochamus alternatus* (Cerambycidae) in Bayern

U. Benker

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL), Freising-Weihenstephan; ullrich.benker@lfl.bayern.de

Hauptsächlich über Verpackungsholz, manchmal auch über fast kurios anmutende Wege, gelingt es immer wieder gebietsfremden Bockkäfern, nach Deutschland zu gelangen. Drei Quarantäne-Bockkäfer wurden in den letzten Jahren in Bayern auffällig.

Der Asiatische Laubholzbockkäfer *Anoplophora glabripennis* (Motschulsky, 1853) konnte im kleinen niederbayerischen Ort Neukirchen am Inn, Landkreis Passau, sogar eine Freilandpopulation aufbauen. Seit dort 2004 die ersten Bäume mit Schadsymptomen entdeckt und Larven in Verdachtsholz nachgewiesen werden konnten, ist es das Ziel des amtlichen Pflanzenschutzdienstes, diese Population wieder zu tilgen. Trotz der nur 45 km Entfernung zum europaweiten Erstfund

von *A. glabripennis* im österreichischen Braunau am Inn, handelte es sich um eine separate Einschleppung über Verpackungsholz aus China. Der Asiatische Laubholzbockkäfer gilt als flugfaul und besiedelt eher Wirtsbäume der näheren Umgebung. In den sechs Jahren seit Befallsfeststellung blieb deshalb das Verbreitungsgebiet innerhalb eines Areals mit 500 Metern Radius um das Befallszentrum, des Neukirchener Friedhofs. Die Möglichkeiten der Bekämpfung sind auf das Fällen, Häckseln und Verbrennen von Verdachtsbäumen beschränkt. Es wurden bisher 78 Bäume vernichtet, davon alleine 70 Bäume bis zum Jahr 2006. Nachdem 2007 und 2008 nur noch wenige Bäume verdächtige Schadsymptome zeigten, schien sich die Situation positiv zu entwickeln. Aber das Auffinden eines Ahorns Ende 2008, bei dem im Kronenbereich Saftfluss, verursacht durch Fraßstunnel von jüngeren *A. glabripennis*-Larven, festgestellt wurde, beendete die Hoffnung auf einen baldigen Eradikationserfolg. Das bisherige Wirtsbäum-Spektrum von *A. glabripennis* in Neukirchen am Inn ist vor allem durch *Acer* spp. (Ahorn, 52 Bäume) geprägt. Des Weiteren nachgewiesen wurde Befall an *Salix* spp. (Weide, 13 Bäume), *Betula* spp. (Birke, 6 Bäume), *Aesculus hippocastanum* (Rosskastanie, 5 Bäume) und *Populus* sp. (Pappel, 1 Baum). Bei einer verdächtigen *Sorbus* sp. (Mehlbeere) mit Genagel-Auswurf stellte sich dagegen heraus, dass es sich um einen Schadschmetterling, den Weidenbohrer *Cossus cossus*, handelte.

Beim Citrusbockkäfer *Anoplophora chinensis* (Forster, 1771) handelte es sich bisher nur um punktuelle Einschleppungen. Der Wechsel auf einheimische Baumarten fand noch nicht statt. Bereits 2007 wurde in Weißenhorn bei Neu-Ulm (Schwaben) auf dem Betriebsgelände einer großen Firma neben Verpackungsholz aus China ein einzelnes *A. chinensis*-Weibchen entdeckt. Bedenklich war in diesem Falle, dass das Verpackungsholz eine Markierung mit angeblich durchgeführter Methylbromid-Begasung des Holzes aufwies. Nach einer derartigen Behandlung dürften von Holzbohrenden Insekten keine Stadien mehr leben! Der Käfer wurde sofort eingefangen und unter Quarantäne gestellt, wo er noch fünf Monate lebte. Die Gegend um das Betriebsgelände wurde in der Folgezeit mehrmals abgesucht, es fanden sich aber keine Käfer mehr. Ein Jahr später gelangten über eine Partie von 129000 *Acer palmatum*-Bäumchen (Fächerahorn) aus China mehrere *A. chinensis*-Exemplare – zunächst unentdeckt – nach Europa. Ein großer deutscher Discounter bot diese Bäumchen in einer bundesweiten Aktion an. Zwei befallene *A. palmatum* konnten auch bei Privathaushalten in Gilching und Holzkirchen in der Nähe von München sichergestellt werden. Im März 2009 fiel ein Direkt-Import aus China von 5700 *Acer*-Stecklingen, bestehend aus drei *Acer*-Arten, am Münchener Flughafen bei Kontrollen auf. 290 Stecklinge wurden vor Ort im Wurzelbereich aufgeschnitten und es fanden sich neben Larvengängen auch eine größere Larve sowie einige kleinere Larven. Nach der Pronotum-Zeichnung handelte es sich eindeutig um die Gattung *Anoplophora*. Der Citrusbockkäfer ist im Gegensatz zu seinem Verwandten, dem Asiatischen Laubholzbockkäfer, überwiegend im Bereich der Wurzeln von Pflanzen zu finden. Das Ergebnis der DNA-Diagnose zur sicheren Artunterscheidung steht noch aus.

Der an Nadelhölzern schädigende Bockkäfer *Monochamus alternatus* (Hope, 1842) wurde im Juni 2009 auf verschiedenen Wegen erstmalig nach Bayern verfrachtet. Zum einen fiel ein lebendes Weibchen von *M. alternatus* beim Öffnen eines Frachtcontainers in Augsburg auf. In der Sendung waren Holzverschläge zum Schutz der gelieferten Waren. Der Container, laut Zertifikat mit Methylbromid begast, wurde sofort wieder verschlossen und nochmals behandelt. Bei der Nachkontrolle fanden sich neben zwei (!) abgetöteten Weibchen deutliche Larvengänge im Holz. Ein weiteres *M. alternatus*-Exemplar, ein Männchen, schlüpfte aus einem Kindertisch made in China, den ein großer Discounter in seinen Filialen als Spielzeug anbot. Es ist übrigens derselbe Discounter, über den die *A. palmatum*-Bäumchen mit Citrusbockkäfern vertrieben

wurden. Prekär an *M. alternatus* ist, dass diese Käferart als Hauptüberträger des Kiefernholznematoden *Bursaphelenchus xylophilus* (Steiner & Buhner, 1934) bekannt geworden ist. Der Nematode *B. xylophilus* verursacht die gefürchtete Kiefernwelke.

Effect of jasmonic acid application on economically important insect pests and yield in summer wheat

N.E. El-Wakeil, K. Schwengfelder & C. Volkmar

Institute of Agricultural and Nutritional Sciences,
Martin-Luther-University Halle-Wittenberg, Halle (Saale);
n_emara@islamway.net

Wheat plants are attacked by many insects (e.g. aphids and wheat blossom midges) during different growth stages (GS). Insect damage induces chemical changes in plants, and frequently these changes are part of a defensive response to the insect injury. In this study, induced resistance was activated in summer wheat using a foliar application of synthetic jasmonic acid. Field trials were conducted in Julius Kühn field in Halle University in 2009, to observe effects of jasmonate application on some wheat insects. Two summer wheat cultivars (Triso and Kadrij) were sprayed twice at GS 49 and 61 with two concentrations of jasmonate in addition to control plots which were sprayed with water. Wheat aphids were surveyed by direct counts 1 day before spraying and 3, 7, 10 and 15 days post spray. Wheat midge larvae (orange and yellow) were monitored using white traps in treated and untreated jasmonate plots. Wheat yield was also assessed in treated and untreated plots. There was a significant difference in the number of aphids and midges among treatments in both cultivars. Plants in control plots had higher numbers of aphids and midges than treated plots. There were higher numbers of aphids and midges in the Triso cultivar than the Kadrij cultivar. This study indicated that jasmonate application enhances the wheat yield in sprayed plots compared to control plots. The results also indicate that jasmonic acid induced resistance mechanisms in wheat plants and may act as resistance mechanisms of summer wheat against insect herbivores.

Evaluation of wheat midges and thrips on germination behaviour of selected winter wheat cultivars

N. Gaafar, E. Geist, C. Volkmar & N. El-Wakeil

Institute of Agricultural and Nutritional Sciences,
Martin-Luther-University Halle-Wittenberg, Halle (Saale);
nawal_gaafar@yahoo.com

The infestation of wheat ear insects (thrips and wheat blossom midges (WBM)) was studied in Silstedt in 2008. Twenty cultivars were cultivated in the plant breeding station in Silstedt, including some cultivars resistant against WBM. The infestation percentage of thrips and WBM were investigated in samples of 10 ears in early milk stage (GS 73). Germination experiment was conducted on 10 cultivars: Tommi, Türkis, Anthus, Potenzial, Dekan, Boomer, Welford, Glasgow, Robigus and Brompton (the later four are the resistant cultivars). Shortly before the harvest, 10 ears were taken from each cultivar. Number of grains, number of infested grains and grain weight had been identified per each ear in each cultivar. There were significant differences in thrips and WBM among cultivars. Number of thrips was higher in cultivars Türkis and Anthus, while thrips were the lowest in cultivars Robigus and Potenzial. WBM numbers were higher in cultivars Türkis and Dekan, while the least WBM numbers were observed in cultivars Anthus, Welford and Robigus. The ears infested were significantly positively correlated with wheat midge's numbers

among cultivars ($r = +0.94$). The highest germination percent was recorded in Robigus cultivar (94.5%), while the lowest percentage was noticed in Dekan and Boomer cultivars (80%). There is a strong correlation between the damaged and abnormal germination of wheat grains of the cultivar Dekan ($r = +0.86$), the lowest correlation coefficient was calculated for the cultivar Robigus ($r = +0.23$). Finally, the results give a first indication for choosing the best cultivar(s) as an efficient method of integrated pest management.

Prognosemodell zur Massenvermehrung von Feldmäusen: Identifizierung von Prediktoren

A. Esther¹, J. Perner², T. Volk³ & J. Jacob¹

- ¹ Julius Kühn-Institut, Wirbeltierforschung, Münster
- ² UAS Umwelt- und Agrarstudien GmbH, Jena
- ³ proPlant Gesellschaft für Agrar- und Umweltinformatik mbH, Münster

In Abständen von zwei bis sechs Jahren kommt es in Deutschland zur Massenvermehrung von Feldmäusen (*Microtus arvalis*). Diese Massenvermehrungen können zu hohen wirtschaftlichen Verlusten in der Land- und Forstwirtschaft führen. Zusätzlich zum Ernteverlust steigt in dieser Zeit auch das Gesundheitsrisiko für den Menschen, da Feldmäuse Träger von Leptospirose und Hanta-Virus sind. Üblicherweise werden regulierend wirkende Maßnahmen erst durchführt, wenn sich die Schäden schon zeigen. Es ist sehr wahrscheinlich, dass mit Bekämpfungsmaßnahmen zu einem früheren Zeitpunkt die Feldmausdichten unter der Schadschwelle gehalten werden könnten. Für die rechtzeitige und räumlich gezielte Regulierung wird jedoch ein Vorhersagemodell benötigt. Wir möchten solch ein Modell entwickeln, das Landwirten als Entscheidungshilfe für die Anwendung präventiver Maßnahmen bei Feldmaus-Massenvermehrungen dienen kann. Für die Entwicklung des Prognosemodells stehen uns Zeitserien der Populationsdynamik von Feldmäusen aus mehreren Bundesländern zur Verfügung. Für die Fluktuation von Mäusepopulationen können globale wie auch regionale Wetterparameter verantwortlich sein. Mit Hilfe von classification and regression tree-Analysen (CART) konnten wir aus einer Vielzahl geprüfter regionaler wie auch globaler Wetterparameter relevante Prediktoren und deren Schwellenwerte identifizieren. So spielt zum Beispiel im Grünland die Niederschlagsmenge im Dezember und die Temperatur im Juli für die Populationsgrößen im Herbst eine entscheidende Rolle. Auf Getreideschlägen wird die Populationsgröße von Feldmäusen im Frühjahr maßgeblich auch durch die Temperatur und durch die Sonnenscheindauer im Dezember bestimmt. Ebenso fanden wir einen Einfluss von an den Golfstrom gekoppelten globalen Klimavariablen auf die Entwicklung der Feldmausabundanz. Beispielsweise erklären der East Atlantic Jet und das East Atlantic Pattern kulturübergreifend die Varianz der Abundanz im Herbst. Generell konnten durch die CART-Analysen Wetterkonstellationen identifiziert werden, bei denen Feldmaus-Massenvermehrungen sehr unwahrscheinlich sind. Weiterer Forschungsbedarf besteht u. a. noch zur Klärung von geringen Dichten bei vermeintlich für Massenvermehrung günstigen Wetterkonstellationen. Aus dem CART lassen sich Modellregeln ableiten, mit deren Hilfe zur Zeit in etwa 70% der Fälle korrekt vorhergesagt werden kann, ob es zu einer Massenvermehrung kommt oder nicht. Um den Prognoseerfolg zu erhöhen, sollen im nächsten Schritt weitere potentielle Einflussfaktoren, wie Feldmausdichten der Vorjahre und einzelne Extrem-Wetterereignisse in die Analysen einbezogen werden.

Vergleich der Fraßleistung einheimischer und invasiver Coccinellidenarten unter besonderer Berücksichtigung der Temperatur

S. Krenkel & B. Freier

Julius Kühn-Institut, Institut für Strategien und Folgenabschätzung im Pflanzenschutz, Kleinmachnow; sandra.krenkel@jki.bund.de

Die Temperatur ist eine der bedeutendsten Antriebskräfte für viele populationsdynamische Prozesse von Schadorganismen und ihren natürlichen Gegenspielern. Eine globale Erwärmung wird sich direkt und indirekt auf die Schadorganismen und den Pflanzenschutz auswirken (DEAN 1974; SKIRVIN et al. 1997; TRILTSCH 1997; PATTERSON et al. 1999; ASIN & PONS 2001; JAHN & FREIER 2001; HARRINGTON et al. 2007; KLIMAPS 2009; LESLIE et al. 2009). Das Auftreten der invasiven Coccinellidenart *Harmonia axyridis* in Deutschland könnte zudem durch die globale Erwärmung gefördert werden.

Im Rahmen einer Literaturswertung wurden die Fraßleistungen der einheimischen Coccinellidenart *Coccinella septempunctata* und der invasiven Art *Harmonia axyridis* unter besonderer Berücksichtigung der Temperatur verglichen. Um eine Vergleichbarkeit der Ergebnisse aus unterschiedlichsten Studien herzustellen, wurden vorhandene Daten gefressener Blattlausmengen in mg gefressene Biomasse umgerechnet. Die Blattlausgewichte schwankten (gemischte Blattlauspopulation) je Blattlaus und je nach Art im Durchschnitt zwischen 0,23 mg (*Aphis gossypii*) und 0,56 mg (*Acyrtosiphon pisum*). Verglichen wurden die Tagesfraßleistungen des vierten Larvenstadiums und der Imagines der beiden Coccinellidenarten, sowie die Gesamtfraßleistung während der Entwicklung vom ersten bis zum vierten Larvenstadium der Coccinelliden. Die nach Angaben von KATSAROU et al. (2005) berechnete Fraßleistung von *C. septempunctata* im vierten Larvenstadium liegt beispielsweise bei 6,8 mg (23°C). LABRIE et al. (2006) geben für das vierte Larvenstadium von *H. axyridis* 30 *Acyrtosiphon pisum* pro Tag (24°C) an, das entspricht 16,8 mg Blattlausbiomasse. Für die Imagines von *C. septempunctata* ergeben sich nach den Angaben von ASGARI (1966) 43,2 mg (20°C) und nach GHANIM et al. (1984), bei optimaler Versorgung mit *Sitobion avenae*, 36,8 mg gefressene Blattlausbiomasse (21,7°C, Wechseltemperaturen). Die Imagines von *H. axyridis* fressen bei 22°C beispielsweise nach YASUDA & ISHIKAWA (1999) nur 15,8 mg pro Tag. Verglichen dazu liegen die Angaben von TSAGANOU et al. (2004) mit bis zu 329 *Aphis gossypii* (26°C) pro Tag, was etwa 76,7 mg Blattlausbiomasse entspricht, deutlich über den Angaben für *C. septempunctata*. Für die gesamte Entwicklung vom ersten bis zum vierten Larvenstadium schwanken die Werte für *C. septempunctata* zwischen 38,2 mg (14°C) und 54,4 mg (23°C), Die Werte für die gesamte Larvenentwicklung der Art *H. axyridis* liegen je nach Blattlausart zwischen 49,8 mg (30°C) und 98,9 mg (30°C).

Anhand der ausgewerteten Daten deutet sich teilweise eine höhere Fraßleistung der invasiven Coccinellidenart *H. axyridis* im Vergleich zu *C. septempunctata* an. Bislang mangelt es aufgrund sehr unterschiedlicher, verwendeter Versuchsbedingungen (z.B. Temperatur, Nahrungsqualität, Nahrungsquantität, Untersuchungsdauer, Hunger- bzw. Sättigungsstatus) an vergleichbaren Versuchsergebnissen. Das zeigt sich in der extrem hohen Streuung der Daten. Deshalb besteht die Möglichkeit zu einer exakten Aussage derzeit noch nicht und macht systematisch vergleichende Untersuchungen unumgänglich.

Der Deutsche Sandlaufkäfer *Cylindera germanica* im Landkreis Lichtenfels (Carabidae: Cicindelinae): Chancen und Risiken für eine hochspezialisierte Laufkäferart in der heutigen Kulturlandschaft

M.-A. Fritze

Callistus-Gemeinschaft für Zoologische und Ökologische Untersuchungen, Eckersdorf; fritte@callistus.de

Der nach der Bundesartenschutzverordnung streng geschützte Deutsche Sandlaufkäfer *Cylindera germanica* ist ein seltener und hochgradig gefährdeter Laufkäfer (<http://www.laufkaefer.info/deutschersandlaufkaefer/>), (<http://callistus.de/downloads/GAC-Bd6-S7-14-Fritze.pdf>). Von den ehemals in Bayern bekannten 31 Rasterfeldern (Basis Topografische Karte 1:25000) mit Vorkommen der Art sind aktuell nur noch acht belegt. Das entspricht einem Rückgang von über 70%. Der aktuelle Verbreitungsschwerpunkt der Art liegt in Bayern im Landkreis Lichtenfels. Hier kommen fünf teilweise individuenreiche Populationen im Bereich von drei TK-Rastern vor. Der Landkreis Lichtenfels hat daher eine hohe Verantwortung für den Erhalt der Art in Bayern. Die Lebensräume des Deutschen Sandlaufkäfers im Landkreis Lichtenfels sind hauptsächlich Übergangsbereiche von Störstellen und Magerrasen. Diese unterliegen einer rasch fortschreitenden Sukzession. Die durch Erosion bedingte, natürliche Dynamik konnte nur kleinflächig Habitats für die Art in Oberfranken sichern. Ohne menschliche Einflussnahme hat der Deutsche Sandlaufkäfer in der heutigen Kulturlandschaft des Landkreises Lichtenfels keine Überlebenschance mehr. Auf Initiative des Landschaftspflegeverbandes des Landkreises Lichtenfels wurde daher von 1998 bis 2007 ein mehrjähriges Untersuchungsprogramm durchgeführt. Ziel des Projektes war, mittels Fang-Wiederfang (capture-recapture) und unter Berücksichtigung mikroklimateischer und struktureller Parameter der Habitats eine Lebensraum- und Gefährdungsanalyse durchzuführen. In einem weiteren Schritt wurden die gewonnenen Erkenntnisse in konkrete Pflegemaßnahmen umgesetzt, deren Auswirkungen im Rahmen einer Erfolgskontrolle verfolgt wurden. Die Risiken für den Deutschen Sandlaufkäfer können klar umrissen werden. Aktuell hat vor allem die Änderung der Nutzungsform einen negativen Einfluss auf die Bestände. Das Verbrachen und die Verbuschung der Lebensräume sind dabei die Hauptgründe für den Bestandsrückgang im Landkreis. Sie wirken sich nachhaltig auf das Fortpflanzungspotenzial und die Mobilität von *C. germanica* aus. Chancen für eine positive Bestandsentwicklung in Nordostbayern bestehen in der Optimierung des Lebensraumangebots und einer Lebensraumerweiterung. Durch Pflegemaßnahmen, wie Freistellen der Magerrasen und jährliche extensive Beweidung, können die bestehenden Lebensräume für den Deutschen Sandlaufkäfer erhalten werden. Neue Habitats können durch Nutzungsaufgabe entstehen. Diese müssen barrierefrei mit bestehenden Vorkommen verbunden sein und in ein Pflegekonzept integriert werden.

Zur epigäischen Spinnenfauna in hessischen Naturwaldreservaten (Arachnida: Araneae)

T. Blick

Projekt Hessische Naturwaldreservate, Senckenberg Forschungsinstitut und Naturmuseum, Frankfurt am Main; theo.blick@senckenberg.de

Aus vier der 31 hessischen Naturwaldreservate (NWR) und ihren weiter bewirtschafteten Vergleichsflächen (VF) liegen mittlerweile Daten über sieben Tiergruppen vor, die in allen NWR (inkl. als Standard VF) möglichst vollständig erfasst werden sollen: Regenwürmer (Lumbricidae), Spinnen (Araneae), Wanzen (Heteroptera), Käfer (Coleoptera), Stechimmen (Aculeata), Großschmetterlinge (Macrolepidoptera), Vögel (Aves). Dazu werden jeweils vielfältige Fang- und Erfassungsmethoden (Bodenfallen, blaue, gelbe, weiße Farbschalen, Fensterfallen, Stammeklektoren an lebenden Bäumen der Hauptbaumart, an Dürrständern, an frei- und aufliegenden Stämmen, Baumstumpf- und Tothholzeklektoren, Lichtfang,

Siedlungsdichtekartierung) über zwei volle Jahre (inkl. Winter) eingesetzt. Die ausgewerteten Untersuchungen fanden zwischen 1990 und 1996 statt und somit nur wenige Jahre nach Aufgabe der Bewirtschaftung Ende der 80er Jahre. Insgesamt wurden bisher 277 Spinnenarten erfasst, 179 ± 19 pro NWR. Davon entfielen auf die Spinnen aus den Bodenfallen 198 Arten, 113 ± 12 pro NWR. In einem einheimischen Buchenwald (NWR & VF) sind durchschnittlich 26% der Spinnenarten Hessens und 18% der Spinnenarten Deutschlands zu finden. Die Spinnenarten werden bezüglich ihrer Waldbindung klassifiziert: reine Waldarten, Arten mit Schwerpunkt im Wald, spezialisierte Offenlandarten, eurytope Offenlandarten. Bezüglich der Arten machen die beiden Gruppen der typischen Waldarten zusammen 76% und bezüglich der Individuen sogar 94% der Fauna aus. Die Spinnenfauna weist demnach eine hohe Waldbindung auf. Windwürfe und Sickerquellbereiche wirken sich deutlich auf die Zusammensetzung der Zönosen aus: dort sind die Anteile der Offenlandarten am höchsten. Der einheimische Buchen-Wirtschaftswald beherbergt in allen untersuchten Tiergruppen deutlich mehr Arten, als bislang angenommen wurde. Vor den Untersuchungen in hessischen NWR rechnete man mit 1500-2000 Arten. Allein durch die sieben Standardgruppen wurden jedoch bereits 1478 ± 171 Arten nachgewiesen. Hochgerechnet können durchschnittlich 5790 Arten erwartet werden – das drei- bis vierfache der bisherigen Annahme.

Raubarthropoden-Forschung an den Landesanstalten für Landwirtschaft in Sachsen und Bayern: vergangene und aktuelle Projekte, Ausblick

T. Kreuter

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL), Freising-Weißenstephan; thomas.kreuter@skwp.de

Die angewandte agrarökologische Feldforschung an den landwirtschaftlichen Fachbehörden der Länder erlangte mit dem Rückzug der Hochschulen aus diesem Bereich in den letzten Jahren zunehmende Bedeutung. Die Ausweitung praxisnaher Forschung unter stärkerer Einbeziehung nicht universitärer Strukturen wird national und international propagiert (z.B. in den Workshops „Böden im Klimawandel“; UBA, Januar 2008 oder „Zukunft der Agrarforschung“; BMBF & BMELF, Februar 2008).

An den Landesanstalten für Landwirtschaft der Freistaaten Sachsen und Bayern liefen und laufen auch derzeit diverse agrarentomologische Untersuchungen zu Effekten acker- und pflanzenbaulicher Maßnahmen auf epigäische Raubarthropoden. Hauptthemen waren und sind dabei (a) die komplexen Auswirkungen des Ökologischen Landbaus und (b) Effekte konsequent pflugloser Bodenbearbeitung auf epigäische Raubarthropoden. Im Hinblick auf die Laufkäfer (Coleoptera: Carabidae) lassen sich die wichtigsten Ergebnisse dieser Forschungsarbeiten wie folgt zusammenfassen:

- Äcker gehören derzeit in Deutschland zu den arten- und oft auch individuenreichsten Laufkäfer-Lebensräumen. Zahlreiche Funde bedrohter Arten weisen darauf hin, dass agrarentomologische Arbeiten zukünftig stärker in die Erstellung bzw. Revision faunistischer Verbreitungskarten und Roter Listen einzubinden sind.
- Landwirtschaftliche Extensivierung (sei es allgemein oder speziell durch reduzierte BB) führt unter den derzeitigen Produktionsbedingungen weniger zu einer Anhebung der Diversität auf der Fläche (α -Diversität), sondern eher zu einer Verschiebung der Arten- und Dominanzspektren mit positiven Auswirkungen auf die biologische Vielfalt höherer Ordnung (z.B. auf die β -Diversität in der gesamten Feldflur mit ihren unterschiedlich intensiven Produktionsstrukturen).

- Große Arten der Gattung *Carabus* werden unter dem Einfluss des Ökolandbaus und der reduzierten Bodenbearbeitung wieder häufiger. Wahrscheinlich ist das Beuteangebot dabei die wichtigste Steuergröße.
- Große *Carabus*-Populationen können eine deutliche, auch ökonomisch quantifizierbare Regulation bedeutender Schädlinge (Schnecken, diverse Lepidoptera und Coleoptera-Larven) bewirken.

Perspektivisch gilt es, die geringer werdenden Kapazitäten zur Bearbeitung angewandter Themen der Agrarentomologie und speziell der Raubarthropoden-Forschung optimal in übergeordnete Forschungsprogramme einzubinden. So lassen sich Effekte des Klimawandels oder veränderter Anbaustrukturen auf Laufkäfer und Spinnen im Rahmen der Bearbeitung von Dauerbeobachtungsflächen (Beispiel: bundesweites BDF-Programm) analysieren. Untersuchungen zum Einfluss konsequent pflugloser Anbausysteme auf Laufkäfer und Spinnen können in bundesweite Dauerversuche zur Bodenbearbeitung (Beispiel: IfZ Göttingen) integriert werden. Auch die Standorte im Exzellenz-Forschungsverbund TERENO (Terrestrial Environmental Observatoria) sind prädestiniert für ein Andocken angewandter agrarentomologischer Forschungsvorhaben. Mit einer Fokussierung der noch vorhandenen Ressourcen auf solche Projekte in Verbindung mit gesellschaftlich relevanten Themen (Klimawandel, Energiepflanzen-Anbau, Biodiversität) sollte es der angewandten Raubarthropoden-Forschung im Agrarsektor zukünftig gelingen, ihren Fortbestand zu sichern.

About the spider fauna (Arachnida: Araneae) of the "Oranienbaumer Heide" (district of Wittenberg, Saxony-Anhalt)

I.A. Al Hussein¹ & M. Unruh²

¹ Halle (Saale); alhussein@t-online.de

² Biosphärenreservatsverwaltung Mittelelbe, Dessau-Rosslau

The investigations of spiders in the nature conservation- and FFH-area "Oranienbaumer Heide" are scientific additional studies of a project of the university of applied sciences "Anhalt" (FH Anhalt) entitled "construction of a extensively used whole year pasture with robust races for the preservation and development of FFH habitat types in the Natura 2000 area "Mittlere Oranienbaumer Heide"; in the district of Wittenberg on phytosociological defined macro plots". Most of habitats, especially the arid grassland, belong in Germany to the habitats worthy being protected because of their rarity, floristic uniqueness and biodiversity. They are everywhere in decline, often found only small and count in Germany to the highly endangered habitats.

The research was carried out by using pitfall traps at 31 locations of the "Oranienbaumer Heide". The pitfall traps stood from 31/07/2008 until 31/08/2008. On the investigation sites a total of 40 spider species could be proved. The most common species were the wolf spiders *Trochosa terricola* (27.5%) and *Alopecosa pulverulenta* (23.7%). Furthermore the large and arid grassland preferring wolf spider *Alopecosa schmidtii* was abundant (5.9%). *A. schmidtii* was captured at nine locations. The majority of spider species was represented only by few specimens. Among recorded 40 species five species in Saxony-Anhalt and eight species in Germany, have a red list status.

Particularly noteworthy are both proofs of the ant spider *Zodarion germanicum*. This very rare Zadariide is ranked nationally in their inventory as endangered. Their incidence is especially in open places in sandy pine woods and on rocky dry slopes (e.g. in abandoned vineyards). The findings of *Z. germanicum* in the FFH area "Oranienbaumer Heide" were the first for the Land Saxony-Anhalt (see SACHER et al. 2001;

UNRUH 2007). In Germany this ant-eating spiders are to be found in the southern regions (Bavaria, Baden-Württemberg) and eastern regions (Brandenburg, near the border with Saxony) (see on the distribution maps of spiders:www.arages.de).

Of particular importance is the detection of *Eresus cinnaberinus* in 18 of the tested areas. Furthermore, they belonged with a total of 35 individuals (only males) to the frequent spider to the areas. Colonies of this species preferring xerotherm vegetation occur in Halle (Saale) in the nature reserve "Brandberge", the NSG "Lunzberge", the "Franzigmark" and the "Salty Lake" near Eisleben, and on the "Katzenberg" at Harsleben (BAUMANN, 1998; BLISS & AL HUSSEIN 1998; AL HUSSEIN 2000, 2005; UNRUH 2007). This spider is in the Red List of Saxony-Anhalt in the category endangered and in the Red List of Germany in the category strongly endangered species and after the federal species protection regulation (BartSchV) under special protection assigned.

In addition the wolf spider *Arctosa perita*, the canopy spiders *Microlinyphia impigra* and *Walckenaeria mitrata* belong to the Red Data Book species of Saxony-Anhalt. These species could be proved only by a few specimens. The field spider *Agroeca cuprea* (Liocranidae) and the two Gnaphosidae species *Trachyzelotes petrensis* and *Zelotes longipes*, belong to the endangered species in Germany.

As a whole the demonstrated spider coenoses mostly are xerothermophile and prefer sand arid grassland and semi-arid grassland.

Through a longer and more intensive investigation period numbers of species and individuals can be significantly increased. These investigations should be continued in next years.

Effects of different tillage systems on epigeal predatory arthropods and decomposer soil mesofauna in fields of rape

M. Lübke-Al Hussein¹, I.A. Al Hussein², I. Rößler³, J. Müller¹ & S. Pencs¹

¹ Martin-Luther-University Halle-Wittenberg, Institute of Agricultural and Nutritional Science, Halle (Saale); marita.luebke@landw.uni-halle.de

² Halle (Saale)

³ Saxony Land Institution for Environment, Agriculture and Geology, Dresden

Spiders (Araneae), ground beetles (Carabidae) and rove beetles (Staphylinidae) constitute important groups of epigeal predators in agroecosystems. In addition to their suitability as indicator organisms they play an important role as antagonists of insect pests. Large beetle species, especially representatives of the genus *Carabus*, are regarded as predators of snails. Soil tillage is believed to have a favourable impact on large species. Many elements of the soil mesofauna are primary decomposers of residuals of harvest and are thus regulators of soil-borne pathogens. Also the decomposer organisms can be positively affected by no-plough tillage.

Within a project supported by the Saxony Land Institution for Environment, Agriculture and Geology (Dresden), investigations on the occurrence of epigeal fauna (predators and Collembola) and the composition and density of soil mesofauna (decomposers and predators) under different tillage systems on rape fields (residual soils; previous crop grain, Ore Mountains, Saxony) were carried out. No-plough tillage has been run for over 10 years consistently in three of these areas, while the other three fields were ploughed. Epigeal fauna was proved by using pitfall traps. In each field four traps were buried and emptied after 3- to 4-week intervals. The soil mesofauna was sampled with the litter-bag-method. On each field litter bags filled with wheat straw were placed into the soil near to the soil surface. The litter bags were controlled at three

times, after 23, 51 and 79 days exposure time. The extraction of the mesofauna took place with a Tullgren apparatus.

Spiders showed only slight differences in species and activity density between the non-ploughed and ploughed fields. Mostly the densities of some large spiders, especially of wolf spiders (Lycosidae, e.g. *Pardosa palustris*, *Trochosa terricola*) were higher in the non-ploughed fields than in the ploughed ones. Four species of the genus *Carabus* were collected. The most common species was *Carabus granulatus*. Under no-plough conditions significantly higher numbers of individuals could be collected. Some larger ground beetles, e.g. *Harpalus rufipes* and *Pterostichus melanarius*, preferred non-ploughed fields. Rove beetles reached higher densities on the non-ploughed fields. Very large species, such as representatives of the genus *Ocytus*, were only found in Kunnersdorf (non-ploughed). In the non-ploughed fields *Philonthus carbonarius* was more frequent, while e.g. *Philonthus rotundicollis* clearly predominated in the ploughed fields. The frequent species *Philonthus laminatus* and *Philonthus cognatus* showed no clear trends. Overall, with the exception of a field at Schloesschen (ploughed), more epigeal predatory arthropods were registered in the non-ploughed fields than in the ploughed ones. Epigeal Collembola clearly predominated under no-plough tillage, especially *Lepidocyrtus cyaneus* and *Isotoma viridis*. With pitfall traps other species spectra were proved in comparison to the litter bags. With both methods more Collembola were collected in the non-ploughed areas.

The number of soil mesofauna individuals from the litter bags was significantly higher in non-ploughed than in ploughed fields. Among the decomposers Collembola were the most frequent group. In the Collembola representatives of the groups of Isotomidae, *Entomobrya* and *Folsomia* dominated. Overall, much more decomposers (mainly Collembola and Oribatida) were collected in the non-ploughed fields than in the ploughed ones. The most common species of oribatid mites, *Tectocephus velatus* and *Oppiella nova*, achieved in the

non-ploughed fields much higher densities than in the ploughed areas. Other mites, such as the Actinedida, showed no differences between the tillage systems. Another group of mites (Acaridida) was numerous in the ploughed fields. Among the decomposers various Diptera, especially Cecidomyiidae, were observed. The most prevalent predators in the litter bags were the Gamasina. This group is dominated by representatives of the families Rhodacaridae, Ascidae, Veigaiidae and Pachylaelapidae. The Uropodina occurred everywhere only with a few individuals. Larger predators from different animal groups, such as centipedes (Chilopoda), Carabidae, Staphylinidae and larvae of beetles, were also found in very small numbers in the litter bags.

Using the methods, pitfall traps and litter bags, positive effects on some groups of animals could be shown. Some representatives of the epigeal and endogeal fauna showed no or only vague responses. The results confirm that no-tillage has positive effects on soil life. Representatives of the genus *Carabus* were benefited by waiver of plough. Similar results were achieved by KREUTER & SCHMIDT (2007) in studies on the occurrence of predatory arthropods on fields (Loess) in Central Saxony where conservative procedures had a positive impact on larger beetles and spider species. The ground beetle species of the genus *Carabus* in our study had also significantly higher densities under plough-free management. Plough waiver led mostly to higher numbers of individuals of the soil mesofauna. In particular, the Collembola and oribatid mites showed under no-plough tillage in comparison with plough use higher numbers. Surveys conducted at sites of Loess in Central Saxony by LÜBKE-AL HUSSEIN et al. (2008) showed similar results for Collembola and mites. Our results confirm in most cases the statements of FRIEBE & HENKE (1991) on the diverse coenoses of the soil fauna. Although the sampled rape fields were sometimes far apart, had a different height position, crop rotation, weather conditions etc., several trends concerning the observed faunal elements could be derived.

AK VIRUSKRANKHEITEN DER PFLANZE, 08.04.2009

COMPLETE NUCLEOTIDE SEQUENCE OF CELERY LATENT VIRUS

Eikenberg, Ines¹, Menzel, Wulf¹, Vetten, Heinrich-Josef², Maiss, Edgar¹

¹Leibniz Universität Hannover, Inst. Pflanzenkrankheiten und Pflanzenschutz, Herrenhäuser Str. 2, 30419 Hannover, Germany

²Julius-Kühn Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen - Institut für Epidemiologie und Pathogendiagnostik, Messeweg 11/12, 38104 Braunschweig, Germany

Contact: maiss@ipp.uni-hannover.de

Celery latent virus (CeLV) was first described by Brandes and Luisoni [1] in 1966 and further characterized by Bos et al. in 1978 [2]. CeLV causes no visible symptoms in its natural hosts, celeriac (*Apium graveolens* var. *rapaceum*) and celery (*A. graveolens* var. *dulce*). After sap inoculation of *Chenopodium quinoa* diffuse chlorotic lesions are produced on the inoculated leaves followed by a mild systemic mottle on the new leaves. CeLV is notorious for its high rates (up to 70%) of seed transmission in celeriac and *C. quinoa*. Electron microscopy revealed flexuous particles measuring about 885 nm in length and resembling those of potyviruses. However, Bos et al. [2] failed to find cylindrical inclusion bodies (“pinwheels”) typical of potyvirus infections in CeLV-infected plants and none of the five aphid species tested was able to transmit the virus.

Because of the striking resemblance of CeLV to potyviruses we re-examined the cytopathology of CeLV-infected tissues by electron microscopy. However, we also failed to visualize any pinwheels or other cytopathic effects characteristic of potyvirus infections. This prompted us to study the genetic properties of the CeLV genome. For further molecular characterisation CeLV virions were purified using a standard method. Virions were directly subjected to RT-PCR experiments using a slightly modified version of the method of Froussard (1992) [3]. Sequences at the 5'-end were determined by RACE using A- or C-tailing. DNA fragments obtained were cloned prior to sequencing or RT-PCR products were directly used in sequencing reactions. The assembled sequence was 11,220 nucleotides (nts) in length [excluding the poly(A) tail at the 3'-end]. A short untranslated region of 13 nts at the 5'-end precedes a large open reading frame (ORF) of 10,923 nts followed by a 3'-untranslated region of 284 nts. The ORF encodes a putative polyprotein of 3,640 amino acids with an estimated molecular mass of 410 kDa. Analysis of the polyprotein revealed a putative signal peptide sequence at the N-terminus of the polyprotein. In addition, amino acid motifs were identified in the C-terminal part of the polyprotein resembling those found in the CI (helicase domain), NIa (proteinase) and NIb (replicase) of potyviruses. PAGE and Western blot analyses indicated a coat protein (CP) size of about 35 kDa. However, protein sequence analysis of the CP will be performed to locate the CP within the CeLV polyprotein.

Based on the available data, the overall genome organisation of CeLV resembles that of the monopartite viruses of the family *Potyviridae*. Nevertheless, some characteristics of the potyviruses, e.g. the presence of a HCpro gene, are missing. Further studies on polyprotein processing and genome replication are necessary to clarify the taxonomic position of CeLV.

References

- [1] Brandes, J. and Luisoni, E., 1966. Untersuchungen über einige Eigenschaften von zwei gestreckten Sellerieviren. *Phytopath. Z.* 57:277-288.
- [2] Bos, L., Diaz-Ruiz, J.R. and MAAT, D.Z., 1978. Further characterization of celery latent virus. *Neth. J. Pl. Path.* 84:61-79.

[3] Froussard, P., 1992. A random-PCR method (rPCR) to construct whole cDNA library from low amounts of RNA. Nucl. Acids Res. 20:2900.

RNAI-MEDIATED RESISTANCE TO POTATO SPINDLE TUBER VIROID IN TRANSGENIC TOMATO EXPRESSING THE VIROID HAIRPIN DNA CONSTRUCT

Gabi Krczal¹, Nora Schwind¹, Michèle Zwiebel¹, Asuka Itaya², Biao Ding³, Ming-Bo Wang⁴, Michael Wassenegger¹

¹*RLP Agrosience GmbH, AlPlanta-Institute for Plant Research, Breitenweg 71, 67435 Neustadt Germany*

²*Department of Plant Cellular and Molecular Biology and Plant Biotechnology Center, Ohio State University, Columbus, Ohio, USA*

³*Department of Plant Cellular and Molecular Biology and Plant Biotechnology Center, Ohio State University, Columbus, Ohio, USA*

⁴*CSIRO Division of Plant Industry, PO Box 1600, Canberra, ACT 2601, Australia*
Contact: gabi.krczal@agrosience.rlp.de

Because of their highly ordered structure, mature viroid RNA molecules were assumed to be resistant to degradation by RNA interference (RNAi). Here we report that a transgenic tomato plant line expressing a hairpin construct derived from *Potato spindle tuber viroid* (PSTVd) sequences exhibited resistance to PSTVd infection. This was correlated with the high level accumulation of hairpin-derived short interfering RNAs (siRNAs) in the plant. Thus, in contrast to small RNAs produced in PSTVd-infected non-transgenic plants (srPSTVds), these hairpin-derived siRNAs (hp-siRNAs) appeared to efficiently target the mature viroid RNA. Genomic mapping of the hp-siRNAs revealed an unequal distribution of 21 and 24 nt siRNAs of both (+)- and (-)-strand polarities along the PSTVd genome. These data suggest that RNAi can be employed to engineer plants for viroid resistance, as has been well established for viruses.

TOBACCO MOSAIC VIRUS SURFACE MUTANTS FOR NANOTECHNOLOGY APPLICATIONS

Geiger, Fania¹, Müller, Anna¹, Jeske, Holger¹, Wege, Christina¹, Spatz, Joachim²

¹*Universität Stuttgart, Institute of Biology, Department of Molecular Biology and Plant Virology, Pfaffenwaldring 57, 70569 Stuttgart, Germany*

²*Max-Planck-Institute for Metals Research, Department of New Materials and Biosystems, Heisenbergstraße 3, 70569 Stuttgart, Germany*

Contact: fanial.geiger@bio.uni-stuttgart.de

Tobacco mosaic virus (TMV) is a rod-shaped ss(+)RNA virus which is widely used in nanotechnology applications. The well-defined dimensions of the virions with 300 nm length and 18 nm width as well as its high stability make TMV a highly suitable biotemplate.

For several tasks in nanotechnology such as the binding of enzymes or other proteins it is interesting to have chemically reactive groups such as thiol or amino groups on the outer surface of the virions. Wt TMV does not expose any reactive groups. Therefore coat protein mutants of TMV exposing either thiol, amino or both reactive groups have been generated. The reactivity and accessibility of these modifications have been proven and can be used for nanotechnology applications.

Another important feature of biotemplates is a defined aspect ratio which is given for mature wt TMV particles. In order to gain different aspect ratios for the virions besides the one for wt

particles an in-vitro system for TMV assembly in vitro was established. In-vitro transcribed RNA of different length containing the origin of assembly (OAs) was used with TMV CPs for in-vitro-self-assembly resulting in viral nanotubes with a distinct length. TMV CPs of different mutants can be used for the in-vitro assembly giving rise to a large set of virions with variable, defined dimensions and tailored reactive groups on the surface.

DI DNA MEDIATED RESISTANCE AGAINST BEET CURLY TOP VIRUS (BCTV) IN BETA VULGARIS

Horn, Judith¹, Schäfer, Benjamin¹, Wyant, Patricia¹, Krenz, Björn¹, Jeske, Holger¹

¹*Universität Stuttgart, Biologisches Institut, Abteilung Molekularbiologie und Virologie der Pflanzen, Pfaffenwaldring 57, 70550 Stuttgart, Deutschland*

Contact: judith.horn@bio.uni-stuttgart.de

Beet curly top virus (BCTV) belongs to the genus *Curtovirus* (family *Geminiviridae*) and infects sugar beet and other crops. BCTV has a monopartite single-stranded DNA genome of 3 kb and occurred so far in the USA, Iran and the Mediterranean area. Typical symptoms of an infection are leaf curling, stunting of the plant and swelling of the veins. Non-resistant plants normally die after two to four weeks.

To curtail financial losses caused by BCTV, it is necessary to develop resistant sugar beets. One resistance strategy is the integration of a subgenomic (sg) BCTV bitmer into the plant genome. During infection with BCTV, the circular sgDNA of 1270 bp is replicationally released. Due to its smaller size, the sgDNA is amplified more efficiently and outcompetes BCTV, thus acting as a defective interfering (DI) molecule.

Several resistant and non-resistant *Beta vulgaris* lines (sugar beet) were agroinfected with BCTV-[Cal]. Viral and DI DNA titer were investigated in a previous PhD thesis (Susanne Lauster, 2000) by PCR and Southern blot analysis. In this study, rolling circle amplification (RCA) and restriction fragment length polymorphism (RFLP) are tested for their suitability as a simple, sensitive and cheap alternative to PCR/Southern blot. Twenty *Beta vulgaris* lines have been investigated for the time-dependent presence of BCTV and DI DNA in all infected plants using RCA/RFLP. Combining these results and the symptom development, it was examined whether the mobilization and replication of the DI DNA leads to a symptom attenuation.

ENGINEERED TOBACCO MOSAIC VIRUS MUTANTS PRODUCED IN PLANTA EXHIBIT DISTINCT PHYSICAL CHARACTERISTICS AND RESULT IN DIFFERENT TYPES OF METALLIZATION PRODUCTS

Kadri, Anan¹, Maiß, Edgar², Amsharov, Nadja³, Balci, Sinan³, Bittner, Alexander M.³, Kern, Klaus³, Jeske, Holger¹, Wege, Christina¹

¹*Universität Stuttgart, Institute of Biology, Department of Plant Molecular Biology and Plant Virology, Pfaffenwaldring 57, 70550 Stuttgart, Germany*

²*Leibniz Universität Hannover, Institut für Pflanzenkrankheiten und Pflanzenschutz, Herrenhäuser Straße 2, 30419 Hannover, Germany*

³*Max-Planck-Institut für Festkörperforschung, Heisenbergstraße 1, 70569 Stuttgart, Germany*

Contact: anan.kadri@bio.uni-stuttgart.de

Tobacco mosaic virus coat protein (TMV CP) mutants were engineered to alter either the stability or surface chemistry of the virion. Glutamic acid (E) was exchanged for glutamine (Q)

to enhance inter-subunit binding stability (mutant "E50Q"); a hexahistidine tract fused to the surface-exposed carboxy terminus yielded the hexahistidine-coated mutant "6xHis", which is expected to possess a specific metal ion affinity. Both mutants accumulated to high amounts in plants, produced distinct phenotypes, and exhibited physical properties differing from those of wild type (wtTMV) following purification and electroless deposition of metals. 6xHis particles bound to plant components during centrifugation and E50Q disassembled upon n-butanol treatment. Whereas 6xHis particles were comparable to wtTMV in length and found to assemble with RNA, E50Q virions exceeded 2 µm in their length and assembled without RNA. Particles from different steps of the applied isolation method were separated according to their buoyant density in isopycnic density gradients and further analyzed. Electroless deposition of nickel resulted in metallization of the outer surface of 6xHis and produced nanowires within the central channel of the majority of E50Q particles, thereby significantly surpassing the length and yield of nanowires formed in wtTMV.

PLANT GEMINIVIRUS REP PROTEIN INTERFERES WITH THE CONTROL OF FISSION YEAST CELL CYCLE

Kittelmann, Katharina¹, Rau, Peter¹, Gronenborn, Bruno², Jeske, Holger¹

¹*Universität Stuttgart, Institute of Biology, Department of Molecular Biology and Plant Virology, Pfaffenwaldring 57, 70550 Stuttgart, Germany*

²*Institut des Sciences du Végétal, CNRS, 91198 Gif-sur-Yvette, France*

Contact: katharina.kittelmann@bio.uni-stuttgart.de

The replication-associated protein (Rep) of geminiviruses, single-stranded DNA viruses of higher plants, is essential for virus replication. Since these viruses do not encode an own polymerase, Rep induces differentiated plant cells to re-enter the cell cycle by interacting with the plant homologues of retinoblastoma proteins (pRBR) in order to activate the host DNA synthesis machinery. We have used fission yeast (*Schizosaccharomyces pombe*) as a model organism to analyze the impact of ectopically expressed African cassava mosaic virus (ACMV) Rep protein on the cell division cycle in closer detail. When expressed under the control of an inducible promoter, Rep showed its characteristic DNA cleavage activity and about 10% of the cells exhibited morphological changes. They were elongated threefold on average and possessed a single, but enlarged and less compact nucleus in comparison to non-induced or vector-only control cells. Flow cytometry of Rep expressing cultures revealed a distinct subpopulation of cells with aberrant morphology which contained the Rep protein. The other 90% of the cells were indistinguishable from control cells, and no Rep was detectable. Rep expressing cells exhibited DNA contents beyond 2C indicating ongoing replication without intervening mitosis. Because a second ORF (AC4) is present within the Rep gene, the role of AC4 was examined either by destroying its start codon within the AC1 ORF or by expressing the AC4 protein separately. The results confirmed that Rep is necessary and sufficient to induce the observed effects in yeast. Although there is no RB protein annotated in the *S. pombe* genome, the geminiviral Rep protein is nevertheless able to interfere with control of fission yeast cell cycle. The unique potential of this well-investigated model for dissecting the cell cycle control by geminiviral proteins is discussed.

A SINGLE C/U NUCLEOTIDE SUBSTITUTION CHANGING ALANINE TO VALINE IN THE BEET NECROTIC YELLOW VEIN VIRUS P25 PROTEIN PROMOTES INCREASED VIRUS ACCUMULATION IN ROOTS OF MECHANICALLY INOCULATED, PARTIALLY RESISTANT SUGAR BEET SEEDLINGS

Koenig, Renate¹, Loss, Stefanie², Specht, Janine¹, Varrelmann, M.³, Lüddecke, Petra¹, Deml, Günther¹

¹c/o JKI/EP, Messeweg 11, D38104 Braunschweig

²Jc/o JKI/EP, Messeweg 11, D38104 Braunschweig

³IfZ, Holtenser Landstraße 77, D37079 Göttingen

Contact: reate.koenig@jki.bund.de

Several authors have suspected that the composition of the highly variable amino acid tetrad in positions 67 – 70 of the *Beet necrotic yellow vein virus* (BNYVV) RNA 3-encoded P25 may have an influence on the pathogenicity of the virus and might be involved in resistance-breaking phenomena. In order to examine the influence of sequence variations on the pathogenicity of BNYVV in the absence of additional effects which may be exerted by the vector *Polymyxa betae* and possibly by additional pathogens, we have used a mechanical inoculation procedure in which seven day old sugar beet seedlings are ‘vortexed’ in a highly concentrated virus inoculum. The BNYVV A type isolates E12 and S8, which originated respectively from areas where resistance-breaking had or had not been observed served as starting material for our studies. Subisolates of E12 and S8 containing only their RNAs 1 and 2 were obtained by nine serial local lesion passages. The sequences of these RNAs 1 and 2 were found to be closely related to one another (99.9% identity in both RNAs). For RNAs 3 of the two isolates biologically active cDNA clones were prepared; they were found to differ only in the coding sequences for the P25 amino acids 67, 68 and 129. Seedlings of two sugarbeet varieties carrying either only the *Rz1* or the *Rz1+Rz2* resistance genes were inoculated with various E12/S8 RNA 1+2/RNA 3 pseudorecombinants. With all pseudorecombinants more virus was accumulating in the rootlets of the sugar beet variety containing only the *Rz1* resistance gene than in those of the variety containing both resistance genes. The origin of RNAs 1+2 in the pseudorecombinants had little influence on the BNYVV accumulation in rootlets. E12 RNA 3 coding for V₆₇C₆₈Y₁₂₉ P25, however, enabled a much higher virus accumulation than S8 RNA 3 coding for A₆₇H₆₈H₁₂₉ P25. Studies with mutated RNAs 3 revealed that this was due only to the V₆₇ ‘GUU’ codon as opposed to the A₆₇ ‘GCU’ codon.

A PLASTIDAL HEAT SHOCK COGNATE 70 KDA PROTEIN INTERACTS WITH ABUTILON MOSAIC VIRUS MOVEMENT PROTEIN AND AFFECTS VIRAL DNA ACCUMULATION

Krenz, Björn¹, Windeisen, Volker², Wege, Christina¹, Jeske, Holger¹, Kleinow, Tatjana¹

¹Institute of Biology, Department of Molecular Biology and Plant Virology, Universität Stuttgart, Pfaffenwaldring 57, 70550 Stuttgart, Germany

²Institute of Biology, Department of Molecular Biology and Plant Virology, Universität Stuttgart, Pfaffenwaldring 57, 70550 Stuttgart, Germany, present address Biochemistry Center, Heidelberg University, Im Neuenheimer Feld 328, 69120 Heidelberg

Contact: tatjana.kleinow@bio.uni-stuttgart.de

The plasma membrane-associated movement protein (MP) of bipartite geminiviruses is essential for cell-to-cell as well as long-distance transport and influences viral pathogenicity. Yeast two-hybrid assays revealed a chaperone, the nuclear-encoded plastidal heat shock

cognate 70 kDa protein (cpHSC70-1) of *Arabidopsis thaliana*, as a potential binding partner for the N-terminal domain of *Abutilon mosaic virus* (AbMV) MP. *In planta*, bimolecular fluorescence complementation (BiFC) analysis provided further evidence for such an interaction, and in addition showed a homooligomerization of either protein. cpHSC70-1 oligomers were mainly associated with chloroplasts where they accumulated in distinct spots, and were found to a lower amount in small filaments extending from plastids to the cell periphery and diffusely distributed at the periphery. AbMV infection changed the localization of cpHSC70-1, leading to fluorescent foci forming conspicuous strings of pearls reminiscent of stromules. AbMV MP oligomers as well as complexes of cpHSC70-1 and MP were detected at the cell periphery and co-localized with chloroplasts. Silencing the *cpHSC70* gene of *Nicotiana benthamiana* with the aid of an AbMV DNA A-derived gene silencing vector affected chloroplast stability, reduced the viral DNA titer and impaired viral spread. The sum of the findings suggests a functional relevance of the MP-chaperone interaction for viral transport and symptom induction.

CLONING AND PHYLOGENETIC ANALYSES OF PUTATIVE PLANT CRYPTIC VIRUSES

Lesker, Till¹, Myrach, Till¹, Menzel, Wulf¹, Vetten, Heinrich-Josef², Maiss, Edgar¹

¹*Leibniz Universität Hannover, Inst. Pflanzenkrankheiten und Pflanzenschutz, Herrenhäuser Str. 2, 30419 Hannover, Germany*

²*Julius-Kühn Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen - Institut für Epidemiologie und Pathogendiagnostik, Messeweg 11/12, 38104 Braunschweig, Germany*

Contact: maiss@ipp.uni-hannover.de

Viruses of the family *Partitiviridae*, also referred to as cryptic viruses, are very common in plants and fungi, usually causing no discernable phenotypic changes in their hosts. However, it is an open question, whether plant cryptic viruses actually exist in plant cells, or if they are viruses of epi- or endophytic fungi colonizing a plant. To date a differentiation between fungi and plant infecting cryptic viruses is based on complete sequences and genome structures. Unfortunately, sequence information of cryptic plant viruses is still limited.

To characterize cryptic viruses from celery, spinach, dill, parsley and cucumber oligonucleotides were derived from conserved motifs of the RNA-dependent RNA polymerase (RdRp) and coat protein (CP) genes of White clover cryptic virus 1, Vicia cryptic virus and Carrot cryptic virus. The primers were used after dsRNA purification in RT-PCRs to amplify genome parts of the above mentioned viruses. DNA fragments of approx. 500 bp were obtained and sequenced after cloning. Based on the sequence information obtained, additional primers were constructed to complete the RdRp- and CP-encoding genome segments by RT-PCR and RACE.

The genome of the cryptic viruses is composed of two monocistronic dsRNAs varying from 2.0 to 1.7 kbp. The larger molecule encodes a RdRp (576-616 amino acids [aa]), with a 5'-untranslated region (UTR) of about 90-103 bp and a 3'-UTR of 30-86 bp. The smaller dsRNA encodes a CP (487-547 aa) with a 5'-UTR of about 30-120 bp and a 3'-UTR of 120-150 bp. Both dsRNAs have poly-A stretches at their 3'-termini.

Phylogenetic analyses of the complete sequences of new and known viruses led to the identification of two major clusters, which can be subdivided into groups containing either putative plant cryptic viruses or cryptic mycoviruses. Our findings support and extend the phylogenetic grouping based on selected amino acid motifs by Ghabrial et al. (2008) [1]. In conclusion, plant-infecting dsRNA viruses that share high levels of sequence similarity are

members of the genus *Alphacryptovirus* whereas the dsRNA viruses of the genus *Partitivirus* occur in fungi. Nevertheless, the current taxonomic system does not reflect the new extended phylogenetic relationships, which should be taken into consideration to revise the classification of the *Partitiviridae*.

References

- [1] Encyclopedia of Virology 2008 (Mahy, B. W. J., and M. H. V. Van Regenmortel, Eds.), Vol. 4, pp. 68-75.

TOWARDS NANOSCALED TOBACCO MOSAIC VIRUS-BASED CARRIER-RODS EXPOSING BIOLOGICAL FUNCTIONALITIES

Mangold, Stefan¹, Brodbeck, David¹, Müller, Anna¹, Geiger, Fania¹, Kadri, Anan¹, Kontermann, Roland², Jeske, Holger¹, Wege, Christina¹

¹*Universität Stuttgart, Institute of Biology, Department of Molecular Biology and Plant Virology, Pfaffenwaldring 57, 70569 Stuttgart, Germany*

²*Universität Stuttgart, Institute of Cell Biology and Immunology, Allmandring 31, 70569 Stuttgart, Germany*

Contact: christina.wege@bio.uni-stuttgart.de

Tobacco mosaic virus (TMV) is a tube-shaped plant virus 300 nm in length, with an outer diameter of 18 nm. The virus particle is composed of about 2130 identical capsid protein (CP) monomers arranged on a helical ssRNA, surrounding an inner longitudinal channel (diameter: 4 nm). A fusion protein consisting of TMV-CP and a single-chain antibody fragment (scFv) has been designed for expression in the fission yeast *Schizosaccharomyces pombe*, aiming to produce self-assembled TMV-like rods exposing antibody functionalities on their surface, which might serve as tools for future analytical applications. Hence, a signal peptide was fused to the N-terminus of the scFv:TMV-CP, in order to direct the recombinant protein into the yeast's secretory pathway where it undergoes appropriate processing such as formation of disulfide bonds and glycosylation.

Following expression in *S. pombe* under optimized conditions, SDS polyacrylamide gel electrophoresis revealed two fusion protein-specific bands of the expected and a slightly increased apparent molecular weight. Endoglycosidase H_f treatment demonstrated that the retarded band was N-glycosylated on asparagine, which was a good indication that at least part of the translation products were translocated into the endoplasmic reticulum (ER). So far, however, electron microscopy did not detect any scFv:TMV-CP multimers such as disks and tubes in extracts from the respective *S. pombe* cells, which have been routinely found upon expression of wild-type TMV-CP lacking an ER signal peptide. Ongoing work focuses on increasing the fusion protein's concentration and purity by means of liquid chromatography, in order to analyse its capability for self-assembly and the biological functionality of the scFv portion under defined conditions. For an scFv antibody fragment lacking the TMV-CP sequence, expressed in fusion with the ER-specific signal peptide in *S. pombe* as a control, specific reactivity with the cognate antigen has successfully been demonstrated by ELISA.

OCCURRENCE OF EMARAV AND CLRV IN TREE SPECIES NATIVE TO FINLAND

Nick Arndt¹, Susanne von Bargaen¹, Elise Grubits², Risto Jalkanen³, Carmen Büttner⁴

¹*Humboldt-Universität zu Berlin, Section Phytomedicine, Lentzeallee 55/57, 14195 Berlin, Germany*

²*Humboldt-Universität zu Berlin, Section Phytomedicine, Lentzeallee 55/57, 14195 Berlin, Germany*

³*Metla, Finnish Forest Research Institute, Rovaniemi Research Unit, Rovaniemi, Finland*

⁴*Humboldt Universität zu Berlin, Section Phytomedicine, Lentzeallee 55/57, 14195 Berlin, Germany*

Contact: phytomedizin@agr.ar.hu-berlin.de

Since the first report of accumulation of virus-like symptoms in downy birch (*Betula pubescens*) and silver birch (*B. pendula*) in Fennoscandia in 2007 by Jalkanen et al., Cherry leaf roll virus (CLRV) could be associated with the disease symptoms. Samples from symptomatic birch species showing leaf roll and proliferation, chlorosis, vein banding and mottling of leaves were collected in the following years from different regions in the country and assessed for a CLRV infection by RT-PCR. Furthermore, mountain ash trees (*Sorbus aucuparia*) with ringspot and mottling symptoms characteristic for an infection with the European mountain ash ringspot-associated virus (EMARAV) were included in the study as well as singular trees of other woody host species native to Finland. It was found that red elderberry (*Sambucus racemosa*) as well as six different *Betula* species which are typical deciduous tree species of the boreal forests were infected by CLRV; besides many virus affected silver and downy birches from locations all over the country, an individual sampled curly birch (*B. pendula* var. *carelica*) as well as several dwarf (*B. nana*), mountain (*B. pubescens* subsp. *czerepanovii*), and Kiilopää birches (*B. pubescens* subsp. *appressa*) growing in the northern part of the country up to the alpine tree line were CLRV affected. As expected symptomatic *S. aucuparia* trees were found to be infected by EMARAV; however an infection with CLRV of mountain ash could also be confirmed in two sampled trees revealing a mixed infection with the two viruses in a single case. Sequence analysis of CLRV samples originating from birches in Finland based on short fragments of the coat protein (112 bp) and 3' non-coding region (375 bp) revealed unique phylogenetic relationships of the virus isolates. Jalkanen, R. et al. (2007) *Silva Fennica* 41, 755-762

IS THE ERIOPHYID MITE PHYTOPTUS PYRI THE VECTOR OF EUROPEAN MOUNTAIN ASH RINGSPOT-ASSOCIATED VIRUS (EMARAV)?

Nicole Mielke¹, Joscha Thoma¹, Hans-Peter Mühlbach¹

¹*Universität Hamburg, Biozentrum Kl. Flottbek, Ohnhorststr. 18, 22609 Hamburg*

Contact: nicole.mielke@botanik.uni-hamburg.de

European mountain ash ringspot-associated virus (EMARAV) is a novel, still unclassified plant RNA virus, which was found to be associated with chlorotic ringspots and mottling symptoms on leaves of European mountain ash trees (*Sorbus aucuparia* L.) in many parts of Europe. EMARAV has a multipartite genome of four ss(-) RNAs, each of them carrying a single ORF. We could identify a RNA-dependent RNA-polymerase (P1), showing sequence similarities to the replicases of the virus family *Bunyaviridae* and the phytopathogenic genus *Tenuivirus*, a putative glycoprotein precursor (P2) and a putative nucleocapsid (N-) protein (P3) so far. The fourth protein P4, encoded by the smallest RNA, is still of unknown function. Based on

genome organisation, sequence comparison and morphology, EMARAV is related to the family *Bunyaviridae*, the floating genus *Tenuivirus* and most notably to three other unassigned viruses, Pigeonpea sterility mosaic virus (PPSMV), High Plains virus (HPV) and Fig mosaic associated virus (FMaV). EMARAV is not transmitted mechanically and a putative vector is unknown. Often, galls of the pear leaf blister mite (*Phytoptus pyri*, *Eriophyidae*) can be observed on infected *S. aucuparia*. And as PPSMV, HPV and FMaV are vectored by eriophyid mites, we tried to demonstrate the presence of EMARAV in single mites collected from infected trees. We were able to detect the putative N-protein P3 *in situ* by immunofluorescence microscopy. Confocal microscopy studies showed an accumulation of N-protein especially in the mouth parts and in the area of the gastrointestinal tract. In addition, using entire mites for RT-PCR, all four viral RNAs could be amplified specifically, not only the genomic (-) ssRNA but also the encoding sense RNAs, indicating that the virus might replicate within the mite. Further real time RT-PCR assays in order to quantify the viral RNAs support this finding.

CO-EXPRESSION OF VIRAL PROTEINS P2 AND P3 OF EUROPEAN MOUNTAIN ASH RINGSPOT-ASSOCIATED VIRUS (EMARAV) IN PLANT PROTOPLASTS

Novikova, Lena¹, Ikogho, Belinda¹, Ludenberg, Inga¹, Mielke, Nicole¹, Muehlbach, Hans-Peter¹

¹University of Hamburg, Biocenter Klein Flottbek, Ohnhorststr. 18, 22609 Hamburg, Germany
Contact: LenaNovikova@web.de

The European mountain ash ringspot-associated virus (EMARAV) is a novel and yet not classified plant virus. It is associated with characteristic disease symptoms of European mountain ash (*Sorbus aucuparia* L.). EMARAV has a single-stranded (ss), segmented RNA genome of negative orientation. Each of the viral RNAs encodes one protein: a RdRp (P1), a putative glycoprotein precursor (P2), a putative N-Protein (P3) and a protein of unknown function (P4).

In order to characterize the putative glycoprotein precursor P2 and the putative nucleocapsid protein P3, both proteins were expressed in mesophyll protoplasts of *Nicotiana rustica*. Western-Blot analysis support the theory of a processing of P2 into two separate glycoproteins G2 (N-terminal; 22,7 kDa) and G1 (C-terminal; 51,6 kDa). Due to the smaller size of the detected G2-specific protein (~ 19 kDa), the N-terminal signal peptide is probably cut off. No evidence for a stabilizing influence of the nucleocapsid protein P3 on the expression of P2 was observed, though the P3 co-transfected protoplasts showed an additional G2-specific protein band of about 50 - 54 kDa, that cannot be attributed to any EMARAV protein due to its dimension.

Furthermore, the presence of transient P2-wtGFP fusion protein in P2-alone or P3-cotransfected protoplasts could be demonstrated in comprehensive fluorescent microscope studies with green fluorescence detection. The fluorescence of the P2-wtGFP fusion protein localized in globular structures within the cell. By using a G2-specific and a Golgi antibody, the co-localization of these structures was assigned to the Golgi apparatus. This indicates that the morphogenesis of EMARAV could take place in this cell compartment, similar to that of the bunyaviruses. Thus, it confirms the phylogenetic relation of the EMARAV to this virus family. Again no stabilizing effect on the expression of the P2 or its localization in the cell by co-expression with the P3 N-protein, could be observed.

GEMINIVIRAL MINICHROMOSOME DYNAMICS

Paprotka, Tobias¹, Jeske, Holger¹

¹*Universität Stuttgart, Molekularbiologie und Virologie der Pflanzen, Pfaffenwaldring 57, 70550 Stuttgart*

Contact: holger.jeske@bio.uni-stuttgart.de

The minichromosomes of geminiviruses (Tomato yellow leaf curl Sardinia virus, Abutilon mosaic virus) were characterized using their supercoiled DNA topology as indication for condensation. Gel electrophoretic systems were developed to monitor the amount and state of superhelical density throughout the time course of infection. The results show a conspicuous dynamic which is different for both viruses whereby the TYLCSV showed a prominent transient accumulation of minichromosomes. One reason for the dynamic may lie in the C-methylation of DNA which was monitored by diagnostic restriction enzymes, immunolabelling on nucleic acid 2D gels, and sequencing after bisulfite conversion. We propose that a low fraction of geminiviral circular DNAs are continuously transcriptionally silenced and thereby the virus titre may be reduced.

ANALYSIS OF HOSTA VIRUS X (POTEXVIRUS, FLEXIVIRIDAE) DISTRIBUTION IN INFECTED PLANTS USING TRANSMISSION ELECTRON MICROSCOPY

Richert-Poeggeler, Katja R.¹, Maass, Christina¹, Schuhmann, Sabine¹, Engelmann, Jill¹, Lesemann, Dietrich-E.¹, Kobayashi, Kappei², Lockhart, Ben³

¹*Julius Kühn-Institut, Inst. for Epidemiology and Pathogen Diagnostics, D-38104 Braunschweig, Germany*

²*Iwate Biotechnology Research Center, Dep. of Life Science, Group of Plant Pathology, Kitakami 024-0003, Iwate, Japan*

³*Univ. of Minnesota, Dep. of Plant Pathology, St. Paul 55108-6030, MN, USA*

Contact: katja.richert-poeggeler@jki.bund.de

HVX has been first reported 1996 in the USA (Currier and Lockhart, Plant Disease 80: 1040–1043) and since then HVX has been found to cause an epidemic in a growing number of hosta cultivars in USA, Europe and Asia. The genus *Hosta* belongs to the family *Hostaceae* (class of *Liliopsida*, *Monocotyledoneae*). The long cultivation period of several years in hosta production including numerous steps of vegetative propagation is extremely prone to activation of subliminal virus infection causing a major disease outbreak manifested in symptoms after several years of cultivation in some varieties.

In 2005 HVX has been detected the first time in Germany by Engelmann and Lesemann by immunosorbent electron microscopy (ISEM) assay using a polyclonal antiserum (Currier and Lockhart, 1996). Besides HVX, infections by Arabis mosaic (Nepo) virus, Tobacco ringspot (Nepo) virus and Tobacco rattle (Tobra) virus have been identified in symptomatic hosta samples received in 2006-2008.

Hosta has been chosen to be the “perennial of the year 2009” in Germany assuming a growing interest by the gardening community for this monocot. Viral diagnostics are difficult because no uniform phenotype of infected hosta plants exists and often infected plants are asymptomatic. Display of symptoms can vary significantly with cultivar, time of year and time passed since inoculation. For example, after artificial inoculation of a total of 20 plants of cultivar “Minuta”, leaf symptoms were only observed in 15% of plants one month post inoculation and particles could be detected using ISEM. Interestingly, ISEM analysis on root tissue improved the detection efficiency markedly and identified particles in 40% of samples. In newly developed leaves after winter pause 90% symptom expression could be observed on

inoculated plants and HVX infections were confirmed by ISEM in 70% of leaf tissue and 85% of root tissue of inoculated plants.

Infection studies resulted in higher infection rates when leaf rather than root material from infected plants were used. Interestingly, mechanical inoculations performed on two cultivars were highly successful in September (up to 100 %) compared to only up to 25% in July. The observed particle length of the isolate found in Germany is in accordance with the normal length of the Korean HVX isolate of 540 nm (Ryu et al., 2002, Plant Pathol J 18: 313-316). Presence of HVX virions in ultrathin sections of infected tissue from hosta cultivars showing different degree of susceptibility to HVX is investigated using immunogold labeling.

LOCALISATION AND QUANTIFICATION OF ALL FOUR RNAs OF EUROPEAN MOUNTAIN ASH RINGSPOT-ASSOCIATED VIRUS (EMARAV) IN MOUNTAIN ASH (*SORBUS AUCUPARIA* L.)

Schlatermund, Nanette¹, Mielke, Nanette¹, Mühlbach, Hans-Peter¹

¹University of Hamburg, Biocentre Klein Flottbek and Botanical Garden, Ohnhorststr. 18, 22609 Hamburg, Germany

Contact: nanette.schlatermund.@botanik.uni-hamburg.de

European mountain ash ringspot-associated virus (EMARAV) is a novel, still unclassified plant RNA virus, which was found to be associated with chlorotic ringspots and mottling symptoms on leaves of European mountain ash trees (*Sorbus aucuparia* L.) in many parts of Europe. EMARAV has a multipartite genome of four ss (-) RNAs, each of them carrying a single ORF. We could identify a RNA-dependent RNA-polymerase (P1), showing sequence similarities to the replicases of the virus family *Bunyaviridae* and the phytopathogenic genus *Tenuivirus*, a putative glycoprotein precursor (P2) and a putative nucleocapsid protein (P3) so far. New sequence analyses of the proteins presume close relation between EMARAV and a novel, still unassigned virus associated with Fig mosaic. The fourth protein P4, encoded by the smallest RNA, is still of unknown function. Recent analyses indicated that this protein might be a suppressor of post transcriptional gene silencing (PTGS).

All four genomic (-) RNAs are detectable in total RNA-preparations from various tissues of European mountain ash by Northern Blotting using RNA probes. In order to localise viral RNA within the tissues, these probes have been found acceptable even in *in situ*-hybridisation experiments in European mountain ash leaves, but the sensitivity was low. Therefore *in situ*-RT-PCRs using mountain ash- and virus specific- primerpairs were performed.

In further investigations, EMARAV specific RNAs were quantified by real time RT-PCR (Sybr Green) during the year in leaves and bark. There was no tissue specific preference of virus RNA during the seasons. Significant amounts of vRNAs were detectable all year long. Thus, virus diagnostic using real time RT-PCR is possible even in wintertime. Furthermore, all genomic (-) RNAs were present in higher concentrations than (+) RNAs as it is typical for ss (-) RNA viruses. The two different symptoms on mountain ash leaves, ringspot and mottling, did not correlate with diverse quantities of viral RNA, but in these areas the amounts of viral RNA were significantly higher than in symptomless areas of infected leaves.

OPTIMIZATION OF A MRFP-BASED BIMOLECULAR FLUORESCENCE COMPLEMENTATION SYSTEM FOR INVESTIGATION OF PLUM POX VIRUS PROTEIN INTERACTIONS IN NICOTIANA BENTHAMIANA

Scholz, Eva¹, Maiss, Edgar¹

¹*Leibniz Universität Hannover, Inst. Pflanzenkrankheiten und Pflanzenschutz, Herrenhäuser Str. 2, 30419 Hannover, Germany*

Contact: maiss@ipp.uni-hannover.de

The genomes of the members of the genus Potyvirus, e.g. Plum pox virus (PPV), consist of a single-stranded positive-sense RNA molecule of about 10 kb which contains one long open reading frame (ORF). This ORF is translated into a large polyprotein which is subsequently cleaved by three virus-encoded proteases giving rise to ten mainly multifunctional proteins. Interactions between these proteins play pivotal roles in many processes during the virus infection cycle.

Many methods are known for detecting protein interactions whereas bimolecular fluorescence complementation (BiFC) analysis enables direct visualization of protein interactions in living cells. The assay is based on the observation that N- and C-terminal non-fluorescent subfragments of a fluorophore can only reconstitute a functional fluorophore when they are brought into tight contact. Thus, protein interaction can be investigated and directly monitored by fluorescence microscopy.

A recently developed system, which is based on a monomeric red fluorescent protein, (mRFP1-Q66T)[1] was optimized for detection of PPV protein interactions. For this purpose, N-terminal (aa 1-168) and C-terminal (aa 169-225) parts of mRFP were fused to PPV proteins, e.g. the coat protein (CP). The fusion partners were separated by two different linker sequences, encoding 7 or 8 amino acids, respectively, which allow maximal flexibility of the fused protein fragments after complex formation. Cassettes were transferred to binary vectors for agroinoculation of *Nicotiana benthamiana*. Fusion proteins CP-mRFPN plus CP-mRFPNC were transiently co-expressed in leaves of *N. benthamiana* and analysed for their interaction by confocal laser scanning microscopy. Red fluorescence was exclusively observed in the cytoplasm of epidermal cells, indicating an interaction of PPV CP molecules. Strongest red fluorescence was obtained with plasmids encoding protein fusions linked by 7 amino acids. The optimized system will be used to establish an interaction map of all encoded PPV proteins.

References

Jach, G., Pesch, M., Richter, K., Frings, S., Uhrig, J.F., 2006. An improved mRFP1 adds red to bimolecular fluorescence complementation. *Nature Methods*, 3, 597-600.

GROUP-SPECIFIC PRIMERS OF THE GACA GENE USED FOR THE DETECTION AND CHARACTERIZATION OF BACTERIAL ISOLATES FROM DIEBACK AFFECTED SISSOO TREES (DALBERGIA SISSOO ROXB.) IN BANGLADESH.

Schultz, Dorothee¹, Tantau, Hanny¹, Valdez, Nayuf¹, Meyer, Heidrun¹, Mühlbach, Hans-Peter¹

¹*University of Hamburg, Biocentre Klein Flottbek, Ohnhorststr. 18, 22609 Hamburg*

Contact: dorotheede@gmx.de

In recent years, sissoo trees throughout South Asia have suffered severely from a dieback disease, which in Bangladesh and other countries has reached epidemic proportions. Affected trees show necrotic leaves, wilting and successive leaf dropping leading to stag-headedness. Furthermore, trunk lesions produce dark exudates, and timber borers continue to weaken the dying tree. At present, the causal agent of this disease is not known, although previously

bacteria of the genus *Pseudomonas* could be isolated in samples from symptomatic trees throughout Bangladesh. This classification was confirmed by 16S rDNA sequences, but the species could not be identified yet. (Tantau *et al.*, 2005)

Further studies with *Pseudomonas* were pursued, especially since this genus includes several relevant plant pathogenic species. Group-specific primers were used in order to screen plant material specifically for *Pseudomonas* (Costa *et al.*, 2007). PCR testing using the *gacA* gene, which encodes a cytoplasmatic response regulator triggering the expression of several secondary metabolites, was established. With this test *Pseudomonas* could be distinguished from other bacteria isolated from infected sissoo leaves. The sequence of the *gacA* gene of 2 *Pseudomonas* isolates showed high similarity with *Pseudomonas putida*, *P. entomophila* and *P. syringae* pv. *tabaci* in a megablast search, while two other isolates showed only in a discontinuous megablast similarities to *Pseudomonas mendocina* and *P. aeruginosa*.

Hypersensitivity tests in *Nicotiana tabaccum* Xanthi confirmed the pathogenic potential of these four isolates. In order to comply with Koch's postulates *Dalbergia sissoo* plants will be infected with a suspension of the isolated bacteria.

References

- Costa, R., Gomes, N., Krögerrecklenfort, E., Opelt, K., Berg, G., Smalla, K. (2007) *Pseudomonas* community structure and antagonistic potential in the rhizosphere: insights gained by combining phylogenetic and functional gene-based analyses. *Environmental Microbiology* **9**: 2260-2273.
- Tantau, H., Hoque, M.I., Sarker, R. H., Mühlbach, H.-P. (2005) 16S rDNA Sequence Analysis of Bacterial Isolates from Die-back Affected Sissoo Trees (*Dalbergia sissoo* Roxb.) in Bangladesh. *J. Phytopathology* **153**: 517-521.

BARLEY YELLOW DWARF VIRUS DETECTION AND ASSESSMENT OF VIRUS SPREAD IN SUSCEPTIBLE AND RESISTANT BARLEY PLANTS

Spamer, Viola¹, Obermeier, Christian¹, Friedt, Wolfgang¹

¹*Justus-Liebig-University, Department of Plant Breeding, IFZ Research Center for Biosystems, Land Use and Nutrition, Heinrich-Buff-Ring 26-32, 35392 Giessen, Germany*

Contact: viola.spamer@bio.uni-giessen.de

Virus titers in different plant parts from controlled transmission studies between susceptible and resistant plants are compared to understand the mechanisms underlying the reduction of virus replication/spread in resistant plants and characterize and potentially differentiate between distinct mechanisms of BYDV resistance or tolerance.

The aphid transmitted *Barley yellow dwarf virus* (BYDV) causes stunting, reduced root growth and yellowing or reddening of leaves of barley plants and affects to a number of yield parameters. It is one of the major diseases of barley resulting in substantial yield losses worldwide. This is aggravated by complex detection methods in aphids and insufficient knowledge about tolerance or resistance to the virus and/or aphids in barley. Up to now only three virus-resistance genes were described. Additionally quantitative trait loci (QTL) have been identified and mapped in two different DH-populations originating from the cultivar 'Post' [1]. For identifying resistance genes and/or QTL, which are responsible for an early and/or systemic response to virus infection, it is necessary to detect the replication and movement of the virus during the early infection phase in plants.

A simplified RNA extraction method and BYDV-specific PCR was established for subsequent BYDV detection in single aphids of the species *Ropalosiphum padi*. Barley plants were grown

under controlled growth chamber conditions for 3 varieties, Post, Rubina and Vixen, representing different resistance sources. A total number of 270 plants, 90 plants for every variety, were inoculated at one-leaf stage with 3 viruliferous aphids each and 3 whole plants were sampled and dissected into leaves, roots and stems every 12 hours up to day 9 after inoculation or every day up to 21 days after inoculation and stored at -20°C. Virus titers of infected leaf tissue of different age gathered from three barley varieties with differential resistance will be analyzed by real time RT-PCR. The results will be compared among the varieties and different ages. Data of infected root tissue derived from the same plants will be included in the final analysis also.

Establishment of a sensitive real-time RT-PCR method for BYDV should allow to monitor replication and virus spread within different tissues, organs and developmental stages. This will enable us to compare virus titers in different plant parts in controlled transmission studies between susceptible and resistant plants to understand the mechanisms underlying the reduction of virus replication/spread in resistant plants and characterize and potentially differentiate between distinct mechanisms of BYDV resistance or tolerance.

Literature:

K Scheurer, W Friedt, W Huth, R Waugh, F Ordon 2001 Theor. Appl. Genet. 103:1047-1083.

CHANGES IN BARLEY PROTEOME AFTER INFECTION WITH BYDV

Steckbauer, Kathrin¹, Friedt, Wolfgang², van Bel, Aart¹

¹*Institute of General Botany / Plant Cell Biology Research Group, Senckenbergstr. 17, 35390 Giessen, Germany*

²*Institute of Agronomy and Plant Breeding, Heinrich-Buff-Ring 26-32, 35392 Giessen, Germany*

Contact: Kathrin.Steckbauer@bot1.bio.uni-giessen.de

Barley Yellow Dwarf Virus (BYDV) attacks members of the Poaceae, and causes severe yield losses, up to 40%, every year^[1]. For development of crop-protection strategies it is essential to understand the trilateral and therefore complicated molecular interaction between host, pathogen and its aphid-vector.

In the present project, we used *Hordeum vulgare*, BYDV-PAV (virus serotype from Aschersleben, Germany) and the aphid *Rhopalosiphum padi* as a model system to investigate virus-triggered changes in the protein expression of the host plant.

For this purpose, leaf protein extracts from mock and infected barley plants were analyzed by 2DE. Comparison of the patterns should reveal proteins, directly or indirectly involved in the plant-virus interaction.

By using cultivars, which differ in their reaction towards the infection, we intend to identify the gene products of the resistance gene *Yd2* (cultivar Vixen) and a QTL (cultivar Post).

Using 3 aphids for infection, first effects on protein expression were found 5 dai in the *H. vulgare* cultivar Vixen (BYDV tolerant), respectively 10 dai in the cultivar Post (also BYDV tolerant). Currently, plants infected with 20 aphids are being tested, in order to find a response at an earlier timepoint.

References:

- [1] R.M. Lister, R. Ranieri, *Distribution and economic importance of barley yellow dwarf*. 1995 In D'Arcy CJ, Burnett PA (eds.) Barley yellow dwarf. 40 years of progress, 29-53 APS Press, St. Paul, Minnesota

CHERRY LEAF ROLL VIRUS (CLRV) - GENOME ORGANISATION OF THE RNA1

Susanne von Barga¹, Juliane Langer¹, Artemis Rumbou², Jana Gentkow³, Carmen Büttner⁴

¹Humboldt-Universität zu Berlin, Section Phytomedicine, Lentzeallee 55/57, 14195 Berlin, Germany

²Humboldt-Universität zu Berlin, Section Phytomedicine, Lentzeallee 55/57, 14195 Berlin, Germany

³Leibniz-Institute of Plant Biochemistry, Weinberg 3, 06120 Halle, Germany

⁴Humboldt Universität zu Berlin, Section Phytomedicine, Lentzeallee 55/57, 14195 Berlin, Germany

Contact: susanne.von.barga@agr.ar.hu-berlin.de

The complete organisation of the Cherry leaf roll virus genome, a virus which affects many fruit trees and other woody hosts, has not been determined to date. However, partial sequence information of the bipartite virus which is available of the 3' proximal portion including the complete 3' non-coding region (NCR) of the genomic RNA1 and RNA2 has led to the classification as a subgroup c nepovirus. Full-length sequences of the RNA1 of two CLRV isolates from different host plants (CLRV-395 originating from *Rheum rhabarbarum* and CLRV-E326 from *Juglans regia*) were obtained and compared with other nepoviruses. The genomic structure of the CLRV-RNA1 coding for a polyprotein corresponds with other established subgroup c nepoviruses like Tomato ringspot virus (ToRSV), Blackcurrant reversion virus (BRV) and Peach rosette mosaic virus (PRMV). The polyprotein of the rhubarb isolate (ORF12-6350 nt; 2112 amino acids) contains a N-terminal protease cofactor (PCo), adjacent is a nucleotide-binding protein-domain (NTB), followed by the sequences coding for the genome-linked viral protein (VPg), a protease (Pro) and the viral replicase (RdRp). Putative protein functions were predicted by identification of characteristic sequence motifs. The region coding for the CLRV-VPg protein was identified with the computer programs NetPicoRNA V1.0 and NetCorona V1.0., and exhibited highest similarities to the corresponding ToRSV-VPg. Predicted specific protease recognition sequences in the CLRV isolates (Q1121/S1122 and Q1150/S1151) also corresponded to ToRSV.

MOLECULAR CHARACTERIZATION OF A PUTATIVE PSTVD BINDING PROTEIN, THE CDC5 HOMOLOG OF TOMATO (SLCDC5)

Timmermann, Christina¹, Werner, Ralf², Bolle, Nina³, Mühlbach, Hans-Peter¹

¹Universität Hamburg, Biozentrum Klein Flottbek, Ohnhorststrasse 18, 22609 Hamburg

²Universität Lübeck, Faculty of Medicine, Ratzeburger Allee 160, 23538 Lübeck

³University of Kiel, Institute of Botany and Botanical Garden, Ohlshausenstr. 40, 24098 Kiel

Contact: muehlbach@botanik.uni-hamburg.de

By using a potato spindle tuber viroid (PSTVd) RNA probe for screening a tomato (*Solanum lycopersicum*) cDNA expression library, various tomato protein fragments were found to bind to the viroid RNA (Werner et al., 1995, Biotechniques 19:218-221). We detected a partial cDNA clone showing homologies to the C-terminal fragment of a *myb*-like transcription factor of *Arabidopsis thaliana*, called cell division cycle protein 5 (CDC5). RACE analyses and genome walks allowed cloning and sequencing of the complete cDNA and revealed its genomic organisation in three tomato varieties, respectively. The deduced amino acid (aa) sequence consists of 988 residues with 73% similarity to CDC5 of *A.t.* and *Schizosaccharomyces pombe*. Therefore it was called *SLCDC5*. Comparison of the deduced

amino acid sequence of the tomato protein to the CDC5 of *A.t.*, *S.p.* and *Homo sapiens* revealed a unique C-terminal extension, which contained two amino acid motif repeats (called VEPS and VTKT). The *cdc5*-genes of the PSTVd host plant potato (*Solanum tuberosum*) and of the non host tobacco (*Nicotiana rustica*) were also sequenced and indicated for potato a quite similar organisation of the C-terminal repeats, while in the tobacco sequence the VEPS motif was replaced by VESSET. Primer extension and RT-PCR analyses allowed the localisation of the transcription start point 231 bp upstream of the ORF. Promoter studies using GFP constructs in tomato mesophyll protoplasts indicated a 700 bp upstream fragment to be sufficient for promoter activity.

In order to analyze the interaction of the tomato CDC5 with PSTVd, we applied gel retardation assays using recombinant tomato CDC5 and native or *in vitro* transcribed PSTVd RNA. A strong interaction between a C-terminal fragment of 467 aa residues of CDC5 and PSTVd was shown, while a shorter fragment of the utmost C-terminal 169 aa residues only showed weak interaction. The potential function of CDC5 during PSTVd infection will be discussed.

APPLYING OF MULTIPLEX RT-PCR ANALYSIS FOR THE DETECTION OF SOIL-BORNE VIRUSES IN DIFFERENT CEREALS IN THE EARLY STAGES OF DISEASE DEVELOPMENT

U. Kastirr¹, V. Fomitcheva¹, V. Papke¹, B. Schmiedchen²

¹JKI, IEP, Erwin-Baur-Straße 27,06484 Quedlinburg, Germany

²KWS Lochow GmbH, Zuchtstation Petkus, Merzdorfer Straße 38,15837 Baruth/Mark, Germany

Contact: ute.kastirr@jki.bund.de

The effectiveness of the grain production in many growing areas around the world is affected by the occurrence of *Polymyxa*-transmitted soil-borne mosaic viruses. In Germany the furovirus *Soil-borne cereal mosaic virus* (SBCMV) and the bymovirus *Wheat spindle streak mosaic virus* (WSSMV) are widespread in cereals and devastating especially for rye. The systematic observation and detection of these viruses, analyses of the infection processes in cultivars of different cereal species are of great importance for resistance breeding. Extensive studies on frequency and distribution of these pathogens are required. The aim of our work was the establishment of a cost- and time-reducing method for rapid and sensitive simultaneous detection of SBCMV and WSSMV. Because both viruses are often found in wheat in mixed infection, the special interest to differentiate these two viruses in a single “multiplex” amplification reaction exists. An artificial mixture of root plant materials, containing both viruses was prepared, total RNA was isolated followed by multiplex RT-PCR (mRT-PCR) with combined “multiple” primer sets to both pathogens. After optimization of single standard mRT-PCR conditions the assay was applied for the early season-early stage detection of single and mixed virus infection in field samples. Susceptible genotypes of winter cereals wheat, triticale, rye and barley were sown in 6 different geographical locations (Eickeloh and Bergen in Lower Saxony, Gödnitz, Walternienburg and Schleesen in Saxony-Anhalt, Niesky in Saxony). Detections of pathogens were made twice 6 weeks (November 15th, 2008) and 10 weeks (December 15th, 2008) after sowing. Starting from the total RNA preparation from plant roots of the individual genotypes, the virus-specific fragments were amplified and sequenced for identification. It was shown, that SBCMV and WSSMV were detectable in roots of susceptible winter forms of barley, durum wheat, triticale and rye already in the early stages of the infection process. Both time-testings gave positive signals. The studies on the prevalence of soil-borne viruses in 6 mentioned above locations showed different data regarding the

contamination of soils with these pathogens. According to our results both viruses are present in Gödnitz, Walternienburg and Bergen, while the fields in Eickeloh and Niesky are infested only with SBCMV and those in Schleesen exclusively with WSSMV. The using of mRT-PCR analysis demonstrated the suitability and efficiency of this assay for the clear early stage detection of cereal soil-borne viruses. The specificity and sensitivity of the method allows the rapid analysis of several cultivars growing in different infested regions and could be the subject of the impact of soil-borne viruses.

DEVELOPING OF DIAGNOSTIC MULTIPLEX RT-PCR ASSAYS FOR THE DETECTION OF SOIL-BORNE MOSAIC VIRUSES AND THEIR NATURAL VECTOR POLYMYXA GRAMINIS

V. W. Fomitcheva¹, U. Kastirr¹, A. Habekuss², T. Kühne¹

¹JKI/IEP, Erwin-Baur-Straße 27, 06484 Quedlinburg, Germany

²JKI/IRS, Erwin-Baur-Straße 27, 06484 Quedlinburg, Germany

Contact: vfomitcheva@yahoo.com

Soil-borne mosaic viruses causing severe and economically important mosaic disease in winter cultures of wheat, barley, rye and triticale are transmitted by an obligate root-infecting plasmodiophorid fungus *Polymyxa graminis* (*P. graminis*), which cannot be controlled by chemical measures. To investigate epidemiological aspects of appearance and distribution of these viruses, to understand their evolution, to characterize the association between viruses and their natural vector and to find new sources of resistance, reliable and rapid diagnostic systems are necessary. A simple, sensitive and costs reducing method for simultaneous detection of soil-borne viruses and *P. graminis* was developed. Two separate reaction mixtures are proposed for the differentiation of both the bymoviruses *Barley mild mosaic virus*, *Barley yellow mosaic virus* and the furoviruses *Soil-borne cereal mosaic virus* and *Soil-borne wheat mosaic virus* together with *P. graminis*. A single universal poly dT-primer was sufficient for the cDNAs syntheses starting from genomic RNAs in the case of bymoviruses, while for the generation of cDNAs from genomes of furoviruses virus specific primers were applied. Each RT reaction mixture was supplemented with reverse primer for *P. graminis*. Virus specific primers for PCR were developed based on the sequence differences between relative viruses inside the same genus. For the detection of *P. graminis* primers specific to the region of the nuclear ribosomal DNA containing ITS1, 5,8S DNA and ITS2 were designed. Total RNA preparation followed by RT-PCR was performed to generate the fragments, which showed a good resolution in agarose gel electrophoresis and were easily distinguished from each other by size. Multiplex assays were validated on the artificial mixtures of root plant materials, harbouring both the viruses and vector, and then successfully applied to study the infection processes in field plants in comparison to ELISA and TBIA.

The method described is efficient and more sensitive than immunological procedures and does allow the clear early-season/early stage detection of single and mixed infection and the virus vector. Multiplex RT-PCR assays are highly specific, convenient and can be used for epidemiological studies, for quarantine and breeding programs.

DOUBLE-STRANDED RNA PATTERNS INDICATE VIRUS INFECTION OF DIEBACK AFFECTED DALBERGIA SISSOO TREES IN BANGLADESH

Vogel, Stephanie¹, Tantau, Hanny¹, Mielke, Nicole¹, Hoque, M. Imdadul², Sarker, Rakha Hari², Khan, M. Salim³, Mühlbach, Hans-Peter¹

¹*Biocentre Klein Flottbek, University of Hamburg, Ohnhorststr. 18, D-22609 Hamburg, Germany*

²*Department of Botany, University of Dakha, Dhaka-1000, Bangladesh*

³*BCSIR, Dhaka-1205, Bangladesh*

Contact: muehlbach@botanik.uni-hamburg.de

The dieback of sissoo (*Dalbergia sissoo* Roxb.) is a devastating disease occurring in Bangladesh as well as in India, Nepal, Pakistan, and Afghanistan. Fungi, bacteria and insects were reported to be associated with the dieback syndrome, but the causal agent(s) could not yet be identified unequivocally. Our studies are focused on the molecular detection and characterization of putative causal biotic agents of the disease. In the present investigation we focused our efforts on the detection of viruses, using electron microscopy, bioassays on indicator plants, and the isolation and molecular characterization of double-stranded RNA (dsRNA). Electron microscopic inspection of leaf homogenates from dieback affected sissoo revealed the presence of various virus-like particles of 60 – 130 nm in diameter. Preparation and gel electrophoretic analysis of dsRNA indicated the presence of viral nucleic acids in leaf samples from dieback-affected sissoo trees. With the dsRNA preparations as template, DOP-RT-PCR, TA-cloning and sequencing allowed the identification of cDNA fragments with similarity to viral replicases.

Was bringt das neue europäische Pflanzenschutzrecht?

Achim Holzmann, Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit, Messeweg 11-12, 38104 Braunschweig, Email: Achim.Holzmann@bvl.bund.de

Mit der Verordnung über das Inverkehrbringen von Pflanzenschutzmitteln (EU-Zulassungsverordnung), der Richtlinie über einen Aktionsrahmen der Gemeinschaft über die nachhaltige Verwendung von Pestiziden (EU-Rahmenrichtlinie), der Verordnung über Statistiken für Pflanzenschutzmittel (EU-Statistikverordnung), der Verordnung über Höchstgehalte an Pestizidrückständen in oder auf Lebens- und Futtermitteln pflanzlichen und tierischen Ursprungs (EU-Höchstmengenverordnung) sowie der EU-Maschinenrichtlinie sollen weitere wichtige Schritte in Richtung Harmonisierung der Zulassung und Anwendung von Pflanzenschutzmitteln bei gleichzeitig hohem Schutzniveau der Gesundheit und Umwelt erreicht werden.

Grundelemente der neuen EU-Zulassungsverordnung sind die Bewertung von Wirkstoffen auf EU-Ebene und die Zulassung von Pflanzenschutzmitteln auf Mitgliedstaaten-Ebene; Bewertung von Safenern, Synergisten und Beistoffen; Cut-off-Kriterien im Gesundheits- und Umweltbereich; vergleichende Bewertung und Substitution; Verfahrens- und Zuständigkeitsregelungen mit strikten Bearbeitungsfristen; zonale Zulassung und gegenseitige Anerkennung; Vermeidung der Wiederholung von Tierversuchen; verbesserte Datenschutzregelungen; Regeln für Kleinkulturen; Regeln zum Parallelhandel sowie eine Verfahrensüberprüfung nach 5 Jahren hinsichtlich nachteiliger Wirkungen auf die menschliche Gesundheit, die Umwelt und die Wettbewerbsfähigkeit der Landwirtschaft.

Salmonellenbelastung in der Tierhaltung bei mangelhaftem Vorratsschutz

Kai Göhmann, IPMpro GmbH, Deensen

In den letzten Jahren hat die Salmonellenbelastung in der Tierhaltung deutlich zugenommen. Unter anderem wird diese Belastung auch durch das Vorkommen von Schädlingen in den Futtermitteln begünstigt. Schädlinge können Salmonellen übertragen. Der Übertragungsweg vom Futtermittel zum Tier ist kurz. Nicht nur Nager können die Salmonellen in die Futtermittel eintragen, auch Insekten sind hier ein Problem. Gerade in den Futtermittellägern ist ein reich gedeckter Tisch für Schädlinge zu finden, sind sie hier doch meist ungestört. Durch die lange Überlebenszeit von Salmonellen im getrockneten Kot als auch in Staubablagerungen können die Tiere durch Überqueren dieser Flächen die Erreger leicht in viele Bereiche tragen. In den „Alleinfuttermitteln“ wie Getreide und Mais ist das Vorkommen noch relativ gering, aber sobald Fischmehl oder Eiweißkonzentrate hinzukommen, kann die Belastung gesteigert werden. Vielfach sind gerade in den Anlieferungsbereichen von Siloanlagen angesiedelte Vögel ein dauerhafter Lieferant von Salmonellen, da diese Bereiche meist nicht abgedeckt sind und immer wieder Kotpartikel in das Futtermittel gelangen können. Aber auch andere Schädlinge wie Fliegen und Schaben sind immer mehr auf dem Vormarsch. Durch ihr hohes Vermehrungspotential sind schnell in der Lage sämtliche Bereiche in einem landwirtschaftlichen Betrieb zu besiedeln. Schaben sind in diesem Fall aber deutlich anspruchsloser als Fliegen. Im Vorratsschutzbereich taucht auch immer wieder die Abgrenzungsfrage auf. Ist das noch Vorratsschutz, oder sind wir hier schon im Hygienebereich? Gerade diese Frage ist aber in Bezug auf die Mittelwahl ein entscheidender Aspekt, da es im Hygienebereich deutlich mehr Bekämpfungsmöglichkeiten gibt, als im Vorratsschutz. Durch den Wegfall einiger Wirkstoffe (z.B. Dichlorvos) wird es in der Zukunft äußerst schwierig sein, eine zufriedenstellende Bekämpfung von Schädlingen im Vorratsschutz durchzuführen. In den Verordnungen wird lei-

der in der Regel nur auf Nagerbekämpfung hingewiesen, Insekten und Vögel tauchen da nur selten auf. Zusätzlich wird auch nur über Bekämpfung gesprochen, Prävention wird meist nicht genannt. In landwirtschaftlichen Betrieben wird im Rahmen von Salmonellenbelastungen meist zunächst die Reinigung und Desinfektion sowie die Medikamentengabe an die Tiere betrachtet und ggf. gesteigert. Erst wenn diese Maßnahmen nicht wirkungsvoll sind, wird auf Schädlinge geachtet, Befall führt zu einmaliger Bekämpfung und danach folgt nichts mehr. Auf ein geeignetes Monitoring wird nicht geachtet. Ein fataler Fehler, da sich so leicht kostenspielige Aktionen vermeiden ließen. Die Frage, was darf der Landwirt selber erledigen und wo sollte er sich Hilfe von professionellen Fachleuten holen, wird so gut wie nie gestellt, obwohl auch hier durchaus Diskussionsbedarf besteht. Idealerweise sollte sich ein landwirtschaftlicher Betrieb bei der Einrichtung eines Monitoringsystems ein Fachmann zu Seite nehmen. Nach der Einrichtung kann der Landwirt diese Kontrollen in Eigenverantwortung durchführen und dann im Bedarfsfall (z.B. Überschreitung von Schwellenwerten) den Fachmann hinzuziehen. Als Fazit kann man sagen, dass die ideale Kombination von Reinigung, Desinfektion, Monitoring und Schädlingsbekämpfung einen unverzichtbaren Beitrag zur Salmonellenkontrolle liefern kann.

Tiefgefrieren zur Bekämpfung des Brotkäfers und der Dörrobstmotte in Gewürzen, Trockenobst, Tees, Nüssen und anderen hochwertigen Produkten

Cornel Adler, Julius Kühn-Institut, Institut für ökologische Chemie, Pflanzenanalytik und Vorratsschutz (ÖPV), Königin-Luise-Str. 19, 14195 Berlin, Email: cornel.adler@jki.bund.de

Das Tiefgefrieren trockener und lagerfähiger Pflanzenerzeugnisse bei etwa minus 20°C ist ein sicheres und rückstandsfreies Verfahren, das bei einem Arzneikräuter- und Teehersteller in Süddeutschland seit etwa 1993 eingesetzt wird. Ziel der hier vorgestellten Untersuchung war es zu überprüfen, ob Dörrobstmotten und Brotkäfer sowie ihre Entwicklungsstadien bei minus 10, minus 14 und minus 18°C abgetötet werden können. Außerdem galt es die hierfür erforderliche Einwirkzeit zu bestimmen.

Die Versuche wurden in einem Labor-Kühlbrutschrank durchgeführt, der laut Herstellerangaben in den eingestellten Temperaturen um $\pm 0,5^\circ\text{C}$ vom Sollwert abweicht. Jeweils 50 Eier, Larven und Puppen, sowie Käfer bzw. Falter wurden abgezählt und in Käfige gegeben. Während die Entwicklungsstadien und die Käfer mit etwa 5ml Zuchtsubstrat in einen röhrenförmigen Drahtgazekäfig gegeben wurden (Länge 50mm, Durchm. 10mm), erfolgte die Behandlung der Falter in mit Baumwollstoff verschlossenen Erlmeyerkolben bzw. an beiden Enden offenen Glasrohrstücken, die ebenfalls mit Baumwollstoff bedeckt waren. Die Art des Versuchsgefäßes führte in diesem Fall zu keiner Veränderung in der nach unterschiedlichen Einwirkzeiten erzielten Mortalitätsrate.

Puppen des Brotkäfers erwiesen sich als sehr empfindlich gegenüber der mechanischen Beanspruchung. Schon das Entfernen aus der Puppenwiege zum Zählen der Individuen führte zu einer hohen Mortalitätsrate, so dass derzeit zu diesem Stadium noch Versuche laufen.

Temperaturen von minus 10°C konnten von Brotkäfern, ihren Eiern und Larven für mehr als 480 min überlebt werden, während alle Stadien der Dörrobstmotte nach dieser Einwirkzeit abgetötet waren, Falter schon nach 240 min. Minus 14°C führten zur vollständigen Abtötung von Stegobium-Eiern, Larven und Käfern nach 240min Einwirkzeit. Die gleiche Einwirkzeit war nötig zur Abtötung aller Motteneier, zur Abtötung der Larven reichten 120min, zur Abtötung aller Puppen 60min und zur Abtötung aller Falter 30min aus.

Bei minus 18°C waren 149 von 150 Brotkäfer-Eiern, alle Käfer und Larven nach 60min abgetötet, wobei von den Larven auch nach 30min bis auf eine keine Überlebenden auftraten. Zur

Abtötung der Motteneier waren ebenfalls 60min erforderlich, sämtliche untersuchte Puppen, Larven und Falter waren schon nach 30min tot.

Es kann davon ausgegangen werden, dass 120 min bei minus 18°C zur sicheren Abtötung aller Entwicklungsstadien der beiden getesteten Arten führen. Falls es energetisch nicht zu aufwändig ist, hat man hier also ein physikalisches Verfahren, dass auch in Gewürzen, Nüssen, Saatgut und anderen hochwertigen Produkten in kurzer Zeit eine sichere Abtötung vorratsschädlicher Insekten erreicht.

Brotkäfer im Archiv

Stephan Biebl, 83671 Benediktbeuern, www.holzwurmfluesterer.de ; E-Mail: stephan.biebl@t-online.de

Der Brotkäfer gehört mit zu den häufigsten Schädlingen in Haushalten, Apotheken und in Drogerien. Als Allesfresser bevorzugen sie trockene Back- und Teigwaren, stärkehaltige, trockene pflanzliche Stoffe, Lagergetreide, außerdem getrocknete Pflanzen und Drogen, Kakao, Schokolade und Tabak.

Aber auch in Archiven kann der Brotkäfer massive Schäden an Leder und Bucheinbänden verursachen und damit unwiderbringliche Schäden anrichten.

Anhand eines Fallbeispiels in einem großen und bedeutenden Stadt-archiv in Bayern soll die praktische Umsetzung von alternativen Verfahren zur Vorbeugung und Bekämpfung gezeigt werden.

Befallen sind teilweise wertvolle Archivalien, deren Alter bis ins 11. Jahrhundert reicht und im Ganzen auf 2.400 Regalmetern gelagert ist.

Neben mobilen Kälteanlagen, die die Raumtemperatur senken sollen, kamen auch Nützlinge, d.h. biologische Gegenspieler des Brotkäfers zum Einsatz. Die Überwachung erfolgt mittels Pheromon- und Insektenklebefallen. Geplant sind noch bekämpfende Maßnahmen mittels Stickstoffbegasung.

Die Brüssler Diät: Auf dem Weg zum schlanken Vorratsschutz

Böye, J & O Mück, BM Seminar, Barsbüttel

Das Pflanzenschutzpaket der Europäischen Union sieht in Hinblick auf den allgemeinen Umwelt- und Gesundheitsschutz bis zum Jahr 2013 bei giftigen und sehr giftigen Wirkstoffen eine Mengenreduktion von 50 % gegenüber dem Referenzjahr 2005 vor. Möglicherweise ist mit dem Wegfall oder starken Einschränkungen des Einsatzes neurotoxischer Stoffe wie z.B. Pyrimiphos-methyl zu rechnen. Das gleiche gilt für endokrin wirksame Stoffe, zu denen von manchen Autoren z. B. auch die synthetischen Pyrethroide gerechnet werden. Diese Politik hat vor allem auf den Vorratsschutz erhebliche Auswirkungen. Schon jetzt ist die Zahl der in Deutschland zugelassenen Wirkstoffe seit 2001 von 20 auf 13 und die der Handelspräparate von 109 auf 35 gesunken. In dieser wirklich nicht großen Zahl sind Insektizide, Begasungsmittel und Rodentizide enthalten. Die Folgen dieses Rückgangs sind schon jetzt spürbar. Das eklatanteste Beispiel ist sicherlich der Wegfall von DDVP-haltigen Strips als Mittel zur Mottenkontrolle im Getreidelager seit dem Jahr 2008, der vielfach zu verstärktem Mottenaufkommen geführt hat. Hier besteht aktuell eine akute Wirkstofflücke, die erhöhte Verluste und Qualitätsminderungen mit sich bringt. Die Anwender stehen dieser Situation weitgehend hilflos gegenüber und versuchen sich zum Teil in Lösungsansätzen, die mit guter fachlicher Praxis nicht in Einklang zu bringen sind (Stichwort: Oberflächenbegasungen). Späte Initiativen

zur Lösung der bestehenden Probleme haben bisher noch keine signifikante Verbesserung gebracht. Schnelles und zielstrebiges Handeln auf politischer und fachlicher Ebene ist deshalb dringend erforderlich.

Einsatz von biologischen Gegenspielern in Lebensmittelbereich aus Sicht einer Kontrollbehörde

J. F. Freise & U. Jark

Niedersächsisches Landesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit

Das Verbot des In-Verkehrbringens von Lebensmitteln, die durch Fäulnis, Verderb oder Zersetzung auffallen, wird durch Art. 14 der VO (EG) Nr. 178/2002 erfasst. Die VO Nr. 178/2002 gilt unmittelbar und ist anzuwenden.

Das LFGB geht jedoch noch weiter als Art. 14 der Basis- Verordnung (EG) Nr. 178/2002. In § 11 Abs. 2 Nr. 1 des Lebensmittel- und Futtermittelgesetzbuches (LFGB) heißt es, dass "es verboten ist, andere als dem Verbot des Artikel 14 Abs. 1 der VO (EG) Nr. 178/2002 unterliegende Lebensmittel, die für den Verzehr für den Menschen ungeeignet sind, gewerbsmäßig in den Verkehr zu bringen."

Im Kommentar wird hierzu ausgeführt: "Mit dem Verbot des § 11 Abs. 2 Nr. 1 LFGB werden dagegen Lebensmittel erfasst, die ohne äußerlich erkennbare Veränderung Ekel oder Widerwillen bei normal empfindenden Verbraucher auslösen würden, wenn der Verbraucher von bestimmten Herstellungs- oder Behandlungsverfahren Kenntnis hätte."

Diese Bestimmungen und Positionen werden auf den Fall der biologischen Schädlingsbekämpfung im Lebensmittelbereich angewandt, mit der Folge, dass die Autoren zum Schluss kommen, dass der Einsatz von Nützlingen im Lebensmittelbereich nicht vorgesehen ist.

Biologischer Vorratsschutz mit Nützlingen : Ein wachsender Markt und die gesetzlichen Rahmenbedingungen

Olaf Zimmermann, AMW Nützlinge GmbH, Pfungstadt

Die gesetzlichen Vorgaben für die Nahrungsmittelproduktion und entsprechende EU-Initiativen zum Pflanzenschutz, die national umgesetzt werden müssen, fordern grundsätzlich Maßnahmen zur Vermeidung von Schädlingsbefall. Zur Schädlingskontrolle stehen an erster Stelle biologische Methoden (Nützlinge oder Hitzebehandlung, Stickstoff, Kohlendioxid) und an zweiter Stelle der Einsatz von chemischen Bekämpfungsmitteln. Auch für den Vorratsschutz wird eine solche Strategie der integrierten Bekämpfung gefordert. Die baulichen Voraussetzungen für die Befallsvermeidung (weitgehend gasdichte oder insektendichte Lager) sind vielfach in der Praxis noch nicht gegeben. Der in der Regel präventive Einsatz von Nützlingen erfordert Kenntnisse zur Biologie der Nützlinge und der Schädlinge. Der Wegfall von chemischen Bekämpfungsmitteln führt in der Praxis zu Bekämpfungslücken. Die praktische Lagerhaltung muss sich mittelfristig ändern und Bedingungen für einen erfolgreichen integrierten Vorratsschutz mit dem Hauptziel der Befallsvermeidung herstellen. Der Bedarf an fachlicher Beratung wird dadurch stark zunehmen.

Nützlinge werden im Vorratsschutz in verschiedenen Bereichen eingesetzt, die jeweils unterschiedlichen rechtlichen Bedingungen unterliegen. Während sie im Pflanzenschutz und Materialschutz (Textilien, Holz) weitgehend uneingeschränkt eingesetzt werden können, sind im Bereich von Lebensmitteln die jeweiligen Anwendungsbereiche zu berücksichtigen. Rückstände werden nach der derzeitigen Anwendungsempfehlung für Nützlinge vermieden und

mit Schadorganismen vergleichbare „Schäden“ durch Rückstände entstehen nicht. Der Einsatz von Nützlingen ist aufgrund der geringen Masse der Nützlinge (z.B. 1.000 *Trichogramma* wiegen 0,002 g) wenig problematisch. Diese Biomasse ist um ein vielfaches geringer als die der toten Schädlinge nach anderen Bekämpfungsmethoden. Im Gegenteil: Nützlinge fressen die Schädlinge auf und reduzieren damit sogar den Anteil „gesundheitsgefährdender Masse“ und verlassen den Befallsherd, sobald er aufgrund fehlender Schädlinge für sie unattraktiv wird.

Die Anwendung von *Trichogramma*-Schlupfwespen in Privathaushalten zum Schutz verpackter Lebensmittel, an denen die Motten außen ihre Eier ablegen, ist inzwischen eine echte Bekämpfungsalternative geworden, die zunehmend nachgefragt wird. Seit der Entwicklung dieser Bekämpfungsstrategie um 1997, d.h. seit über 10 Jahren, erfährt das Verfahren regelmäßig ein sehr positives Presse-Echo und ist eine bei den Verbrauchern akzeptierte Mottenbekämpfung.

Als Vorratsnützlinge eingesetzt werden hauptsächlich *Trichogramma*-Schlupfwespen und Brackwespen (*Bracon* (= *Habrobracon*) *hebetor*) gegen verschiedene Vorratsmotten (*Plodia interpunctella*, *Ephestia kuehniella*, *Ephestia elutella*, *Sitotroga cerealella*). Auch Kleidermotten-Eier werden mit *Trichogramma* bekämpft. Eine zunehmende Bedeutung hat der Einsatz der Lager-Erzwespe *Lariophagus distinguendus* und der Art *Anisopteromalus calandrae*. Beide Arten haben ein breites Wirtsspektrum von vorratsschädlichen Käferarten. Weitere Nützlinge im Vorrat sind Ameisenwespen (*Cephalonomia tarsalis*, *Holepyris sylvanidis*), die auf bestimmte Käfer spezialisiert sind, die Schlupfwespe *Theocolax elegans* und die Vorratsraubwanze *Xylocoris flavipes*. Grundsätzlich stehen gegen eine ganze Reihe wichtiger Schädlinge im Vorrat natürliche Gegenspieler zur Verfügung. Durch ein konsequentes Monitoring der Zielschädlinge und bei entsprechend sachgerechter Anwendung der Nützlinge ist eine Schädlingskontrolle im Vorrat mit Nützlingen möglich.

Die aktuelle rechtliche Situation ermöglicht den Einsatz von Nützlingen in Haushalten und Getreidelagern, sowie bei verpackten Produkten, z.B. in Verkaufsläden. Verbraucher und Politik stehen biologischen Methoden sehr offen gegenüber. Für eine erfolgreiche Anwendung von Nützlingen im Vorrat müssen allerdings bestimmte Voraussetzungen erfüllt sein. Aus den aktuellen gesetzlichen Vorgaben für einen schadstoffarmen Vorratsschutz folgt die Notwendigkeit, begleitende Forschung zum Nützlingseinsatz durchzuführen und die Beratung der Landwirte und Schädlingsbekämpfer zu unterstützen.

Vorratsschutz im Ökolandbau anhand von Betriebsbeispielen aus der Getreidelagerung

Eckart Kramer, Fachhochschule Eberswalde, Fachgebiet Prozessmanagement und Technologien im Ökolandbau, Email: ekramer@fh-eberswalde.de

An der Fachhochschule Eberswalde wird seit 2004 ein Bachelor-Studiengang „Ökolandbau und Vermarktung“ angeboten, mit einer aktuellen Kapazität von 50 Studienplätzen. In allen sechs Semestern werden Fächer aus den Bereichen der Lagerung und Verarbeitung angeboten. Ein besonderes Merkmal des Studienkonzeptes ist die enge Kooperation mit regionalen Betrieben und Institutionen aus allen Bereichen der ökologischen Lebensmittelerzeugung. Das vorgestellte Netzwerk „Studienpartner Ökobetrieb“ ist eine Grundlage für praxisnahes Lehren, Studieren und Forschen sowie hierbei insbesondere eine sehr gute Basis für praxisorientierte Forschungsprojekte.

In einem studentischen Projekt aus dem Jahr 2008 mit dem Titel „Qualitätssicherung bei Brotgetreide“ wurden die Besatzanalysen der Brotgetreidelieferungen von regionalen Zulie-

ferbetrieben an eine Bio-Bäckerei ausgewertet und nach begleitenden Betriebsbegehungen Handlungsempfehlungen formuliert.

Im Schwarzbesatz von Dinkel des Erntejahres 2007 wurden auf sechs von acht untersuchten Betriebsteilen tote Insekten oder Insektenteile gefunden (2006: k. A.), bei Weizen dagegen auf einem Betrieb (2006: 0), bei Roggen bei vier Betrieben (2006: 1). Lebende Schädlinge wurden je einmal jeweils auf anderen Betriebsteilen bei Dinkel des Erntejahres 2001 sowie bei Roggen in 2007 festgestellt. Bei den Betriebsbegehungen vor Ort wurden Prüfkriterien mit Bezug zur Lebensmittelsicherheit und -qualität erhoben und anschließend ausgewertet. Die betriebsindividuell vorgeschlagenen Handlungsempfehlungen beinhalten u. a. folgende Punkte:

- Beschaffenheit der Lager:
 - Getreide abdecken zum Schutz vor Vögeln und Schadnagern
- Reinigung des Getreides:
 - Geschultes Personal einsetzen
 - Reinigungswirkung durch Verringerung der Durchsatzmenge und Anpassung der Einstellungen verbessern: Gesamtbesatz beim Einlagern mehrfach über 10%
- Trocknung:
 - Vorhandene Anlagen konsequent nutzen
 - ggf. eine überbetriebliche zentrale Aufbereitung vorsehen
- Belüftung:
 - Leistungsparameter vorhandener Belüftungsanlagen prüfen
 - erforderliche Messgeräte beschaffen
- Schädlingsmanagement:
 - Gezielte Kontrollen einführen und dokumentieren
 - Personalschulungen durchführen
 - Temperaturkontrollen nach Lagerstabilisierung fortsetzen
- Transport:
 - Anforderungen an Vorfrachten formulieren
 - Personalschulungen durchführen

Gegenstand des zweiten vorgestellten studentischen Projektes „Verbesserung der Getreidelagerhygiene“ war die Situation in einem zu Lagerzwecken umgenutzten ca. 40 Jahre alten Kuhstall. Die Aufnahme und Bewertung des Ist-Zustandes ergab eine Maßnahmenliste mit u. a. folgenden Punkten:

- Lagerfächer reinigen und entwesen
- Rissige und poröse Mauerwerksverputzung sanieren
- Bruch sichere Beleuchtung installieren, insbesondere in den Austrittsbereichen des Saugdruckgebläses
- Vorhandene Vorreinigung mit einer Siebeinrichtung ergänzen, auszulagerndes Getreide nochmals über die Reinigung laufen lassen
- ungesicherte Öffnungen – Eintrittsstellen für Vögel und Niederschlag – verschließen
- Versteckmöglichkeiten für Lagerschädlinge sowie Vogelnistplätze konsequent beseitigen
- vorhandenen Kornkäferbefall regulieren
- Lagerung von zugekauften Futtermitteln außerhalb des Getreideannahme- und Lagerbereiches: Der Kornkäferbefall wurde höchstwahrscheinlich durch befallenes Hühnerfutter verursacht. Die Entwesung der befallenen Partien verursachte erhebliche Mehrkosten.
- Konsequente dokumentierte Kontrollen aller Warenein- und Ausgänge des Betriebes

In zweiten Schritt wurden von den Studierenden einige dieser Maßnahmen gleich praktisch umgesetzt. Bei der aktiven Reinigung der Lager- und Fördereinrichtungen wurde u. a. das

vorhandene Saugdruckgebläse als Rückzugs- und Rekontaminationsort der Kornkäfer identifiziert: Insbesondere in der Zellenradschleuse befanden sich gut entwickelte Populationen. Zur weiteren Verbesserung der Lagerhaltung wurden von den Studierenden Checklisten für das Betriebs-, Prozess- und Personalhygienemanagement erarbeitet und eingeführt. Auf dieser Grundlage aufbauend entstand abschließend ein vom Hauptkunden gefordertes HACCP-Konzept.

Folgendes Fazit wird gezogen:

- Das Bewusstsein für Schädlingsmanagement nimmt zu, es ist durch gezielte Schulungen weiter zu schärfen
- Das Einrichten von Monitoringsystemen wird empfohlen
- Wareneingangskontrollen sollten, wenn möglich, bereits außerhalb des Betriebsgeländes erfolgen, um Einschleppungen zu vermeiden
- Das Errichten überbetrieblicher regionaler Aufbereitungs- und Lagereinrichtungen sollte diskutiert werden
- Lösungen für eine wirksame Entwesung von Förderanlagen werden gesucht, hier besteht Forschungsbedarf

Biologische Bekämpfung des Amerikanischen Reismehlkäfers durch *Holepyris sylvanidis*

Sandra Lorenz, Cornel Adler und Christoph Reichmuth, Julius Kühn-Institut – Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen (JKI), Institut für ökologische Chemie Pflanzenanalytik und Vorratsschutz, Königin-Luise-Str. 19, 14195 Berlin

Der Amerikanische Reismehlkäfer *Tribolium confusum* Jacquelin du Val 1868, ein ernstzunehmender Schädling in der Nahrungsmittelindustrie und in gelagerten Getreideprodukten, tritt in Zentraleuropa vorwiegend in Mühlen und Bäckereien auf. Bei dem Ameisenwespen *Holepyris sylvanidis* (Brèthes, 1913) handelt es sich um einen Ektoparasitoiden, der sich an den Larven des Amerikanischen Reismehlkäfers entwickelt. Da sich die *T. confusum*-Larven in ihren Nahrungssubstraten, wie z.B. Mehl und Schrot, verborgen aufhalten, muss *H. sylvanidis* seine Wirte aufspüren und zu ihnen vordringen können.

Untersuchungen verschiedener Duftquellen aus dem Wirtsumfeld haben gezeigt, dass chemische Hinweise in Form flüchtiger Substanzen für *H. sylvanidis* bei der Wirtssuche eine entscheidende Rolle spielen. Mit Hilfe eines Vier-Kammer-Olfaktometers wurden folgende Duftquellen auf ihre attraktive Wirkung auf naive *H. sylvanidis*-Weibchen getestet: (1) frisch gemahlener Weizenvollkornschrot, (2) von *T. confusum* befallener Weizenvollkornschrot, (3) *T. confusum*-Larven, (4) Kot der Wirtslarven (30-35 Wiederholungen pro Duftquelle). Dabei wurde jeweils eine der vier Kammern des Olfaktometers mit einer Duftprobe belegt, die drei übrigen Kammern (ohne Duftprobe) dienten als unbehandelte Kontrollen. In jedem Einzeltest wurde über eine Beobachtungszeit von 10 min die Aufenthaltsdauer eines Parasitoidenweibchens über jeder der vier Kammern gemessen. Bei befallenem Schrot und Larvenkot hielten sich die Weibchen signifikant länger über der Kammer mit der Duftprobe auf als über den Kontrollkammern, was auf eine deutlich attraktive Wirkung schließen lässt. Demnach orientieren sich *H. sylvanidis*-Weibchen bei der Wirtssuche vermutlich anhand flüchtiger Substanzen aus dem Kot der *T. confusum*-Larven.

Um zu prüfen, ob der Erfolg von *H. sylvanidis* bei der Wirtssuche von der Lagertiefe der Wirtslarven im Substrat sowie der Art des Substrates abhängig ist, wurden *T. confusum*-Larven (in für *H. sylvanidis* zugänglichen Petrischalen) in feinem bzw. grobem Weizenvollkornschrot in 1, 2, 4 oder 8 cm Tiefe ausgebracht (15 Wiederholungen je Schrotart und Tiefe). An der Substratoberfläche wurden jeweils 10 *H. sylvanidis*-Weibchen und 2 Männchen freigelassen. Die Wirtslarven waren nicht in der Lage die Petrischale zu verlassen, konnten aber

von den Parasitoiden-Weibchen heraustransportiert werden. Das Verschleppen der Wirtslarven ist ein für *H. sylvanidis* typisches Verhalten, das der eigentlichen Parasitierung vorausgeht. Zwei Wochen nach Versuchsbeginn wurde die Anzahl der verschleppten *T. confusum*-Larven ermittelt und somit der Wirtsfindungserfolg der Wespen bestimmt. In beiden Schrotarten nahm die Anzahl der von *H. sylvanidis* gefundenen Wirtslarven mit zunehmender Tiefe ab. In feinem Schrot fanden die Wespenweibchen ihre Wirtslarven bis zu einer Tiefe von 4 cm, in 8 cm Tiefe platzierte Larven wurden nicht mehr gefunden. Im Gegensatz dazu fanden die Parasitoide in grobem Schrot noch fast 40 % der in 8 cm Tiefe ausgebrachten Wirtslarven. Die Ergebnisse zeigen, dass *H. sylvanidis* nicht in der Lage war, in tiefere Schichten eines feineren Materials einzudringen. In grobem Schrot sowie in dünnen Schichten eines feinen Substrates ist *H. sylvanidis* für die biologische Bekämpfung von *T. confusum* dagegen vielversprechend.

Mottenprobleme in der Langzeitlagerung

Klaus Müller, BLE, 53168 Bonn

Für die staatliche Ernährungsfürsorge lagert die BLE im Auftrag des Bundes Weizen, Roggen, Hafer in loser Schüttung sowie Reis und Hülsenfrüchte in gesackter Form. Die Güter lagern über einen Zeitraum von ca. 10 Jahren ausschließlich in Hallen. Die Lagerstellen werden im Rahmen von Ausschreibungen unter Vertrag genommen und müssen dicht sein gegen das Eindringen von Wasser, Nagern und Vögeln. Das Eindringen von Insekten kann derzeit nicht vermieden werden. Hohe Ansprüche werden an die Gesunderhaltung der Ware und an die Lagerhygiene gestellt. Die Qualität der Lagerung zeigt sich u.a. darin, dass die Partien bis 2007, abgesehen von einer ggf. erforderlichen Erstbegasung kurz nach Einlagerung, durchschnittlich nur ca. 1,5 mal in 10 Jahren gegen lebende Schädlinge -ausschließlich Käfer- mit PH-3 begast wurden.

Im März 2007 wurde die Zulassung von Dichlorphos (DDVP) widerrufen. Somit war die Anwendung der bis dahin für den Vorratsschutz zulässigen Mottenstrips und DDVP-haltigen Nebelpräparate verboten. Durch die so entstandene Lücke der verfügbaren Mittel hat sich insbesondere in der Langzeitlagerung die Bekämpfung der Getreide- und Dörrobstmotte zu einem erheblichen und z.Z. nur unbefriedigend gelösten Problem entwickelt.

Die verbliebenen Nebelpräparate auf Pyrethroid-Basis sind in ihrer Wirksamkeit offensichtlich nicht den DDVP-haltigen Präparaten äquivalent. Durch die Begrenzung der Aufwandmenge insgesamt können diese Mittel auch bei reduzierter Dosis nicht über die vorgesehene Lagerdauer von 10 Jahren für die Mottenbekämpfung in offenen Beständen eingesetzt werden. Letztendlich verbleibt dann ab ca. dem 3. Lagerjahr nur noch die PH-3-Begasung mit Ausnebelung des Luftraumes über der dann abgedeckten Ware.

Als weitere Möglichkeit der Mottenbekämpfung hat die Anwendung von biologischen Gegenspielern bisher auch bei frühzeitiger und kontinuierlicher Anwendung nicht den gewünschten Erfolg erzielt. In praktischen Versuchen der Fa. Degen Vorratsschutz erwiesen sich die großen Getreideoberflächen von bis zu 2000 m² sowie kurzzeitig hohe Oberflächentemperaturen der Ware von ca. 35° C als einschränkende Faktoren.

Der Forderung nach insektendichten Lagerstätten kann bei den z.Z. belegten Hallen in den nächsten 10 Jahren kaum entsprochen werden. Eine hermetische Abdichtung würde auch automatische Systeme für den temporär notwendigen Austausch der Hallenluft sowie Schleusen für die diskontinuierliche Ein- und Auslagerung der Ware bedeuten. Selbst bei ausgeglichener Kosten-Nutzen-Gegenüberstellung unter den derzeitigen Bedingungen wäre mit einer Erhöhung der Lagergelder zu rechnen. Deshalb ist eine Erweiterung der baulichen Ansprüche seitens der BLE an die Langzeitlager nicht zu erwarten.

Relative Dichtheit der Lagerstellen und hohe Lagerhygiene können den Befall der Motten verzögern und deren Entwicklung vermindern. Monitoringsysteme mit Pheromonfallen, lockstofffreien Fliegenfängern oder Fallen mit oberflächenspannungsfreiem Wasser in den Umhängen lassen den Befall frühzeitig erkennen. Pyrethroidhaltige Nebel und natürliche Gegenspieler leisten einen Teilbeitrag zur Mottenbekämpfung. Ab einem gewissen Zeitpunkt verbleibt derzeit nur PH-3.

2010 beginnt das 3. Jahr DDVP-freier Bekämpfungsstrategien gegen Motten. Der Lagerwirtschaft sollten alsbald dauerhafte und wirtschaftliche Lösungen unter Berücksichtigung des Verbraucherschutzes zur Verfügung stehen.

Vom begasten Container zur Begasungsanlage

Bernhard Schmid-Auffarth, Plankstadt

Begasungskammern, in denen PH₃ zum Vorratsschutz eingesetzt wird, sind heute immer weniger einfache Seecontainer. Die Entwicklung geht hin zu angepassten gasdichten Kammern aus Beton oder in Leichtbauweise (wie aus der Obstlagerung (CA-Lager) bekannt).

Begasungskammern dieser Art müssen nach BImSchG genehmigt werden und sind damit Begasungsanlagen. Alle sind mit Abluftfilter ausgestattet. Weitere Merkmale unserer Anlagen sind: Einrichtung zur Dichtheitsprüfung, Heizung, Sensoren zur Überwachung der PH₃ - Konzentration, sowie eine Steuerung, die z.B. automatisch nach Ablauf der Begasungszeit die Belüftung startet.

Es liegen insgesamt positive Erfahrungen vor, die Begasungsparameter Konzentration, Temperatur und Zeit sind verlässlich und wiederholbar, damit kann die Qualität der Begasungen garantiert werden. Die Standzeit der Aktivkohle kann recht genau vorhergesagt werden. In solchen Kammern wird auch die Verwendung von inerten Gasen wie Stickstoff oder Kohlendioxid als Begasungsmittel möglich sein.

Kieselgur zur Leerraumbehandlung im Vorratsschutz - Wirksamkeit auf verschiedenen Oberflächen

Reichmuth, Ch., Adler, C. & Schöller, M., Julius Kühn-Institut, Institut für ökologische Chemie, Pflanzenanalytik und Vorratsschutz (ÖPV), Königin-Luise-Str. 19, 14195 Berlin, Email: christoph.reichmuth@jki.bund.de

Kieselgur oder auch Diatomeenerde besteht aus fossilen Kieselalgen. Nach Reduktion des Feuchtegehaltes und feiner Mahlung wird es als nahezu reines amorphes Siliziumdioxid im Vorratsschutz zur Bekämpfung von Insekten und Milben eingesetzt. Die bekämpfende Wirkung beruht auf einem physikalischen Effekt: die Kieselgur-Partikel haften am Insekt und beschädigen die Kutikula woraufhin die Schädlinge an Wasserverlust sterben bzw. vertrocknen.

Kieselgur kann sowohl zur Bekämpfung in geschütteten Vorräten als auch im Leerraum eingesetzt werden. In den vorliegenden Untersuchungen wurden zum einen verschiedene Kieselguren in ihrer Wirksamkeit verglichen. Testinsekt war einer der gegen diese Mittel tolerantesten Vorratsschädlinge, der Amerikanischen Reismehlkäfer *Tribolium confusum*. Getestet wurden 12 Kieselguren aus verschiedenen Abbaugebieten, 7 aus Serbien, 3 aus Griechenland, eines aus Slowenien sowie das in Deutschland zugelassene Silico-Sec. Die Versuchsbe-

dingungen waren $25 \pm 1^\circ\text{C}$ und $65 \pm 5\%$ relative Luftfeuchte, die Unterlage war Glas. Die Mortalität der eingesetzten Käfer wurde täglich kontrolliert, bis alle Käfer in den behandelten Varianten abgestorben waren. Silico-Sec erwies sich als besonders wirksam. Legt man die zum Erreichen von 100% Mortalität im Mittel erforderliche Einwirkzeit bei einer Dosierung von $10\text{g}/\text{m}^2$ zugrunde, so kamen die Kieselgur aus Slowenien (4,3 Tage) und zwei Herkünfte aus Griechenland (5,3 Tage und 5,7 Tage) der Wirksamkeit von Silico-Sec (4,7 Tage) am nächsten. Bei den am wenigsten wirksamen Kieselguren wurden 100 % Mortalität erst nach 13 bzw. 19,7 Tagen erreicht, die natürliche Hungerfähigkeit beträgt bei den getesteten Bedingungen im Mittel 25 Tage.

Ein weiterer Versuch fand unter Praxisbedingungen in Brandenburg statt, hier sollte der mögliche Einfluß des Untergrundes auf die Wirksamkeit von Silico-Sec getestet werden. Fünf verschiedene Unterlagen wurden getestet, und zwar Sperrholzplatten, Betonfliesensteine, glasierte Keramikfliesen, Natursteinfliesen (glatt) und Feinsteinzeug (stumpf), jeweils mit einer Fläche von 225 cm^2 . Die Unterlagen wurden in einem Lagerraum mit 41 m^2 Grundfläche ausgebracht und mitbehandelt. Nach Ausbringung von im Mittel $15\text{-}20\text{ g}/\text{m}^2$ Silico-Sec wurden Getreideplattkäfer *Oryzaephilus surinamensis*, Kornkäfer *Sitophilus granarius*, Amerikanische Reismehlkäfer und Leistenkopflattkäfer *Cryptolestes ferrugineus* aufgesetzt und mit einem Deckel gekäfigt. Nach 14 Tagen wurde die Mortalität bestimmt. Die Art der Unterlage hatte keinen Einfluß auf die Mortalität von *Tribolium confusum* und lag auf allen Unterlagen über 90% mit Ausnahme des Betonfliesensteins, auf dem nur knapp 80% Wirksamkeit erreicht wurden. Auf Sperrholzplatte und glasierter Keramikfliese wurden 99% Wirksamkeit erreicht. Gegenüber dem Leistenkopflattkäfer wurde mit 20% eine signifikant geringere Wirksamkeit auf Betonfliesenstein festgestellt, im Mittel lag die Mortalität auf den anderen Unterlagen bei 76 %. Kornkäfer und Getreideplattkäfer lebten unter den Praxisbedingungen von 15°C bis 19°C ohne Nahrung nicht lange genug, um hier Daten erheben zu können. Gegenüber diesen Vorratsschädlingen sollten Wirksamkeitsdaten unter Anwesenheit von Vorräten erhoben werden.

Die sieben Todsünden im Vorratsschutz

Mück, O & J Böye, BM Seminar, Barsbüttel

Gemeinhin werden die Charaktereigenschaften Hochmut, Geiz, Wollust, Zorn, Völlerei, Neid und Trägheit als die sieben Todsünden bezeichnet. Was hat das nun mit Vorratsschutz zu tun? Die Antwort lautet: Mehr, als man im ersten Augenblick denkt. **Hochmut**, oder auch überzogenes Selbstbewusstsein in Zusammenhang mit fachlichen Fehleinschätzungen, veranlassen die Verantwortlichen in vielen Lebensmittelbetrieben, dem Vorratsschutz weiter keine Bedeutung beizumessen; Lebensmittelrecht hin – International Food Standard her. **Geiz** trägt heute viele Namen, die meist wirtschaftliches Denken und Handeln vorgaukeln sollen; er verschlimmert die Situation zusätzlich. Ergänzt wird das Trio von der **Trägheit** mancher Betriebsangehörigen, denen die Motivation zur konsequenten Reinigung und anderen Maßnahmen abgeht. Die Folge sind Orgien der **Völlerei** und der **Wollust** bei den Vorratsschädlingen. Käfer- und Mottenweibchen legen hunderte von Eiern ab und ein Rattenpaar kann es in einem Jahr auf rund 200 Nachkommen bringen. Der **Zorn** trifft solche Betriebe spätestens dann, wenn vermehrt Kundenreklamationen auflaufen. Da ist es doch besser, seinen Betrieb rechtzeitig auf Vordermann zu bringen und den **Neid** derjenigen zu riskieren, die schlechter aufgestellt sind. Die Autoren dieses Beitrags können diese Thesen durch Fotos belegen, die anlässlich von Betriebsgehungen in den letzten beiden Jahren in Deutschland gemacht wurden, und von denen eine repräsentative Auswahl im Vortrag gezeigt wird.

Mitteilungen und Nachrichten

Aus den Arbeitskreisen der Deutschen Phytomedizinischen Gesellschaft (DPG):

Arbeitskreis Wirbeltiere der DPG – 17. Tagung

Der AK Wirbeltiere der DPG traf sich zu seiner 17. Tagung vom 11. bis 12. November 2009 bei der *frunol delicia GmbH* in Delitzsch. Mit 33 Teilnehmern war das Treffen stärker besucht als in den Vorjahren. Die Schwerpunkte der Beiträge lagen bei den Feldmäusen und den kommensalen Nagern. Dabei wurde nicht nur durchweg Interessantes geboten, sondern auch wissenschaftliche Leistungen vorgestellt. Im Anschluss an den Vortragsteil trafen sich die DPG-Mitglieder, um verschiedene aktuelle Themen zu diskutieren. Dabei wurde beschlossen, die Herausgabe einer Liste der Einrichtungen, die Rodentizide prüfen bzw. Resistenzuntersuchungen anbieten, bei den zuständigen Behörden anzuregen. Diese sollte nach Prüfung der entsprechenden Unterlagen bzw. nach einer Visite neben den allgemeinen Daten auch Informationen enthalten über die vorgehaltenen Tierstämme und die Art der Versuche, für die die Einrichtungen qualifiziert sind.

Der Leitung der *frunol delicia GmbH*, sowie Herrn Rolf BARTEN und seinen Mitarbeitern sei nochmals im Namen aller Teilnehmer für die perfekte Vorbereitung und sehr gastfreundliche Betreuung der Tagung, sowie für den gemeinsamen Abend einschließlich Stadtrundfahrt durch Leipzig gedankt!

AK Leiter: Dr. Stefan ENDEPOL (Monheim)

Die eingereichten Zusammenfassungen der Vorträge werden im Folgenden wiedergegeben.

1) Überprüfung von Pflanzenextrakten zum Schutz der Maissaat gegen Vogelfraß

Alexandra ESTHER¹, Ralf TILCHER², Jens JACOB¹

¹Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Institut für Pflanzenschutz in Gartenbau und Forst – Wirbeltierforschung, Toppheideweg 88, 48161 Münster

²KWS SAAT AG, Grimsehlstraße 31, 37555 Einbeck

E-Mail: alexandra.esther@jki.bund.de

Probleme mit Vogelfraß treten im Ökolandbau zunehmend auf, weil Saat und Keimlinge von hochwertigen Hülsenfrüchten und Mais durch Vögel, wie Tauben (*Columba livia*), Fasane (*Phasianus colchicus* L.), geschädigt werden. In einer Serie von Untersuchungen wurden Saatgutbehandlungen mit Extrakten aus Naturstoffen auf mögliche Repellente Effekte bei Tauben und Fasane in Volieren und bei Wildvögeln im Freiland beurteilt. Dabei kamen Echinops-Extrakt aus der Kugeldistel (*Echinops sphaerocephalus*), Anthrachinon-Extrakt aus Tomate (*Solanum lycopersicum*) und Pulegon (synthetisches Analogon eines Bestandteils von Katzenminze *Nepeta cataria*) zur Saatgutbehandlung zum Einsatz. Tauben und Fasane zeigten in den Volieren in der Regel eine klare Abneigung gegen mit Echinops-Extrakt, Anthrachinon-Extrakt und Pulegon behandeltes Saatgut. Erste Untersuchungen zur systemischen Wirkung der Saatgutbehandlung beim Fraß an Keimlingen (Volierenversuche) ergaben keine eindeutigen Ergebnisse. Im Freiland gab es keinen Unterschied in der Zahl der aufgelaufenen Maispflanzen zwischen Pflanzreihen mit und ohne Saatgutbehandlung mit Echinops-Extrakt. Durch die Saatgutbehandlung mit Anthrachinon-Extrakt liefen jedoch im Freiland 12% mehr Maispflanzen auf als bei unbehandeltem Saatgut. Nach etwa 3 Wochen nivellierte sich dieser Effekt weitgehend. Die Saatgutbehandlung mit

Pulegon zeigte im Freilandversuch etwa einen Monat nach der Aussaat eine positive Wirkung auf die Anzahl von Fehlstellen. Die Versuche verdeutlichen, dass die signifikanten biologischen Effekte der Saatgutbehandlungen, die unter kontrollierten Bedingungen in Volieren auftraten, nicht direkt auf Freilandbedingungen übertragbar sind. Saatgutbehandlungen mit Anthrachinon-Extrakt und Pulegon zeigten zwar die gewünschte Wirkung im Freiland, jedoch sind weitere Untersuchungen erforderlich, um eine Verbesserung der Wirksamkeit zu erzielen.

(DPG AK Wirbeltiere)

2) Modell zur Vorhersage von Massenvermehrungen der Feldmaus (*Microtus arvalis*): Identifizierung von Prediktoren

Alexandra ESTHER¹, Christian IMHOLT¹, Jörg PERNER², Thomas VOLK³, Jens JACOB¹

¹Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Institut für Pflanzenschutz in Gartenbau und Forst – Wirbeltierforschung, Toppheideweg 88, 48161 Münster

²U.A.S. Umwelt- und Agrarstudien GmbH, Ilmstraße 6, 07743 Jena

³proPlant Gesellschaft für Agrar- und Umweltinformatik mbH,

Albrecht-Thaer-Straße 34, 48147 Münster

E-Mail: alexandra.esther@jki.bund.de

Massenvermehrungen von Feldmäusen (*Microtus arvalis*) können zu hohen wirtschaftlichen Verlusten in der Land- und Forstwirtschaft führen. Typischerweise werden Maßnahmen erst durchgeführt, wenn sich die Schäden schon zeigen. Es ist sehr wahrscheinlich, dass mit Bekämpfungsmaßnahmen zu einem früheren Zeitpunkt die Feldmausdichten unter der Schadschwelle gehalten werden könnten. Wir möchten ein Modell zur Vorhersage von Massenvermehrungen entwickeln, das Landwirten als Entscheidungshilfe für die Anwendung präventiver Maßnahmen bei Feldmaus-Massenvermehrungen dienen kann. Für die Entwicklung des Prognosemodells stehen uns Zeitserien der Populationsdynamik von Feldmäusen aus mehreren Bundesländern zur Verfügung. Diese Datensätze geben in der Regel die Abundanz der Mäuse nicht direkt, sondern als Anzahl aktiver Baueingänge (wiedergeöffnete Löcher) an. Durch Kalibrierungsversuche im Freiland konnten wir zeigen, dass diese Werte sehr gut mit realen Feldmausdichten korrelieren und daher stellvertretend für die Beschreibung von Massenwechseln verwendbar sind. Für die Fluktuation von Mäusepopulationen können globale wie auch regionale Wetterparameter verantwortlich sein. Mit Hilfe von „classification and regression tree“-Analysen (CART) konnten wir aus einer Vielzahl geprüfter regionaler wie auch globaler Wetterparameter relevante Prediktoren und deren Schwellenwerte identifizieren. So spielt zum Beispiel im Grünland die Niederschlagsmenge im Dezember und die Temperatur im Juli für die Populationsgrößen im Herbst eine entscheidende Rolle. Auf Getreideschlägen wird die Populationsgröße von Feldmäusen im Frühjahr maßgeblich auch durch die Temperatur und durch die Sonnenscheindauer im Dezember bestimmt. Ebenso fanden wir einen Einfluss von an den Golfstrom gekoppelten globalen Klimavariablen auf die Entwicklung der Feldmausabundanz. Beispielsweise erklären der „East Atlantic Jet“ und das „East Atlantic Pattern“ kulturübergreifend die Varianz der Abundanz im Herbst. Generell konnten durch die CART Analysen Wetterkonstellationen identifiziert werden, bei denen Feldmaus-Massenvermehrungen sehr unwahrscheinlich sind. Weiterer Forschungsbedarf besteht u.a. noch zur Klärung von geringen Dichten bei vermeintlich, für Massenvermehrung günstigen Wetterkonstellationen. Mit der aktuellen Version des Modells lässt sich in etwa 70% der Fälle korrekt vorhersagen, ob es zu einer Massenvermehrung kommt. Um den Prognoseerfolg zu erhöhen sollen im nächsten

Schritt weitere potentielle Einflussfaktoren, wie Feldmausdichten der Vorjahre und einzelne Extrem-Wetterereignisse in die Analysen einbezogen werden.

(DPG AK Wirbeltiere)

3) Nachhaltige Maßnahmen gegen Schermäuse: Die vergrämende Wirkung sekundärer Pflanzenstoffe auf *Arvicola amphibius*

Daniela FISCHER¹, Jens JACOB¹, Andreas PROKOP²

¹Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Institut für Pflanzenschutz in Gartenbau und Forst – Wirbeltierforschung, Toppeideweg 88, 48161 Münster

²W. Neudorff GmbH KG, An der Mühle 3, 31860 Emmerthal
E-Mail: daniela.fischer@jki.bund.de

Schermäuse stellen ein enormes Pflanzenschutzproblem im Obst- und Gartenbau dar. Auf diesem Sachverhalt basierend soll in einem Gemeinschaftsprojekt des Julius Kühn-Instituts (JKI) und der Firma Neudorff GmbH KG ein integriertes Pflanzenschutzverfahren entwickelt und zur Praxisreife gebracht werden. Hierfür sollen zur Abwehr und Vertreibung der Schermaus von Kulturflächen Repellentien auf Basis sekundärer Pflanzenstoffe entwickelt werden. Das Endprodukt muss anwenderfreundlich, umweltschonend und toxikologisch unbedenklich sein. Zudem sollen die Ausgangspflanzen zur Gewinnung der Substanzen problemlos erhältlich und kostengünstig sein. Ein wirkungsvolles Vergrämungsmittel könnte in der Zukunft nicht nur Schäden reduzieren, sondern auch den Einsatz von Schlagfallen und Rodentiziden deutlich minimieren. Ferner könnten dadurch die Risiken für Nichtzielorganismen verringert werden.

Im Projekt werden Schermäuse mit verschiedenen sekundären Pflanzenstoffen konfrontiert, um deren Effekt auf die Tiere zu ermitteln. Zum Einsatz kommen Stoffe, die geschmacklich und geruchlich repellierend auf die Schermäuse wirken sollen.

Um geeignete Geschmacksrepellentien zu finden, wurden den Tieren in einem systematischen Screening diverse pflanzliche Stoffe angeboten. Die Substanzen wurden auf Apfelreiser (größengenormte Apfelzweige) aufgebracht und den Schermäusen im Laborversuch angeboten. Der Grad der Benagung der behandelten Reiser wurde mit unbehandelten Kontrollreisern verglichen. Es wurden 2 Stoffe gefunden, die eine abwehrende Wirkung zeigen. Diese konnten hinsichtlich ihrer Konzentration optimiert werden. Derzeit werden verschiedene Applikationsformen überprüft, um Witterungseinflüsse zu vermeiden.

Die Analyse von Geruchsstoffen wurde mit Hilfe eines T-Labyrinthes (zweikammerige Versuchsapparatur) durchgeführt. Dabei wurde den Mäusen jeweils eine mit einem Pflanzenstoff „beduftete“ Testbox und eine „unbeduftete“ Kontrollbox zur Wahl gestellt. Substanzen galten als repellent, wenn die Testbox gemieden wurde. In dieser Versuchsreihe wurden 5 repellent wirkende pflanzliche Stoffe gefunden, deren Wirksamkeit aktuell in Freilandversuchen getestet wird.

(DPG AK Wirbeltiere)

4) Vole fences – pushing an old idea to a new ecological approach

Olaf FUELLING¹, Bernd WALTHER¹

¹Erminea GmbH, Mendelstraße 11, 48149 Muenster, Germany
E-Mail: info@erminea.com

Fences are among the oldest devices to keep wild animals out of agricultural areas. Nevertheless, fences to stop small animals like voles are a quite recent development. In the 1960 s vole fences have been experimentally used to protect orchards in North America but the idea never spread out. In the 1980 s and 1990 s the method was occasionally applied in Europe. After

the observation, that water vole (*Arvicola amphibius*) dispersal occurs above ground, usually in dark and rainy nights, simple vole fences have been tested to protect orchards in Switzerland. Practical field and laboratory experiments in Germany showed that the fences are indeed a useful tool to reduce the number of invading voles (*Microtus* and *Arvicola*).

Fences are not a measure to reduce vole numbers within orchards but a preventive tool to avoid such an infestation. Therefore they can minimise the efforts and costs of vole control not just in organic orchards but also in conventional fruit production. A growing demand for organic products as well as an increased awareness of environmental issues asks for such new methods.

Consequently the development of vole fences has not stopped at simple physical mesh wired barriers. In Switzerland wire fences have been combined with vole life traps which can be exploited by terrestrial vole predators. The most recent development of such a fence and trap combination was made in Germany. A double wall, H-shaped construction works as a physical barrier and trap for dispersing voles. It can be exploited by terrestrial and avian predators. The easy prey attracts the predators who start to patrol the fence regularly. As a consequence the orchard becomes protected by a physical fence and a natural guard. These guarding predators will not just take the trapped voles from the fence but also hunt voles in the vicinity of the device. The structure is easy to assemble and maintain. The smart combination of man made barrier and natural predator-prey interaction can be the next step of vole management in orchards.

(DPG AK Wirbeltiere)

5) Nachteilige Effekte einer Resistenz-vermittelnden Mutation auf die Fitness von Wanderratten

Jens JACOB¹, Stefan ENDEPOLS², Hans-Joachim PELZ¹, Ching-Hei YEUNG³, Trevor COOPER³, Klaus REDMANN³

¹Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Institut für Pflanzenschutz in Gartenbau und Forst – Wirbeltierforschung, Toppeideweg 88, 48161 Münster

²Bayer CropScience AG, Environmental Science, Development Professional Pest Control/Vector Control, Rodenticide-Laboratory, Alfred-Nobel-Str. 50, 40789 Monheim, Germany

³Westfälische Wilhelms-Universität Münster, Universitätsklinikum Münster, Institut für Reproduktionsmedizin, Domagkstraße 11, 48149 Münster
E-Mail: jens.jacob@jki.bund.de

Rodentizidresistenz kann bei der Bekämpfung von Wanderratten problematisch sein, wenn mangelnder Bekämpfungserfolg die Tilgung des Befalls verhindert. Bestimmte Punktmutationen im VKORC1 Gen wie z.B. Tyr139Cys in westfälischen Wanderratten sind genetisch eng mit dem Auftreten der Rodentizidresistenz verbunden. Diese Mutationen könnten aber auch die Ursache nachteiliger Effekte wie beispielsweise verringerter Reproduktionsleistung und erhöhtem Vitamin-K-Bedarf sein und dadurch zu Fitnesskosten führen. In den hier dargestellten Versuchen erfolgte ein Vergleich der Gonadenentwicklung bei männlichen Wanderratten sowie des Reproduktionserfolgs und des Vitamin-K-Bedarf zwischen Bromadiolon resistenten (Mutation Y139C) und empfindlichen Wanderratten. Das Hodenwachstum homozygot resistenter Männchen war gegenüber empfindlichen Laborratten verlangsamt, so dass bei einem Alter von 68 Tagen die Hoden sensitiver Individuen etwa 10% größer waren als bei resistenten Tieren. Dieser Effekt nivellierte sich jedoch, wenn das Hodenvolumen auf das Körpergewicht bezogen wurde. Wurden empfindliche Elterntiere verpaart, war die Wurfgröße etwa 30% höher als bei der Verpaarung resistenter Elterntiere. Die Wurfgröße bei Verpaarungen resistenter und empfindlicher Ratten war intermediär. Bei Vitamin-K-Mangelernährung war

die Blutgerinnungszeit homozygot resistenter Tiere gegenüber heterozygot resistenten und empfindlichen Individuen herabgesetzt. Der Vitamin-K-Mangel führte unabhängig vom Resistenzstatus aber abhängig von der Dauer der Mangelernährung zu einer Reduktion der Zahl schwimmfähiger Spermien sowie der runden haploiden Zellen, der diploiden Zellen und der tetraploiden Zellen in der Spermatogenese (1C, 2C, 4C). Pathologisch verringerte Blutgerinnungszeiten (INR>5) traten zuerst bei homozygot resistenten Männchen (100% der Tiere) und später bei Weibchen (80% der Tiere) auf, während davon nur 20% der heterozygot resistenten Männchen betroffen waren. Bei heterozygoten Weibchen und bei sensitiven Weibchen und Männchen wurde keine verlangsamte Blutgerinnung bei Vitamin-K-Mangel festgestellt. Die Ergebnisse zeigen, dass der Vitamin-K-Bedarf westfälischer resistenter Ratten erhöht ist und dass es möglicherweise zu nachteiligen Effekten auf den Reproduktionserfolg kommt. Damit stehen dem Selektionsvorteil durch die Rodentizidresistenz Nachteile gegenüber, deren relative Bedeutung für die Fitness quantifiziert werden muss, um Resistenzentwicklung und -ausbreitung besser zu verstehen.

(DPG AK Wirbeltiere)

6) Feldmausprojekt Sachsen-Anhalt

Jens EGGERT¹, Klaus RICHTER¹, Christian WOLFF²

¹HS Anhalt (FH), FB LOEL, Strenzfelder Allee 28, 06406 Bernburg, Deutschland

²LLFG Sachsen-Anhalt, Dezernat Pflanzenschutz, Strenzfelder Allee 22, 06406 Bernburg

E-Mail: j.eggert@loel.hs-anhalt.de

Projekt im Land Sachsen-Anhalt „Acker- und Pflanzenbauliche Einflussfaktoren und differenzierte Möglichkeiten der Einflussnahme auf den Feldmausbesatz“

Infolge des besonders in den Jahren 2005 bis 2007 regional sehr starken Auftretens der Feldmaus (*Microtus arvalis*) kam es im Acker- und Pflanzenbau des Mitteldeutschen Trockengebietes zu vermehrten Gradationen, die erheblich unter den bisher zu verzeichnenden Intervallen lagen. Vornehmlich in den bekannten Befallsgebieten Sachsen-Anhalts, aber auch darüber hinaus, verursachten die Feldmäuse einen hohen wirtschaftlichen Schaden in den Mähdruschkulturen. Für die betroffenen landwirtschaftlichen Unternehmen wurde die Feldmaus zu einem existenziellen Problem, da der Einsatz von Rodentiziden zunehmend mit Auflagen eingeschränkt bzw. untersagt wurde. Dieser Sachstand wird sich in seiner Auswirkung für die Landwirtschaft noch weiter verschärfen. In Auswertung der bisher vorliegenden Erkenntnisse und der zu erwartenden Entwicklungen wurde zwischen dem Ministerium für Landwirtschaft und Umwelt Sachsen-Anhalt (MLU), der Hochschule Anhalt (FH) und der Landesanstalt für Landwirtschaft, Forsten und Gartenbau Sachsen-Anhalt (LLFG) unter Mitwirkung betroffener landwirtschaftlicher Betriebe und des Landesbauernverbandes (LBV) die Erarbeitung von Handlungsempfehlungen in Form eines Praxisleitfadens zur Vermeidung von Feldmausgradationen vereinbart. Im Rahmen eines gemeinsamen Projektvorhabens, erfolgen Untersuchungen und Bewertungen sowie die Erarbeitung von Empfehlungen für die Praxis.

Projektziele sind unter anderem

- die Eingrenzung der Befallsregionen in Sachsen-Anhalt und die Ermittlung der Befallsstärke auf Befallsschlägen und auf Rückzugsflächen durch ein intensives Monitoringprogramm zum Feldmausauftreten
- der Nachweis von Zusammenhängen zwischen der betrieblichen Anbaustruktur und dem Befall mit Feldmäusen
- der Nachweis der Wirksamkeit und der Wirtschaftlichkeit Maßnahmen des Populationsmanagements auf Kulturland und Nichtkulturland

Das durch Forschungsmittel des Ministeriums für Landwirtschaft und Umwelt des Landes Sachsen-Anhalt finanzierte Projekt hat eine Laufzeit bis Ende 2009 und soll mit einem Folgeprojekt im Jahr 2010 fortgesetzt werden.

(DPG AK Wirbeltiere)

7) Resistenztests und Feldversuche mit Difencoum an Wanderratten mit der Tyr139Cys Variante der Vitamin K-Epoxidreduktase

Nicole KLEMMANN¹, Stefan ENDEPOL², Alan BUCKLE³

¹Spillenweg 3, 48231 Warendorf

²Bayer CropScience, Monheim

³University of Reading, U.K.

E-Mail: nicole.klemann@t-online.de

Resistenz gegen Warfarin ist bei Ratten auf Landwirtschaftsbetrieben im Münsterland verbreitet und durch die Tyr139Cys Variante im VKORC1 Gen gekennzeichnet. Mit der hier vorgestellten Studie sollte der Grad der Toleranz für den Wirkstoff Difencoum untersucht und in Beziehung zum VKORC1 Genotyp sowie zum Bekämpfungserfolg gesetzt werden. Mittels Blutgerinnungstest (BCR-Test) wurde auf zwei Betrieben der Resistenzfaktor und die Inzidenz für den Wirkstoff Difencoum bestimmt. Gewebeprobe wurden auf den VKORC1 Genotyp Tyr139Cys untersucht. Anschließend wurden standardisierte Feldversuche mit Difencoum durchgeführt. Der Resistenzfaktor im BCR-Test lag in beiden Versuchen bei oder leicht über 2,5, der Anteil Difencoum-resistenter Ratten wurde auf 40% prognostiziert. 70% der Ratten waren Genotyp Tyr139Cys. In der 5-wöchigen Bekämpfung wurde im ersten Feldversuch nach 28 kg Köderaufnahme (7 kg pre-baiting census) ein Bekämpfungserfolg von 86,7% erzielt. Im zweiten Versuch wurden 7,4 kg Köder aufgenommen (1,6 kg pre-baiting census) und 60,1% der Ratten bekämpft. Im ersten Versuch war der Bekämpfungserfolg höher als nach dem BCR-Test zu erwarten war, im zweiten Versuch entsprach er dem Testergebnis. Geringer war die Übereinstimmung der individuellen BCR-Testergebnisse mit der Genotypisierung. Die für Tyr139Cys heterozygoten Tiere und etwa die Hälfte der homozygoten Tiere erwiesen sich als empfindlich für Difencoum im BCR-Test. Neben starker individueller Unterschiede scheint die Toleranz für Difencoum von einem oder mehreren Faktoren, die vom VKORC1 Genotyp unabhängig sind, beeinflusst zu werden. Die Studie ist Teil eines Forschungsprogramms des Rodenticide Resistance Action Committee (RRAC) von CropLife International.

(DPG AK Wirbeltiere)

8) Adaptive Introgression von Rodentizidtoleranz bei Hausmausarten

Michael H. KOHN¹, Ying SONG¹, Stefan ENDEPOL²

¹Department of Ecology and Evolutionary Biology, Rice University, Houston, Texas 77005, USA

²Bayer CropScience AG, ES-PDRA, Alfred-Nobel-Str. 50, 40789 Monheim
Contact: Stefan.Endepols@bayercropscience.com

Bei der Hausmaus in Deutschland (*Mus musculus domesticus*) treten zahlreiche Polymorphismen des Gens für die Vitamin K-Epoxidreduktase (VKORC1) auf, auch für den Austausch mehrerer Aminosäuren. Ein solcher Stamm wurde phänotypisch und genotypisch charakterisiert. Die Ergebnisse lassen den Schluss zu, dass es in der jüngeren Vergangenheit zu einer adaptiven Introgression bestimmter Gensequenzen in das Genom des untersuchten Stammes von *M. m. domesticus* gekommen ist. Es wird der selektive Vorteil dieser Introgression, der in einer erhöhten Toleranz für Cumarine besteht, in Beziehung

zur reproduktiven Isolierung der ersten Hybridgenerationen diskutiert, sowie ein Bild der Ausbreitung gezeichnet.

(DPG AK Wirbeltiere)

9) Bedeutung des Nutria (*Myocastor coypus*) als Pflanzenschädling, Lästling und Streitobjekt – ein Situationsbericht

Manfred LEHMANN¹, Bernd WALTHER², Olaf FÜLLING²

¹LVLF - Pflanzenschutzdienst, Dienststz Cottbus, Vom-Stein-Straße 38, 03050 Cottbus, Deutschland

²Erminea GmbH, Mendelstraße 11, 49149 Münster, Deutschland
E-Mail: manfred.lehmann@lvlf.brandenburg.de

Erste Beobachtung von Nutria (Biberratten, Ferkelratten oder Sumpfbiber - *Myocastor coypus*) in Brandenburg gelang Lehmann 1961 bei Luckenwalde: mit Sicherheit ein Farmflüchtling aus einer der seit Anfang des 20. Jahrhunderts existierenden Pelztierhaltungen.

Nach 1991 wegen wirtschaftlicher Turbulenzen aus Pelztierfarmen entlassene Nutria entwickeln sich vor allem in der Stadt Cottbus zu einem Pflanzenschutzproblem. Neben eindeutigen Schäden am Pflanzenbewuchs der Ufer von Gewässern, einer Zerstörung der Gewässer begleitenden Pflanzendecke in der Innenstadt und im Park Branitz verursachen die halbzahmen Tiere Ordnungsprobleme in Form gelegentlicher Angriffe auf Menschen, Schäden an Ufer- und Deichanlagen sowie als mögliche Überträger von Zoonosen wie Hanta-Virus, Leptospirose u.a. potenziellen Hygieneproblemen. Die Fütterungsstellen wurden sehr stark von Wanderratten aufgesucht. Konfliktstoff ergab sich vor allem durch das Engagement von Tierfreunden und Tiereschützern und den Zuständigkeiten der tangierten Behörden. Der Konflikt wurde durch lokale Medien und Verbände verstärkt.

Im Park Branitz (UNESCO Weltkulturerbe 1811 bis 1870 gestalteter englischer Landschaftspark des Fürsten Hermann von PÜCKLER-MUSKAU) zerstörte die ansässige Nutria-Population von ca. 30 Tieren einen Teil der landschaftsarchitektonischen Anlagen. Die Schäden entstanden durch das Anlegen von Ausstiegen und Wanderwegen, das Graben von Bauen und deren Einbrechen, Beweidung des Flächen- und Uferbewuchses mit anschließender Bemistung sowie Nageschäden und Schältschäden an den Ufergehölzen.

Gegenmaßnahmen wurden im Frühjahr/Sommer 2008 vom Dienstleistungsunternehmen "Erminea" Münster organisiert unter Integration der Bisam-Fänger des Wasser- und Bodenverbandes, deren Wirken unmittelbar gestartet wurden. Ergänzt wurde die Aktion durch das Auffinden und die Empfehlung zum Verschließen der Zuwanderungswege.

Als Effekt war für ca. ein Jahr eine Besatzfreiheit innerhalb des Parks erreicht worden. Durch inkonsequente Unterbindung der Zuwanderung kam es Mitte des Folgejahres zur Neubesiedlung mit zwei Tieren.

Die weitere Expansion dieses Großnagers stellt den Erfolg von Landschaftsgestaltungs- und Renaturierungsaktionen in Verbindung mit Wasserbauten in Frage.

(DPG AK Wirbeltiere)

10) Ausbreitungsdynamik von Feldmäusen: Untersuchungskonzept und erste Ergebnisse

Angela LEUKERS¹, Jens JACOB¹

¹Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Institut für Pflanzenschutz in Gartenbau und Forst – Wirbeltierforschung, Toppheideweg 88, 48161 Münster
E-Mail: angela.leukers@jki.bund.de

Feldmäuse (*Microtus arvalis*) sind ein wichtiger Bestandteil der heimischen Tierwelt, können aber bei sehr hoher Abundanz

Schäden in der Land- und Forstwirtschaft hervorrufen. Die Regulierung von Nagetierpopulationen erfolgt meist durch chemische Rodentizide, die ein Risiko für Nicht-Zielarten sein können. Bei ihrer Anwendung werden freie Habitate geschaffen, die schnell wieder besiedelt werden können. Auch Alternativen zur Anwendung von Rodentiziden können mit Naturschutzinteressen kollidieren, wie z.B. kurze Vegetation an Ackerrändern oder tiefgründige Bodenbearbeitung. Wenn es gelingt, die Feldmäuse rechtzeitig an der Ausbreitung zu hindern, könnten sich Gegenmaßnahmen auf sehr kleine Areale (Refugien, Grenzflächen) beschränken. Feldmäuse können sich von Refugien (z.B. Ackerrandstreifen) auf Ackerflächen ausbreiten, es ist jedoch weitgehend unbekannt, wie die Ausbreitungsprozesse bei dieser Source-Sink-Dynamik gesteuert werden. Deshalb soll untersucht werden, welche Umweltfaktoren den Dispersionsdruck beeinflussen und welchem Verteilungsmuster die Ausbreitung auf dem Acker folgt.

Gelingt es, die Einwanderung der Tiere von Refugien in Ackerflächen hinein zu mindern, könnten massiver Befall und resultierende Pflanzenschäden verringert werden. Gegenmaßnahmen könnten räumlich und zeitlich gezielter und damit ökologisch und ökonomisch effektiver erfolgen. Das Ziel des von der Deutschen Bundesstiftung Umwelt geförderten Projektes ist deshalb die Entwicklung geeigneter Methoden zum Management von Feldmäusen auf Grundlage der Erkenntnisse zur Ausbreitungsdynamik.

Die Untersuchungen finden zwischen Magdeburg und Halle statt. Als experimentelles, reproduzierbares Untersuchungsdesign dienen die kreisförmigen Grünlandflächen von Windkraftanlagen, von denen aus angrenzende Ackerflächen besiedelt werden. Parallel wird der Dispersionsdruck vom Refugium auf den Acker (Fang-Wiederfang, Aufnahme der Umweltparameter) ermittelt und die räumlich-zeitliche Ausbreitung der Feldmäuse untersucht (Luftbilder, ArcGis, Telemetry, DNA-Analyse). Auf Grundlage dieser Daten sollen geeignete Management-Methoden (Barrierezäune und -furchen, Fangwannen, Rodentizide) getestet werden.

(DPG AK Wirbeltiere)

11) Perspektiven bei der physikalischen Vergrämung von Schermäusen

Th. MENKE¹, A. PROKOP¹, J. JACOB²

¹Firma Neudorff GmbH KG, An der Mühle 3, 31860 Emmerthal

²Julius Kühn Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Institut für Pflanzenschutz in Gartenbau und Forst – Wirbeltierforschung, Toppheideweg 88, 48161 Münster
E-Mail: thorsten.menke@jki.bund.de

Die Schermaus (*Arvicola amphibius*, vormalig *Arvicola terrestris*) ist als Schädner bekannt, der landwirtschaftliche- und kleingärtnerisch genutzte Flächen befällt. Dort sind die Schäden mitunter beträchtlich und werden oft erst zu spät erkannt, um präventiv eingreifen zu können. Herkömmliche Methoden zur Bekämpfung der Schermaus sind die Anwendung von Giften und Tötungsfallen mit all ihren Vor- und Nachteilen. Alternativ können Lebendfallen genutzt werden. Vergrämungsgeräte, die ebenfalls für den Kleingärtner am Markt bereitgehalten werden, erwiesen sich in wissenschaftlichen Untersuchungen als nicht wirksam. Deshalb soll in diesem Projekt besonders für den Kleingartenbereich eine Methode entwickelt werden, die einerseits artspezifisch wirkt und andererseits die Individuen nicht tötet. Solche Verfahren dürften auch über den Kleingartenbereich hinaus, z.B. für den ökologischen Anbau von Interesse sein. In den vergangenen zwei Jahren wurden dazu verschiedene Ansätze wissenschaftlich untersucht, wobei das Augenmerk auf der späteren praktischen Anwendung mit Hilfe

von technischen Geräten lag. Die bisherigen Laborergebnisse mit zwei verschiedenen physikalischen Ansätzen werden dabei positiv beurteilt. In einem Fall mussten bei der Umsetzung in ein technisches Gerät für das Freiland jedoch umfangreichere Analysen nachgeschaltet werden, weil erste Gehegeversuche keine hinreichende Wirksamkeit zeigten. Im anderen Fall konnten die Laborergebnisse in ein erstes technisches Gerät umgesetzt und die Ergebnisse aus dem Labor auch in Gehegeversuchen erfolgreich reproduziert werden. Hier erfordert der nächste Schritt die Untersuchung der Methode bei praxisrelevanten Populationsdichten. Gleichzeitig wird ein praxistauglicher und marktwirtschaftlicher Prototyp erstellt, der im kommenden Jahr in Gehegeuntersuchungen und im Freiland auf seine Wirksamkeit bei der Vergrämung von Schermäusen überprüft werden soll.

(DPG AK Wirbeltiere)

12) Einfluss von Geländeparametern auf das Risiko von Massenvermehrungen durch die Feldmaus (*Microtus arvalis*)

Anja PETRI¹, F. Benjamin BLANK², Jens JACOB³, Alexandra ESTHER³

¹Universität Münster, Institut für Landschaftsökologie, Robert-Koch-Str. 26-28, 48169 Münster

²Justus-Liebig-Universität Gießen, Institut für Landschaftsökologie und Ressourcenmanagement, Heinrich-Buff-Ring 26, 35392 Gießen

³Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Institut für Pflanzenschutz in Gartenbau und Forst – Wirbeltierforschung, Toppeheideweg 88, 48161 Münster

E-Mail: alexandra.esther@jki.bund.de

Massenvermehrungen von Feldmäusen führen in Deutschland zu hohen wirtschaftlichen Verlusten in Land- und Forstwirtschaft. Doch nicht alle Regionen Deutschlands sind gleichermaßen betroffen. Auf regionaler Ebene zeigen sich deutliche Unterschiede für das Risiko einer Massenvermehrung. Vermutet wird, dass neben Wetterverhältnissen, die Geländeparameter das Risiko einer Massenvermehrung bestimmen. In der Literatur werden Bodentyp, Bodentextur, Topographie, Feldkapazität und Staunässe als mögliche Parameter diskutiert. In der hier vorgestellten Studie wurde untersucht, ob diese Geländeparameter das Risiko von Massenvermehrungen erklären können. Dafür standen Zeitreihen aus den Jahren 1972-2008 zur Populationsdynamik von Feldmäusen aus Brandenburg, Sachsen-Anhalt, Thüringen und Mecklenburg-Vorpommern zur Verfügung. Mit einem Geographischen Informationssystem (ArcGIS) wurden die standortspezifischen Parameter ermittelt. Die Bodenkarte BÜK1000 sowie ein digitales Geländemodell (SRTM) bildeten die Basis dafür. Als Ergebnis einer CART-Analyse (classification and regression trees) zeigte sich deutlich, dass die Höhe über dem Meeresspiegel, der Bodentyp und die Wasserleitfähigkeit (kf) zur Erklärung des Risikos von Massenvermehrungen herangezogen werden können. Die Gebiete mit hohem Risiko liegen höher als 89 m N.N., haben ein Flächenanteil an Tschernosemen (Schwarzerden) von mehr als 70% und einen Flächenanteil von mehr als 45% an Böden mit kf-Werten zwischen 10 und 100 cm/d. Die Ergebnisse ermöglichen das Risiko für Massenvermehrungen auf einer Skala mit einer räumlichen Auflösung von 80 km² in den untersuchten Bundesländern abzuleiten. Dies geschieht anhand von topographischen und pedologischen Gebietseigenschaften. Neben den Geländeparametern hat letztlich auch das Witterungsgeschehen einen deutlichen Einfluss auf Risiko eines Massenbefalls durch *Microtus arvalis*. Es soll daher im Weiteren neben den Geländeparametern in die Risikoabschätzungen mit einbezogen werden.

(DPG AK Wirbeltiere)

13) Feldmausköder – Wirtschaftlichkeit

Rolf BARTEN¹

¹61250 Usingen, Uhlandstr. 15

E-Mail: rolf.barten@t-online.de

Feldmäuse verursachen in Gradationsjahren in landwirtschaftlichen Kulturen nachgewiesene Ernteverluste (belegt durch Aufzeichnungen mehrerer Agrargenossenschaften) in Höhe von mehreren 100 Mill. € beim Landwirt. Die Stärke der Peaks scheint sich aus unterschiedlichen Gründen zu erhöhen (Bodenbearbeitung, Klima, Wegfall der Brache usw.). Die am stärksten betroffenen Kulturen sind Raps und Getreide, aber auch Zuckerrüben, Gemüse- und Obstkulturen und Grünland. Es werden nur ca. 2% der landwirtschaftlichen Fläche von Feldmäusen stark befallen. Die Gradationen der Feldmäuse laufen heute in 2 bis 4 jährigen Abständen in ganz Deutschland ab, Schwerpunktgebiete sind aber nach wie vor Sachsen-Anhalt, Thüringen, Sachsen, aber auch Nordbayern, Westfalen und Niedersachsen. Die aus den Ernteverlusten resultierenden volkswirtschaftlichen Verluste bei der Erzeugung von Mehl und Backwaren können in die Milliarden € gehen, bei Biodiesel mehr als 100 Mill. €.

Die Bekämpfung der Feldmäuse, die mehr als 40 Jahre ohne Probleme für Mensch und Umwelt erfolgte, ist seit 2007 stark eingeschränkt, da nur noch eine verdeckte Ausbringung der Köder zugelassen ist, obwohl der gesamte deutsche Pflanzenschutzdienst sowie das Julius Kühn-Institut (JKI) und das Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR) sich für das Streuen der Feldmausköders aussprachen. Bei einer entsprechenden Feldmauskalamität ist allerdings nur eine Streubehandlung innerhalb von kürzester Zeit sinnvoll.

Neben der direkten Bekämpfung mittels Rodentiziden stehen den Landwirten keine wirtschaftlichen Alternativen zur Verfügung. Die verdeckte Ausbringung der Köder ist wirtschaftlich (Kostenfaktor Maschine zu Handarbeit 1:23) und praktisch zeitgerecht (Faktor 1:100) nicht durchzuführen. Vorgaben der EU zur Erzeugung von Biodiesel und Ethanol in den nächsten Jahren sind nicht einzuhalten.

(DPG AK Wirbeltiere)

14) Netzwerk „Nagetier-übertragene Pathogene“ in Deutschland: Molekulare Epidemiologie von Hantavirus- und *Leptospira*-Infektionen in Nagetierwirten

Rainer G. ULRICH¹, Mathias SCHLEGEL¹, Jens JACOB², Jonas SCHMIDT-CHANASITZ³, Boris KLEMPA⁴, Martin H. GROSCHUP¹, Detlev H. KRÜGER⁵, Angelika DRAEGER⁶, Sandra S. ESSBAUER⁷, Karsten NÖCKLER⁶

¹Friedrich-Loeffler-Institut, Greifswald-Insel Riems

²Julius Kühn-Institut, Münster

³Bernhard-Nocht-Institut für Tropenmedizin, Hamburg

⁴Institute of Virology, Bratislava, Slovakia

⁵Institut für Virologie, Charité, Berlin

⁶Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin

⁷Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr, München

E-Mail: rainer.ulrich@fli.bund.de

Nagetiere sind bedeutende Reservoirs für eine große Zahl von Zoonoseerregern mit einer direkten oder Vektor-vermittelten Übertragung auf den Menschen, wie Hantaviren, *Leptospira* spp., *Borrelia* spp. und Frühsommer-Meningo-Enzephalitis-Virus. Die Kenntnis der geografischen Verbreitung und molekularen Evolution von Nagetier-übertragenen Erregern sowie der Gründe für Häufungen humaner Infektionen ist sehr begrenzt. Aus diesem Grund wurde das Netzwerk „Nagetier-übertragene Pathogene“ initiiert, das eine synergistische Zusammenarbeit von Arbeitsgruppen aus der Nagetier- und Zoonoseerregerefor-

schung erlaubt. Im Rahmen des Netzwerkes wurden bisher mehr als 7000 wildlebende und kommensale Nagetiere aus 14 Bundesländern gesammelt. In Rötelmäusen (*Myodes glareolus*), die in Hantavirus-Endemiegebieten in Süd- und Westdeutschland gefangen worden sind, wurde eine hohe *Puumalavirus* (PUUV)-Prävalenz von bis zu 60% beobachtet. Initiale Longitudinalstudien in der Stadt Köln und in einer ländlichen Region nahe Osnabrück zeigten in den Rötelmaus-Populationen eine stabile PUUV-Durchseuchung. Die Brandmaus (*Apodemus agrarius*) wurde in Nord- und Nordostdeutschland als Reservoirwirt des *Dobrava-Belgrad-Virus* identifiziert. *Tulavirus* wurde in Brandenburg und Niedersachsen erstmalig in zwei sympatrisch vorkommenden *Microtus*-Arten (*Microtus arvalis*, *M. agrestis*) gefunden. Eine *Leptospira*-PCR-Analyse von 332 Nierenproben von Nagetieren und anderen Kleinsäugetieren resultierte im Nachweis von 67 positiven Proben aus sieben Bundesländern mit einer durchschnittlichen Prävalenz von 24%. Zusammenfassend haben unsere bisherigen Untersuchungen ein überraschend weites geografisches Vorkommen von verschiedenen Hantavirus- und *Leptospira*-Arten in Nagetieren aus Deutschland gezeigt. Die begonnenen Longitudinalstudien werden Schlussfolgerungen zur molekularen Evolution von Hantaviren und anderen Nagetier-assoziierten Erregern und zu Veränderungen in deren Häufigkeit und Verbreitung in Reservoirwirten ermöglichen. Diese Untersuchungen werden zukünftig eine verbesserte Risikoabschätzung für die Gefährdung der Bevölkerung ermöglichen.

(DPG AK Wirbeltiere)

15) Verhalten von Bisamen beim Fallenfang – Aversionstests und Stressreaktion

Ewelina UTRATA¹, Angela LEUKERS², Pia JANDEWERTH², Hans-Joachim PELZ², Jens JACOB²

¹Department Biologie, Universität Hamburg,
Martin-Luther-King-Platz 2, 20146 Hamburg

²Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Institut für Pflanzenschutz in Gartenbau und Forst – Wirbeltierforschung, Toppeideweg 88, 48161 Münster
E-Mail: jens.jacob@jki.bund.de

Bisame (*Ondatra zibethicus*) zählen zu den meistgejagten Nagetieren in Europa (500 000 Tiere pro Jahr), da sie durch ihre intensive Wühltätigkeit Schäden an Deichen und Fraßschäden verursachen. 80% der Bisame werden in Ertränkungsfallen gefangen. Aufgrund des internationalen Abkommens über tierschutzgerechte Fangnormen (AIHTS) wurde ein EU-Projekt zur Prüfung von Säugetierfallen unter Tierschutzgesichtspunkten ins Leben gerufen. Durch die Arbeitsgruppe Wirbeltierforschung des Julius Kühn-Instituts in Münster soll für den Bisam eine Einschätzung über die Erfüllung des AIHTS-Standards erfolgen. Aufgrund der semiaquatischen Lebensweise des Bisams ist unklar, wann Leid und Stress für das Tier in der Ertränkungsfalle beginnt. Vorhergehende Versuche zeigten, dass Beißen in das Fallengitter als Indikator für einsetzenden Stress gelten könnte. In den hier beschriebenen Versuchen sollte getestet werden, ob die Tiere Aversion gegenüber der Falle entwickeln, was ebenfalls als Indikator für Stress gilt. Außerdem sollte das Beißen in das Fallengitter als möglicher Beginn der Stresserfahrung näher untersucht werden.

Während des Versuches wurden die Latenzzeiten bis zum Abtauchen in die Falle sowie bis zum Beginn des Beißens in die Gitterstäbe der Fallen an aufeinander folgenden Versuchstagen gemessen. Der Beginn des Beißens und die Aktivität vor und nach Einsetzen des Beißens wurden mit der Aktivität in einer Lebendfalle verglichen. Durch die detaillierte Aufschlüsselung des Verhaltensrepertoires (Ethogramm) der Bisame konnte der Zusammenhang von Beißen in die Gitterstäbe der Ertränkungsfalle und

dem Einsetzen bzw. Vorhandensein von Stress aufgezeigt werden. Die Versuchsergebnisse zeigen, dass die Bisame eine deutliche Aversion gegen die Falle ausbildeten. Daraus ist zu schließen, dass die Tiere während des Aufenthalts in der Falle Stress ausgesetzt waren. Nun muss abschließend geklärt werden, wie sich diese und weitere Forschungsergebnisse für die Einschätzung von Tierschutzaspekten beim Bisamfang auswirken.

(DPG AK Wirbeltiere)

Mitteilungen und Nachrichten

Aus den Arbeitskreisen der Deutschen Phytomedizinischen Gesellschaft (DPG):

Bericht zum Jahrestreffen 2009 der Arbeitskreise „Mykologie“ und „Wirt-Parasit-Beziehungen“ der DPG

Das Jahrestreffen 2009 der Arbeitskreise „Mykologie“ und „Wirt-Parasit-Beziehungen“ der Deutschen Phytomedizinischen Gesellschaft e.V. fand am 26. und 27. März 2009 an der Technischen Universität Kaiserslautern statt. Gastgeber war Herr Professor Dr. Matthias HAHN, der das Treffen mit seinen Mitarbeitern hervorragend organisierte. Wie in den vergangenen Jahren wurde das Jahrestreffen der beiden Arbeitskreise in einer gemeinsamen Arbeitssitzung am ersten Tag und zwei getrennten Sitzungen am zweiten Tag durchgeführt. Insgesamt waren mehr als 90 Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler zum gemeinsamen Treffen nach Kaiserslautern gekommen. Der Nachwuchs war auch in diesem Jahr besonders stark vertreten. Während des Treffens wurden 39 Vorträge und 12 Poster präsentiert. Die Themen waren vielfältig und behandelten die Wirt- und Nicht-Wirt-Spezifität, Pilz-Epidemien, Fungizid-Resistenz, das pilzliche Sekretom bei der Infektion, Virulenz- und Pathogenitätsgene, pflanzliche Abwehr-Mechanismen, die Rolle pflanzlicher Abwehrgene, u.a.

Das nächste gemeinsame Jahrestreffen der Arbeitskreise „Wirt-Parasit-Beziehungen“ und „Mykologie“ wird am 25. und 26. März 2010 an der Universität Konstanz stattfinden.

2009 Report on the Annual Meeting of the Study Groups 'Host-Parasite Interactions' and 'Mycology'

This year's Annual Meeting of the Study Groups 'Host-Parasite Interactions' and 'Mycology' of the German Phytomedicine Society (Deutsche Phytomedizinische Gesellschaft e.V.) was held on March 26–27, 2009 at Kaiserslautern Technical University. The meeting was hosted and perfectly organized by Professor Dr. Matthias HAHN and his coworkers. As for years, the meeting was organized as a joint workshop with one combined and two separate sessions. In total, more than 90 senior and junior scientists attended the joint meeting presenting 39 lectures and 12 posters. They covered diverse topics such as host and non-host specificity, fungicide resistance, fungal epidemics, compounds secreted by phytopathogenic fungi during infection, virulence and pathogenicity genes, plant defense signaling, and the role of plant defense genes, to name just a few.

The next joint meeting of the Study Groups 'Host-Parasite Interactions' and 'Mycology' will be held at Konstanz University on March 25–26, 2010.

Alle Zusammenfassungen/Abstracts wurden in der Zeitschrift *Journal of Plant Diseases and Protection*, 116 (5), 2009, S. 223-239, publiziert (Ergänzung Schriftleitung).

AK-Leiter „Wirt-Parasit-Beziehungen“
Prof. Dr. Uwe CONRATH (Aachen)
AK-Leiterin „Mykologie“
Dr. Monika HEUPEL (Bonn)

Report on the Annual Meeting of the Study Groups ‘Host-Parasite Interactions’ and ‘Mycology’

This year’s Annual Meeting of the Study Groups ‘Host-Parasite Interactions’ and ‘Mycology’ of the German Phytomedicine Society (Deutsche Phytomedizinische Gesellschaft e. V.) was held on March 26-27, 2009 at Kaiserslautern Technical University. The meeting was hosted and perfectly organized by Professor Dr. Matthias Hahn and his coworkers. As for years, the meeting was organized as a joint workshop with one combined and two separate sessions. In total, more than 90 senior and junior scientists attended the joint meeting presenting 39 lectures and 12 posters. They covered diverse topics such as host and non-host specificity, fungicide resistance, fungal epidemics, compounds secreted by phytopathogenic fungi during infection, virulence and pathogenicity genes, plant defense signaling, and the role of plant defense genes, to name just a few. The next joint meeting of the Study Groups ‘Host-Parasite Interactions’ and ‘Mycology’ will be held at Konstanz University on March 25-26, 2010.

Professor Dr. Uwe Conrath
Dr. Monika Heupel

1 Study Group ‘Host-Parasite Interactions’

Analyses of conidial germination and penetration of *Botrytis cinerea* by video microscopy

Astrid Schamber, Michaela Leroch, Christine Peter,
Klaus Klug, Matthias Hahn

Department of Biology, University of Kaiserslautern,
Postbox 3049, 67663 Kaiserslautern
mleroch@rhrk.uni-kl.de

For *Botrytis cinerea* conidia, appropriate timing of germination and host surface sensing are critical steps during the early phase of pathogenic development. Germination efficiency is dependent on the quality of the surface below the conidium, as well as on the amount and quality of nutrients. Germ tube outgrowth is highly oriented in order to ensure rapid contact of the germ tube tip to the surface. By using light as well as video microscopy, behaviour of wild type and mutant spores during germination can be investigated. We observed for example a nutrient dependent swelling of the conidia before germination as well as significant differences in the swelling behaviour depending of the conidial size. The video microscopy also showed, that the adhesion of the germ tube tips is much stronger in comparison to conidial adhesion and that the growth-rate of the germtubes significantly alters when metabolism switches to appressoria formation. These general observations of germination and infection behaviour allows a detailed molecular and phenotypic dissection of the early infection process of *Botrytis cinerea* wild type and mutant strains.

Phosphoregulators mediate priming in *Arabidopsis*

Gerold Beckers¹, Michal Jaskiewicz¹, Yidong Liu²,
Shuqun Zhang², Anne Harzen³, Horst Roehrig⁴, Tom Colby³,
Juergen Schmidt³, Uwe Conrath¹

- 1 RWTH Aachen University, Institute of Plant Physiology/
Plant Biochemistry and Molecular Biology Group,
Worringerweg 1, 52074 Aachen, Germany
- 2 University of Missouri, Department of Biochemistry,
371G Life Sciences Center, Columbia, MO 65211, USA
- 3 Max Planck Institute for Plant Breeding Research,
Carl von Linne Weg 10, 50829 Cologne, Germany
- 4 Bonn University, Institute of Molecular Physiology of
Plants, Kirschallee 1, 53115 Bonn, Germany
beckers@bio3.rwth-aachen.de

In plants and animals acquired immunity to biotic and abiotic stress is associated with priming of cells for faster and stronger activation of defense responses. It has been hypothesized that cell priming involves accumulation of latent signaling components that are inactive until challenge exposure to stress. However, the identity of such signaling components has remained elusive. Using various chemical compounds or inoculation with avirulent bacterial pathogens, we have shown that induction of the primed state of *Arabidopsis thaliana*, requires accumulation of mRNA and inactive protein of mitogen-activated protein kinases (MPK) 3 and MPK6. Only upon challenge exposure to biotic or abiotic stress, MPK3/MPK6 enzymes were strongly activated in primed plants, resulting in enhanced defense gene expression and manifestation of acquired immunity. Strong elicitation of stress-induced MPK3/MPK6 activity is also seen in the constitutive priming mutant *edr1*, while it was attenuated in the priming-deficient *npr1* mutant. Moreover, priming of defense gene expression and acquired immunity were lost in *mpk3* and *mpk6* mutant plants. These findings unveiled for the first time that pre-stress deposition of the signaling components MPK3 and MPK6 is a critical step in priming plants for potentiated defense responses. In addition, we are conducting a proteome-wide analysis of phosphorylated target proteins to identify novel candidate proteins involved in the priming mechanism in *Arabidopsis*.

RAC/ROP GTPase signalling modulates plant pathogen interactions in *Arabidopsis*

Christina Huesmann, Caroline Höfle, Ralph Hüchelhoven

Technische Universität München, Lehrstuhl für Phytopathologie,
Am Hochanger 2, 85350 Freising/Weihenstephan, Germany
huesmann@wzw.tum.de

RAC/ROP-Proteins are a plant specific group of small GTPases that act as central molecular switches in many cellular processes. In monocots they were characterised as important factors in the plant pathogen interaction with the powdery mildew fungus *Blumeria graminis* f. sp. *hordei* (*Bgh*) and *Magnaporthe oryzae* but there exists only indirect evidence for a role of RAC/ROPs in pathogen interaction in dicots. For this reason we investigated the role of ROPs and newly identified ROP interacting proteins in interaction of *Arabidopsis thaliana* with the powdery mildew fungus *Golovinomyces orontii*, the necrotrophic fungus *Botrytis cinerea* B05.10 and the bacterial pathogen *Pseudomonas syringae* pv. *tomato* DC3000. More than 70 *Arabidopsis* overexpression or T-DNA insertion knock-out lines were genotyped and screened for aberrant pathogenesis phenotypes in interaction with the pathogens of different life style. Among these plants we found that 11 gen-

otypes showed enhanced susceptibility to distinct leaf pathogens. Data indicate an involvement of RAC/ROP GTPases in interaction of *Arabidopsis* with different pathogens.

Polyphenol oxidase family in dandelion – Role in pathogenesis and resistance?

Mareike E. Dirks, Anna Bückner, Carolin Richter, Bruno M. Moerschbacher

Westfälische Wilhelms-Universität Münster, Institut für Biochemie und Biotechnologie der Pflanzen, Hindenburgplatz 55, 48143 Münster, Germany
mareike.dirks@uni-muenster.de

Polyphenol oxidases (PPOs) oxidize *ortho*-diphenols to the resultant quinones and are widespread in animals, plants, fungi and even bacteria. In plants PPOs are mostly organized in gene families coding for different isoforms. As these are often localized in diverse tissues, expressed differently and vary in their biochemical properties, they most likely also differ in their particular function. Our recent research on PPO knock-down plants of dandelion (*Taraxacum officinale*) strongly indicated a particular role of one PPO-isoform named To-PPO2 in this plant's resistance in contrast to four other isoforms (To-PPO1 – 5). To further support this hypothesis we searched for more PPOs in dandelion via a PCR-based approach and thereby raised the number of known dandelion PPOs to twelve. Preliminary results on expression patterns of these PPOs in treated dandelion leaves checked using RT-PCR show only the To-*ppo2* gene to be induced by all infections or infestations analysed (*Botrytis cinerea*, *Pseudomonas syringae* pv. *tomato*, mildew and spider mites). In contrast To-*ppo6* gene was induced after treatment of plants with methyl jasmonate and spider mites, whereas expression of To-*ppo7* gene was negatively affected by any kind of infection or infestation. So far the other PPOs were either constitutively expressed in leaves, were only expressed in other tissues or the trigger for induction in leaves could not yet clearly be identified. While expression studies are still in progress, the first results give further indications that To-PPO2 plays a significant role in dandelion's disease resistance. The induction seems to be independent of jasmonate. Secondly, dandelion possesses an exceptionally high number of PPO-isoforms. The reason for this diversity, the degree of difference on functional, biochemical and structural level and further insights into possible functions of single PPO-isoforms will be investigated in additional studies.

Silicon-induced resistance against *Ralstonia solanacearum* in potato genotypes – phenotypic and biochemical analyses

Dritan Sadikaj, Kerstin Wydra

Institute of Plant Diseases and Plant Protection, Leibniz Universität Hannover, Herrenhäuser Str. 2, 30419 Hannover, Germany
wydra@ipp.uni-hannover.de

Treatment of potato genotypes Desirée, moderately resistant, Saxon, susceptible, and Estima, highly susceptible to bacterial wilt, with silicon in form of monosilicic acid and silicon dioxide identified potato as Si-non-accumulator (less than 0.13% Si in roots). Silicon treatment reduced disease severity and incidence in genotype Desirée by 35% and 25%, respectively, while for genotype Saxon the influence of silicon was variable, and no effect was observed in Estima. Probing cell walls of mid-stem xylem vessels with the anti-arabinogalactan protein (AGP) antibody LM2 revealed higher accumulation of AGPs due to *R. solanacearum* infection in genotype Desirée. The induction was stronger in the *R. solanacearum*-infected, sili-

con-amended treatment, whereas un-inoculated treatments showed no increased fluorescence. No differences were found in genotypes Saxon and Estima. Silicon amendment reduced the pathogen colonisation of roots and stems in the three genotypes. No significant differences in phenylalanine-ammonia-lyase (PAL) activity and soluble phenols were found across treatments in genotypes Desirée and Saxon. In genotype Saxon PAL activity was tendenciously suppressed in the *Ralstonia solanacearum* infected plants, regardless of the Si amendment and plant organ tested, root or stem. No significant differences were found between treatments and genotypes in PAL activity and total soluble phenols. The results of this study indicate that Si nutrition can induce some resistance mechanism in a non-accumulator plant species, in a genotype-dependent interaction, as we similarly observed in here not presented studies with eggplant and geranium.

Charakterisierung der Fitness von mit EGFP und DsRed markierten *Fusarium* spp.

Katharina Eiden¹, Stefan G.R. Wirsel², Erich-Christian Oerke¹, Ulrike Steiner¹, Holger Deising², Heinz-Wilhelm Dehne¹

- 1 Universität Bonn, INRES/Abteilung Pflanzenkrankheiten, Nussallee 9, 53115 Bonn, Deutschland
- 2 Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Pflanzenzüchtung und Pflanzenschutz, Ludwig-Wucherer-Str. 2, 06108 Halle (Saale), Deutschland
keiden1@uni-bonn.de

Fusarium-Arten, die zum Erregerkomplex der partiellen Taubährigkeit an Weizen gehören, unterscheiden sich in ihrer Aggressivität gegenüber den Getreidepflanzen. Treten mehrere *Fusarium*-Arten gleichzeitig auf, kann es zu Interaktionen zwischen den Pathogenen und mit der Wirtspflanze kommen. Isolate der zwei *Fusarium*-Arten *F. avenaceum* und *F. graminearum* wurden nach Protoplastierung des Myzels mit den Genen für die fluoreszierenden Proteinen EGFP und DsRed transformiert, um die artspezifischen Unterschiede im Infektionsprozeß der beiden Arten an Ähren und Blättern von Sommerweizenpflanzen zu differenzieren. Die Reportergene wurden sowohl in Myzelien und Konidien, die mit dem roten als auch in solchen, die mit dem grünen Protein markiert waren, exprimiert, und Fluoreszenz konnte detektiert werden. Zur Charakterisierung der Fitness der Transformanten im Vergleich mit den jeweiligen Wildtypen wurden Wachstums- und Sporulationstests durchgeführt. In weiteren Untersuchungen werden Inokulationsexperimente an Sommerweizenpflanzen durchgeführt.

Charakterisierung von Resistenzfaktoren der Zuckerrübe gegenüber *Cercospora beticola*

Elke Nitschke, Mark Varrelmann

Institut für Zuckerrübenforschung, Abteilung Phytomedizin, Holtenser Landstr. 77, 37079 Goettingen
nitschke@ifz-goettingen.de

Der Pilz *Cercospora beticola* verursacht die wirtschaftlich bedeutendste Blattkrankheit im europäischen Zuckerrübenanbau, die zu massiven Ertrags- und Qualitätseinbußen führen kann. Die Bekämpfung der Blattkrankheit erfolgt durch zum Teil mehrfache Fungizidapplikationen während der Vegetation sowie durch den Anbau teilresistenter Sorten, deren Resistenz auf 4-5 Genen basiert.

Ziel der Untersuchungen ist die phytopathologische Charakterisierung von Resistenzfaktoren der Zuckerrübe gegenüber *C. beticola* für die Anwendung in einer effizienten und reproduzierbaren Selektion cercosporaresistenter Zuckerrüben.

In Gewächshausversuchen wurde nach künstlicher Inokulation die Epidemiologie von *C. beticola* im Vergleich unterschiedlich anfälliger Linien untersucht. Dazu wurden 29 Zuckerrübenlinien aus drei verschiedenen genetischen Herkünften bezüglich ihrer Anfälligkeit gegenüber dem Pilz untersucht. Für die Charakterisierung des Pflanzenmaterials wurde die Befallsstärke beginnend mit dem ersten Auftreten von Läsionen 10 Tage nach Inokulation über einen Boniturzeitraum von 17 Tagen als epidemiologischer Parameter der Resistenzprägung erhoben. Basierend auf diesen Daten wurde als weiterer Resistenz-beschreibender Parameter die AUDPC berechnet. Das untersuchte ZR-Linienmaterial wies eine breite Streuung hinsichtlich der Anfälligkeit gegenüber *C. beticola* auf. In anfälligen Linien konnten Befallsstärken zwischen 60 und 80% erzielt werden, wohingegen die Befallsstärken resistenter Linien bei 5–20% lagen.

Zu Versuchsende wurden epidemiologische Parameter des Pilzes erhoben, um eine mögliche differenzielle Beeinflussung der Pilzepidemiologie in Abhängigkeit von den in den Zuckerrübenlinien unterschiedlich vorliegenden, die Resistenzprägung begründenden QTLs aufzeigen zu können. Dazu wurde die Läsionsdichte, mittlere Läsionsgröße, sowie die Konidienbildungsrate in den Läsionen bestimmt. Für den Parameter Läsionsdichte konnte eine positive Korrelation mit den Parametern Befallsstärke und AUDPC aufgezeigt werden. Die Parameter Läsionsgröße und Konidienbildungsrate wiesen eine hohe Varianz auf. Ihre Beziehung bezüglich der Anfälligkeit der Zuckerrübenlinien variierte in Abhängigkeit der genetischen Herkunft des untersuchten Pflanzenmaterials.

Für weitergehende Charakterisierungen der Wirt-Pathogen-Interaktion zwischen Zuckerrübe und *C. beticola* wurde ein *Cercospora*-Isolat mit einem fluoreszierenden Protein (DsRed) transformiert. Die daraus resultierenden Pilztransformaten wurden auf Stabilität und Pathogenität überprüft. Mit diesem DsRed-exprimierenden Isolat werden CLSM-Untersuchungen an anfälligen und resistenten Zuckerrübenlinien unterschiedlicher genetischer Herkunft, die in den Gewächshausuntersuchungen charakterisiert und als maximal differenzierendes Material identifiziert wurden, durchgeführt. Dabei sollen Unterschiede in der Wirtsbesiedlung und -ausbreitung aufgezeigt werden.

Funktionelle Charakterisierung von Pep1, einem sekretierten Effektorprotein des Maisbranderregers *Ustilago maydis*

Gunther Doehlemann, Christian Herrberger, Karina van der Linde, Daniela Assmann, Daniela Schwambach, Alexander Hof, Regine Kahmann

Abteilung für organismische Interaktionen, Max-Planck-Institut für terrestrische Mikrobiologie, 35043 Marburg
doehlemann@mpi-marburg.mpg.de

Der pathogene Basidiomycet *Ustilago maydis*, welcher zur Gruppe der Brandpilze zählt, ist ein biotropher Parasit seiner Wirtspflanze Mais. Die Kolonisierung des Wirtsgewebes wird durch die direkte Penetration von Kutikula und Zellwand der Epidermis initiiert. Bei der Penetration wird die pflanzliche Plasmamembran invaginiert, so dass die intrazellulär wachsenden Hyphen vollständig von dieser umschlossen sind. Das neuartige sekretierte Protein Pep1 wird spezifisch während der pathogenen Entwicklung von *U. maydis* exprimiert. Deletionsmutanten von *pep1* zeigen keinerlei Defekt während des saprophytischen Wachstums, sind in ihrer pathogenen Entwicklung jedoch unmittelbar nach der Penetration arretiert. Anstelle einer kompatiblen, biotrophen Interaktion kommt es im befallenen Gewebe zur Induktion zahlreicher Abwehrreaktionen. Mittels konfokaler Mikroskopie konnte gezeigt werden, dass Pep1 von intrazellulären Hyphen sekretiert wird und in der biotrophen Interaktionszone, besonders an Zell-Zell Passagen, akkumuliert.

Punktmutationen an den vier konservierten Cysteinresten führten zu einem vollständigen Funktionsverlust von Pep1, der darauf zurückzuführen ist, dass das mutierte Protein nicht mehr sekretiert werden kann. Dies lässt vermuten, dass die Ausbildung von Disulfid-Brücken für die korrekte Faltung des Proteins essentiell ist (DOEHLEMANN et al., 2009). Hauptziel unserer derzeitigen Untersuchungen ist es, die molekulare Funktion von Pep1 aufzuklären. Zum einen soll heterolog exprimiertes Pep1 kristallisiert werden, um die Tertiärstruktur des Proteins aufzuklären. Parallel dazu sollen mittels Co-Immunpräzipitation Interaktionspartner von Pep1 identifiziert werden, worüber wir uns Rückschlüsse auf die biologische Funktion des Effektors erhoffen. Ein zu *pep1* orthologes Gen wurde in *U. hordei* identifiziert und auch in diesem System werden Mutanten während der Penetration arretiert. Damit stellt Pep1 einen konservierten Effektor von Brandpilzen dar. Aufgrund der essentiellen Bedeutung von Pep1, erwarten wir durch die funktionelle Charakterisierung dieses Effektors ein besseres Verständnis von grundlegenden Mechanismen biotropher Pilz-Pflanzen Interaktionen.

References

DOEHLEMANN, G., K. VAN DER LINDE, D. ASSMANN, D. SCHWAMMBACH, A. HOF, A. MOTHAMBY, D. JACKSON and R. KAHMANN, 2009: Pep1, a secreted effector protein of *Ustilago maydis* is required for successful invasion of plant cells. PLoS Pathogens [in press]

The hidden secret of gene cluster 19A in *Sporisorium reilianum*

Hassan Ghareeb, Thomas Brefort, Elmar Meyer, Jan Schirawski

Max Planck Institute for terrestrial Microbiology, Karl-von-Frisch-Str., 35043 Marburg
ghareebh@mpi-marburg.mpg.de

Smut fungi are biotrophic plant pathogens that infect economically important hosts. Typical symptoms of a smut infection are the appearance of black spores usually in the plant inflorescence. *Ustilago maydis* and *Sporisorium reilianum* are two smut fungi that parasitize the same host, but cause species-specific symptoms, e.g., *U. maydis* leads to tumor development, whereas *S. reilianum* triggers phyllody and spore formation in the inflorescence as well as an increase in the number of ears per plant.

We recently sequenced the genomes of *U. maydis*, *S. reilianum* and *Ustilago hordei*, a barely pathogen. We used genome comparison to identify genes involved in symptom specificity determinants. Deletion of gene cluster 19A2 encoding four secreted proteins with low sequence conservation led to reduced virulence as well as a reduction in the number of ears per plant, indicating that this region carries symptom specificity determinants. To track the gene(s) responsible for the increase in the ear number, we have generated single gene deletions of each of the four genes of cluster 19A2. Our results suggest that symptom specificity of *S. reilianum* is determined by genes with low sequence conservation between closely related smut fungi.

Biochemical characterization of bacterial antagonists and their resistance inducing effect against bacterial wilt caused by *Ralstonia solanacearum* in tomato

Henok Kurabachew, Kerstin Wydra

Institute of Plant Diseases and Plant Protection, Leibniz Universität Hannover, Herrenhäuser Str. 2, 30419 Hannover, Germany
wydra@ipp.uni-hannover.de

Among 150 bacterial strains isolated from tomato and potato rhizosphere soil from Ethiopia, 15 showed antagonistic activity against *R. solanacearum* in *in vitro* tests. Strains were so far identified by fatty acid analysis as *Bacillus cereus* and *Pseudomonas putida* biotypes A and B, and characterized by colony morphology, oxidase and catalase test, gelatine liquefaction, levan formation, starch hydrolysis, carbohydrate utilization and growth at different salt concentrations. Key compounds of plant growth promoting (PGP) activity were tested by determination of the production of siderophores, indole-acetic acid and hydrogen cyanide and the ability to solubilize phosphate. The strains were variable in acyl-homoserine lactone (AHLs) production, the common quorum sensing signal, using cross-feeding assays with selected antagonists and the mutant biosensor strain *Chromobacterium violaceum* CV026. In *ad planta* tests with 5 antagonists on the moderately resistant tomato genotype King Kong 2 and the susceptible L390, disease severities and incidences were reduced in both genotypes, with a reduction of bacterial multiplication in stems by 16.0%–24.7% and 27.0%–33.6%, respectively, depending on antagonist applied. Split root tests applying the antagonists to one pot apart from the pot with *R. solanacearum* inoculation confirmed the reduction of disease development and bacterial numbers in antagonist treated plants indicating the induction of a rhizobacteria-induced systemic resistance (ISR). Increases in plant biomass in antagonist-treated plants indicated the plant growth promoting activity of the strains. Enzymatic assays and q-RT-PCR for quantification of key enzymes of signaling pathways are ongoing.

Funktionelle Charakterisierung von Maisgenen, und ihrer Rolle für die biotrophe Interaktion mit *Ustilago maydis*

Karina van der Linde, Regine Kahmann, Gunther Doehlemann

Abteilung für Organismische Interaktion, Max-Planck-Institut für terrestrische Mikrobiologie, D-35043 Marburg
doehlemann@mpi-marburg.mpg.de

Der Brandpilz *Ustilago maydis* etabliert eine biotrophe Interaktion mit seiner Wirtspflanze *Zea mays*. Während der frühen Phase der Infektion wird *U. maydis* von der Pflanze erkannt, was zur transkriptionellen Induktion zahlreicher PR-Gene führt. Mit Beginn der biotrophen Interaktion kommt es zu einer signifikanten Repression dieser Abwehrreaktion, während eine Induktion von putativen Zelltod-Inhibitoren beobachtet wird (DOEHLEMANN et al. 2008).

Um eine funktionelle Charakterisierung von *U. maydis* induzierten Maisgenen zu ermöglichen, wurde ein Virus-induziertes Gene Silencing System (VIGS) etabliert. Dieses basiert auf dem von DING et al. (2006) für Gerste entwickelten *Brome Mosaic Virus* (BMV)-Vektorsystem und ist auf mehrere Mais-sorten übertragbar. Systemisches, durch BMV induziertes Gene-Silencing konnte in *U. maydis* infiziertem Maisgewebe nachgewiesen werden. Das Silencing einer durch *U. maydis* induzierten Terpensynthase führte in unabhängigen Experimenten zu einer erhöhten Suszeptibilität der Maispflanzen gegenüber *U. maydis*. Dies lässt auf eine funktionelle Beteiligung der Terpensynthase bei der Abwehr von *U. maydis* schließen.

Mit Hilfe dieses VIGS-System können nun weitere, mögliche Kompatibilitätsfaktoren und Pflanzenabwehrgene schnell und einfach auf ihre Bedeutung in der Mais/*U. maydis* Interaktion getestet werden. Hierzu werden ein optimiertes Testsystem sowie die neuesten Ergebnisse für weitere *U. maydis* induzierte Maisgene präsentiert.

References

DING, X.S., W.L. SCHNEIDER, S.R. CHALUVADI, M.A.R. MIAN, R.S. NELSON, 2006: Characterization of a Brome mosaic virus

strain and its use as a vector for gene silencing in Monocotyledonous Hosts. *Mol. Plant-Microbe Interact.* 19: 1229-1239.

DOEHLEMANN, G., R. WAHL, R. HORST, L. VOLL, B. USADEL, 2008: Reprogramming a maize plant: Transcriptional and metabolic changes induced by the fungal biotroph *Ustilago maydis*. *Plant J* 56: 181-195.

Sekretomanalyse von *Piriformospora indica* während der Besiedlung von *Arabidopsis*-Wurzeln

Anna Klute¹, Patrick Schäfer¹, Jorrit-Jan Krijger², Stefan G.R. Wirsel², Holger B. Deising², Karl-Heinz Kogel¹

¹ Justus-Liebig-Universität Gießen, Institut für Phytopathologie und angewandte Zoologie, Heinrich-Buff-Ring 26-32, 35392 Gießen, Deutschland

² Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften, Ludwig-Wucherer-Straße 2, 06108 Halle (Saale), Deutschland
anna.klute@agr.uni-giessen.de

Der Basidiomycet *Piriformospora indica* bildet mutualistische Symbiosen mit verschiedenen mono- und dicotyledonen Pflanzen wie *Arabidopsis thaliana* und Gerste aus. Dabei erhöht der Pilz die Resistenz bzw. Toleranz der Pflanzen gegenüber biotischem und abiotischem Stress und ermöglicht Wachstumssteigerungen sowie erhöhte Erträge [1] [2]. Obwohl cyto-histochemische und molekularbiologische Studien mit Pflanzenwurzeln ein pilzliches Besiedlungsverhalten erkennen ließen, welches vom Zelltod der Wurzelzellen abhängt, zeigten Untersuchungen mittels Transmissions-elektronenmikroskopie in der Interaktion von *A. thaliana* mit *P. indica* eine frühe biotrophe Besiedlungsphase. Zusätzlich konnte durch Transkriptomanalysen eine Unterdrückung der Pflanzenabwehr durch *P. indica* nachgewiesen werden [3]. Bakterielle und pilzliche Mikroorganismen sekretieren eine Vielzahl an Effektoren, die entscheidend zur Kompatibilität der pilzlichen Interaktion mit der Wirtspflanze beitragen. Analog wird vermutet, dass *P. indica* über sekretierte Effektoren verfügt, die während der Besiedlung von Pflanzenwurzeln sowohl das pflanzliche Immunsystem als auch den pflanzlichen Metabolismus beeinflussen können. Außerdem wird angenommen, dass der Pilz über Mechanismen verfügt, die eine regulatorische Wirkung auf den pflanzlichen Zelltod haben. Hier wird mit dem YSST (yeast signal sequence trap) eine Hefe-basierte Methode vorgestellt, mit der Effektoren von *P. indica* auf Basis von funktionalen Signalpeptiden identifiziert werden können. Anschließend funktionelle Studien sollen die Rolle dieser Proteine in der Interaktion von Pilz und Pflanze aufdecken.

[1] Peškan-Berghöfer T. et al., *Physiol Plant* 2004, 122: 465-477. [2] Waller F. et. al., *Proc Natl Acad Sci USA* 2005, 102: 13386-13391. [3] Schäfer P. et al., submitted to *Plant Journal*. [4] Bent, A. & Mackey, D., *Annu Rev Phytopathol* 2007, 45: 17.1-17.38. [5] Goo JH, et al., *Plant Mol Biol* 1999, 41: 415-423.

Molekulare Grundlagen der MDR2-Resistenz bei *Botrytis cinerea* Freilandisolaten

M. Kretschmer¹, D. Mernke¹, M. Leroch¹, A. Mosbach¹, A.-S. Walker², P. Leroux², M. Hahn¹

¹ TU-Kaiserslautern, Fachbereich Biologie, Abteilung Phytopathologie, Erwin-Schrödinger-Str. 67663 Kaiserslautern
² INRA, UMR BIOGER-CPP, Route de St Cyr, F78026 Versailles, France
mernke@rhrk.uni-kl.de

Der Grauschimmelreger *Botrytis cinerea* ist ein weit verbreitetes, nekrotrophes Pflanzenpathogen, das über 250 Wirtspflanzen befallen kann. Freilanduntersuchungen von *B. cinerea*-Populationen in französischen und deutschen Weinbergen zeigten das zunehmende Auftreten von Multidrug-resistenten (MDR)-Stämmen. So stieg der Anteil von MDR-Stämmen in deutschen Weinbergen innerhalb von zwei Jahren von 23% (2006) auf 38% (2008). Hinsichtlich ihrer unterschiedlichen Fungizidresistenz-Muster lassen sich diese Stämme in verschiedene MDR-Klassen unterteilen. Die Klasse MDR1 ist durch stark erhöhte Resistenzen gegenüber Fungiziden wie z.B. Fludioxonil oder Cyprodinil charakterisiert. MDR2 hingegen äußert sich in einer verstärkten Resistenz gegenüber den Fungiziden Fenhexamid, Cycloheximid und Boscalid. Microarray-Studien zeigten, dass das Auftreten des MDR2-Phänotyps durch eine konstitutive Überexpression des MFS-Transporters (Major facilitator superfamily) MfsM2 vermittelt wird. Mittels Sequenzanalysen des Promotorbereiches von MfsM2 wurde die in MDR2-Isolaten hervorgerufene Überexpression des Efflux-Transporters näher analysiert. Wir konnten zeigen, dass die Hochregulierung des Transportergens in MDR2-Freilandisolaten verschiedener Herkunft (sowohl geographisch als auch zeitlich) mit einer Insertion eines transposablen Elements im Promotorbereich einhergeht. Neben dieser Insertion konnte in allen MDR2-MfsM2-Promotoren ebenso eine Sequenzdeletion im Vergleich zu sensitiven Stämmen beobachtet werden. Weiterführende Promotorstudien sollen zeigen, ob diese Sequenzdeletion oder das transposable Element selbst zur konstitutiven Expression des MfsM2-Transporters in MDR2-Stämmen führen. Des Weiteren konnte durch die Konstruktion von MfsM2-Überexpressions-Mutanten in einem Fungizid-sensitiven Laborstamm, die essentielle Rolle des MFS-Transporters bezüglich der Fenhexamid- Cycloheximid- und Boscalidresistenz bestätigt werden. Diese Ergebnisse sollen derzeit durch gezielte MfsM2-KO-Mutanten in MDR2-Freilandisolaten bestärkt werden.

ABC-Transporter Modulators and their use as control agents of the Multidrug Resistance Phenotype 1 (MDR1) of *Botrytis cinerea* field strains *in vitro* and *in vivo*

Matthias Kretschmer, Matthias Hahn

University of Kaiserslautern, Department of Biology,
Postbox 3049, 67663 Kaiserslautern, Germany
kretschm@rhrk.uni-kl.de

Botrytis cinerea is a world-wide occurring plant pathogen which usually needs to be controlled by fungicides. These continuous chemical treatments often lead to selection of resistant strains. Apart from the common resistance mechanism, the so called target site resistance, caused by a mutation of the fungicide target protein, the multidrug resistance (MDR), known from cancer cells and human pathogenic microbes, is nowadays frequently observed for *B. cinerea* in French and German vineyards. The 3 observed MDR phenotypes are caused by overexpression of genes encoding the well known ABC-transporter *BcatrB* (MDR1) or the newly identified MFS-transporter *M2* (MDR2), while MDR3 strains are derived from crosses between MDR1 and MDR2 strains. The overexpression of these exporters is correlated to mutations in the transcription factor *mrr1* in the case of MDR1 strains, and to an insertion of a Retrotransposon like sequence in the promoter of the *M2* in MDR2 strains. In Germany the MDR1 phenotype is dominating, leading mainly to resistance against the frequently used botryticides Fludioxonil and Cyprodinil. 11 putative ABC-transporter inhibitors ('modulators') were co-applied with these fungicides to analyze their potential to reduce the MDR1 phenotype *in vitro* and *in vivo*. The effect of the modulators was tested with sensitive, MDR1, MDR2 and MDR1 $\Delta BcatrB$ strains. Two modulators, Amyloride and Dipy-

ridamole, showed no effect for the fungicide resistance of any tested resistance phenotype. Other modulators led to an unexpected result. Five modulators, TritonX100, Tween20, Progesterone, Reserpine and Naringenine increased the fungicide resistance of all tested strains regardless of the fungicide resistance phenotype. Finally 4 ABC-transporter modulators, Quinine, Verapamil, Lidocaine and especially Chlorpromazine were able to specifically reduce the MDR1 phenotype *in vitro* by up to a factor of 5 (for example by Chlorpromazine). These effects were strongly dosage dependent. The fungicide resistance values of sensitive, MDR2 and MDR1 $\Delta BcatrB$ strains were not or only weakly influenced by these compounds. To analyze the potential of these modulators to reduce the MDR1 phenotype *in vivo* infection tests on bean leaves were carried out. In general bean leaves treated with a mixture of fungicide (Fludioxonil and Cyprodinil) and Chlorpromazine were more protected against infections by *B. cinerea* than leaves treated only with fungicides. On the fungicide modulator treated leaves the virulence of sensitive, MDR2 and MDR1 $\Delta BcatrB$ strains was reduced by a factor of 1.5 compared to a factor of 2 for MDR1 strains. Thus Chlorpromazine combined with fungicide was able to reduce the MDR1 phenotype also *in vivo*. This study shows the potential to control MDR1 strains in agriculture more effectively by a combination of ABC-transporter modulators and commonly used fungicides.

Comparative analysis of the haustorial secretomes of different rust fungi

Patrick Lang, Tobias Link, Ralf T. Voegelé

University of Konstanz, Phytopathology, Universitaetsstr. 10,
78457 Konstanz, Deutschland
Ralf.Voegelé@uni-konstanz.de

Obligate biotrophic rust fungi are characterized by a prolonged co-existence of host and parasite. Besides their devastating effects on many crop plants, a notable feature of these organisms is the formation of haustoria, which are specially differentiated hyphae, penetrating into living host cells. It is suggested that haustoria are not only formed for translocation of nutrients but also for the exchange of information. It is highly likely that so called effector proteins, secreted into the interface between host and parasite or even into the host cell itself, are involved in the suppression of plant resistance.

In order to identify and characterize potential fungal effector proteins we set out to investigate and compare the haustorial secretomes of different rust species. We were able to isolate haustoria of three different rust fungi, *Uromyces fabae*, *Uromyces appendiculatus* and *Phakopsora pachyrhizi*, and subsequently established the extraction of high quality RNA. Currently we are working on random primed cDNA libraries of *U. appendiculatus* and *P. pachyrhizi* which will allow the selection on cDNA fragments exhibiting a signal sequence. The selection will be done using the "yeast signal sequence trap", already established with *U. fabae* (LINK and VOEGELE 2008). This will create opportunities to compare the different rust secretomes across the species as well as on a species specific level and might lead to the identification of novel effector proteins, essential for pathogenicity.

Molecular basis of the multiple fungicide resistance phenotype MDR1 of *Botrytis cinerea* field isolates

Andreas Mosbach¹, Matthias Kretschmer¹, Dennis Mernke¹,
Michaela Leroch¹, Melanie Wiwiorra¹, Anne-Sophie Walker²,
Sabine Fillingner², Henk-Jan Schoonbeek³, Matthias Hahn¹

- 1 University of Kaiserslautern, Phytopathologie, Erwin-Schrödinger-Straße, 67663 Kaiserslautern, Germany
- 2 INRA, UMR 1290 BIOGER-CPP, Route de Saint Cyr, F-78000 Versailles, France
- 3 University of Fribourg, Plant Biology, Rue Albert Gockel 3, CH-1700, Fribourg, Switzerland
mosbach@rhrk.uni-kl.de

Botrytis cinerea is a world-wide occurring plant pathogen which needs to be controlled by fungicides, however continuous chemical treatments lead to the selection of resistant strains in the population. Fungicide resistance often occurs by mutations or increased biosynthesis of the fungicide target proteins. Another type, termed “multiple drug resistance” (MDR), is often caused by mutations leading to the overexpression of ABC- or MFS-type efflux transporters. Due to their low substrate specificity, overexpression of these transporters can result in the increased export and reduced sensitivity to many different natural or synthetic drugs. In French and German wine-growing areas increasing populations of *B. cinerea* strains with a low-level resistance to chemically different fungicides have been observed. All isolates could be classified into three MDR groups according to their fungicide resistance spectrum. Several lines of evidence indicate that MDR3 strains represent the progeny of natural crosses between MDR1 and MDR2. Uptake experiments with ¹⁴C-labelled fungicides were performed with germplings of all MDR phenotypes. While MDR1 and MDR3 strains showed reduced accumulation of ¹⁴C-fludioxonil compared to susceptible strains, MDR2 and MDR3 showed reduced uptake of ¹⁴C-bitertanol. This result is a clear evidence for a functional correlation between MDR and increased efflux transport activity. To identify MDR related transporters, microarray and microarray analysis were performed. In MDR1 and MDR3 strains the ABC transporter gene *Bc-atrB* was constitutively overexpressed. Deletion of *Bc-atrB* in MDR1 strains completely abolished the MDR1 phenotype. There is no evidence for promoter mutations or gene amplification of *Bc-atrB*. Using a map-based cloning approach we identified the transcription factor gene *Bc-mrr1*, which carries at least one of six independent point mutations in its promoter in all MDR1 strains tested. Knock-out mutants of *Bc-mrr1* in a MDR1 background completely lost their MDR phenotype and became hypersensitive compared to the wild type laboratory strain.

Transcriptome analysis of quantitative STB resistance in winter wheat

Doreen Mueller, Patrick Schweizer

Leibniz-Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research, Corrensstr. 3, 06466 Gatersleben, Germany
muellerd@ipk-gatersleben.de

Septoria tritici blotch (STB) caused by *Mycosphaerella graminicola* (Fuckel.) J. Schrot. in Cohn (anamorph *Septoria tritici* Roberge in Desmaz.) is one of the major wheat diseases worldwide. Despite considerable progress in the identification of isolate-specific resistance genes to STB, the understanding of the genetic basis and molecular mechanisms of broad-spectrum quantitative resistance to the disease is still limited. The aim of our project is to functionally characterize a set of candidate genes in *M. graminicola*-attacked wheat exhibiting quantitative resistance. For this purpose we have selected the winter wheat cultivars Biscay (highly susceptible) and Tuareg (quantitative resistance in the field and in a seedling assay). We will perform gene expression profiling in bulked-segregant groups of a Biscay × Tuareg population. Candidate genes whose expression is associated with quantitative seedling resistance will be functionally assessed by virus-induced gene silencing (VIGS). This system should provide direct func-

tional evidence of differentially regulated candidate genes in wheat carrying quantitative resistance to STB.

Identification of virulence/pathogenicity genes of *Colletotrichum graminicola*

Steffen Münch, Nancy Ludwig, Holger B. Deising

Universität Halle-Wittenberg, Phytopathologie und Pflanzenschutz, L-Wucherer-Str.2, 06114, Halle
steffen.muench@landw.uni-halle.de

Colletotrichum graminicola is the causal agent of the economically important maize anthracnose disease. In a compatible interaction, this hemibiotrophic fungus establishes a biotrophic, followed by a necrotrophic interaction. Our main interest is focused on the identification of fungal genes that mediate compatibility with its host.

We turned out *Agrobacterium tumefaciens*-mediated transformation (ATMT) as a suitable method to generate virulence/pathogenicity mutants of *C. graminicola*. This way, genes were tagged by non-targeted integration of the T-DNA. We showed that single integrations of the T-DNA occurred more often than double or multiple integrations, emphasizing ATMT as a powerful tool to tag genes and to trace back the mutant's phenotype to the loss of only one gene function. Among approx. 500 transformants, 51 mutants with a reduced virulence or a loss of pathogenicity phenotype were identified.

Defects leading to this reduction of virulence have been identified as decreased conidial germination rates on the plant surface, impairment in formation of functional appressoria, reduced penetration competence and as impairments in the development of biotrophic or necrotrophic hyphae within the host cell. As different mutants are hampered in different steps of the infection process, it seems that different virulence genes have been disrupted by ATMT. By sequencing these candidate genes, so far we identified homologies to two genes and to one ORF known in other fungi. One candidate gene corresponds to an ER membrane protein of for example *Magnaporthe grisea*, another candidate gene is homologous to a gene in *M. grisea* which corresponds to a hypothetical protein. Both genes were disrupted in their promoter region. The identified ORF, homologous to ORFs in *Neurospora crassa* and *M. grisea*, was tagged by the T-DNA directly within the coding sequence. Further candidate genes will be identified very soon.

To characterize candidate genes functionally, we will delete the entire genes in the genome of *C. graminicola*. A reproduction of the phenotype of the corresponding ATMT mutant will establish the role of the deleted gene in pathogenesis as a compatibility factor. Further analysis like expression profiling will additionally characterize the gene concerning its role during a specific step of the infection process.

Fusarium oxysporum f. sp. *strigae*: Pathogenic to the parasite *Striga* and non-pathogenic to its host sorghum?

Ndambi Beninweck¹, Annerose Heller¹, Abuelgasim Elzein², Georg Cadisch²

- 1 Institute of Botany (210), University of Hohenheim, D-70593, Stuttgart, Germany
- 2 Institute of Plant Production and Agroecology in the Tropics and Subtropics, University of Hohenheim (380a), 70593 Stuttgart, Germany
matni3@yahoo.com

Fusarium oxysporum f. sp. *strigae* (Foxy 2) is a potential mycoherbicide against *Striga hermonthica*. In pot experiments, Foxy 2 was observed to destroy *S. hermonthica* plants parasitizing sorghum but apparently did not visibly affect the

sorghum plants. Preliminary microscopic investigations of *Striga* and sorghum at their point of contact revealed that Foxy 2 destroyed all *Striga* tissues and could penetrate into the central cylinder of sorghum through *Striga* haustoria. In sorghum (non-parasitized by *Striga*), Foxy 2 destroyed the cortical root cells but did not cross the endodermal barrier. We performed detailed investigations using light- and transmission electron microscopy to substantiate the explanation of the mode of action for this behaviour. The infection process of a pathogenic strain *F. proliferatum* was compared to that of Foxy 2. The tissue specific reactions of sorghum to Foxy 2 were also investigated by removing the anatomical barrier (wounding the root) and observing for possible colonisation. Both Foxy 2 and *F. proliferatum* colonised and digested cortical cells of sorghum roots but Foxy 2 was slower. *F. proliferatum* invaded and destroyed cells of the central cylinder while Foxy 2 was blocked at the endodermal barrier. The ultrastructure of sorghum cortical root cells manifested distorted cytoplasm and osmiophilic material in both strains, which was not observed in cells of the control roots. The wounded and infected sorghum roots showed that Foxy 2 could invade the central cylinder close to the wound but was not identified a few centimetres from the wound. This implies it was not able to grow within the central cylinder. Obviously, the endodermal barrier of sorghum has a defensive mechanism against Foxy 2; additionally there is some tissue specific incompatibility within the central cylinder which does not allow further spread of the fungi within the plant. More investigations are required to better understand this host-parasite interactions.

Transcript profiling and functional analysis in the nonhost-interaction of barley against a *Magnaporthe* species associated with pearl millet (*Pennisetum spec.*)

Nina Zellerhoff¹, Patrick Schweizer², Axel Himmelbach², Ulrich Schaffrath¹

¹ Department of Plant Physiology, RWTH Aachen University, D-52056 Aachen, Germany

² Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), D-06466 Gatersleben, Germany
schaffrath@bio3.rwth-aachen.de

“Rice blast” disease caused by the ascomycetous fungus *Magnaporthe oryzae* is a major threat in rice agriculture worldwide. As yet breeding for resistance against blast was not very efficient because resistance of newly developed cultivars was quickly overcome after release into the field by a shift in the pathogen population to new virulent races. One promising approach in modern resistance breeding against blast might be the utilization of basic mechanisms of the durable nonhost type of resistance.

In this study we investigate nonhost-resistance of barley, which is an alternative host for *M. oryzae*, against different species of the genus *Magnaporthe* on the cytological and molecular-genetic level. By microscopic studies penetration resistance and hypersensitive response of the shoot epidermis were identified as predominant defence mechanisms responsible for the arrest of pathogen growth in nonhost interactions. Pharmacological approaches were used in common with barley mutants defective in particular defence responses to sequentially suppress the epidermal resistance barriers aiming at an enforcement of fungal growth into the mesophyll.

Transcription profiling of barley shoot epidermis infected with *Magnaporthe* host and nonhost-isolates, respectively, was performed using cDNA macroarrays. Statistical analysis of four biological replicates resulted in 180 candidate genes characteristically regulated in the nonhost situation. Within up-regulated genes a significant over-representation of genes encoding lipid metabolism-related proteins, in particular lipid transfer proteins, was detected. The virus-induced gene-si-

encing technique using a genetically modified tripartite barley stripe mosaic virus was applied for the functional analysis of most prominent candidate genes.

An *Arabidopsis* polygalacturonase required for leaf development and biotic and abiotic stress responses

Rana Pooraiioubi¹, Sven Friehe¹, Elmon Schmelzer², Nikolaus Schlaich¹

¹ RWTH Aachen University, BioIII, Worringerweg 1, D-52056 Aachen

² Max-Planck-Institut für Züchtungsforschung, Carl-von-Linne Weg 10, D-50289 Köln
schlaich@bio3.rwth-aachen.de

Leaf size and morphology are determined by numerous factors, the cell wall of plant cells being one of them since regulation of wall expansion determines cell size. Screening *Arabidopsis* plants transformed with a T-DNA carrying a 35S::PCC1 gene construct, we have isolated a mutant that showed abnormally shaped leaves and was reduced in stature. Insertion of the T-DNA in a putative polygalacturonase (PGase) gene is responsible for this phenotype since i) an independent T-DNA insertion line showed the same phenotype and ii) constitutive expression of the PGase gene in a loss-of-function mutant complemented all phenotypes. Physiological characterization of the mutant revealed hypersusceptibility to a virulent race of *Hyaloperonospora arabidopsidis* (formerly *H. parasitica*) and to temperature stress. Thus, our data reveal a critical role for the cell wall in leaf development and resistance to both biotic and abiotic stressors.

Was bestimmt die Wirtsspezifität von *Sporisorium reilianum* und *Ustilago maydis*?

Stephan Poppe, Katja Zuther, Elmar Meier, Regine Kahmann, Jan Schirawski

Max-Planck-Institut für terrestrische Mikrobiologie, 35043 Marburg, Germany
stephan.poppe@web.de

Der biotrophe Brandpilz *Sporisorium reilianum* existiert in zwei eng verwandten Varietäten mit unterschiedlichem Wirtsspektrum. *S. reilianum* f. sp. *zeae* (SRZ) führt zu Sporenbildung auf Mais und einem blättrigen Wachstum der Maiskörner. *S. reilianum* f. sp. *reilianum* (SRR) bildet Sporen auf Hirse, aber nicht auf Mais. Eine Infektion von Mais mit SRR führt zu blättrigem Wachstum an den Maiskolben aber keiner Sporenbildung. Im Gegensatz dazu infiziert der verwandte Brandpilz *Ustilago maydis* ausschließlich Mais und verursacht Tumorbildung, während der Brandpilz *Ustilago hordei* Sporen auf Gerste bildet. Um Faktoren zu identifizieren, die für die Wirtsspezifität wichtig sind, wurde nach Genen gesucht, die in den Maispathogenen *U. maydis* und SRZ anwesend und in dem Gerstenpathogen *U. hordei* sowie dem Hirsepathogen SRR abwesend sind. Dazu wurde zunächst eine in silico Analyse der sequenzierten Genome von *U. maydis*, *U. hordei* und SRZ durchgeführt. Diese Analyse ergab 83 Gene, die in den beiden Maispathogenen anwesend sind und in *U. hordei* fehlen. Für vier dieser Gene konnte per PCR gezeigt werden, dass sie ebenfalls in dem Hirsepathogen SRR abwesend sind. Um zu testen, ob diese Gene zur Wirtsspezifität beitragen, wurde ein während der biotrophen Phase exprimiertes Kandidatengen in *U. maydis* deletiert. Die erhaltenen Deletionsmutanten zeigten eine Reduktion der Tumorraten auf Mais um 20-50%. SRR-Stämme, in denen das Kandidatengen exprimiert wurde, führten zu einer Erhöhung des blättrigen Wachstums auf Mais aber zu einer stärkeren Abwehrreaktion der

Pflanze bei einer Hirse-Infektion. Damit wurde gezeigt, dass die Wirtsspezifität unter anderem durch das untersuchte Kandidatengen bestimmt wird.

Ulvan primes an oxidative burst reaction in wheat and rice cell cultures

Roberta Paulert, Bruno M. Moerschbacher

Institut für Biochemie und Biotechnologie der Pflanzen,
Universität Münster, Hindenburgplatz, 55, Münster, 48146,
Deutschland
r_paul02@uni-muenster.de

Biological or chemical induction of Systemic Acquired Resistance (SAR) holds the promise of efficient plant disease protection if the underlying molecular mechanism can be understood and used. Recently, cellular priming has been proposed as one component of SAR. Priming of defense response reactions by a biologically active compound results in an enhanced ability of the plant to respond to subsequent pathogen invasion. In a search for new priming biomolecules, we tested the capacity of ulvan, a sulfated heteropolysaccharide from the green seaweed *Ulva fasciata*, to prime the oxidative burst reaction elicited by chitin hexamer and chitosan polymer in wheat and rice cell suspensions. Ulvan, extracted in hot water, is composed of rhamnose, xylose, glucuronic acid, glucose and galactose, as analyzed by GLC. It contains ca. 20% of sulfate groups and very low amounts of protein. The hydrogen peroxide concentration in the medium of the plant cells was monitored by luminol chemiluminescence. Ulvan alone did not induce the production of H₂O₂ in wheat or rice cell-suspension cultures. Furthermore, the addition of different concentrations of ulvan simultaneously with chitin hexamer or chitosan did not significantly alter the intensity of the oxidative burst caused by the elicitors in both wheat and rice cells. In contrast, a 3 h pre-treatment with ulvan increased about 6- and 2-times the chitin hexamer- and the chitosan-induced burst in wheat cell-suspension cultures, respectively. In rice cells, the amount of H₂O₂ induced by both elicitors was strongly primed by the pre-treatment with ulvan, by about 150- and 80-times, respectively. The magnitude of the effect depended on the dosage of ulvan applied. So, we can conclude that ulvan primes both wheat and rice cells for subsequent elicitation by both chitin and chitosan. We are currently performing detailed structure/function analyses to elucidate the biologically active domain within the polysaccharide.

Germination specific signaling and gene expression patterns in the phytopathogenic fungus *Botrytis cinerea*

Astrid Schamber, Anna Hummrich, Michaela Leroch,
Matthias Hahn

TU Kaiserslautern, Phytopathologie, Erwin-Schrödinger-
Strasse 22, 67663 Kaiserslautern
schamber@rhrk.uni-kl.de

Botrytis cinerea is a necrotrophic pathogen with a wide host range. Because of its economic importance the analyses of the mechanisms that lead to germination and infection of host tissues are of great interest. Components of a MAP kinase cascade of Bmp1 involved in recognition of hydrophobic surfaces and infection structure formation were analysed previously. Furthermore the transcription factor Ste12 which might be one of the Bmp1 targets was analysed in detail. We were able to show that the overexpression of an alternative splicing variant of *ste12* has a negative effect on the expression of the main splicing-product and results in impaired penetration and infection.

Additionally microarray analysis were performed to determine germination specific genes. Expression patterns of different wt germination stages as well as of the *Dbmp1* and *Dste12* mutants were evaluated and gene products that could be involved in germination and infection events were analysed.

Ethylen und Gibberellinsäure – Kompatibilitätsfaktoren in der mutualistischen Assoziation von Pflanzenwurzeln mit *Piriformospora indica*

Patrick Schäfer¹, Stefanie Pfiffli¹, Behnam Khatabi¹,
Peter Chandler², Karl-Heinz Kogel¹

- 1 JLU Giessen, Institut für Phytopathologie und Angewandte Zoologie, Heinrich-Buff-Ring 26-32, D-35392 Giessen
- 2 CSIRO Plant Industry, PO Box 1600, Canberra, ACT 2601, Australia
patrick.schaefer@agrar.uni-giessen.de

Der Basidiomycet *Piriformospora indica* bildet mutualistische Symbiosen mit einer Vielzahl ein- und zweikeimblättriger Pflanzen. Diese Art der Symbiose besitzt ein großes Potenzial für die nachhaltige Pflanzenproduktion, da durch *P. indica* besiedelte Kulturpflanzen gesteigerte Biomassen und Erträgen sowie eine lokale und systemische Krankheitsresistenz bzw. Toleranz gegenüber abiotischem Stress aufweisen.

In neueren Untersuchungen konnte die Besiedlungsstrategie des Pilzes zytologisch aufgeklärt werden (DESHMUKH et al. 2006, SCHÄFER, ZECHMANN, unveröffentlicht). Bislang sind jedoch die mit der Wurzelbesiedlung assoziierten molekularen und genetischen Prozesse weitgehend unbekannt. Basierend auf globalen Transkriptomanalysen, einer ungerichteten subtraktiven Transkriptomanalyse und einem kombinierten Mutationsanalytischen Ansatz konnten die Pflanzenhormone Ethylen und Gibberellinsäure als Faktoren identifiziert werden, die entscheidend zur Kompatibilität zwischen Mikrobe und Wirt beitragen. Unsere Daten ermöglichen eine Bewertung der Rolle dieser Phytohormone in der Besiedlung von Pflanzenwurzeln durch *P. indica* und geben Einblick in die Regulation des pflanzlichen Immunsystems im Laufe der Interaktion.

References

- DESHMUKH, S.D., R. HÜCKELHOVEN, P. SCHÄFER, J. IMANI, M. SHARMA, M. WEIß, F. WALLER, K.H. KOGEL, 2006. The root endophytic fungus *Piriformospora indica* requires host cell death for proliferation during mutualistic symbiosis with barley. Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 103: 18450-18457.

The PCC1 gene family – A long story starting from a pathogen-induced gene

Sven Friehe¹, Marcus Jansen², Achim Walter², René Fuchs³,
Nikolaus Schlaich⁴

- 1 RWTH Aachen, Inst. f. Biologie III, Worringerweg 1, 52056 Aachen, Deutschland
- 2 Forschungszentrum Jülich GmbH, ICG-3: Phytosphäre, Leo-Brandt-Straße, 52425 Jülich, Deutschland
- 3 The Sainsbury Laboratory, John Innes Centre, Norwich, NR4 7UH, UK
- 4 RWTH Aachen, Inst. f. Biologie III, Worringerweg 1
sven.friehe@gmx.de

The PCC1 (pathogen and circadian controlled 1) gene from *Arabidopsis thaliana* shows a rhythmic expression pattern regulated by the circadian clock. Infection with *Pseudomonas syringae* pv. *tomato* bacteria results in constant expression for

48 hours. PCC1 belongs to a novel gene family of seven polypeptides of unknown function with each approx. 75 amino acids. Besides PCC1, expression of at least 3 other members of this gene family is upregulated after pathogen infection. Although expression patterns suggest a role in pathogen defence, only a subtle pathogenesis-related phenotype was so far detected. Here we show detailed pathogen experiments using various knock-out and overexpression lines of different members of the PCC1 gene family in combination with *Pseudomonas syringae*, *Hyaloperonospora parasitica*, *Botrytis cinerea* and *Alternaria brassicicola*. Furthermore, lines were tested for some abiotic stresses.

Histochemical analyses of the effect of silicon-induced resistance in the tomato (*Solanum lycopersicum*) *Ralstonia solanacearum* interaction

Tanja Schacht, Kerstin Wydra

Institute of Plant Diseases and Plant Protection, Leibniz Universität Hannover, Herrenhäuser Str. 2, 30419 Hannover, Germany
wydra@ipp.uni-hannover.de

Our former studies on silicon-induced resistance on molecular genetic and immuno-histochemical level revealed an increase in expression of genes involved in the basal resistance reaction and of signaling genes belonging mainly to the jasmonic acid pathway. To further characterize and localize the reaction on histochemical level, various biochemical parameters linked to resistance in different pathosystems, such as tylosis formation, hydrogen peroxide (H₂O₂) accumulation, lignification and callose deposition were studied microscopically at different time points after inoculation. Inoculated tomato plants with silicon amendment showed delayed onset and decreased symptom development compared to non-silicon treated plants. Genotype King Kong 2 showed increased tylosis formation in vessels of midstems of inoculated plants, with highest detection of tylosis in silicon-treated, inoculated plants at 8 days post inoculation (dpi). At 12 dpi an increased tylosis formation was additionally observed in silicon-treated inoculated plants compared to all other treatments. Lignification and H₂O₂ accumulation in genotype King Kong 2 was not altered comparing treatments, except of a reduced to absent H₂O₂ accumulation in highly infected plants. Callose deposition was generally less pronounced (non-silicon treatment) to absent (silicon treatment) in higher infected plants of genotype King Kong at 5 dpi, whereas differences in callose accumulation in recombinant inbred line (RIL) NHG3 (susceptible) were generally not observed. We suggest, that lignification, hydrogenperoxide accumulation and callose deposition seem not to be involved in the silicon-induced resistance of tomato to *R. solanacearum*.

Analyse der Rolle von Flavin-haltigen Monooxygenasen in *Arabidopsis*

Alexandra Thönnessen, Monika Hermanns, Marcus Deisen, Martin Thomas, Nikolaus L. Schlaich

RWTH Aachen, BiologieIII, Worringer Weg1, 52074 Aachen, NRW
alexandra.thoennessen@gmx.de

Eine *Arabidopsis*-Mutante, die eine Überexpressionslinie einer Flavin-haltigen Monooxygenase (FMO1 = At1g19250) ist, zeigte erhöhte basale Abwehr gegen den Oomyzeten *Hyaloperonospora arabidopsidis* und gegen das Bakterium *Pseudomonas syringae* pv. *tomato* (*Pst*). Die Funktionsverlustmutante zeigte den gegensätzlichen Phänotyp: *fmo1* Pflanzen zeigten

erhöhte Anfälligkeit gegen *H. arabidopsidis* und den virulenten *Pst* Stamm. Neben der *FMO1* gibt es in *Arabidopsis* 29 weitere FMOs, hierbei kann man die FMOs in verschiedene Gruppen unterteilen 11 YUCCA Gene, die in der Auxin Biosynthese von Bedeutung sind und fünf FMO_{GS-OX}, die für die Bildung von Glucosinolaten wichtig sind. Glucosinolate sind an der Abwehr gegen Fraßfeinde beteiligt. Neben diesen Gruppen von FMOs gibt es noch eine weitere Gruppe von acht FMOs, die bis jetzt funktionell nicht untersucht worden ist. Wir werden die Reaktion von Funktionsverlust- und Überexpressionslinien dieser FMOs auf biotische und abiotische Stressoren mit denen von wildtyp Pflanzen vergleichen, um die Funktion von FMOs in verschiedenen physiologischen Prozessen aufzudecken. Wir berichten über unsere Untersuchungen zur funktionellen Analyse dieser noch nicht charakterisierten FMOs und zu *FMO1*.

Resistance induction by silicon against bacterial diseases of tomato, eggplant, cucumber and geranium

Torsten Hartmann, Kerstin Wydra

Institute of Plant Diseases and Plant Protection, Leibniz Universität Hannover, Herrenhäuser Str. 2, 30419 Hannover, Germany
wydra@ipp.uni-hannover.de

To contribute to the development of new integrated practices for the control of bacterial diseases, root and/or foliar application of silicon to eggplant, geranium, tomato and cucumber were investigated. In eggplant and geranium, wilt incidence caused by *Ralstonia solanacearum* was reduced in silicon-treated plants, and initially delayed by two days. Bacterial numbers were significantly reduced in stems of eggplant and geranium. Immuno-histochemical studies of possible molecular mechanisms of silicon-mediated resistance on cell wall level in eggplant and geranium showed a strong yellow autofluorescence of the xylem parenchyma and vessel walls, indicating the production of phenolic substances in inoculated plants without silicon application, but not in plants treated with silicon. In geranium, inoculation resulted in an increased staining for (1 → 5)- α -L-arabinan side chains of rhamnogalacturonan-I in cell walls, which was less in inoculated plants without silicon application. Foliar- and/or root-application with silicon to tomato genotypes with different levels of resistance, and to cucumber, inoculated with *Pseudomonas syringae* pv. *tomato* and *Pseudomonas syringae* pv. *lachrymans* causing bacterial speck in tomato and angular leaf spot in cucumber, respectively, resulted in slightly reduced bacterial speck in a moderately resistant tomato genotype. In cucumber, a weak retardation in the initial development of angular leaf spot was observed. A reduction in bacterial populations was observed in tomato, but not in cucumber. In tomato, the enzyme activity of guaiacol peroxidase was increased after inoculation, but no effect due to silicon treatment was observed, while in cucumber, the enzyme activity was also increased after inoculation, and was higher in silicon-treated plants. A major role of the genetically determined resistance of a genotype was decisive and, thus, silicon-induced resistance can most effectively be triggered in genotypes exhibiting a moderate resistance against a pathogen.

Funktionelle Untersuchung des Sekretoms des Maispathogens *Colletotrichum graminicola*

Fabian Weihmann, Stefan G.R. Wirsal, Holger B. Deising

Universität Halle-Wittenberg, Phytopathologie und Pflanzenschutz, L-Wucherer-Str. 2, 06108 Halle (Saale)
FabianWeihmann@gmx.de

Der Ascomycet *Colletotrichum graminicola* ist der Erreger der Blatt-Anthraknose und Stängelfäule am Mais. Ein besonderes Merkmal ist seine hemibiotrophe Lebensweise, die durch eine biotrophe Entwicklung für ca. 2 Tage, gefolgt von einer anschließenden nekrotrophen Phase, gekennzeichnet ist. Sekretierte Proteine eines Pilzes sind für den Erfolg der Pathogenese entscheidend. In vorangegangenen Arbeiten gelang es, mit dem YSST-Verfahren etwa 100 sekretierte Proteine zu identifizieren (Krijger et al. 2008), welche im Folgenden funktionell untersucht werden sollen. Wir haben bislang 12 Gene deletiert, die für sekretierte zellwandabbauende Enzyme, Peptidasen, Laccasen, kleine Cystein-reiche Proteine und Proteine mit unbekannter Funktion codieren. Die erhaltenen Transformanten wurden hinsichtlich veränderter Virulenz bzw. Pathogenität auf der Wirtspflanze getestet. Gegenwärtig werden Deletionsmutanten für ein zweites Laccasegen sowie Mutanten, bei denen beide Laccase-Gene deletiert sind, erzeugt.

Analysis of pathogen-induced transcriptional patterns in transgenic barley plants super-susceptible to powdery mildew

Corina Weis¹, Jörn Pons-Kühnemann², Ruth Eichmann¹,
Ralph Hückelhoven¹

- ¹ Technische Universität München, Lehrstuhl für Phytopathologie, Am Hochanger 2, 85354 Freising
- ² Justus-Liebig Universität Giessen, Medizinische Statistik, Heinrich-Buff-Ring 44, 35392 Giessen
c.weis@wzw.tum.de

In contrast to basal and effector-triggered immunity, susceptibility to plant diseases is little understood. Barley BAX-INHIBITOR 1 (BI-1) and RACB are two susceptibility factors in the interaction of barley (*Hordeum vulgare*) with the barley powdery mildew fungus (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*, *Bgh*). BI-1 is a highly conserved cell death suppressor, localized in the endoplasmic reticulum and in the nuclear envelope of plant cells. After inoculation with *Bgh*, expression of BI-1 is activated, and a green fluorescing protein fusion of BI-1 accumulates at the interface of plant and pathogen (1, 2). Transient or stable over-expression of *BI-1* in barley results in enhanced susceptibility to *Bgh* (1-3). Barley RACB is a RHO-like small GTP-binding protein required for full susceptibility to powdery mildew (4). During interaction with *Bgh*, RACB regulates actin organization and cell polarity (7, 8). Similar to barley over-expressing BI-1, barley plants over-expressing constitutively activated *CA RACB* are more susceptible to infection by *Bgh* (8). To investigate the potential impact of BI-1- and *CA RACB* on gene expression in barley susceptibility to *Bgh*, we performed transcriptome analyses of *GFP-BI-1* and *CA RACB* over-expressing barley plants by using 40K microarrays. Gene expression was compared in non-inoculated plants and when *Bgh* was attempting to penetrate into transgenic or wild type plants. By means of MapMan (7), transgene-dependent expression patterns were categorized in regard to annotated cellular pathways and visualized. Data are discussed as a potential key to understanding of barley susceptibility to powdery mildew.

- (1) Hückelhoven et al. 2003, Proc Natl Acad Sci USA 100: 5555-5560; (2) Eichmann et al. 2006, Mol Plant Pathol 6: 543-552; (3) Babaeizad et al. 2008, Theor Appl Genet: DOI 10.1007/s00122-008-0912-2; (4) Schultheiss et al. 2003, Plant J; (5) Opalski et al. 2005, Plant J 41: 291-303; (6) Pathuri et al. 2008, Plant Cell Rep 27: 1877-1887; (7) Sreenivasulu et al. 2008, Plant Physiol 146: 1738-1758.