

Deutsche Phytomedizinische Gesellschaft

# Zusammenfassungen der Arbeitskreisbeiträge



**2013**

## Impressum

Redaktion: Dr. Christian Carstensen, Dr. Falko Feldmann

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](mailto:geschaeftsstelle@dpg.phytomedizin.org)

[www.phytomedizin.org](http://www.phytomedizin.org)

## Chronologie der Veranstaltungen mit DPG-Beteiligung und Treffen der Arbeitskreise

Ergänzend finden Sie die Titel von vielen Tagungsbeiträgen in der vierteljährlich erscheinenden „Phytomedizin – Mitteilungen der Deutschen Phytomedizinischen Gesellschaft e. V.“ - Online-Ausgabe unter <http://dpg.phytomedizin.org/de/publikationen/phytomedizin/>.

	Arbeitskreis/Projektgruppe	Tagungsbeginn	Seite
1	PG Krankheiten im Getreide	28.01.2013	4
2	AK Herbologie	13.02.2013	12
3	PG Heil-, Duft-und Gewürzpflanzen	19.02.2013	18
4	PG Raps, JKI Braunschweig	26.02.2013	--
5	PG Schädlinge in Getreide und Mais	27.02.2013	20
6	PG Kartoffel	06.03.2013	24
7	AK Pflanzenschutztechnik, Wangen im Allgäu	12./13.03.2013	--
8	AK Nematologie	12.03.2013	30
9	AK Biologische Bekämpfung von Pflanzenkrankheiten, Witzenhausen	14./15.03.2013	--
10	AK Wirt-Parasit-Beziehungen	21./22.03.2013	37
11	AK Mykologie	21./22.03.2013	37
12	AK Viruskrankheiten der Pflanze / AK Virologie	26.05.2013	59
13	AK Biometrie und Versuchsmethodik	27.06.2013	73
14	Treffen der Landesgruppe Sachsen-Anhalt 2013	05.07.2013	75
15	AK Phytobakteriologie	05.09.2013	76
16	AK Tropen Subtropen	18.09.2013	79
17	AK Populationsdynamik und Epidemiologie	26./27.09.2013	100
18	AK Wirbeltiere	19.11.2013	107
19	AK Vorratsschutz	20.11.2013	112
20	PG Mikrobielle Symbiosen	27.11.2013	116
21	AK Nutzarthropoden und Entomopathogene Nematoden	09.12.2013	117

## Mitteilungen und Nachrichten

Aus den Arbeitskreisen der Deutschen Phytomedizinischen Gesellschaft (DPG):

### Arbeitskreis Phytomedizin in Ackerbau und Grünland – Projektgruppe Krankheiten im Getreide – 2013

Die 26. Tagung der Projektgruppe (PG) Krankheiten im Getreide des Arbeitskreises (AK) Phytomedizin in Ackerbau und Grünland fand am 28. und 29. Januar 2013 im Julius Kühn-Institut – Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen in Braunschweig statt. Schwerpunktthemen waren: Krankheitsbekämpfung in Weizen und Mais, Ährenfusariosen und Mykotoxine in Getreide.

Die nächste Tagung ist für den 27. Januar und 28. Januar 2014 in Braunschweig geplant.

(PG-Leiter: Dr. Helmut TISCHNER, Freising)

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

#### 1) *Turcicum*-Blattdürre an Mais: Rassenbestimmung und regionales Auftreten von *Exserohilum turcicum* in Europa

Hendrik HANEKAMP<sup>1</sup>, Bettina KESSEL<sup>2</sup>, Birger KOOPMANN<sup>1</sup>,  
Andreas VON TIEDEMANN<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Universität Göttingen, Department für Nutzpflanzenwissenschaften, Abteilung Allgemeine Pflanzenpathologie und Pflanzenschutz, Grisebachstr. 6, 37077 Göttingen, Deutschland

<sup>2</sup> KWS SAAT AG, Grimsehlstrasse 31, 37574 Einbeck, Deutschland  
E-Mail: hendrik.hanekamp@agr.uni-goettingen.de

Die *Turcicum*-Blattdürre, hervorgerufen durch den pilzlichen Erreger *Exserohilum turcicum*, ruft Welkesymptome auf den Blättern der Maispflanze hervor. Ausgehend von länglich ovalen Symptomen kann der Befall auf anfälligen Genotypen zum Absterben der gesamten photosynthetisch aktiven Blattfläche führen und dadurch hohe Ernteverluste zur Folge haben. Bisherige Untersuchungen zeigen, dass *E. turcicum* flächendeckend im zentraleuropäischen Raum auftritt, hier jedoch regional unterschiedlich bedeutend ist. Die Nutzung resistenter Sorten stellt derzeit die effektivste Bekämpfungsmethode dar. Insgesamt sind acht monogen vererbte Resistenzen beschrieben, von denen aktuell vier (Ht1, Ht2, Ht3 & HtN) in der kommerziellen Maiszüchtung genutzt werden.

Folge einer intensiven und flächendeckenden Nutzung monogener Resistenzen ist die Bildung virulenter Rassen des Erregers *E. turcicum* und damit der Verlust der Wirksamkeit der betroffenen Resistenzgene. In Kooperation mit Maiszüchtern der GFP-Abteilung Mais war es möglich, im Rahmen eines Rassenmonitorings *Turcicum*-Proben aus zwei Jahren von über 200 Standorten und 10 verschiedenen Ländern in Europa aufzunehmen. Ziel ist es, ca. 700 Isolate zu gewinnen und eine Rassenbestimmung an Hand der Befallsreaktion nach Ganzpflanzeninokulation eines Mais-Differentialsets vorzunehmen.

Bisherige Ergebnisse von 35 bestimmten Isolaten zeigen, dass 69% der Isolate virulent auf Ht1 (Rasse 1), 17% virulent auf Ht1 & Ht3 (Rasse 13) und 3% virulent auf Ht1 & Ht2 (Rasse 12) sind. 11% der Isolate wurden als avirulent auf allen Differentiallinien getestet und somit als Rasse 0 eingestuft. Auf der

Grundlage der aktuell 35 bestimmten Isolate lassen sich noch keine gesicherten Aussagen über die regionale Bedeutung bestimmter Rassen treffen. Die Ergebnisse machen jedoch deutlich, dass die Ht1-Resistenz offenbar keinen effektiven Schutz mehr gegen die *Turcicum*-Blattdürre vermitteln kann, da 69% der getesteten Isolate virulent an der Ht1-Differentiallinie sind. Neben den Unterschieden in der Virulenz wurden ebenfalls deutliche Unterschiede in der Ausprägung der Aggressivität zwischen den Isolaten einer Rasse festgestellt.

(DPG PG Krankheiten im Getreide)

#### 2) Diagnose und Bekämpfung von Blattkrankheiten in Mais

Silke LOHMANN, Joachim WEINERT

Landwirtschaftskammer Niedersachsen, Pflanzenschutzamt,  
Wunstorfer Landstr. 9, 30453 Hannover, Deutschland  
E-Mail: silke.lohmann@lwk-niedersachsen.de

Nach ersten orientierenden Versuchen in 2007 und 2009 beschäftigt sich die Landwirtschaftskammer Niedersachsen seit drei Jahren verstärkt mit Fungizidversuchen im Mais. In den Bonituren wurden die Blattkrankheiten *Kabatiella zaeae*, *Cochliobolus carbonum*, *Setosphaeria turcica* und *Puccinia sorghi* festgestellt. Die Krankheiten traten ab August auf und nahmen erst ab Mitte September stärker im Befall zu. Auf Grundlage von 40 Versuchen im Silomais und 16 Versuchen im Körnermais wurde die Wirkung von Fungiziden auf die beschriebenen Blattkrankheiten und den Ertrag ermittelt. Die Fungizide wurden im Zeitraum von BBCH 39-65 appliziert.

Die Ergebnisse zeigen eine Reduktion der Blattkrankheiten um ca. 50%. Im Silomais ergaben sich bisher nur geringe Mehrerträge durch die Behandlung von durchschnittlich 1%. Im Körnermais wurden 2012 deutlich höhere Mehrerträge von 4,5% erzielt. Diese Mehrerträge ergaben sich sowohl in Versuchen, in denen eine Befallsstärke > 5% vorlag, als auch in Versuchen ohne Befall. D.h., die Mehrerträge in den Versuchen zeigten keinen deutlichen Bezug zur Bekämpfung der Blattkrankheiten, sondern eher zur Nutzungsrichtung Silomais bzw. Körnermais.

(DPG PG Krankheiten im Getreide)

#### 3) Krankheiten in Mais – Befallsituation 2012 in Brandenburg sowie Ergebnisse der Ringversuche 2012

Stefania KUPFER

Landesamt für Ländliche Entwicklung, Landwirtschaft und Flurneuordnung, Pflanzenschutzdienst, Müllroser Chaussee 54,  
15236 Frankfurt (Oder), Deutschland  
E-Mail: stefania.kupfer@lwf.brandenburg.de

Die **Mais-Anbaufläche** hat sich in den letzten 10 Jahren in Brandenburg fast verdoppelt und liegt bei ca. 195 000 ha, davon ca. 19 000 ha Körnermais. Speziell in der Prignitz und Ostprignitz-Ruppin befinden sich Flächen mit einem z.Z. 6-jährigen Anbau von Mais als Monokultur. Auf diesen Flächen nimmt das phytosanitäre Risiko zu. Im Land Brandenburg werden jährlich 30 Monitoringflächen durch den Pflanzenschutzdienst kontinuierlich beobachtet. Den Schwerpunkt bilden neben den tierischen zunehmend auch die pilzlichen Schaderreger.

**Befallsbonituren** in der 36.-37. Woche 2012 ergaben geringe Befallshäufigkeiten (BH) der Pilzkrankheiten. (*Fusarium* am Stängel 3,7%; *Fusarium* am Kolben 6,9%; Maisrost 3,4%; Maisbeulenbrand 1,6%; *Turcicum*-Blattdürre 1,0%; *Kabatiella*-Augenflecken 0,0%). Die **Symptome** der *Turcicum*-Blattdürre und der *Kabatiella*-Augenfleckenkrankheit wurden regional in Bran-

denburg erst Ende September in den noch grünen Beständen (z.B. Mais als Zwischenfrucht) gefunden. In 2011 wurde bereits auf einer Fläche Maiskopfbrand (20% Befallshäufigkeit) beobachtet. Da 2012 erneut Mais angebaut wurde, hat sich der Maiskopfbrand auf weitere benachbarte Flächen in geringerer Befallshäufigkeit (1–2%) ausgebreitet.

**Versuche zur Bekämpfung von Blattkrankheiten in Mais** wurden im Rahmen der Ringversuchsgruppe in Brandenburg, Sachsen, Sachsen-Anhalt und Thüringen an 8 Standorten durchgeführt. Es wurden die Fungizide Retengo Plus mit 1,5 l/ha und Propulse mit 1,0 l/ha zu zwei verschiedenen Applikationsterminen (T1 – BBCH 33–37; T2 – BBCH 49–60) geprüft. In die Auswertung konnten 6 Versuche einbezogen werden. Bei den Bonituren in den behandelten Varianten auf allen Standorten wurde kein Befall mit Blattkrankheiten festgestellt. Aus diesem Grund kann keine Einschätzung zur Wirkung der Fungizide gegenüber den Blattpathogenen gegeben werden. Die Auswertung der Ernteergebnisse zeigt keine signifikanten Mehrerträge. Die Relativ-Trockenmasseerträge liegen zwischen 99% (Retengo Plus – T1; Propulse – T2), 100% (Retengo Plus – T2) und 101% (Propulse – T1). Auswertungen zur Energiedichte (6,6 bis 6,7 NEL MJ/ha), Rohfasergehalt (14,1% und 14,2% – T1; 14,7% – T2), Rohproteingehalt (7,3 bis 7,4%) und Stärkegehalt (34,9 bis 35,5%) zeigen keine wesentlichen Unterschiede in den genannten Parametern. Die Untersuchungen zur Reduzierung von Mykotoxinwerten wie Deoxynivalenol und Zearalenon waren bis zur Tagung noch nicht abgeschlossen. Es besteht in Zukunft noch Forschungsbedarf zu Fragen der Behandlungsnotwendigkeit, zum optimalen Applikationstermin, Nutzung von Bekämpfungsrichtwerten oder Prognosemodelle u.a.

Unter den derzeitigen Befallsbedingungen und aus den bisher gewonnenen Erkenntnissen aus den Ringversuchen wurden in Brandenburg, Sachsen, Sachsen-Anhalt und Thüringen noch keine Fungizidmaßnahmen in Mais empfohlen. Bei entsprechenden Infektionsbedingungen kann jedoch mit einem höheren Befallsrisiko von Blattkrankheiten gerechnet werden. Dazu werden auch weiterhin Befallskontrollen auf Monitoringschlägen und Versuche zur Bekämpfung von Blattkrankheiten durchgeführt.

(DPG PG Krankheiten im Getreide)

#### 4) Einfluss von Blattkrankheiten und Blattverlusten auf den Ertrag von Mais

Elisabeth OLDENBURG

Julius Kühn-Institut, Institut für Pflanzenschutz in Ackerbau und Grünland, Messeweg 11/12, 38104 Braunschweig, Deutschland  
E-Mail: elisabeth.oldenburg@jki.bund.de

Erreger von Blattkrankheiten im Mais sind mittlerweile in ganz Deutschland verbreitet, jedoch treten Befallssymptome meist erst spät in der Vegetationsperiode auf und entwickeln sich bis zur Abreife nur langsam weiter. Um die Ertragsrelevanz dieser Blattinfektionen im Mais besser einschätzen zu können, wurde im Jahr 2012 ein experimenteller Feldversuch am Standort des JKI (Braunschweig) durchgeführt. Der Versuch wurde als randomisierte Blockanlage mit 4 Wiederholungen und 4 Maisorten angelegt, die in Landessortenversuchen gegenüber dem Blattdürre-Erreger *Setosphaeria turcica* als mittel oder höher anfällig eingestuft wurden. Die Parzellenfläche pro Sorte und Wiederholung betrug 90 m<sup>2</sup>. Um einen Frühbefall der Blätter zu initiieren, wurden einzelne Kernreihen der Maispflanzen im Wuchsstadium BBCH 32/34 mit getrockneten und grob vermahlenden Blättern inokuliert (Einstreu von jeweils 1 g pro 9 m-Reihe auf die Blätter der Einzelpflanzen), die im Jahr zuvor *S. turcica*-Befallssymptome aufwiesen. Als weitere Variante wur-

den Blätter (ab Kolbenblatt aufwärts) im Wuchsstadium BBCH 69 entfernt, um den Einfluss des Verlustes an assimilatorischer Blattfläche (Simulation „früher Blattbefall“) auf den Kolbenertrag zu untersuchen. Als Kontrolle dienten Pflanzen mit intaktem Blattapparat, die nicht inokuliert wurden. Die Bonitur des Blattbefalls erfolgte auf Grundlage des EPP0-Standard PP 1/272 (1) „Foliar diseases on maize“ an 5 spezifischen Blättern (Kolbenblatt und die zwei Blätter unter- sowie oberhalb des Kolbenblattes) von 10 aufeinanderfolgenden Pflanzen in einer Kernreihe. Der Kolbenertrag wurde anhand des Trockengewichtes von jeweils 40 manuell geernteten und entlieschten Kolben pro Sorte und Variante berechnet.

Deutliche Blattbefallssymptome entwickelten sich sowohl nach natürlicher Infektion als auch nach Inokulierung ca. 3 Wochen nach Vollblüte im Wuchsstadium BBCH 75. Zu diesem Zeitpunkt variierte der Anteil der insgesamt befallenen Blattfläche (5 Blätter gemittelt) im Bereich von 3 bis 6% (natürliche Infektion) sowie 3 bis 8% (Inokulierung). Im Verlauf von weiteren 4 Wochen nahm der Blattbefall langsam weiter zu und erreichte im Wuchsstadium BBCH 85 Werte im Bereich von 14 bis 20% (natürliche Infektion) sowie 23 bis 36% (Inokulierung). Es traten dabei Schadsymptome von *Setosphaeria turcica* und *Kabatiella zae* im Verhältnis von ca. 1:2 auf. Ein deutlicher Bezug zur unterschiedlich eingeschätzten Sortenanfälligkeit war dabei nicht erkennbar. Die Inokulierung im frühen Wuchsstadium der Pflanzen führte zwar zu ca. 2-fach höheren Blattbefallsraten, jedoch wurde kein Frühbefall initiiert und keine Verluste im Kolbenertrag festgestellt. Die Entfernung von mittleren und oberen Blättern am Beginn der Kornfüllungsphase erwies sich als relevant in Bezug auf den Kolbenertrag. Im Mittel der Sorten wurden folgende Ertragseinbußen im Vergleich zur Kontrolle (79 dt TM/ha) ermittelt: Kolbenblatt –10%, beide Blätter oberhalb des Kolbenblattes –7%, alle oberhalb dieser 3 Blätter liegenden Blätter –18%. Der an den verbliebenen Blättern ermittelte Befall im Bereich von 10 bis 23% erwies sich dagegen nicht als ertragsrelevant.

Die Ergebnisse dieser Studie lassen den Schluss zu, dass Ertragseinbußen als Folge von Blattinfektionen beim Mais insbesondere bei starkem Frühbefall der mittleren und oberen Blätter ab Beginn der Kornfüllungsphase zu erwarten sind.

(DPG PG Krankheiten im Getreide)

#### 5) Einfluss einer Fungizidapplikation im Mais auf biotischen und abiotischen Stress

Michael HESS, Monika FLESCHHUT

Lehrstuhl für Phytopathologie, Wissenschaftszentrum Weihenstephan, Technische Universität München, Emil-Ramann-Straße 2, 85350 Freising-Weihenstephan, Deutschland  
E-Mail: m.hess@tum.de

Feldbeobachtungen zum Einfluss einer Fungizidapplikation im Mais im Jahr 2011 zeigten bei einem als schwach wahrgenommenen Pathogendruck deutlich positive Effekte auf den Korn-ertrag. Diese wurden besonders in den Varianten beobachtet, die aufgrund einer überhöhten Bestandesdichte (13 Pfl./m<sup>2</sup>) stärker „gestresst“ waren. Neben dem Korn-ertrag konnten durch die Fungizidapplikation eine verringerte Nekrotisierung, höherer Chlorophyllgehalt, höherer Zucker- und reduzierter Stärkegehalt festgestellt werden.

Für die vorgestellten Untersuchungen ergab sich damit die Frage, in wie weit die Feldbeobachtungen auf die Wirkung des Fungizids auf biotischen und abiotischen Stress zurückgeführt werden können.

Während im Feld kaum Symptome von Blattkrankheiten festgestellt wurden, zeigte sich bei der Bonitur der Kolbenblätter



zur Ernte unter dem Mikroskop Befall mit *Helminthosporium*, *Alternaria*, Rost und *Kabatiella*. Bei Sporenabwaschungen konnten zusätzlich Fusariumsporen identifiziert und die *Helminthosporium*-Arten entsprechend der neueren Nomenklatur in *Cochliobolus carbonum* und *Setosphaeria turcica* differenziert werden. Trotz stärkerer Schwankungen zwischen den einzelnen Proben konnte generell durch den Fungizideinsatz ein reduzierter Pathogenbefall beobachtet werden.

Die Fungizidwirkung auf abiotischen Stress wurde unter kontrollierten Bedingungen im Gewächshausversuch untersucht. Wasserstress wurde durch Trockenheit und Überflutung erzeugt. Die Stresstoleranz wurde über die Messung der Chlorophyll-Fluoreszenz durch PAM Fluometrie und die Bestimmung der Biomasse nach Regeneration am Versuchsende festgestellt.

Es zeigte sich eine unterschiedliche, charakteristische Reaktion der Pflanzen auf die unterschiedlichen Stressarten. Während die Reaktion auf den Trockenstress sehr schnell einsetzte, aber nur kurz anwendbar war, konnte die Überflutung über mehrere Wochen angewendet werden, wobei die Pflanzen erst verzögert auf den Stress reagierten. Es zeigte sich eine hohe Variabilität zwischen den Sorten und innerhalb der Sorten in der physiologischen Reaktion der einzelnen Pflanzen.

Bei der PAM Fluometrie traten kaum Unterschiede bei der Photosyntheseeffizienz auf. Es konnten jedoch deutliche Effekte auf die Stresstoleranz gemessen werden, die im Verlauf des NPQ (Non Photochemical Quenching) erfasst wurden.

Diese positiven Effekte auf die Stresstoleranz äußerten sich auch in höheren Frisch- und Trockenmassen der Pflanzen nach Fungizidapplikation.

Aus den Ergebnissen ergibt sich die Schlussfolgerung, dass durch den Einsatz von Fungiziden im Mais sowohl der biotische, pathogenbedingte Stress, als auch der abiotische, durch Umweltbedingungen hervorgerufene Stress reduziert wird, wodurch positive Ertragseffekte erklärt werden können.

(DPG PG Krankheiten im Getreide)

## 6) Auftreten von *Fusarium*-Arten und Mykotoxinbildung in der Weizen- und Maiskultur in Abhängigkeit von der Witterung und Anbausystemfaktoren, Schleswig-Holstein, 2008–2012

Tim BIRR, Joseph-Alexander VERREET

Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, Institut für Phytopathologie, Hermann-Rodewald-Str. 9, 24118 Kiel, Deutschland  
E-Mail: t.birr@phytomed.uni-kiel.de

Der überregional vermehrte Maisanbau in Schleswig-Holstein, mitunter in Monokulturen, führt insgesamt zu einem erhöhten Befallsdruck mit resultierend erhöhter Mykotoxinbelastung durch *Fusarium*-Pilze. Eine zusätzliche und zukünftig zu erwartende Problematik ergibt sich durch die Biologie der *Fusarium*-Pilze, welche nicht nur an der Maiskultur, sondern auch an Weizen parasitieren. Demnach erhöht der zunehmende Maisanbau auch das überregionale Infektionspotential einerseits für die Mais-, andererseits für die Weizenkultur. In den Jahren 2008 bis 2012 wurden überregional Weizenkorn- (Sorte „Ritmo“; unbehandelte Kontrolle und fungizide Gesundvariante) sowie 2011 und 2012 Silomaisproben (Sorten „Lorado“, „LG 30222“, „P 8000“, „Torres“) von verschiedenen Standorten aus ganz Schleswig-Holstein auf das Auftreten verschiedener *Fusarium*-Arten sowie deren Mykotoxinbelastung untersucht. Als Ergebnis der überregional unter den Bedingungen der Kulturführung und Umwelt durchgeführten Untersuchungen können Aussagen zur strategischen Nutzung verschiedener Anbausystemfaktoren (Sortenwahl, Fruchtfolge, Bodenbearbeitung) zur pflanzenhygienischen Befallskontrolle gegenüber den in Schleswig-Holstein auftre-

tenden *Fusarium*-Arten abgeleitet werden. In den Silomaisproben konnten 2011 die *Fusarium*-Arten *F. graminearum*, *F. culmorum*, *F. poae* und *F. tricinctum* an allen Standorten nachgewiesen werden, während *F. avenaceum*, *F. langsethiae* und *F. equiseti* nicht an allen Standorten präsent waren. In den Proben konnten die Mykotoxine Deoxynivalenol (DON), Nivalenol (NIV) und Zearalenon (ZEA) detektiert werden. In der anfälligen Sorte „Lorado“ wurden DON-Gehalte von 1225 bis 26068 µg/kg TM, ZEA-Gehalte von 671 bis 5991 µg/kg TM gemessen. Der Einfluss von Anbausystemfaktoren zeigte hierbei deutlich, dass die Kombination von Monokultur Mais und pflugloser Bodenbearbeitung in den höchsten Mykotoxingehalten im Vergleich zum Maisanbau in Fruchtfolgen und wendender Bodenbearbeitung mit dem Pflug resultierten. Der Anbau von Sorten mit einer geringeren Anfälligkeit gegenüber Fusarien (z.B. „LG 30222“, „P 8000“, „Torres“) resultierte in einer deutlichen Reduktion der Mykotoxinbelastung. Jedoch waren selbst diese Sorten an Standorten mit pflugloser Bodenbearbeitung und Monokultur Mais ähnlich stark mit Mykotoxinen belastet wie die hoch anfällige Sorte „Lorado“. Die Ergebnisse zeigen, dass der Anbau einer gering anfälligen Sorte, der Anbau von Mais in Fruchtfolgen sowie die Nutzung des Pfluges zur wendenden Bodenbearbeitung wertvolle Werkzeuge darstellen, um die Mykotoxinbelastungen im Silomais zu reduzieren. Im Jahr 2012 wurden deutlich geringere Mykotoxingehalte nachgewiesen, jedoch konnten an den Standorten mit Maismonokultur und pflugloser Bodenbearbeitung wiederum die höchsten Werte detektiert werden. Im Winterweizen konnten in allen Versuchsjahren DON und NIV sowie ZEA nachgewiesen werden. Die höchsten Mykotoxinwerte wurden 2011 detektiert, wobei im Mittel 2130 µg/kg DON und 520 µg/kg ZEA gefunden wurden. In 2009 und 2012 konnten mittlere Belastungen von 1050 µg/kg bzw. 780 µg/kg DON und jeweils 160 µg/kg ZEA nachgewiesen werden. 2008 und 2010 stellten befallschwache Jahre dar mit geringen DON- und ZEA-Werten. Ursächlich für diese unterschiedlichen Mykotoxin-Gehalte waren die jahrespezifischen Witterungsbedingungen während der Weizenblüte. Während im Jahr 2011 durchschnittliche Niederschläge von 36,3 mm und Temperaturen von 16,5°C verantwortlich für die erhöhten Mykotoxinwerte waren, konnten diese hohen Werte trotz ähnlich hoher Niederschläge 2009 und 2012 nicht diagnostiziert werden, was auf die niedrigeren durchschnittlichen Temperaturen während der Weizenblüte in diesen Jahren zurückzuführen ist. Die sehr geringen Niederschlagsmengen zur Weizenblüte in den Jahren 2008 und 2010 (3,5 mm bzw. 7,3 mm) bedingten entsprechend geringe Mykotoxingehalte.

(DPG PG Krankheiten im Getreide)

## 7) Der Einfluss verschiedener Produktionsverfahren auf die Mykotoxinbildung bei Winterweizen

E. SCHEER

Spiess-Urania Cehmicals GmbH, Frankenstr. 18 b, 20097 Hamburg, Deutschland

E-Mail: scheer@spiess-urania.com

In für Fusarien kritischen Fruchtfolgen konnte über 2 Jahre in Winterweizen gezeigt werden, dass eine fungizide Blattbehandlung ohne eine nachfolgende fusariumwirksame Ährenbehandlung zu einer Verdoppelung der DON-Werte im Erntegut führt.

In einem größeren Versuch sollte 2012 geprüft werden, ob der Zeitpunkt der fungiziden Blattbehandlung einen Einfluss auf die Mykotoxinbildung im Erntegut hat. Dazu wurde ein Exaktversuch mit der Sorte Julius mit der Vorfrucht Körnermais

in Mulch angelegt. Die fungizide Vorbehandlung wurde über einen Zeitraum von BBCH 39 bis BBCH 65 appliziert.

In einem 2. Versuch auf dem gleichen Standort stand die Sorte Julius nach Vorfrucht Hafer und Pflugfurche. Dieser Versuch erlaubte einen Vergleich der Mykotoxinbildung mit dem 1. Versuch.

ProPlant hat für die Witterung im Mai auf diesem Standort keine Fusarieninfektionen ausgewiesen. Die unterschiedlich terminierten Blattbehandlungen hatten dabei keinen Einfluss auf die Fusariumbonitur der Weizenähre. Lediglich die Spritzung in BBCH 65 bewirkte geringere Boniturnwerte der mit Fusarien befallenen Weizenähre.

Es wurden von jeder Wiederholung die DON-Werte mittels HPLC ermittelt. Die unterschiedlichen Termine der Blattbehandlung hatten keinen Einfluss auf die Höhe und die Streuung der DON-Werte. Mit fusariumwirksamen Fungiziden in der Vollblüte ließen sich die DON-Werte sicher und mit geringer Streuung über den Wiederholungen reduzieren. Die GD 5% der DON-Werte lag bei diesem Versuch mit 0,744 mg/kg deutlich oberhalb des halben Grenzwertes.

Auffallend war auch, dass die DON-Werte von der 1. bis zur 4. Wiederholung anstiegen. Diese Tatsache lässt sich nur durch die West-Ost-Ausrichtung des freistehenden Versuchsblockes erklären. Es zeigt aber auch, wie witterungssensibel die DON-Bildung in der Weizenähre erfolgt.

Mit dem 2. Versuch, der gleichen Weizensorte Julius auf dem gleichen Standort und gleichem Drilltermin, allerdings mit Vorfrucht Hafer und Pflugfurche angelegt, lassen sich nun die DON-Werte dieses Versuches (best case) mit den DON-Werten des 1. Versuches (worst case) vergleichen:

Tab. 1.

	DON-Werte ohne Fungizide	DON-Werte der besten Fungizidvariante	Wirkungsgrad der Fungizide
Best case Vorfrucht Hafer mit Pflug	0,971 mg/kg	0,408 mg/kg	ca. 50%
Worst case Vorfrucht Kö.-Mais, Mulchsaat	2,95 mg/kg	0,85 mg/kg	ca. 67%

Beide Versuche erlauben eine Überprüfung der Schätzrahmen der Fusariumbelastung, wie sie von der LWK Niedersachsen und der LWK Nordrhein-Westfalen herausgegeben werden. Die Richtigkeit der Schätzrahmen wird für diese beiden Versuche bestätigt – ein Nachjustieren ist nicht notwendig.

(DPG PG Krankheiten im Getreide)

## 8) Ergebnisse der Mykotoxinuntersuchungen im Erntegut in 2012 in Brandenburg

Gerhard SCHRÖDER

Landesamt für Ländliche Entwicklung, Landwirtschaft und Flurneuordnung, Pflanzenschutzdienst, Müllroser Chaussee 54, 15236 Frankfurt (Oder), Deutschland  
E-Mail: gerhard.schroeder@lflf.brandenburg.de

Das Jahr 2012 war in Brandenburg ein Jahr mit allgemein geringen Mykotoxinwerten im Erntegut. Im Vergleich zu den „My-

kotoxinjahren“ 1999, 2005 und 2007 wurden nur auf Flächen mit erhöhtem Fusariumrisiko Deoxynivalenol-Werte (DON) über dem EU-Grenzwert für unbehandeltes Getreide von 1250 µg/kg Erntegut ermittelt. In dem Mykotoxin-Vorerntemonitoring, welches seit 2007 in Brandenburg etabliert ist, wurden 85 Proben von Winterweizenflächen und 36 Proben von Wintertriticaleflächen auf Mykotoxinbesatz untersucht. Es wurden Proben von den Monitoringflächen des amtlichen Pflanzenschutzdienstes und Proben von Fusariumrisikoflächen aus den Landkreisen vom Institut für Getreideverarbeitung Potsdam-Rehbrücke mittels HPLC untersucht.

Es wurde nur auf 8 Winterweizenflächen ein über dem Grenzwert liegender DON-Gehalt ermittelt. Bei Wintertriticale konnte auf 5 Flächen ein erhöhter DON-Gehalt nachgewiesen werden. Der Vergleich der Mykotoxinwerte (DON und ZEA) aus dem Vorerntemonitoring und dem Erntemonitoring ergab in 2012 nur geringfügige Unterschiede. Die Ursachen für diese Veränderung des Mykotoxinbesatzes liegen u.a. in der Mäh-dreschereinstellung (Kümmerkörner wurden nicht in vollem Umfang geerntet) und in der Lagerneigung der Bestände (vermehrte Toxinbildung). Die unterschiedlichen DON-Befallswerte beim Winterweizen zwischen dem integrierten und dem ökologischen Anbau konnten auch 2012 bestätigt werden. Während der DON-Wert von Partien aus dem integrierten Anbau im Mittel bei 594 µg/kg Erntegut lag, wurde im ökologischen Anbau nur ein DON-Wert von 141 µg/kg Erntegut ermittelt.

Seit 2008 werden in Brandenburg auch Stichproben beim Sommerhafer genommen und auf Mykotoxinbesatz untersucht. Von den bis 2012 insgesamt untersuchten 41 Proben wiesen drei Proben mehr als 0,1 µg/kg T2- + HT2-Toxine im Erntegut auf. Deshalb sollte in einem ersten Versuch ermittelt werden, ob der Mykotoxingehalt im Hafer durch Fungizidmaßnahmen beeinflussbar ist. Es wurden 4 Fungizidvarianten zu 2 Applikationsterminen (BBCH 59/61 und BBCH 65/69) geprüft. Dabei wurden die Fungizidvarianten Prosaro 1,0 l/ha, Osiris 3,0 l/ha, Input 1,25 l/ha und die Tankmischung Input 1,0 l/ha + DON-Q 1,1 kg/ha appliziert. An dem Versuchsstandort Nuhnen wurden 2012 nur geringe Werte der Toxine T2 und HT2 ermittelt werden, sodass die Wirkung auf diese Mykotoxinbildner nicht ermittelt werden konnte. Bei dem DON-Gehalt und bei dem Nivalenol-Gehalt (NIV) wurde durch die Fungizidapplikation eine Reduktion von 50 bis 60% erreicht. Da aus den anderen Bundesländern keine Versuchserfahrungen zur Reduzierung des Fusariumbefalls beim Hafer vorliegen, sind 2013 weitere Versuche zur Überprüfung dieses Versuchsergebnisses geplant.

(DPG PG Krankheiten im Getreide)

## 9) Einfluss von Temperatur, Feuchte und Bodenart auf den Wassergehalt von Maisstopplern und die Perithezienbildung von *Fusarium graminearum* – Das Prognosemodell FUS-OPT

Jeanette JUNG, Paolo RACCA, Benno KLEINHENZ

Zentralstelle der Länder für EDV-gestützte Entscheidungshilfen und Programme im Pflanzenschutz (ZEPP), Rüdeshheimer Str. 60–68, 55545 Bad Kreuznach, Deutschland  
E-Mail: jung@zepp.info

Die Infektion der Getreideähren durch *Fusarium graminearum* führt neben Ertragsausfällen zu einer erheblichen Verminderung der Erntegutqualität. Zur Vermeidung einer gesundheitlichen Gefährdung regeln innerhalb der Europäischen Union Höchst-mengenverordnungen die zulässige Mykotoxinbelastung (DON-Grenzwerte). Die Aufgabe des Prognosemodells FUS-OPT, welches 2006 in Zusammenarbeit mit der Universität Göttingen entwickelt wurde, ist es daher, das Risiko einer Ähreninfektion

abzuschätzen bzw. das Risiko zur Überschreitung der DON-Grenzwerte vorherzusagen. Im Rahmen eines weiteren dreijährigen Projektes (gefördert von der Deutschen Bundesstiftung Umwelt) wurde das Modell überarbeitet und verfeinert.

Die bedeutendsten Infektionsquellen für eine *Fusarium*-Epidemie am Getreide stellen befallene Ernterückstände, insbesondere die der Vorfrucht Mais, dar. Auf infizierten Vorfruchtresten kommt es bei geeigneter Witterung und ausreichender Durchfeuchtung zur Ausbildung von Perithezien des Pilzes. Im Modell FUS-OPT wird die Ausbildung von Perithezien berechnet, solange die infizierten Vorfruchtreste ausreichend befeuchtet sind. Der Einfluss der Temperatur, der Feuchte und der Bodenart auf den Wassergehalt von Maisstoppeln und die Perithezienbildung von *F. graminearum* wurde genauer definiert und damit die Berechnung des Inokulums optimiert.

In Laborversuchen wurde die Abtrocknung von Maisstoppeln und damit der zur Verfügung stehende Zeitraum zur Perithezienbildung, auf unterschiedlichen Böden bei unterschiedlichen Temperatur- und relativen Luftfeuchtevarianten untersucht. Gleichzeitig wurde bonitiert, bis zu welchem minimalen Wassergehalt der Maisstoppeln eine Perithezienbildung möglich ist. Mit den Boniturergebnissen wurde bodenartspezifisch eine tägliche Abtrocknungsrate der Maisstoppeln in Bezug zur Temperatur und zur relativen Luftfeuchte errechnet. Die neuen Ansätze wurden in das Modell FUS-OPT integriert und das errechnete Pilzsporenpotenzial mit Boniturdaten zu Ascosporenfängen, die von der Bayerischen Landesanstalt für Landwirtschaft erhoben wurden, validiert. Die Summe der gefangenen Sporen während der Blüte war exponentiell mit dem errechneten Pilzsporenpotenzial auf den Maisstoppeln korreliert. Das Bestimmtheitsmaß lag bei 0,76 (n = 12). Mit dem neuen Ansatz kann zukünftig eine genauere Abschätzung des Inokulums auf der Bodenoberfläche bereits vor, aber auch während der Getreideblüte berechnet werden.

Im zweiten Modellteil erfolgt im Zeitraum BBCH 49 bis 65 die Berechnung täglicher regionaler Risikokarten zur Abschätzung des Risikos zur Überschreitung relevanter DON-Grenzwerte auf Grundlage der Infektionsbedingungen an den Ähren während der Blüte. Neben der aktuellen Witterung wird in dieser Berechnung die Abschätzung des Inokulums, die Vorfrucht, die Bodenbearbeitung sowie die Anfälligkeit nach BBCH-Stadium berücksichtigt. Eine erste Validierung hinsichtlich der Einstufung der Kategorien zur Überschreitung des DON-Grenzwertes von 750 µg/kg im Vergleich zu DON-Werten in Ernteproben ergab eine korrekte Klassifizierung in 80% der Fälle (n = 329). Das Modellergebnis steht für Hochrisikoschläge (Vorfrucht Mais und nicht-wendende Bodenbearbeitung) mittels Risikokarten den Pflanzenschutzdiensten der Länder auf [www.isip.de](http://www.isip.de) zur Verfügung. Eine umfassendere Validierung der neuen Ansätze soll folgen und, im Falle zufriedenstellender Validierungsergebnisse, eine schlagspezifische Nutzung des Modells für die Pflanzenschutzdienste der Länder ermöglicht werden.

(DPG PG Krankheiten im Getreide)

## 10) Multifaktorielle Analyse des *Fusarium*-Komplexes an Gerste

Katharina HOFER, Andrea LINKMEYER, Johann HAUSLADEN,  
Ralph HUECKELHOVEN, Michael HESS

Lehrstuhl für Phytopathologie, Wissenschaftszentrum Weihenstephan,  
Technische Universität München, Emil-Ramann-Straße 2, 85350  
Freising-Weihenstephan, Deutschland  
E-Mail: [m.hess@tum.de](mailto:m.hess@tum.de)

Ährenfusariosen werden durch verschiedene *Fusarium*-Arten verursacht und sind als zerstörerische Krankheit in allen getreide-

produzierenden Regionen der Welt bekannt. Wie auch in anderen Getreidearten führt die Infektion von Gerstenpflanzen zu Ertragsverlusten, Qualitätsminderungen und Mykotoxinkontaminationen. Eine multifaktorielle Analyse des *Fusarium*-Komplexes an Gerste wurde durchgeführt, um Einflussfaktoren und ihren Beitrag zur *Fusarium*-Epidemiologie zu erfassen.

Über die Vegetationsperiode hinweg wurden in wöchentlichen Abständen Pflanzen verschiedener Gerstensorten geerntet. Die Pflanzen wurden in ihre Organe (Ähren und einzelne Blättchen) zerlegt und mit PCR (polymerase chain reaction)-Methoden auf deren *Fusarium*-Besatz hin getestet. Darüber hinaus wurde die Windverbreitung von *Fusarium*-Inokulum untersucht und deren Beitrag zur Ähreninfektion evaluiert. Dazu sammelte eine Burkard-Sporenfangfalle windbürtiges Inokulum, welches durch eine darauffolgende quantitative PCR bestimmt wurde.

Auf den geernteten Gerstenkörnern wurden *F. langsethiae*, *F. poae*, *F. avenaceum* und *F. tricinctum* als dominierende Arten festgestellt. *F. graminearum*, *F. culmorum* und *F. sporotrichioides* waren weniger stark etabliert. Die Analyse von Pflanzen kurz vor bzw. am Anfang ihrer Blüte zeigte, dass der Blattbesatz mit *F. avenaceum* und *F. culmorum* einem negativen Gradienten folgte. Höhere Blattebenen enthielten demnach mehr Pilz-DNA als tiefer gelegene. Darüber hinaus war *F. langsethiae* die am stärksten vertretene Art in Ähren, konnte auf Blättern aber nur in geringen Mengen nachgewiesen werden. *F. avenaceum* und *F. culmorum* wurden vor allem auf Blättern gefunden. Die Beobachtung von Pflanzen über die gesamte Vegetation hinweg ergab schwankende Gehalte an *F. avenaceum* DNA in verschiedenen Organen, stieg zum Ende hin jedoch tendenziell an. Die Analyse von windbürtigem Inokulum wies DNA von *F. avenaceum*, *F. culmorum*, *F. langsethiae* und *F. graminearum* nach. Dabei war *F. avenaceum* dominant, gefolgt von *F. graminearum* und *F. culmorum*. Die Spezies *F. langsethiae* wurde am seltensten beobachtet. Das Auftreten von *F. culmorum* war bereits sehr früh in der Vegetation nachweisbar. Windbürtiges Inokulum von *F. avenaceum* und *F. graminearum* stieg im Verlauf der Vegetation an. Mit Hilfe einer Regressionsanalyse wurde Regen als einflussreichster Faktor für das Auftreten von windbürtigem *Fusarium*-Inokulum identifiziert. Darüber hinaus ließ das zeitliche Auftreten von Regenereignissen auf die Regenspritzer-Verbreitung von *F. avenaceum*, *F. poae* und *F. langsethiae* schließen. Diese Beobachtungen deuten darauf hin, dass verschiedene Inokulum-Verbreitungswege unterschiedlich wichtig für diverse *Fusarium*-Arten sind.

Die Erkenntnisse über Einflussfaktoren können zur Erleichterung der Auswahl von Faktoren für weitere, spezifischere Untersuchungen der *Fusarium*-Epidemiologie beitragen. Im weiteren Sinne sollen die generierten Informationen zukünftige Entscheidungen bezüglich Sortenwahl und Terminierung von Fungizidapplikationen unterstützen.

(DPG PG Krankheiten im Getreide)

## 11) Untersuchung der Bedeutung der Saatgutinfektion durch *Ramularia collo-cygni* und neue Möglichkeiten der Bekämpfung

Michael HESS<sup>1</sup>, Johann HAUSLADEN<sup>1</sup>, Stephan WEIGAND<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Lehrstuhl für Phytopathologie, Wissenschaftszentrum Weihenstephan,  
Technische Universität München, Emil-Ramann-Straße 2, 85350  
Freising-Weihenstephan, Deutschland

<sup>2</sup> Institut für Pflanzenschutz, Bayerische Landesanstalt für  
Landwirtschaft, Lange Point 10, 85354 Freising, Deutschland  
E-Mail: [m.hess@tum.de](mailto:m.hess@tum.de)

In den letzten Jahren wurden in gezielten Versuchsansätzen die Grundlagen erarbeitet, auf denen eine optimale Bekämpfung



des Blattfleckenkomplexes der Gerste möglich ist. Eine gute Kontrolle kann besonders durch den Einsatz wirksamer Fungizide erzielt werden. Die optimale Terminierung liegt zu späten Behandlungsterminen nach dem Ährenschieben.

Die Untersuchungen zur Erweiterung des Gerstenmodell Bayern um eine effektive Kontrolle des Blattfleckenkomplexes haben gezeigt, dass unter den herrschenden Befallsbedingungen bei Behandlungsindikationen ab dem Erscheinen des Fahnenblattes (BBCH 39) der Einsatz von Präparaten mit Ramularia-wirkung angezeigt ist. Sollte es bis zum Anfang der Blüte zu keiner Schwellenüberschreitung der „klassischen“ Schaderreger gekommen sein, so konnte durch eine späte, ramulariawirksame Maßnahme zum Anfang der Blüte immer noch eine verbesserte Ertragsabsicherung erzielt werden. Mittelwahl und Aufwandmenge richten sich dabei immer an dem allgemeinen Krankheitsdruck und der benötigten Wirkungsdauer aus. Diese Strategie konnte in den Untersuchungen der Bayerischen Ämter für Landwirtschaft in den letzten Jahren in den verschiedenen Regionen Bayerns unter unterschiedlichen Witterungsumständen sowohl in der Winter- als auch der Sommergerste eine bessere Ertragsleistung als das bisherige Gerstenmodell erzielen. Die Weiterentwicklung des Gerstenmodells bestätigt die weite Verbreitung des Schaderregers *Ramularia collo-cygni* und die hohe Schadrelevanz des Blattfleckenkomplexes.

Neue Bekämpfungsansätze bietet der Einsatz bestimmter, neuer Saatgutbehandlungen, die zu einer deutlichen Verzögerung im Befall mit Blattkrankheiten und auch des Blattfleckenkomplexes führen. In einem 2012 in Weihenstephan in der Wintergerste durchgeführten Versuch waren durch die Beizmaßnahme in den mit Blattfungizid unbehandelten Varianten zur Abreife hin die Nekrotisierung und der Befall mit Netzflecken und dem Blattfleckenkomplex noch sichtbar reduziert. Dieser Unterschied wurde mit über 9 dt/ha auch in der Ertragsleistung wiedergefunden.

Dieses sehr deutliche Einzelergebnis bestätigt sich auf etwas niedrigerem Niveau in vergleichbaren Untersuchungen durch die Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft an verschiedenen Standorten in Bayern. Die durchschnittliche Ertragsleistung durch die Zusatzbeize lag in der Wintergerste bei 5,1 dt/ha (5 Standorte), bei der Sommergerste bei 1,8 dt/ha (3 Standorte).

Ein erster Vergleich der Ertragswirkung von Beizbehandlung in Kombination mit Blattapplikationen deutet an, dass sich die Effekte nicht additiv verhalten. Dementsprechend gilt es, die Zusatzbeize sinnvoll in das Krankheitsmanagement zu integrieren.

Durch diese Bekämpfungsmöglichkeiten ergeben sich neue Einblicke in die Erregerbiologie.

(DPG PG Krankheiten im Getreide)

## 12) Laboruntersuchungen zur Wirkung von Getreidefungiziden in Abhängigkeit von Temperatur und Konzentration

Sandra GERTH, Paolo RACCA, Cornelia BRAUN, Benno KLEINHENZ  
Zentralstelle der Länder für EDV-gestützte Entscheidungshilfen und  
Programme im Pflanzenschutz (ZEPP), Rüdeshheimer Str. 60–68,  
55545 Bad Kreuznach, Deutschland  
E-Mail: gerth@zepp.info

Im Rahmen der Erarbeitung eines Modells zur Prognose der Wirkungsdauer von Getreidefungiziden wurden Daten in Laboruntersuchungen erhoben. Als Modellpathogene dienten *Septoria tritici*, *Fusarium graminearum* und *Puccinia triticina*. Proline®

(Prothioconazol), Epoxion® (Epoxiconazol) und Imbrex® (Fluxapyroxad) wurden als Modellfungizide verwendet. Alle Versuche wurden bei drei Temperaturstufen (15, 20, 25°C) und mit Konzentrationen von 0–10 ppm Wirkstoff durchgeführt.

Mit *F. graminearum* und Proline® wurde ein Myzelwachstumstest auf Potato-Dextrose-Agar durchgeführt. Der Agar wurde mit Fungizidsuspensionen unterschiedlicher Konzentrationen versetzt. Die Agarplatten wurden dann mit einem 5 mm großen pathogenbewachsenen Agarstück beimpft. Bei der Bonitur wurde täglich die Myzelfläche gemessen.

Da *S. tritici* kein radiales Myzelwachstum aufweist, wurde ein Myzelwachstumstest in 96 Well-Mikrotiterplatten durchgeführt. Es wurde ebenfalls das Fungizid Proline® verwendet. In Glucose-Pepton-Medium wurde eine Sporensuspension (10<sup>4</sup> Sporen/ml) aus einer sieben Tage alten Pilzkultur hergestellt. Die Konzentrationen des Fungizids wurden ebenfalls in dem Medium angesetzt. Sporensuspension und Fungizidsuspensionen wurden direkt in den Wells gemischt. Für die Kontrolle wurde reines Medium verwendet. Die Platte wurde mit einem gaspermeablen Vlies verschlossen und nach sechs Tagen Inkubationszeit bei 405 nm im Photometer gemessen.

Mit *P. triticina* wurde ein Ganzpflanzentest im Klimaschrank durchgeführt. Dazu wurden Pflanzen der Sorte JB Asano im BBCH-Stadium 12 mit der vollen Feldaufwandmenge (2,0 l/ha) des Fungizids Imbrex® behandelt. Die Inokulation der Versuchsglieder erfolgte 0, 7, 14 und 21 Tage nach Fungizidapplikation. Bei jedem Versuchsglied wurden neben behandelten auch unbehandelte Pflanzen inokuliert. Die Befallsstärke pro Blatt wurde dreimal wöchentlich bonitiert.

Zur Analyse der Daten wurden Wirkungsgrade berechnet. Diese wurden für eine Probit-Analyse genutzt, um die Fungizidwirkung in Abhängigkeit von Temperatur und Konzentration darstellen zu können. Die Ergebnisse haben gezeigt, dass die Wirkung der Fungizide temperaturabhängig ist. In beiden Myzelwachstumstests wurden bei niedrigeren Temperaturen bessere Wirkungsgrade erreicht als bei höheren Temperaturen. Für *F. graminearum* wurde gezeigt, dass der Wirkungsgrad von Proline® bei einer Konzentration von 1,0 ppm Prothioconazol bei 15 und 20°C bei 90% liegt, bei 25°C werden nur 68% erreicht. In den Versuchen mit *S. tritici* wurde bei 1,5 ppm ein Wirkungsgrad von 99% bei 15°C berechnet, bei 20°C lag der Wirkungsgrad derselben Konzentration nur bei 54%. Versuche mit *S. tritici* und Epoxion® sowie mit Imbrex® laufen zurzeit.

Der Ganzpflanzentest wurde bisher nur bei 20°C durchgeführt. Der Versuch zeigte, dass bei dem Versuchsglied „21 daa“ 20 Tage nach der Inokulation ein Wirkungsgrad von 98,5% erreicht wurde. Nach 21 Tagen konnte im Klimaschrank also noch kein Wirkungsverlust des Fungizids nachgewiesen werden. Dies ist vermutlich auf die fehlenden Einflussfaktoren UV-Strahlung und Niederschlag zurückzuführen.

Die Daten sollen genutzt werden, um ein Modell zu entwickeln, welches die potenzielle Wirkungsdauer eines Fungizids prognostiziert. Damit werden die Ergebnisse von Schaderregerprognosemodellen weiter vervollständigt (z.B. SEPTRI, *Septoria tritici*-Modell). Das Modell soll in Abhängigkeit von den Wetterbedingungen und der Pflanzenentwicklung eine objektive und dynamische Einschätzung des Wirkungsverlustes berechnen. Die Wirkungsdauer des Fungizids gilt als abgelaufen, wenn die relative Wirkung einen bestimmten Grenzwert erreicht hat. Damit sollen dem Landwirt alle notwendigen Informationen zur Verfügung gestellt werden, die er benötigt, um eine Fungizidbehandlung möglichst ressourcen- und umweltschonend durchzuführen. Das Projekt wird vom BMELV gefördert.

(DPG PG Krankheiten im Getreide)

### 13) GIS-gestützte Darstellung der Epidemie- und Schadensdynamik von Weizenpathogenen in Schleswig-Holstein im Rahmen des IPS-Winterweizenmonitorings 1995–2012

Christian ENGEL, Holger KLINK, Joseph-Alexander VERREET  
Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, Institut für Phytopathologie,  
Hermann-Rodewald-Str. 9, 24118 Kiel, Deutschland  
E-Mail: c.engel@phytomed.uni-kiel.de

Mit der Langzeitstudie „IPS-Winterweizenmonitoring Schleswig-Holstein“, welches seit 1995 in Schleswig-Holstein stattfindet, steht eine kontinuierliche und homogene Datenreihe zur Verfügung, in der einheitlich die Sorte „Ritmo“ verwendet wurde. Begleitend zur geoepidemiologischen Befallserhebung mittels Exaktbonitur wurde die Witterung (Temperatur, Blattnässe, Luftfeuchtigkeit und Niederschlag) direkt im Bestand aufgezeichnet. Die Bonitur der Hauptschadpathogene *Septoria tritici*, *Blumeria graminis* und *Puccinia* spp. verläuft von Schossbeginn bis zur Teigreife, sodass die Dynamik (Beginn, Verlauf sowie

Stärke) der Erreger sowie des Erregerkomplexes über die Jahre diagnostiziert wurde. Die Witterungsaufzeichnung in Kombination mit den Anbausystemfaktoren ermöglichen die jahresübergreifende Analyse und Interpretation des Pathogenvorkommens und dessen vertikaler und horizontaler Ausbreitung. Darüber hinaus gibt die Ertragserfassung regionale und jahrespezifische Schadwirkungen des vorhandenen Erregerkomplexes aus. Basierend auf der deduktiven Analyse ermöglicht diese Datengrundlage unter Zuhilfenahme von GIS (Geoinformationssystem) das Ausweisen und Prognostizieren von Risikogebieten, da Beziehungen zwischen Großwetterlagen sowie Anbausystemfaktoren zu geoepidemiologischen Ausbreitungsmustern hergestellt werden können. Des Weiteren bietet die grafische Aufarbeitung mittels Web-GIS ([www.ips-weizen.de](http://www.ips-weizen.de)) die Darstellung der wöchentlich erhobenen Boniturdaten, um der Beratung und dem Landwirt das aktuelle Befallsgeschehen aufzuzeigen, sowie anhand der Witterungsvorhersage den kurzfristigen Befallsverlauf zu modellieren.

(DPG PG Krankheiten im Getreide)

## TREFFEN DES AK HERBOLOGIE 13.2.2013, VORAB EINGEGANGENE ABSTRACTS

### ZUM NACHWEIS VON HERBIZIDRESISTENZ BEI FLUGHAFER (AVENA FATUA L.) IN DEUTSCHLAND

Augustin, Bernd<sup>1</sup>

<sup>1</sup>*DLR RNH, Rüdeshheimerstr. 60, 55545 Bad Kreuznach*

*Contact: bernd.augustin@dlr.rlp.de*

Von zwei Zuckerrübenflächen mit unzureichender Herbizidwirkung in Rheinland-Pfalz wurden 2011 zwei Flughafersamenproben (F1, F2) gesammelt. Durch Gibberellinsäure-Behandlung wurden Keimung und Auflauf der beiden Herkünfte zur Durchführung der Gewächshausversuche optimiert. In zwei aufeinander folgenden Biotests wurden sie nach Erreichen des 2-3-Blattstadiums mit ACCase-Hemmern (Fenoxaprop, Pinoxaden, Clodinafop+Pinoxaden, Cycloxdim) und einem ALS-Hemmer (Iodosulfuron) behandelt. Die Wirkungsbonitur ergab drei und vier Wochen nach der Behandlung bei beiden Herkünften Kreuzresistenzen zwischen allen eingesetzten ACCase-Hemmern mit Ausnahme von Cycloxdim. Die Herkunft F2 zeigte einen fortgeschrittenen Resistenzgrad mit einer Abstufung von Fenoxaprop zum Pinoxaden. Bei der Herkunft F1 beschränkte sich die Resistenz auf Einzelpflanzen. Eine anschließende genetische Untersuchung von Blattmaterial ergab bei beiden Herkünften eine I1781L Targetsite-Mutation. Zur Beurteilung der beobachteten Minderwirkung von Iodosulfuron bedarf es weiterer Untersuchungen mit abgestuften Aufwandmengen.

### UNKRAUTBEKÄMPFUNG IN LUPINEN - VERSUCHSERGEBNISSE AUS 10 JAHREN LÜCKENINDIKATION

Christine Tümmeler<sup>1</sup>, Gerhard Schröder

<sup>1</sup>*Landesamt für Ländliche Entwicklung, Landwirtschaft und Flurneuordnung Brandenburg, Pflanzenschutzdienst, Steinplatz 1, 15806 Zossen, OT Wünsdorf*

*Contact: christine.tuemmler@lflf.brandenburg.de*

In Deutschland hat der Lupinenanbau nur in einigen Bundesländern auf den leichten Standorten traditionell eine Bedeutung. Aus diesem Grund werden Versuche zur Schließung von Bekämpfungslücken bei der Unkrautbekämpfung nur in sehr geringem Umfang durchgeführt. Alle im Voraufbau zugelassenen bzw. genehmigten Herbizide weisen zumindest einzelne Bekämpfungslücken bei den am meisten vorkommenden Unkrautarten auf. Windenknöterich (*Polygonum convolvulus*) wird von den im Voraufbau geprüften Herbiziden nicht ausreichend erfasst. Die beste Wirkung gegenüber *P. convolvulus* wird mit der Spritzfolge von 0,8-1,0 l/ha Fenikan im Voraufbau und 0,2 l/ha Tacco im Nachaufbau erreicht. Ein Einsatz dieser Herbizide kann jedoch nur nach Genehmigung in Beständen zur Saatguterzeugung erfolgen. Von den gesetzlich möglichen Herbizidvarianten verfügt neben Gardo Gold die Tankmischung (TM) Boxer + Stomp Aqua noch über die beste Breitenwirkung. Da auch in Getreide und im Mais in den nächsten Jahren keine neuen herbiziden Wirkstoffe, die auch in Lupinen verträglich sind, zu erwarten sind, wird in naher Zukunft die Unkrautbekämpfung nur mit den derzeitigen Herbiziden möglich sein. Bei suboptimalen Einsatzbedingungen der Bodenherbizide können die stark verunkrauteten Lupinenbestände nur nach vorheriger Sikkation geerntet werden.

## **ERGEBNISSE DER RESISTENZUNTERSUCHUNGEN DER SAMENPROBEN VON WINDHALM UND ACKERFUCHSSCHWANZ IN SACHSEN**

Dr. Meinlschmidt, Ewa<sup>1</sup>, Dietz Michael<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Landesamt für Umwelt Landwirtschaft und Geologie (LfULG) 01683 Nossen,  
Waldheimerstr. 219

Contact: Ewa.Meinlschmidt@smul.sachsen.de

Seit 2009 überprüft der sächsische Pflanzenschutzdienst die Resistenzen mittels Samenproben von Windhalm- und Ackerfuchsschwanzstandorten mit Minderwirkungen auf ihre Sensitivität. Die Ergebnisse der Resistenzuntersuchungen 2009 - 2012 werden vorgestellt und diskutiert. Die Resistenzuntersuchungen bei Windhalm haben ergeben, dass ALS-Resistenzen gegenüber Sulfonylharnstoffen sowie im Einzelfall gegenüber ACCase-Hemmer nachgewiesen wurden. In den meisten Untersuchungsfällen lagen die Wirkungsgrade bei 50 bis 80 %. Beim Ackerfuchsschwanz wurde im Einzelfall eine Resistenz gegenüber ACCase-Hemmer nachgewiesen.

Im Gegensatz zu anderen Bundesländern, in denen die Resistenznachweise in den letzten Jahren deutlich zugenommen haben, besteht in Sachsen noch die Möglichkeit, die Selektion von resistenten Biotypen zeitlich hinauszuzögern.

## **DIE VERBREITUNG VON CHENOPODIUM ALBUM BIOTYPEN**

Kalfa, Antje-Viola<sup>1</sup>, Thiel, Heike<sup>2</sup>, Varrelmann, Mark<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Feinchemie Schwebda GmbH, Edmund-Rumpler-Str. 6, D-51149 Köln, Germany

<sup>2</sup>Institut für Zuckerrübenforschung, Abteilung Phytomedizin, Holtenser Landstr. 77, 37079 Göttingen, Germany

Contact: antje.kalfa@fcs-feinchemie.com

Die Verbreitung von *Chenopodium album* Biotypen mit verschiedenen "target site" Mutationen gegenüber Herbiziden mit PSII-Inhibitorwirkung wurde in einem Monitoring in sieben europäischen Ländern an *C. album* Einzelpflanzen aus Zuckerrübenflächen untersucht. Dabei wurden in den Jahren 2009 - 2011 über 900 Samen- und Blattproben von Verdachtsflächen gesammelt und auf mögliche Mutationen analysiert.

Der Wildtyp von *C. album* wurde in insgesamt 82 % aller Proben nachgewiesen. Die S264G Mutation wurde am häufigsten in den

*C. album* Proben gefunden, insbesondere in NL (36 %) und BE (57 %). In DE konnte nur bei 7 % der Proben dieser Biotyp nachgewiesen werden. Die aus SE bekannte Mutation A251V wurde nur in wenigen Proben aus DE und BE gefunden. Die erstmals in DE nachgewiesene L218V Mutation wurde in weiteren wenigen Proben aus DE und einer Probe aus NL gefunden. In DE wurden zusätzlich Daten zur Standorthistorie von *C. album* Proben, welche Mutationen aufwiesen, erhoben. Dabei zeigte sich, dass ca. 80 % der *C. album* Proben, die Mutationen aufwiesen, aus Fruchtfolgen stammten, die gleichzeitig Kartoffel und/oder Mais und/oder Sonderkulturen aufwiesen.

## **CHLOROPHYLL FLUORESCENCE IMAGING MICROSCREENING: EINE NEUE METHODE ZUR FRÜHERKENNUNG VON HERBIZIDRESISTENZ IN UNKRÄUTERN**

Menegat, Alexander<sup>1</sup>, Kaiser, Yasmin<sup>1</sup>, Gerhards, Roland<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universität Hohenheim, Fachgebiet Herbologie, 70593 Stuttgart

Contact: alexander.menegat@uni-hohenheim.de



Auf Grund der weltweit steigenden Zahl herbizidtoleranter Unkrautpopulationen wächst der Bedarf an verlässlichen Schnelltestverfahren zur Detektion von Herbizidresistenz in Unkräutern. Schnelltestverfahren sollen sowohl innerhalb der laufenden, als auch zwischen den Anbauperioden verwendet werden können. Des Weiteren sollen die Verfahren schnell, zuverlässig und einfach in der Handhabung sein. Die Ergebnisse müssen innerhalb weniger Tage zur Verfügung stehen um eine Anpassung der Herbizidstrategie innerhalb der Saison zu ermöglichen.

In dieser Studie wird ein neues Verfahren auf Basis der bildgebenden Messung der Chlorophyll Fluoreszenz vorgestellt. Das Pflanzenmaterial wird hierfür auf Nährmedien kultiviert welche mit den zu testenden Herbiziden versetzt sind. Für Tests innerhalb der Saison können hierfür Keimpflanzen direkt auf Verdachtsflächen entnommen werden. Für Tests zwischen den Anbauperioden können Samen von Verdachtspopulationen verwendet werden.

Als Parameter zur Bestimmung der Herbizidwirkung wird die maximale Quanteneffizienz des Photosystem II herangezogen ( $F_v/F_m$ ). Versuche mit resistenten und sensitiven Unkrautpopulationen haben gezeigt, dass auf diesem Weg Herbizidresistenzen gegenüber den Wirkmechanismen PSII, ACCase, ALS und EPSPS detektiert werden können. Darüber hinaus ermöglicht das Verfahren eine quantitative Beurteilung des Grades der Herbizidresistenz in Form eines Resistenzfaktors. Alle Testergebnisse wurden durch Gewächshaus-Biotests als auch durch molekularbiologische Untersuchungen bestätigt.

Die durchgeführten Experimente demonstrieren das große Potential dieser Methode für die Früherkennung von Herbizidresistenz in Unkräutern. Auf Grund des geringen Zeitbedarfs, der geringen Kosten und der einfachen Handhabung eignet sich das vorgestellte Verfahren besonders als Vortest für nachfolgende molekularbiologische Untersuchungen und somit als gute alternative zu klassischen Gewächshaustests.

## **BEDEUTUNG VON JAKOBSKREUZKRAUT (SENECIO JACOBAEA) IN DER PFERDEHALTUNG UND MÖGLICHKEITEN DER BEKÄMPFUNG**

Oehme Susan<sup>1</sup>, Petersen Jan<sup>1</sup>, Augustin Bernd<sup>2</sup>

<sup>1</sup>FH Bingen, Berlinstr. 107a, 55411 Bingen

<sup>2</sup>DLR RNH, Rüdeshheimerstr. 60, 55545 Bad Kreuznach

Contact: [bernd.augustin@dlr.rlp.de](mailto:bernd.augustin@dlr.rlp.de)

Jakobskreuzkraut spielt als Giftpflanze auf Dauergrünland eine immer größere Rolle. Vor allem auf extensiv genutztem Grünland kann es sich stark verbreiten. Es wird in der Pferdehaltung sehr kritisch bewertet, weil Pferde unter den Weidetieren besonders empfindlich auf Pyrrolizidinalkaloide reagieren. Bei Pferdehaltern, besonders in kleinen Betrieben und im Freizeitbereich, begünstigen Defizite im Weidemanagement das Vorkommen von Jakobskreuzkraut. Eine Umfrage sollte Aufschluss über Wissen und Bekämpfung von Jakobskreuzkraut geben. Abgefragt wurden neben den für die Statistik relevanten Daten allgemeines Wissen über Jakobskreuzkraut, Bekämpfungsstrategie sowie vermutete Ursache für das Kreuzkrautproblem.

In der Gemarkung Neumagen-Drohn wurde ein Praxisversuch mit Großparzellen in vierfacher Wiederholung angelegt. In fünf verschiedenen Varianten mit Einsatz von Glyphosat, Simplex oder Umbruch wurden Bekämpfungsstrategien untersucht. Neben dem Wirkungsgrad auf Kreuzkraut wurde der Einfluss der Varianten auf die Diversität des Grünlandbestandes und einen möglichen Stickstoffaustrag untersucht.

In einer zusätzlichen Laboruntersuchung wurde der Einfluss des Schnittzeitpunktes von Jakobskreuzkraut auf die Bildung keimfähiger Samen (Notreife) untersucht.

## **UNTERSUCHUNGEN ZUR ENTWICKLUNG UND ZUM AUSBREITUNGSVERHALTEN EINIGER KREUZKRAUT-ARTEN**

Söchting, Hans-Peter<sup>1</sup>

<sup>1</sup>*Julius Kühn-Institut, Institut für Pflanzenschutz in Ackerbau und Grünland*

Contact: [hans-peter.soechting@jki.bund.de](mailto:hans-peter.soechting@jki.bund.de)

In letzter Zeit wird häufig über eine zunehmende Ausbreitung verschiedener Kreuzkraut-Arten berichtet. Während einige dieser Arten als Pionierpflanzen auf lückigen bzw. nicht bewachsenen Oberflächen ein hohes Etablierungs- und Ausbreitungspotenzial besitzen, gelten die Arten auf bewachsenen Oberflächen als eher konkurrenzschwach. Um diesen Sachverhalt zu überprüfen, wurde im Jahr 2009 am Standort Braunschweig ein entsprechender Freilandversuch auf zwei Grünlandflächen angelegt, die keiner Nutzung unterlagen. In 5 m<sup>2</sup> große Parzellen innerhalb einer randomisierten Blockanlage mit 4 Wiederholungen wurden jeweils 10 Pflanzen der Arten *Senecio aquaticus*, *Senecio erucifolius*, *Senecio inaequidens* und *Senecio jacobaea* eingepflanzt. Jedes Jahr wurden die Parzellen im Sommer und die Hälfte der Parzellen nochmals im Herbst abgemäht. In regelmäßigen Abständen wurden Anzahl und Entwicklungszustand der Kreuzkraut-Pflanzen ermittelt. Nach bisher zwei Versuchsjahren war auf beiden Flächen bei allen Arten ein Rückgang der Pflanzen festzustellen, wobei zwischen den Arten deutliche Unterschiede festzustellen waren. Obwohl in jedem Versuchsjahr zahlreiche Kreuzkraut-Pflanzen zur Samenbildung kamen, war bisher keine Neuaufkunft von Pflanzen aus Samen auf den Flächen festzustellen. Zwischen den Mähvarianten war praktisch keine Unterscheidung hinsichtlich der Überdauerung der Arten zu ermitteln. Es lässt sich festhalten, dass die vier in dem Versuch ausgepflanzten Arten alle relativ konkurrenzschwach sind und auch bei extensiver Bewirtschaftung ohne Düngung und nur einmaliger Mahd bisher keine Tendenz zu Ausbreitung zeigen.

## **CLETHODIM ALS BAUSTEIN ZUR BEKÄMPFUNG VON ACKERFUCHSSCHWANZ MIT DEM LEU1781-ALLEL**

Wagner, Jean<sup>1</sup>

<sup>1</sup>*Plantalyt GmbH, Vahrenwalder Str. 269A*

Contact: [jean.wagner@plantalyt.com](mailto:jean.wagner@plantalyt.com)

Ergebnisse aus laufenden Feldversuchen in Rapsschlägen aus Nord- und Süddeutschland, die durch molekulargenetische Analysen begleitet werden, sollen hier vorgestellt werden. Es geht um die Anwendung von DIMs in Herbizid-Kombinationen zur Gräserbekämpfung in Schlägen, in denen durch das Vorkommen des Leu1781-Allels in den Ackerfuchsschwanzpopulationen diese nicht mehr mit ACCase-Inhibitoren ausreichend bekämpfbar sind. Clethodim zeigt eine schwache Minderwirkung bei Vorliegen eines Leu1781-Allels, was eine Wirkungsreserve bedeutet. Diese und die Tatsache, dass metabolischen Resistenzen beim Einsatz von DIMs weitgehend ausgeschlossen werden können, bedeutet, dass durch Kombination von Clethodim mit weiteren Herbiziden eine Entlastung des Resistenzdrucks an Extremstandorten herbeigeführt werden kann.

Die Boniturdaten aus den Versuchspartellen werden mit molekulargenetischen Daten von Ackerfuchsschwanzpflanzen vor und nach der Applikation gestützt. Die Ergebnisse werden dargestellt und hinsichtlich der Vorgehensweise zur Unterdrückung der Ausbreitung des am häufigsten vorkommenden Leu1781-Allels bei Ackerfuchsschwanz bewertet.

## **BEKÄMPFUNG VON CYPERUS ESCULENTUS**

Wirth, Judith<sup>1</sup>, Bohren, Christian<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Agroscope ACW, Nyon, Schweiz

Contact: [judith.wirth@acw.admin.ch](mailto:judith.wirth@acw.admin.ch)

Aktuell stellt Erdmandelgras (*Cyperus esculentus*) ein großes Problem in der Schweiz dar. Erdmandelgras ist ein exotisches invasives Sauergras (Cyperaceae), das sich auf der ganzen Welt verbreitet hat und vermutlich mit Gladiolenzwiebeln in die Schweiz eingeschleppt wurde. Es vermehrt sich über Wurzelknöllchen, die mittels Erdmaterial, Ernterückständen, Ernteprodukten sowie landwirtschaftlichen Geräten und Maschinen schnell verbreitet werden. Betroffen sind hauptsächlich Felder in gemischten Ackerbau- und Gemüseanbauregionen unter anderem im Chablais, Seeland und St. Galler Rheintal, sowie in der Gegend um Herzogenbuchsee und im Tessin.

2012 wurden Gewächshaus- und Feldversuche mit verschiedenen Herbiziden durchgeführt. Ziel dabei war es die Knöllchenbildung zu verhindern bzw. zu reduzieren. Dabei wurde *Cyperus* einerseits oberflächlich behandelt, andererseits wurden die Wirkstoffe nach der Applikation 10 cm tief in den Boden eingearbeitet, was zu einer starken Reduktion der Knöllchenbildung geführt hat.

## **UNKRAUTUNTERDRÜCKUNG DURCH ALLELOPATHIE?**

Wirth, Judith<sup>1</sup>, Tschuy, Frédéric<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Agroscope ACW, Nyon, Schweiz

Contact: [judith.wirth@acw.admin.ch](mailto:judith.wirth@acw.admin.ch)

Unter Allelopathie versteht man „jeden direkten oder indirekten Effekt, positiv oder negativ, einer Pflanze (inklusive Mikroorganismen) auf eine andere, mittels biochemischer Verbindungen, die in die Umwelt abgegeben werden“ (Elroy Leon Rice, 1984). Diese Verbindungen können durch Wurzelausscheidungen sowie durch Auswaschung oder Zersetzung von Pflanzenmaterial in den Boden gelangen. Einige Kulturpflanzen, wie z.B. verschiedene Zwischenfrüchte, können allelopathisch wirkende Substanzen produzieren und die Keimung und das Wachstum anderer Pflanzen in ihrer unmittelbaren Umgebung hemmen. Dieser Effekt kann zur Unkrautunterdrückung eingesetzt werden. Die Gruppe Herbologie entwickelt Methoden um allelopathische Effekte verschiedener Gründünger im Feld und in der Klimakammer nachzuweisen, mit dem Ziel sie anschliessend in bestimmten Fruchtfolgen zur Unkrautunterdrückung einzusetzen. Zusätzlich versuchen wir die entsprechenden phytotoxischen Moleküle zu identifizieren und zu quantifizieren.

## **RNA SILENCING ALS MECHANISMUS ZUR ABWEHR VON PFLANZENVIREN**

Wassenegger, Michael

IRLP AgroScience GmbH, AlPlanta-Institut für Pflanzenforschung, Breitenweg 71, 67435 Neustadt an der Weinstrasse, Deutschland

Contact: [michael.wassenegger@agrosience.rlp.de](mailto:michael.wassenegger@agrosience.rlp.de)

Die durch doppelsträngige RNA (dsRNA) induzierte „RNA interference“ (RNAi) beschreibt Mechanismen, die Gene auf transkriptioneller, post-transkriptioneller und translationaler Ebene stumm schalten können. Bei der transkriptionellen Geninaktivierung werden die Regulationselemente der Gene durch epigenetische Veränderungen inaktiviert. Die post-transkriptionelle Stummschaltung resultiert aus dem spezifischen Abbau von RNA Molekülen und erfolgt überwiegend dann, wenn die RNA vollständig komplementäre Abschnitte zu der dsRNA aufweist. Ein Abbruch der Translation findet meistens, aber nicht ausschließend dann statt, wenn die RNA eine hohe aber keine vollständige Komplementarität zur dsRNA besitzt.

Wegen der Vielfalt, mit dem RNAi in die Genregulation fast aller Eukaryonten eingreift, zählt die Aufklärung der RNAi Prozesse heute mit zu den bedeutendsten Arbeiten in der Biologie und Medizin. Alle RNAi Mechanismen teilen sich zwar gemeinsame Komponenten und nutzen kleine dsRNA Moleküle für die spezifische Erkennung der jeweiligen Zielsequenzen, aber in den meisten Fällen sind für die transkriptionelle, die post-transkriptionelle und die translationale Geninaktivierung verschiedene Mitglieder einer Enzymfamilie essentiell. Zu diesen Enzymklassen zählen hauptsächlich die „Dicer“- (DCR) [in Pflanzen „Dicer-like“- (DCL)], „Argonaute“- (AGO) und „RNA-directed RNA polymerase“- (RDR) Proteine. In Pflanzen akkumulieren nahezu alle Arten kleiner regulatorischer RNAs zu denen in erster Linie die „short interfering RNAs“ (siRNAs) und die „micro RNAs“ (miRNAs) gehören. Die RNAi ist nicht nur an vielen natürlichen Genregulationsprozessen beteiligt, sie übernimmt darüber hinaus auch eine Schlüsselrolle bei der RNA-vermittelten Abwehr von Pflanzenviren. Von allen kleinen RNAs übernehmen dabei die siRNAs, welche vornehmlich durch Prozessierung doppelsträngiger Replikationsintermediate der Viren entstehen können, eine Hauptfunktion. Auf Grund der Effizienz der RNAi hätten Viren kaum eine Chance, Pflanzen zu infizieren. Dass sie es doch können, beruht darauf, dass fast alle Pflanzenviren für sog. „silencing suppressor“ Proteine kodieren. Je nach Virus inhibieren diese „silencing suppressor“ Proteine verschiedene Prozesse des RNAi-Mechanismus. Viele von ihnen binden kleine dsRNA Moleküle. Da die Inhibierung der RNAi erhebliche Auswirkungen auf die natürliche Regulation der pflanzlichen Gene haben kann, sind viele der bekannten Virussympptome auf diese Deregelung zurückzuführen.



## 13. Sitzung der Projektgruppe »Heil-, Duft- und Gewürzpflanzen« am 17.2.2013 in der LLFG Bernburg

In der diesjährigen Projektgruppensitzung standen zwei Beiträge zur Diskussion, die sich mit dem Falschen Mehltau an Kresse sowie mit der Regulierung von Blattläusen in Pfefferminze Topfkräutern beschäftigten. Für diese Kulturen, die zwar einen begrenzten Anbauumfang haben, sind die Probleme mit den Schaderregern die Betriebe von großer wirtschaftlicher und existentieller Bedeutung.

### Nachweis von *Perofascia lepidii*, dem Erreger des Falschen Mehltaus, an Kressesamen und im Boden



Foto: © Rainer Zenz, Wikipedia

Frau Roxana Djalali Farahani-Kofoet vom Leibniz-Institut für Gemüse- und Zierpflanzenbau Großbeeren/Erfurt (IGZ) stellte in ihrem Beitrag erste Ergebnisse zum Nachweis des Falschen Mehltau Erregers *Perofascia lepidii* an Kresse vor. Diese Untersuchungen am IGZ Großbeeren (R. Djalali Farahani-Kofoet, R. Grosch) erfolgen in enger Kooperation mit der Firma IDENTXX GmbH (F. Brändle) und dem Förderverein Ökoplant e.V. (R. Duensing, H. Blum). Sie sind ein Teil eines vom Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV) über die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) unterstützten Forschungsprojektes im Rahmen des Bundesprogramms Ökologischer Landbau und andere Formen nachhaltiger Landwirtschaft (BÖLN), an dem auch die Justus Liebig Universität Gießen beteiligt ist

und Grundlagen für die Kontrolle von *P. lepidii* erarbeitet werden.

Die Gartenkresse (*Lepidium sativum* L.) gehört in Deutschland zu den umsatzstärksten Produkten im Bereich Heil- und Gewürzpflanzen. Seit 2005 ist das Auftreten des Falschen Mehltaus *Perofascia lepidii* an der Kresse verantwortlich für relevante Ertragsverluste in der Saatgutproduktion und damit in der Folge für Engpässe in der Verfügbarkeit von Saatgut. Eine Übertragung des Erregers über kontaminiertes Saatgut in die Produktion ist nicht auszuschließen. Um die heimische Produktion von ökologisch erzeugtem Kressesaatgut nachhaltig zu sichern, sind Verfahren zum Nachweis des Erregers insbesondere am Saatgut zu etablieren sowie Methoden, die eine Überprüfung der Empfindlichkeit von Sorten gegenüber dem Erreger erlauben oder die Wirksamkeit von Bekämpfungsmaßnahmen. Für die Entwicklung von Bekämpfungsmaßnahmen sind Kenntnisse zur Biologie und Epidemiologie von *P. lepidii* notwendig, die am IGZ erarbeitet werden. Erste Ergebnisse zeigen, dass höhere Temperaturen die epidemiologische Entwicklung des Falschen Mehltaus an der Kresse begünstigen. Der Infektionszyklus von *P. lepidii* an der Kresse 'Cressida' bedarf jedoch nur zwei Wochen unter durchschnittlichen Tagestemperaturen von 8°C mit der Folge einer signifikant fortschreitenden Befallsentwicklung.

In Zusammenarbeit mit der Firma IDENTXX GmbH wurde eine PCR basierte Nachweismethode für *P. lepidii* etabliert, die zum Nachweis des Erregers in Saat- und Pflanzgut eingesetzt werden kann. Mit Hilfe dieser Methode wurde *P. lepidii* am Saatgut verschiedener Partien und in der Pflanze nachgewiesen. Der Nachweis der Vitalität des Erregers am Saatgut erfolgt mittels Grow-out Tests. Die derzeitigen Ergebnisse zeigen jedoch, dass noch detailliertere Kenntnisse zur Pathogenese des Erregers an der Kresse fehlen, die im Rahmen des Projektes zu erarbeiten sind.

Während der Vegetation 2011 und 2012 wurden von Ökoplant e.V. die Pflanzenentwicklung der Gartenkresse und das Auftreten

des Schaderregers auf vier Kressevermehrungsbetrieben in Hessen und Thüringen bonitiert. Auf allen untersuchten Vermehrungsflächen wurde der Falsche Mehltau an der Kresse in beiden Jahren beobachtet. Ergebnisse erster Versuche zeigen, dass der Erreger im Boden überdauert und primäre Inokulumquelle für die nachfolgende Kressenkultur sein kann.

### Regulierung von *Myzus persicae* in Pfefferminze Topfkräutern.

Frau Gröger berichtete über einen Versuch zur Regulierung von *Myzus persicae* durch zwei Nützlinge und ein Pflanzenschutzmittel (allein und in Verbindung mit einem Zusatzstoff) in Pfefferminze Topfkräutern, der zusammen mit künftigen Versuchen in ihrer Bachelorarbeit dargestellt werden soll.

Es wurden zwei Nützlinge (*Chrysoperla carnea*, Räuber und *Aphidius matricariae*, Parasitoid) allein und in Kombinationen zweimal im Abstand von 14 Tagen in praxisüblicher Menge ausgebracht (*C. carnea*: 25 Tiere/m<sup>2</sup>; *A. matricariae* = ein bis zwei Tiere/m<sup>2</sup>). Die Freisetzung erfolgte in einen geschlossenen Bestand mit Boniturpunkten (jede Parzelle stellte eine Wiederholung dar) in geschlossenen Gewächshauskabinen. Für das Pflanzenschutzmittel wurden 3 Varianten



### 13. Sitzung der Projektgruppe »Heil-, Duft- und Gewürz-Pflanzen« (Fortsetzung)

festgelegt, Variante 1: NeemAzal - T/S und Variante 2: die Kombination aus NeemAzal - T/S und dem Netzmittel Trifolio S-forte und als 3. Variante: Trifolio S-forte alleine. Es sollte getestet werden, ob der Zusatzstoff einen Einfluss auf die Wirkung von NeemAzal - T/S hat. Die Applikationen erfolgten dreimal im Abstand von zehn Tagen. NeemAzal - T/S (Wirkstoff: Azadirachtin) ist ein Fraßgift, welches zu einem Fraßstopp bei den Zielorganismen führt und somit auch zu einem Absterben nach einigen Tagen. Weiterhin stört es die Fortpflanzung und Metamorphose. Als Vergleich diente die unbehandelte Kontrolle.



Foto: © Richter

Die Pfefferminzpflanzen wurden am 11.09.2012 mit *Myzus persicae* (Zucht der Katz Biotech AG; die Ausgangsindividuen stammten von Pfefferminzpflanzen aus einem Thüringer Jungpflanzenbetrieb) besiedelt (drei bis fünf Tiere/Pflanze) um einheitliche Ausgangsbedingungen zu schaffen. Für die wöchentlichen Bonituren wurden die Anzahl der Blattläuse und parasitierten Blattlausmumien an vier markierten Pflanzen/Parzelle herangezogen, um die Wirkung des Mittels und den Einfluss der Nützlinge auf die Befallszahlen zu erfassen. Kulturtechnische Abläufe wie bspw. Düngung oder Bewässerung erfolgten auf praxisübliche Weise. Es wurden für die ermittelte Anzahl an Blattläusen und den daraus errechneten Wirkungsgraden (nach ABBOTT) Diagramme erstellt um den Befallsverlauf und die Wirkung grafisch darzustellen.

Während des gesamten Versuches lag ein starker Befall in der unbehandelten Kontrolle vor (am 29.10.2012 ca. 1000 Tiere/Pflanze). In der *C. carnea* Variante war schon nach

der ersten Ausbringung ein deutlicher Befallsrückgang zu erkennen und nach der 2. Ausbringung ging der Befall fast auf null zurück. Es wurden zum Ende hin Wirkungsgrade nahe 100% erzielt. Die Variante mit *A. matricariae* war weniger erfolgreich. Es fanden keinerlei Parasitierungen statt, mögliche Ursachen könnten der starke Duft der Pfefferminzpflanzen oder ein zu hoher Anfangsbefall und die zu späte Ausbringung der Schlupfwespen sein. Die Kombination beider Nützlinge wies ähnlich gute Ergebnisse wie in der *C. carnea* Variante auf, dies dürfte aber lediglich auf die gute Wirkung von *C. carnea* zurückzuführen sein. Da die Wirkung von NeemAzal - T/S verzögert eintritt und in dem Versuchsdurchgang ein hoher Befallsdruck herrschte, war die Wirkung nur mittelmäßig. Eventuell waren auch die Intervalle zwischen den Spritzungen zu lang. Ähnliche Ergebnisse fanden sich auch in Variante 2 und 3. Trifolio S-forte hatte in diesem Versuch keinen Einfluss auf die Wirksamkeit von NeemAzal - T/S.

Zusammenfassend ist zu sagen, dass *A. matricariae* keinerlei Wirkung zeigte, hingegen *C. carnea* sehr gute Ergebnisse erzielte. Die Wirkung von NeemAzal - T/S fiel nicht zufriedenstellend aus. Es ist geplant statt *A. matricariae* den Schlupfwespenmix »Basil-Protect« zu testen. Des Weiteren wird das Applikationsintervall in den PSM-Varianten auf sieben Tage verkürzt und zusätzlich wird Plenum 50 WG als Vergleichsmittel eingesetzt.

#### Vorstellung der Auswertung des Fragebogens zur Fortführung und Arbeit

Herr Dercks berichtete über die Durchführung und Ergebnisse einer Fragebogenaktion zur Arbeit der Projektgruppe. Die Ziele waren, herauszufinden wie die Arbeit der Gruppe eingeschätzt wird und ob es sinnvoll ist, sie nach Pensionierung des Leiters (Herr Dercks, voraussichtlich 2018) und der stellvertretenden Leiterin (Frau Gärber, voraussichtlich 2022) weiterzuführen. Der Fragebogen war 2011 entworfen und bei einer Sitzung der Gruppe anlässlich der 6. Fachtagung Arznei- und Gewürzpflanzen am 20.

September 2011 in Berlin beschlossen worden. Er wurde am 17. Dezember 2012 mit der Einladung für die Bernburger Sitzung am 19. Februar 2013 an die Projektgruppenmitglieder verschickt.

Es wurden 11 Fragebögen vollständig oder teilweise ausgefüllt zurückgeschickt. Alle Auskunftgebenden betrachten die Arbeit der Gruppe als sinnvoll (Frage 1). 90,9% halten Zeitpunkt und Ort der Treffen am Rande des Bernburger Winterseminars für sinnvoll (Frage 2). Die meisten Personen haben mehrfach an den Sitzungen teilgenommen (Frage 3). Alle fanden die besprochenen Themen überwiegend interessant (Frage 4). 90% finden die Organisation (Vorbereitung und Abwicklung; Frage 5) gut. Alle beurteilen die Berichterstattung als gut (Protokoll mit E-mail, Veröffentlichung in der Zeitschrift für Arznei- und Gewürzpflanzen, Einstellung auf der Homepage der Deutschen Phytomedizinischen Gesellschaft; Frage 6). Es wurden drei Vorschläge für künftige Vorträge gemacht: Falscher und Echter Mehltau an Petersilie, Diagnose pilzlicher Erreger an Gewürzen, »neue« Erreger an Salbei, Kamille, Petersilie und anderen (Frage 7). Alle sind der Meinung, dass die Gruppe nach Pensionierung von Herrn Dercks und Frau Gärber weitergeführt werden sollte (Frage 8). Frau Dr. Annette Kusterer von der LLFG Sachsen Anhalt ist bereit, zuerst als stellvertretende, später als Leiterin der Gruppe zu fungieren.

Es ließ sich somit festhalten, dass es sowohl Interesse an der Arbeit als auch eine solide personelle Grundlage für die Weiterführung der Gruppe gibt. Deshalb erscheint es realistisch, im Laufe der nächsten Jahre eine weitere Person zu finden, welche bereit ist, Frau Kusterer zu unterstützen. Die Weiterführung der Gruppe wurde beschlossen. Die Projektgruppe wird weiterhin im zweijährigen Rhythmus durchgeführt. Die nächste Sitzung findet demnach wiederum am ersten Tagungstag des Bernburger Winterseminars 2015 statt.

Frau Dr. Ute Gärber  
Prof. Dr. Wilhelm Dercks



Aus den Arbeitskreisen der Deutschen Phytomedizinischen Gesellschaft (DPG):

## Projektgruppe „Schädlinge in Getreide und Mais“ des DPG-Arbeitskreises Phytomedizin in Ackerbau und Grünland – Ergebnisprotokoll der 23. Tagung

Die 23. Tagung der Projektgruppe fand vom 27. bis 28. Februar 2013 im Julius Kühn-Institut (JKI) in Braunschweig statt. Es nahmen etwa 40 Wissenschaftler und Vertreter des amtlichen Pflanzenschutzdienstes, von Behörden, der Forschung und der Industrie teil.

Zu Beginn der Veranstaltung wurden der Leiter der Projektgruppe, Herr U. HEIMBACH (JKI Braunschweig) und der Stellvertreter, Herr G. PETERSEN (LK Schleswig-Holstein), von den DPG-Mitgliedern wiedergewählt.

Anschließend erfolgte anlässlich der Frage, ob der Themenkomplex „Schädlinge an Öl- und Eiweißpflanzen“ in diese Projektgruppe aufgenommen werden soll, eine Diskussion über die zukünftige Ausrichtung der Projektgruppe. Überwiegend wurde dafür plädiert, auch zukünftig die bisherige, nach den Kulturen Getreide und Mais ausgerichtete Orientierung beizubehalten und anstehende entomologische Themen aus anderen Kulturen flexibel und je nach Bedarf zusätzlich mit zu behandeln.

Nach den üblichen Berichten aus den Bundesländern über das Auftreten von Schadtieren im Jahr 2012 folgten Kurzvorträge über Zikaden als Virusüberträger, Gallmücken, Maiswurzelbohrer, Drahtwürmer und Maiszünsler. In gesonderten Vorträgen wurde über den aktuellen Stand zur Insektizid-Beizung sowie über die Entwicklung der Insektizidresistenz bei Getreideblattläusen berichtet. Dem „workshop“-Charakter der Veranstaltung entsprechend wurde im Anschluss an die einzelnen Vorträge wieder sehr rege diskutiert.

### Berichte der Pflanzenschutzdienste aus den Bundesländern

Der Befall mit Schadtieren im Getreide blieb im Anbaujahr 2011/12 insgesamt auf einem sehr geringen Niveau. So traten Getreideblattläuse sowohl als Saugschädlinge im Winterweizen als auch als Überträger des Gelbverzwergungsvirus der Gerste (BYDV) bundesweit kaum ertragswirksam in Erscheinung. Im Frühjahr 2012 zeigten sich nur auf Einzelschlägen deutliche Virussymptome, besonders in früh gedrillten Gerstenschlägen, die sich in Nachbarschaft zu Maisbeständen befanden. Auch im Herbst 2012 blieb der Blattlausbefall im Wintergetreide weitgehend unbedeutend, so dass nach dem relativ lang anhaltenden Winter für das Frühjahr 2013 kaum Probleme mit dem Gelbverzwergungsvirus erwartet werden. Auch Getreidehähnchen, Sattel- und Weizengallmücken sowie Getreidethripse traten 2012 in der Regel nur unterhalb der jeweiligen Bekämpfungsschwellen auf. Lokal bereiteten verschiedene Halmfliegenarten wie Frit- oder Hessenfliege im Winterweizen Probleme, vor allem in Brandenburg und Mecklenburg-Vorpommern. Aus Brandenburg und Schleswig-Holstein wurde über ein erhöhtes Schadauftreten von Ackerschnecken in einzelnen Roggen- und Weizenbeständen berichtet, hier insbesondere bei pfluglosem Anbau nach Winterraps. Für das nach Virusuntersuchungen im vergangenen Jahr verbreitete Auftreten des Weizenverzwergungsvirus (WDV) war in Sachsen und Niedersachsen das erhöhte Vorkommen von Zikaden der Art *Psammotettix alienus* verantwortlich. Auch aus Rheinland-Pfalz und Sachsen-Anhalt wurde von lokalen Problemen mit dem Auftreten von Zikaden und WDV berichtet. Auffällig war, besonders in Mecklenburg-Vorpommern, dass trotz des insgesamt schwachen Befallsjahres

und entgegen dem Rat der Officialberatung sehr viele zumeist prophylaktische Insektizideinsätze im Getreide erfolgten.

Im Mais bereitet der Drahtwurmbefall offenbar immer mehr Probleme, besonders in Bayern, Rheinland-Pfalz (Eifel) und in Niedersachsen, wo es 2012 auf 11 000 ha zu einem Starkbefall kam. Der Befallsflug des Maiszünslers wurde im Jahr 2012 in den meisten Bundesländern als eher schwach bis mäßig angesehen, nur in Bayern und Sachsen trat er in den bekannten Befallsgebieten stärker auf als in den Vorjahren. Aus Niedersachsen wurde bei weiter geringen Befallsdichten von einer deutlichen Ausbreitung des Befallsgebiets in Richtung der bedeutenden Maisanbauggebiete berichtet, während in Schleswig-Holstein über den bisher bekannten Standort hinaus kein weiterer Befall festgestellt wurde. Über die Fängigkeit von Licht- und Pheromonfallen wurde ausgiebig und kontrovers diskutiert. Während in Sachsen und Brandenburg mit verschiedenen Pheromonfallen keine guten Fangergebnisse erzielt wurden, konnten in Niedersachsen mit Pheromonfallen deutlich bessere Erfahrungen im Vergleich zu Lichtfallen gewonnen werden. Es wurde angeregt, das Thema Pheromonfallen beim nächsten Treffen der Projektgruppe zu einem Vortragsschwerpunkt zu machen. Der Maiswurzelbohrer breitete sich 2012 in Baden-Württemberg, Bayern und auch in Hessen weiter nach Norden aus (siehe gesonderte Vorträge).

In Leguminosen traten in Bayern und Hessen Blattläuse, Blattrandkäfer und Pferdebohnenkäfer und örtlich auch Erbsenwickler bekämpfungswürdig in Erscheinung. In Brandenburg bereitete der Befall mit der Bohnenfliege (*Delia platura*) regionale Probleme. Weiterhin auffällig war in Brandenburg der Befall mit Samenkäfern im Futtererbsen-Vermehrungsanbau, der zur Aberkennung des Saatguts führen kann, was erstmals auch an Wicken auftrat.

Von besonderer Bedeutung war im Jahr 2012 das massenhafte Auftreten von Feldmäusen in Sachsen, Sachsen-Anhalt und Thüringen, das auch in Brandenburg für Probleme sorgte.

### Zikaden als Virusüberträger im Getreide

Zunächst gab Herr SCHLIEPHAKE vertretend für Frau HABEKUSS (beide JKI Quedlinburg) einen Überblick über den Stand der Resistenzzüchtung gegen insektenübertragbare Viren im Getreide. Dabei hob er zunächst hervor, dass die Bedeutung von insektenübertragbaren Viren aufgrund von Veränderungen im Getreideanbau und des Klimas zukünftig zunehmen wird. Die derzeit einzige BYDV-tolerante Gerstensorte in Deutschland ist „Paroli“. Umfangreiche Untersuchungen und Testreihen am Institut für Resistenzforschung und Stresstoleranz zeigten, dass die Toleranz der Gerste gegen BYDV durch eine „Pyramidisierung“ der bisher aus *Hordeum vulgare* bekannten Toleranzallele mit Hilfe molekularer Marker signifikant gesteigert wird. Der stärkste Effekt wird dabei durch die Kombination von Ryd2 und Ryd3 erreicht, der QTL der Sorte „Post“ hat einen geringeren Effekt. Die Kombination der Resistenzallele führt offenbar zu einer echten quantitativen Resistenz. In Untersuchungen an der Knollengerste (*Hordeum bulbosum*) konnten bei einem ungarischen Klon wirksame Resistenzgene nachgewiesen werden, welche die Infektion der Pflanzen bei verschiedenen Vektoren verhinderten und darüber hinaus die Saugzeiten der Blattläuse drastisch reduzierten (Vektorenresistenz). Die Übertragung dieser Resistenzgene in die Kulturgerste sei allerdings nicht so einfach möglich. Die Evaluierung der BYDV-Toleranz im Winterweizen ergab nicht so vielversprechende Ergebnisse, allerdings gibt es für Weizen erste Hinweise auf Toleranz gegen BYDV in Genbankakzessionen (Genotypen gleicher Genstruktur). Die Evaluierung von Anfälligkeitsunterschieden gegen das

WDV gestaltete sich deutlich komplizierter als bei BYDV. Bei der Gerste konnten nur in der Wintergerstensorte „Post“ Toleranzallele nachgewiesen werden. Beim Weizen finden sich nach den vorliegenden Erkenntnissen in einigen ungarischen Sorten sowie Genbankkzessionen Quellen für WDV-Resistenzen/Toleranzen.

Anschließend berichtete Frau GUND (PSD Bayern) über Projektergebnisse aus Bayern zu verschiedenen Verzweigungsviren im Getreide aus den Jahren 2010 bis 2012. Das Projekt beinhaltete dreijährige Untersuchungen im Ausfallgetreide, ein Frühjahrs-Monitoring in den Jahren 2011 und 2012 und einen Rahmenplanversuch ab dem Herbst 2011. Dabei zeigte sich, dass WDV in Bayern häufiger auftritt als BYDV/CYDV, wobei deutliche regionale Unterschiede erkennbar sind. Beim WDV besteht einerseits die Problematik, dass die Zwergzikade *Psammotettix alienus* als Vektor nur schwer zu fangen und zu bestimmen ist. Unklar bleibt, ob auch noch andere Zikaden-Arten das WDV übertragen können. Andererseits ist problematisch, dass derzeit kein Insektizid mit der Indikation gegen Zikaden oder Zikaden als Virusvektoren zugelassen ist. Gesicherte Vorhersagen über den zu erwartenden Befall mit Verzweigungsviren können bisher noch nicht getroffen werden.

Frau VOLKMAR (MLU Halle) zeigte die Ergebnisse einer Studie zur Überwachung von Zikaden in Winterweizen und Wintergerste im Jahr 2012. Dabei wurden mit verschiedenen Fangmethoden (Klebefallen, Kescher) insgesamt 21 Zikaden-Arten gefangen und bestimmt, davon 17 im Sommer und 13 im Herbst. Der Fang von Zikaden-Arten ist mit allen Methoden möglich, doch mit dem Kescher ließen sich deutlich mehr Arten nachweisen als mit Klebetafeln, wobei die Fängigkeit bei gelben Tafeln besser war als bei weißen Schalen. Die dominanten Arten im Winterweizen waren *Macrostelus laevis*, *Psammotettix alienus* und *Javesella pellucida*, in der Wintergerste die beiden erstgenannten Arten und *Empoasca pteridis*.

In Niedersachsen ist laut Herrn KRÜSSEL (PSD Niedersachsen) in den letzten Jahren eine deutliche Zunahme der Nachweise von WDV in Ausfallgetreide zu verzeichnen. 2012 wurden erstmals größere Schäden durch WDV in Winterweizen auf ca. 20 Einzelflächen in Südniedersachsen festgestellt. Betroffen waren Flächen in warmen Lagen, mit frühem Saattermin, teilweise im Direktsaatverfahren bestellt und mit extensiver Ausfallgetreidebekämpfung oder Gräserhabitaten in der näheren Umgebung. Der Nachweis von Zikaden erfolgt in Niedersachsen über EcoVac-Saugproben, wobei teilweise hohe Fangzahlen erreicht werden. *Psammotettix alienus* ist demnach in vielen Regionen Niedersachsens vorhanden, pro Saugprobe wurden maximal 14 Zikaden dieser Art festgestellt. Als vorbeugende Gegenmaßnahme kommen die Vermeidung von frühen Aussaatterminen und „Grüner Brücken“ infrage. Über zukünftige Bekämpfungsmöglichkeiten mit Insektiziden (z.B. Karate Zeon, Steward), die Überwachungsmethodik (Kescher, EcoVac) und die Wirkung natürlicher Gegenspieler wurde anschließend ausführlich diskutiert.

## Gallmücken

Frau SCHMIDT (MLU Halle) berichtete über einen in der Ilseder Börde durchgeführten Versuch zum Befall mit Sattelmücken in einem Sortiment mit 20 Winterweizensorten. Auf der Versuchsfläche war eine hohe Individuen-Anzahl an Sattelmücken vorhanden. Der Fangerfolg mit Weißschalen in den Parzellen war gut, mit Gelb- und Weißtafeln eher nicht. Erste Hinweise zu Sortenunterschieden waren zu erkennen: Bei Betrachtung des Merkmals „Sättel“ (Intensität) stellten sich fünf Sorten als signifikant geringer anfällig heraus: „Arlequin“, „Bristol“, „Burma“, „Top“ und „Valmy“. Beim Merkmal „befallene Halme“ (Frequenz)

waren drei Sorten signifikant geringer anfällig: „Bristol“, „Burma“ und „Valmy“. Für das Frühjahr 2013 sind weitere Untersuchungen geplant, wobei der Beobachtungszeitraum früher gewählt werden muss (ab April).

Frau FUCHS (MLU Halle) stellte Ergebnisse zur Untersuchung des Weizensortimentes „Boris 96“ auf die Anfälligkeit gegenüber *Contarinia tritici*, *Sitodiplosis mosellana* und Getreide-Thysanopteren vor, die in Zusammenarbeit mit der Limagrain GmbH und dem IPK Gatersleben zur gezielten Resistenzzüchtung erarbeitet wurden. Als Überwachungsmethoden wurden Pheromonfallen, Weißschalen zum Auffangen abwandernder Larven und Ährenuntersuchungen zur Feststellung des Larvenbefalls durchgeführt. Es stellte sich heraus, dass sich sämtliche Methoden zur Erfassung der Grunddaten eignen. Mit Hilfe einer Assoziationsstudie konnten hochsignifikante MTAs (Marker-Merkmal-Assoziationen) auf dem Weizen genom gefunden werden. Eine Wiederholung des Versuches im Anbaujahr 2013 ist geplant.

Frau VOLKMAR (MLU Halle) zeigte Untersuchungen zur Prüfung von Sommerweizen-Herkünften auf ihre Anfälligkeit gegenüber Weizengallmücken. Dabei wurden 117 Sommerweizen-Herkünfte aus 29 Ländern ausgewertet, die sich in ihrer Wuchshöhe, der Farbvariante und der Ährenform unterschieden. Die Weizen-Herkünfte wurden in drei Gruppen eingeteilt, mit niedrigen, mittleren und hohen Fangzahlen von Weizengallmücken Larven. Eine jeweils geringe Anzahl an orangenen und gelben Weizengallmücken-Larven wurde in den Herkünften TRI 4547 (aus Chile), 5603 und 6094 (beide Iran) gefunden. Hohe Larvenzahlen wurden in den Herkünften TRI 403 (USA), 3987, 2679 (beide Indien) und 3931 (China) festgestellt. Am IPK Gatersleben wurden insgesamt im Sommerweizenversuch 2012 mehr Marker-Merkmal-Assoziationen (MTA) gefunden als im Winterweizenversuch 2011. Für *S. mosellana* Imagines wurden 43 MTA und bei den Larven 25 MTA erkannt. Für die Imagines von *C. tritici* konnten 22 MTA und für die Larven 19 MTA identifiziert werden. Das Sommerweizensortiment sei somit vielversprechend für beide Weizengallmücken-Arten.

Die Ergebnisse des bundesweiten Weizengallmücken-Monitorings wurden von Herrn LEHMUS (JKI Braunschweig) vorgestellt. Wie in den Vorjahren dominierte in den Ähren auch 2012 die Orangerote Weizengallmücke. An süd- bzw. ostdeutschen Standorten waren teilweise beide Arten vorhanden. Besonders an den Monitoring-Standorten im Norden war der Ährenbefall in den letzten Jahren trotz teils starken Flugs sehr schwach. Zumeist ist der mittels Pheromonfalle erfasste Hauptflug der Männchen gegenüber den zur Eiablage geeigneten BBCH-Stadien des Winterweizens deutlich verspätet. Ungräser (Quecke in 2010) können befallen werden, aber in Ackerfuchsschwanz wurden bisher (in Sicke 2011, 2012) keine Weizengallmücken-Larven gefunden. Das Monitoring soll auch 2013 mit speziellen Fragestellungen fortgeführt werden.

## Insektizide Saatgutbehandlung

Herr HEIMBACH (JKI Braunschweig) stellte in einer Übersicht die Ergebnisse zur Staubabdrift bei Mais und Getreideaussaat 2008 bis 2012 dar. Die Heubach-Abriebwerte lagen jeweils bezogen auf die Aussaatmenge für 1 ha anfangs im Mais etwas über 1 g, aber im Getreide im Allgemeinen bei mehreren Gramm. Der Staubabrieb im Getreide war erst seit 2010 verbessert. Ab 2011 wurden mittlere Heubach-Werte um 1 g/ha im Getreide erreicht. Die Einführung von Klebern bei der Beizung hat den Staub stark reduziert. Dennoch gab es starke Unterschiede zwischen individuellen Beizanlagen, einige Anlagen liefern nur gute Qualität, bei anderen ist die Qualität durchgehend



schlechter. Große Unterschiede können auch bei Anwendung von Klebern auftreten. Unbehandeltes Getreide enthielt allerdings immer mehr Staub als gebeiztes. Bezüglich der Staubeentwicklung ist Gerste problematischer als Weizen trotz der geringeren Gerstenaussaatstärke. Bei Getreide sind die Wirkstoffgehalte (Insektizide und Fungizide) in der Staubbdrift aber geringer als im Mais und liegen meist nur bei 0,1–2%. Höher dosierte Wirkstoffe wie z.B. auch Imidacloprid erreichen 10% Wirkstoffgehalt. Der Wirkstoffgehalt im Staub kann aber variieren je nach Beizverfahren und Beizanlage. In einem Pilotprojekt wird an der Zertifizierung von Beizanlagen gearbeitet. Die 15 teilnehmenden Getreidebeizanlagen sind an Verbesserungen interessiert und spiegeln nicht unbedingt die allgemeine Situation wieder. Dort wurden als Richtwert 5 g, als angestrebter Zielwert aber 1 g/ha festgelegt. Im Raps liegen der Referenzwert mit 0,5 g/ha (= 700 000 Korn) und der Zielwert mit 0,25 g deutlich niedriger. Die Zertifizierung erster Beizanlagen durch seedguard ist bald zu erwarten.

Abdriftversuche der Jahre 2009 bis 2012 zeigen, dass bei gleicher Entfernung in einer Nachbarkultur mehr Staub aufgefangen wird als in Petrischalen auf freiem Boden. Der Faktor lag zwischen 1 und 5. Dies beruht auf der Filterfunktion der Kultur, bedingt wohl durch Windberuhigung in der Kultur. Es gibt eine gewisse Korrelation zwischen Heubach-Werten, gemessen als g a.i. im Filterstaub/ha und den gemessenen Rückständen im off-crop. Dies könnte aber auch von der gedrillten Kulturart abhängen. Höhere Heubach-Werte hatten höhere Abdriftwerte zur Folge. Insgesamt wird seitens des JKI ein hohes Risiko für Bienen durch die Staubbdrift bei der Saat gesehen. Die Risiken bezüglich Pollen und Nektar sind besser einschätzbar. In Rüben und Raps wird das Staubrisiko wegen der guten Beiztechnik und geringen Abriebwerte als gering betrachtet.

### Diabrotica

Frau PÖLITZ (PSD Sachsen) berichtete über das sächsische Diabrotica-Monitoring, das seit 2004 durchgeführt wird. Am 20.09.2012 wurde in Sachsen der erste Westliche Maiswurzelbohrer an einer Raststätte südlich von Dresden an der Strecke nach Prag gefunden. Daraufhin wurden Befallszone und Sicherheitszone ausgewiesen. Aufgrund des späten Fundes wurden keine Insektizidmaßnahmen mehr durchgeführt. Als Maßnahme wird im betroffenen Gebiet die Vermeidung der Selbstfolge von Mais empfohlen.

Herr MARTINEZ (PSD Rheinland Pfalz) stellte die Situation in Rheinland-Pfalz 2012 dar. Am Standort Bodenheim, wo 2011 grenznah zum hessischen Befall (330 Käfer) auch 1 Käfer in Rheinland-Pfalz nachgewiesen wurde, erfolgte in 2012 kein Fang. Dafür gab es Fänge bei Dannstadt an einer Raststätte der A61. Hier befanden sich erstmals Zuckermaisflächen (49 ha) in der Befallszone (Wert 8200 €/ha). Auch bei Neupotz wurden 2 Käfer an einer Raststätte der B9 gefunden und nachfolgend ein Käfer bei Hördt am 13.09.2012, erstmals ein Gebiet mit hohem Maisanteil in der Fruchtfolge und mit vielen Monomaisflächen, da aufgrund der Standortbedingungen andere Kulturen problematisch sind (Winterweizen; Rheindruckwasser; Sorghum; Schadhirsensbekämpfung; Soja; Erträge, Unkrautbekämpfung). Die Erstbekämpfung erfolgte am 30.–31.08. Die Reaktionen der Presse und Bevölkerung waren negativ. Insgesamt war der logistische Aufwand der Fallenbetreuung sehr hoch. Aufgrund des Befalls in angrenzenden Regionen (Ortenau, Rastatt) erscheint eine weitere Einwanderung nach Rheinland-Pfalz in den Folgejahren sehr wahrscheinlich.

Herr ZELLNER (PSD Bayern) berichtete über den Befall durch den Westlichen Maiswurzelbohrer in Bayern und zeigte die

Historie des Befalls von 2007 bis 2012 auf. Der Erstbefall wurde 2007 in Passau bei einem Logistikzentrum festgestellt, an das eine kleine Monomaisfläche angrenzte. In den Folgejahren wurden in Bayern meist um 200 Tiere gefangen, aber die Anzahl Standorte nahm über die Jahre zu. Die Ausbreitung scheint entlang der Autobahnen und der Donau durch Verschleppung zu erfolgen. 2012 wurden dann mit 374 Käfern an 134 Fundorten bisher maximale Zahlen festgestellt, so dass inzwischen über die Hälfte Bayerns Eingrenzungsgebiet ist. Abgelegen von diesem Verbreitungsgebiet gibt es einzelne Funde auf der baden-württembergischen Seite, in denen die Befalls- und Sicherheitszone nach Bayern hineinreicht und eine Ausrottungsstrategie eingehalten werden muss.

Herr LENZ (PSD Hessen) stellte die aktuellen Ergebnisse des hessischen Maiswurzelbohrer-Monitorings dar. An dem Befallsstandort von 2011 wurden 2012 keine Käfer gefangen. Die Ausrottungsmaßnahme war damit wohl erfolgreich. Problematisch erwiesen sich in Hessen das Auffinden und die Kontrolle von Wildäsungsflächen, in denen der Mais durch Ausfallkörner einen längeren Auflauf hat. Bei der Fallenkontrolle wurden auch Hilfskräfte mit Schulung durch den Pflanzenschutzdienst eingesetzt.

Herr THIEME (BTL) berichtete über Effekte verschiedener Temperaturen auf die Entwicklung und Fitness des Westlichen Maiswurzelbohrers. Generell war die Hungerfähigkeit von L1 Larven stark von der Temperatur abhängig und bei 25°C gegenüber 20°C deutlich vermindert. Der geprüfte Laborstamm aus den USA ohne Diapause unterscheidet sich aber vom Freilandstamm aus Ungarn in der Larvalentwicklungszeit bei verschiedenen Temperaturen.

Außerdem stellte Herr THIEME Methoden zur Untersuchung der Empfindlichkeit des Westlichen Maiswurzelbohrers gegenüber verschiedenen Insektiziden vor. Bei Versuchen mit Larven wurde die Anzahl abgestorbener Tiere im Boden durch Mac Fadyen-Extraktion ermittelt. Larvenversuche sind aber auch bei Haltung der Larven auf künstlicher Diät möglich, wobei die Fraßmenge auch über das Gewicht erfasst werden kann. Pflanzenschutzmittel können in den Boden oder das Futter eingemischt werden. Für Imagines von *Diabrotica* besteht die Möglichkeit, sie mit Invite (Fraßstimulanz, aus Cucurbitaceae gewonnene Semiochemikalie) zur vermehrten Nahrungsaufnahme zu animieren. Invite und zu prüfende Pflanzenschutzmittel werden auf einer regenerierten Zellulosemembran angeboten, um Unterschiede in der Attraktivität der angebotenen Blattstücke auszuschließen.

### Maiszünsler

Herr SCHRÖDER (PSD Brandenburg) berichtete über einen ersten Versuch zur Bekämpfung des Maiszünslers mit Trichogramma (Firma Biofa AG) in einer zweimaligen Ausbringung vom Flugzeug aus. Vergleichsmittel waren Coragen und eine einmalige Ausbringung von Trichokarten. Dabei wurden aufgrund eines nicht verzettelten Fluges in der Coragen-Variante 100% Wirkungsgrad erreicht, bei der einmaligen Trichogramma-Ausbringung per Hand 53% und bei der zweimaligen Ausbringung vom Flugzeug 74%. Dieser Wirkungsgrad ist hoch genug, um eine Alternative zu Insektiziden darzustellen, doch sind für eine gesicherte Beurteilung weitere Versuche nötig und geplant.

### Drahtwurm

Herr ZELLNER (PSD Bayern) stellte aktuelle Versuchsergebnisse aus Bayern zur Drahtwurmbekämpfung im Mais vor. Probleme

mit Drahtwurm traten vor allem im Mais nach Klee gras auf. Die Versuche wurden an einem Standort mit hohem Befall und einem mit geringem Befall durchgeführt. Geprüft wurden die derzeit nicht im Mais zugelassenen Insektizide Goldor Bait (Fipronil), Santana (Clothianidin), Force Zea (Thiametoxam + Tefluthrin) und Sonido (Thiacloprid). Ausgewertet wurde nach einem eigenen Schema, das sich vom entsprechenden EPPO-Standard unterscheidet. Erfasst wurde die Wuchsdepression in 3 Stufen (0–20%, 21–50%, über 50%). Am Starkbefallsstandort betrug der Ausfall in der Kontrolle 95% und bei den verschiedenen Insektiziden noch 50–55%, wobei Sonido die geringste Wirkung zeigte. Bei schwachem Befall konnte Sonido mithalten und entsprach in der Wirkung den übrigen Produkten. Auch im Ertrag wurden kaum Unterschiede zwischen den Produkten festgestellt. Zusammenfassend über alle Versuche von 2011–2012 erwies sich die Saatgutbehandlung mit Force Zea als vergleichbar mit den Bodengranulaten Santana und Goldor Bait. Sonido konnte bei mittlerem Befall mithalten, aber nicht bei Starkbefall.

Herr LEHMHUS (JKI Braunschweig) präsentierte die Ergebnisse des bundesweiten Schnellkäfermonitorings (*Agriotes* spp.) von 2011 und 2012. Für beide Jahre zeichnet sich ein ähnliches Bild ab. *Agriotes lineatus*, *A. obscurus* und *A. sputator* waren die verbreitetsten Arten. Sie traten oft nebeneinander am selben Standort auf und flogen im Zeitraum von Ende März bis weit in den Sommer (Hauptflugzeit Anfang April bis Juni). *A. sputator* flog zumeist als erstes, aber die Flugzeiten der drei Arten überlappten stark. In der Norddeutschen Tiefebene ist nach bisherigen Erkenntnissen *A. lineatus* die dominierende Art, während südlicher im Hügelland und den Mittelgebirgen die Anteile von *A. obscurus* und von *A. sputator* deutlich anstiegen und von einigen Standorten in Südost-Niedersachsen bis nach Sachsen-Anhalt hinein *A. sputator* die dominierende Art war. Weiter im Süden traten diese drei Arten in wechselnden Anteilen auf. Die zwei eher wärmeliebenden Arten (*A. sordidus*, *A. ustulatus*) kamen bisher nur lokal vor. *A. sordidus* trat insbesondere im Oberrheingraben auf und war dort an einigen Standorten auch die dominante Art. Er breitet sich jedoch allmählich auch entlang der Nebenflüsse aus und hat beispielsweise den Main entlang Franken erreicht. *A. ustulatus* war dagegen verstreut über fast ganz Deutschland auch an anderen wärmebegünstigten Standorten zu finden und nur selten die dominante Art. Die Fallenfänge geben Hinweise, welche Arten regional auftreten, aber schlagspezifische Prognosen über Drahtwurmschäden lassen sich aus ihnen nicht ableiten. Neben der Generationsdauer ist hierfür wahrscheinlich auch die Mobilität der Tiere verantwortlich. Erste Ergebnisse dazu aus einer im Julius Kühn-Institut erfolgten Masterarbeit von Frau MÄVERS zeigten, dass *A. lineatus*-Männchen an einem Tag 300 m zurücklegen können

und Drahtwürmer im Boden innerhalb von 5 Wochen mindestens 5 m.

### Getreideblattlausresistenz

Herr THIEME (BTL) berichtete über die Pyrethroidresistenz von *Sitobion avenae*. Dabei wurde mittels verschiedener Bioassays mit lambda-cyhalothrin auf Resistenz untersucht und Wirkungsminderungen nachgewiesen. In England wurden mittels Taqman PCR verdächtige Tiere in empfindliche und heterozygot resistente Tiere getrennt. Homozygot resistente wurden bisher nicht nachgewiesen. Schon in Proben aus 2009 wurde an einem Standort in England KDR-Resistenz nachgewiesen, in den letzten Jahren auch in Deutschland. Inzwischen kommt die Resistenz in England an verschiedenen Standorten vor. KDR ist wohl auch in Dänemark existent, wo ebenfalls Minderwirkungen bekannt sind. Mit Bioassays lässt sich KDR wohl nur bedingt detektieren, vor allem wenn nur geringe Anteile in den Populationen resistent sind. Die Resistenz bedingt eine bis zu 40-fache Unempfindlichkeit gegenüber Pyrethroiden.

Der Termin für das 24. Treffen der Projektgruppe wurde auf den 26./27. Februar 2014 festgelegt: Es findet wieder direkt im Anschluss an die Tagung der Projektgruppe Raps statt.

Gert PETERSEN (LK Schleswig-Holstein)  
Jörn LEHMHUS, Udo HEIMBACH (JKI Braunschweig)

## 33. Jahrestagung des Arbeitskreises

### »Phytomedizin in Ackerbau und Grünland, Projektgruppe Kartoffeln«



Foto: © Rasbak, Wikipedia

Am 6. und 7. März 2013 kamen rund 70 Vertreterinnen und Vertreter der Pflanzenschutzämter, von Universitäten, von Bundes- und Landesforschungseinrichtungen und der chemischen Industrie sowie Anbauberater und Kartoffelzüchter zur 33. Jahrestagung des Arbeitskreises Phytomedizin in Ackerbau und Grünland, Projektgruppe Kartoffeln, im Julius Kühn-Institut zusammen.

Die Vorträge und Diskussionen auf der Tagung konzentrierten sich insbesondere auf die pilzlichen Schaderreger *Alternaria* spp. (*Alternaria*-Dürrfleckenkrankheit), *Phytophthora infestans* (Kartoffelkraut- und Knollenfäule) und *Rhizoctonia solani* (Wurzel-töterkrankheit). Neben den *Alternaria*-Ergebnissen der auf der letztjährigen Arbeitssitzung konzipierten Ringversuche mit dem Ziel der Pflanzenschutzmittelminimierung unter Berücksichtigung der ökonomischen Relevanz sind Daten zur Eindämmung von *Alternaria*-Dürrfleckenkrankheit mittels Biofumigation vorgestellt worden. Neue Erkenntnisse zur Fungizidresistenz und zur Pathogenität der *Alternaria*-Arten machten Wissenslücken deutlich. Weitere Forschungsarbeiten wurden angeregt.

Die Prognose des Auftretens und des Krankheitsverlaufes der Kartoffelkraut- und Knol-

lenfäule sowie daraus resultierende Bekämpfungsempfehlungen sowohl für die ökologische als auch für die konventionelle Kartoffelproduktion waren Gegenstände weiterer Vorträge.

Erstmals wurde im Rahmen der Tagung das Problem Sclerotinia an Kartoffeln diskutiert. Zudem sind Ergebnisse zur Bekämpfung von Zystenematoden vorgestellt und die Probleme mit Insektizidresistenz von Kartoffelkäfern vertieft worden.

Verbindend zwischen allen Themen zum Schutz der Gesundheit der Kartoffelpflanze war der gemeinsame Ansatz des Integrierten Pflanzenschutzes, der ab 2014 verbindliche Strategie in allen EU Mitgliedstaaten sein wird.

Dr. Kerstin Lindner; JKI/A,  
Dr. Karsten Osmers; Landwirtschaftskammer Niedersachsen

#### **Biofumigation zur Bekämpfung der *Alternaria*-Dürrfleckenkrankheit - Erste Ergebnisse aus Feld- und Laborversuchen.**

Backhaus A; Lehrstuhl für Phytopathologie, TUM.

#### **Mehrjährige Erfahrungen mit Nematophorin 10G zur Kontrolle von Zystenematoden im Kartoffelbau.**

Frenking H; ISK Biosciences, De Kleetlaan 12B, B-1831 Diegem.

#### **10 Jahre Erfahrungen mit Modellen zur Phytophthora-Bekämpfung – Bedeutung für die Beratung**

Kleinhenz B, Jung J und Tschöpe B; Zentralstelle der Länder für EDVgestützte Entscheidungshilfen und Programme im Pflanzenschutz (ZEPP), Rüdeshheimer Str. 60-68, 55545 Bad Kreuznach, info@zepp.info.

#### **Untersuchungen zur differenzierten Diagnose, fungiziden Sensitivität und**

#### **Leistungsfähigkeit bei *Alternaria*.**

Leiminger J, Adolf B, Hausladen H; TU München, Lehrstuhl für Phytopathologie, Freising.

#### **Versuche zur Eignung alternativer Präparate als Mittel zur Krautfäule-Regulierung im ökologischen Kartoffelbau.**

Nechwatal J, Zellner M; Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Institut für Pflanzenschutz (IPS 3c), Lange Point 10, 85354 Freising.

#### **Ausgewählte Versuchsergebnisse zur *Alternaria*-Bekämpfung in Kartoffeln 2012 - Grundlage für einen neuen Ringversuch 2013**

Osmers K; Landwirtschaftskammer Niedersachsen, Meppen.

#### **Pathogenicity of *Alternaria*-species on potatoes**

Böhme F, Philippi J, Miessner S, Stammer G; BASF SE, Agrarzentrum, 67117 Limburgerhof.

#### **Untersuchungen zur Insektizidresistenz des Kartoffelkäfers (*Leptinotarsa decemlineata* (SAY)) - Aktuelle Ergebnisse**

Tebbe C, Breckheimer B, Racca P und Tschöpe B; Zentralstelle der Länder für EDVgestützte Entscheidungshilfen und Programme im Pflanzenschutz (ZEPP), Rüdeshheimer Str. 60-68, 55545 Bad Kreuznach, Claudia.Tebbe@dlr.rlp.de.

#### **Dreijährige Versuchsergebnisse mit neuen Beizmitteln gegen *Rhizoctonia* in Kartoffeln**

Zellner M; Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Institut für Pflanzenschutz (IPS 3c), Lange Point 10, 85354 Freising.

Kontakt:

karsten.osmers@lwk-niedersachsen.de  
kerstin.lindner@jki.bund.de



## Mitteilungen und Nachrichten

Aus den Arbeitskreisen der Deutschen Phytomedizinischen Gesellschaft (DPG):

### 33. Jahrestagung des DPG-Arbeitskreises Phytomedizin in Ackerbau und Grünland – Projektgruppe Kartoffel

Am 6. und 7. März 2013 kamen rund 70 Vertreterinnen und Vertreter der Pflanzenschutzämter, von Universitäten, von Bundes- und Landesforschungseinrichtungen und der chemischen Industrie sowie Anbauberater und Kartoffelzüchter zur 33. Jahrestagung des DPG-Arbeitskreises Phytomedizin in Ackerbau und Grünland, Projektgruppe Kartoffel, im Julius Kühn-Institut – Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen zusammen.

Die Vorträge und Diskussionen auf der Tagung konzentrierten sich insbesondere auf die pilzlichen Schaderreger *Alternaria* spp. (*Alternaria*-Dürrfleckenkrankheit), *Phytophthora infestans* (Kartoffelkraut- und Knollenfäule) und *Rhizoctonia solani* (Wurzeltöterkrankheit). Neben den *Alternaria*-Ergebnissen, die auf der letztjährigen Arbeitssitzung konzipierten Ringversuche mit dem Ziel der Pflanzenschutzmittelminimierung unter Berücksichtigung der ökonomischen Relevanz, sind Daten zur Eindämmung von *Alternaria*-Dürrfleckenkrankheit mittels Biofumigation vorgestellt worden. Neue Erkenntnisse zur Fungizidresistenz und zur Pathogenität der *Alternaria*-Arten machten Wissenslücken deutlich. Weitere Forschungsarbeiten wurden angeregt.

Die Prognose des Auftretens und des Krankheitsverlaufes der Kartoffelkraut- und Knollenfäule sowie daraus resultierende Bekämpfungsempfehlungen, sowohl für die ökologische als auch für die konventionelle Kartoffelproduktion, waren Gegenstand weiterer Vorträge.

Erstmals wurde im Rahmen der Tagung das Problem *Sclerotinia* an Kartoffeln diskutiert. Zudem sind Ergebnisse zur Bekämpfung von Systemnematoden vorgestellt und die Probleme mit Insektizidresistenz von Kartoffelkäfern vertieft worden.

Verbindend zwischen allen Themen zum Schutz der Gesundheit der Kartoffelpflanze war der gemeinsame Ansatz des integrierten Pflanzenschutzes, der ab 2014 verbindliche Strategie in allen EU Mitgliedstaaten sein wird.

(Dr. Kerstin LINDNER, JKI Braunschweig,

Dr. Karsten OSMERS, Landwirtschaftskammer Niedersachsen)

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

#### 1) 10 Jahre Erfahrungen mit Modellen zur *Phytophthora*-Bekämpfung – Bedeutung für die Beratung

Benno KLEINHENZ, Jeanette JUNG, Beate TSCHÖPE

Zentralstelle der Länder für EDV-gestützte Entscheidungshilfen und

Programme im Pflanzenschutz (ZEPP), Rüdeshheimer Str. 60–68,

55545 Bad Kreuznach

E-Mail: [info@zepp.info](mailto:info@zepp.info)

Die von der ZEPP validierten bzw. entwickelten Schaderregerprognosemodelle SIMPHYT1, SIMBLIGHT1 sowie SIMPHYT3 und Öko-SIMPHYT werden bereits seit vielen Jahren in der Praxis erfolgreich eingesetzt, um den optimalen Behandlungs-

termin der ersten Applikation sowie den Behandlungsabstand zwischen Folgebehandlungen gegen die Kraut- und Knollenfäule zu ermitteln. Wichtigste Eingangsparameter dieser Modelle sind dabei stündliche Wetterdaten. Bei der ZEPP wurde mit Hilfe von Geographischen Informationssystemen (GIS) ein Verfahren entwickelt, durch das die gemessenen Daten der Parameter Temperatur und relative Luftfeuchte für jeden km<sup>2</sup> in Deutschland interpoliert werden können. Zudem werden seit kurzer Zeit zur Berechnung von Prognosemodellen flächendeckende stündliche Niederschlagsdaten verwendet, die der Deutsche Wetterdienst (DWD) auf Basis von Radarmessungen berechnet und bereitstellt. Aufgrund dieser beiden Fortschritte im Bereich der Wetterdatenbereitstellung konnten die von der ZEPP entwickelten Prognosemodelle modernisiert und zugleich optimiert werden. Durch den Einsatz von GIS kann die graphische Darstellung der Prognoseergebnisse flächendeckend in Form von täglichen Risikokarten erfolgen ([www.isip.de](http://www.isip.de)).

Mit den flächendeckend zur Verfügung stehenden Eingangsparametern können in ISIP schlagspezifische Individualprognosen des Erstauftretens-Modells (SIMBLIGHT1) sowie der Infektionsdruck-Modelle (SIMPHYT3 und Öko-SIMPHYT) gerechnet werden. Dabei können individuelle Angaben zu Sorte, Auflaufdatum, Bodenfeuchte, Anbaudichte in der Region, bisherigem Befall, Krautwachstum und letzter Behandlung gemacht werden. Die Ergebnisdarstellung der Individualprognose erfolgt dann einschließlich aller angegebenen Daten in Form einer Tabelle bzw. Grafik.

Im Vergleich der beiden Erstauftretens-Modelle lag der Anteil rechtzeitiger Prognosen von SIMPHYT1 in den Jahren 2006 bis 2012 zwischen 68 und 97%, im Mittel bei 82% (n = 677). Die Validierung von SIMBLIGHT1 ergab in den Jahren 2006 bis 2012 einen Anteil korrekter Prognosen zwischen 84 und 99%, im Mittel lag der Anteil korrekter Prognosen bei 91% (n = 677). Das Erstauftretens-Modell SIMPHYT1 wird daher ab 2013 durch das Modell SIMBLIGHT1 für die Praxis auf [www.isip.de](http://www.isip.de) ersetzt.

Das Prognosesystem Öko-SIMPHYT wurde im Zeitraum von 2006 bis 2009 in insgesamt 49 Versuchen von den Pflanzenschutzdiensten der Länder erprobt. Zur Bewertung wurde der Wirkungsgrad verschiedener Kupferbehandlungen im Vergleich zur Kontrolle ermittelt. Bei der wöchentlichen routinemäßig durchgeführten Behandlung mit 500 g/ha Reinkupfer (Standardvariante) konnte im Mittel ein Wirkungsgrad von 43% erzielt werden. Eine Behandlung nach Öko-SIMPHYT mit variabler Spritzmenge resultierte in einem durchschnittlichen Wirkungsgrad von 38% gegenüber der Kontrolle und erzielte somit einen vergleichbaren Effekt wie die wöchentliche Routinevariante. Der Vorteil der Anwendung von Öko-SIMPHYT besteht darin, dass die Anzahl an Behandlungen im Durchschnitt aller Versuche um 0,6 Applikationen reduziert werden konnte. Auch eine Einsparung der Kupfermenge war möglich. Diese lag bei 535 g/ha, also etwa einem Sechstel der zulässigen Gesamtaufwandmenge. Sind die Infektionsbedingungen für die Krautfäule sehr ungünstig z.B. aufgrund von anhaltender Trockenheit oder geringer Luftfeuchte, empfiehlt das Modell eine Spritzpause. Öko-SIMPHYT hat sich als wichtige Entscheidungshilfe zur gezielten Terminierung von Kupferpräparaten gegen die Kraut- und Knollenfäule bewährt und steht seit 2010 der landwirtschaftlichen Praxis zur Verfügung.

Die Modellergebnisse von SIMBLIGHT1 und SIMPHYT3 können zusätzlich über Mobilgeräte (Smartphones und Tablet-PCs) abgerufen werden. Dazu muss in den Webbrowser des Mobilgerätes lediglich „[m.isip.de](http://m.isip.de)“ eingegeben werden. Die Anwendung nutzt die GPS-Funktion, um direkt standortbezogene Ergebnisse anzubieten. Dazu wird vom Gerät die aktuelle Position in Form von Geokoordinaten an den ISIP-Server übermittelt.



Auf der Basis aktueller Wetterdaten für diese Koordinaten werden dann, ohne dass weitere Eingaben erforderlich sind, der Spritzstart und der Infektionsdruck berechnet und auf dem Mobilgerät als standortbezogene Entscheidungshilfe dargestellt.

Weiterführende Literaturangaben zu den beschriebenen Prognosemodellen und den Verfahren zur Wetterdateninterpolation sind unter [zepp.info/publikationen](http://zepp.info/publikationen) zu finden.

(DPG PG Kartoffel)

## 2) Versuche zur Eignung alternativer Präparate als Mittel zur Krautfäule-Regulierung im ökologischen Kartoffelbau

Jan NECHWATAL, Michael ZELLNER

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Institut für Pflanzenschutz (IPS 3c), Lange Point 10, 85354 Freising

Krautfäule-Epidemien, verursacht durch *Phytophthora infestans*, gehen häufig von befallenen Pflanzgut aus. PCR-gestützte Verfahren haben gezeigt, dass im Mittel 10% der Saatkartoffeln latent mit *P. infestans* infiziert sind. Im Bestand entwickeln sich aus solchen latent infizierten Knollen bei ausreichender Feuchtigkeit des Bodens Pflanzen mit primärem Stängelbefall, wenn der Erreger am oder im Trieb nach oben wachsen kann. Sobald es zur Sporulation kommt, sind diese Pflanzen Ausgangspunkt für sekundären Blattbefall im Schlag. Im ökologischen Kartoffelanbau stehen keine systemischen Fungizide zur Verfügung, die in der Lage sind, primären Stängelbefall frühzeitig zu bekämpfen. Daher werden im Rahmen der hier dargestellten Untersuchungen Knollenbeizungen mit Kupferpräparaten und anderen für den Ökoanbau geeigneten Präparaten als Mittel gegen frühen *Phytophthora*-Stängelbefall getestet. Daneben werden als Teil einer Behandlungsstrategie im Öko-Kartoffelanbau Alternativmittel zur Krautbehandlung untersucht. Diese sollen nicht nur das Ausmaß des sekundären Blattbefalls, sondern auch die Menge der in den Boden eingewaschenen und auf die neuen Knollen verfrachteten Sporen verringern. In zahlreichen Laborversuchen mit künstlich infizierten Knollen sowie Infektionstests mit Kartoffelblättern konnten einige vielversprechende Präparate sowohl für die Knollen- als auch für die Krautbehandlung identifiziert werden, die auch im Rahmen von Feldversuchen getestet werden. Als Ersatz für bzw. in Kombination mit Kupferpräparaten soll dies einer weiteren Reduktion des Kupfereinsatzes im ökologischen Kartoffelanbau dienen.

(DPG PG Kartoffel)

## 3) Biofumigation zur Bekämpfung der Alternaria-Dürrfleckenkrankheit – Erste Ergebnisse aus Feld- und Laborversuchen

Andrea BACKHAUS

TU München, Lehrstuhl für Phytopathologie, Freising

In den letzten Jahren hat die Dürrfleckenkrankheit an Kartoffeln, die durch *Alternaria solani* und *Alternaria alternata* verursacht wird, in Deutschland an Bedeutung gewonnen. Die Ertragsverluste belaufen sich in Abhängigkeit von der Befallssituation auf bis zu 25%. Sehr gute Bekämpfungserfolge wurden in der Praxis durch die Anwendung von Strobilurin-haltigen Fungiziden erreicht. Kurz nach der Zulassung in den USA wurden erste

Wirkungsverluste aufgrund der Mutation beim Cytochrom b Gen des Erregers *Alternaria solani* festgestellt (PASCHE et al., 2004). Auch in Deutschland konnte bei Isolaten von *Alternaria solani* eine F129L Mutation nachgewiesen werden (ADOLF, persönliche Mitteilung, 2013).

Es stellt sich daher die Frage, ob bei der integrierten Bekämpfung der Dürrfleckenkrankheit ergänzende Maßnahmen möglich sind. Im Rahmen eines Forschungsprojektes an der Technischen Universität München in Weihenstephan werden Strategien erprobt, die auf eine Reduktion des Primärinokulums im Boden abzielen. Eine dieser Strategien ist die Biofumigation. Dieses Verfahren bezeichnet die Bekämpfung bodenbürtiger Pathogene oder Schädlinge mittels flüchtiger Isothiocyanate (ITCs). ITCs entstehen bei der Zerstörung pflanzlichen Gewebes durch Hydrolisierung der darin enthaltenen Glucosinolate durch Myrosinase (KIRKEGAARD et al., 1993). In Mitteleuropa kommen Glucosinolate in Kreuzblütlern vor, wobei Glucosinolatgehalt und -zusammensetzung je nach Pflanzenart und Sorte variieren. Um mit den ITCs bodenbürtige Schaderreger bekämpfen zu können, muss das zerkleinerte Pflanzenmaterial in den Boden eingearbeitet werden.

In einem Feldversuch wurde zerkleinertes Grüngut von zwei verschiedenen Kreuzblütlern – Gelbsenf und Ölrettich – sowie von zwei nicht biofumigativ wirkenden Pflanzenarten – Kartoffel und Phacelia – in Kartoffeldämme eingearbeitet. Der *Alternaria*-Befall in den Biofumigations-Varianten war im August signifikant geringer als in den Vergleichsvarianten und der Kontrollvariante ohne Grüngut-Einbringung. Im Vergleich der Kreuzblütler-Varianten wirkte sich die Ölrettich-Einarbeitung wiederum signifikant besser auf die Blattgesundheit aus als die Gelbsenfvariante.

Um die Wirkung der Biofumigation auf *Alternaria solani* unter kontrollierten Bedingungen beobachten zu können, wurden verschiedene *in vitro*-Experimente durchgeführt. Es zeigte sich eine zuverlässige Kontaktwirkung der getesteten ITCs im Bereich von 100 µM bis 1 mM. Auch die Sporenkeimung und das Hyphenwachstum wurden durch einzelne ITCs gehemmt bzw. reduziert.

Trotz der guten Kontaktwirkung der ITCs im Labor lässt sich die Wirkung der Biofumigation im Feld nicht mit den tatsächlichen – oft geringeren – Glucosinolatgehalten des Pflanzenaufwuchses erklären. Beeinflussbare Parameter, mit denen die Wirksamkeit der Biofumigation gesteigert werden kann, sind eine optimale Schwefel-betonte Düngung der Kreuzblütler, ein hoher Zerkleinerungsgrad des Grüngutes, eine möglichst geringe Zeitspanne zwischen Zerkleinerung des Pflanzenmaterials und Einarbeitung in den Boden und eine Terminwahl, bei der ausreichende Bodentemperaturen und -feuchtigkeit gewährleistet sind (HALLMANN, 2010). Weitere Forschungsarbeiten werden hierzu durchgeführt.

### Literatur

- HALLMANN, J., 2010: Abschließende Bewertung. Biofumigation als Pflanzenschutzverfahren: Chancen und Grenzen. Proceedings of the workshop, May 5th, 2010, Bonn-Roleber.
- KIRKEGAARD, J.A., P.A. GARDNER, J.M. DESMARCHELIER, J.F. ANGUS, 1993: Biofumigation – using *Brassica* species to control pests and diseases in horticulture and agriculture. 9<sup>th</sup> Australian Research Assembly on Brassicas (Eds. N. WRATTEN, R.J. MAILER), Agricultural Research Institute, Wagga Wagga, pp. 77-82.
- PASCHE, J.S., C.M. WHARAM, N.C. GUDMESTAD, 2004: Shift in Sensitivity of *Alternaria solani* in Response to Q<sub>0</sub>I Fungicides. *Plant Disease* **88** (2), 181-187.

(DPG PG Kartoffel)

#### 4) Pathogenicity of *Alternaria*-species on potatoes

F. BÖHME, J. PHILIPPI, S. MIESSNER, G. STAMMLER  
BASF SE, Agrarzentrum, 67117 Limburgerhof

In previous monitoring studies two *Alternaria* species were isolated from a number of European potato leaf samples. Factors after sampling played an important role in the success of isolation of *A. solani* or *A. alternata*. Lower temperatures (16°C) during isolation process favoured significantly *A. solani*, while more frequently *A. alternata* was isolated when leaves were incubated at higher temperatures (22°C) just before isolation.

Various glasshouse trials on tomatoes and potato with different *A. solani* and *A. alternata* isolates showed high virulence of all *A. solani* species, while infections with *A. alternata* were without success or yielded only in weak symptoms under different inoculation and incubation conditions.

Field trials were performed with susceptible potato varieties and artificial inoculation with various *A. solani* and *A. alternata* isolates. After 4 days typical Early blight symptoms were visible in the *A. solani* inoculated plots while *A. alternata* plots were without any symptoms. Lesions developed also in *A. alternata* plots during the season but only *A. solani* strains were re-isolated from these.

Mixtures of spores from both species were inoculated to prove the hypothesis that *A. solani* infects leaves and *A. alternata* uses such lesions afterwards as infection point. Spore suspensions with different ratios were inoculated, disease progress was observed and ratios of *A. solani* and *A. alternata* were detected with molecular biological methods. First data indicate that *A. alternata* frequency in leaf samples is decreasing during season and confirm the finding of all glasshouse and field trials that *A. solani* is the more virulent pathogen in Early blight.

Currently, other species such as *A. grandis*, *A. arborescens*, *A. tenuissima* and *A. tomatophila*, which have been reported to be involved in Early blight on tomatoes and/or potatoes are under investigation.

(DPG PG Kartoffel)

#### 5) Untersuchungen zur differenzierten Diagnose, fungiziden Sensitivität und Leistungsfähigkeit bei *Alternaria*

J. LEIMINGER, B. ADOLF, H. HAUSLADEN  
TU München, Lehrstuhl für Phytopathologie, Freising

Das Auftreten und die Bekämpfung der *Alternaria*-Dürrflecken stellt im Kartoffelanbau neben der Kraut- und Knollenfäule ein wesentliches Problem dar. Als Verursacher der Krankheit werden die beiden Erreger *A. solani* und *A. alternata* diskutiert. Die Untersuchungen der letzten Jahre zeigen, dass zu Beginn der Krankheitsentwicklung das Auftreten beider Erreger heterogen sein kann. Während in norddeutschen Regionen in den letzten Jahren verstärkt *A. alternata* festzustellen war, konnte für Süddeutschland das Auftreten beider Erreger nachgewiesen werden. Im fortschreitenden Krankheitsverlauf in den Monaten August und September wurden aus fast allen Blattproben beide Erregerarten dokumentiert.

Eine sichere und eindeutige Erreger-Diagnose ist die Grundvoraussetzung für eine effektive Bekämpfung. Allerdings ist eine eindeutige Charakterisierung der Erreger anhand der im Feld auftretenden Symptomatik problematisch, da die Symptomausprägung oftmals sortentypisch differenzieren kann. Ebenso kommt witterungsbedingten als auch pflanzenphysio-

logischen Faktoren eine wichtige Bedeutung auf die Befallsausprägung und auch -entwicklung im Feld zu. Hier unterstützen molekularbiologische Nachweisverfahren die sichere Diagnose der Erreger, die unabhängig von Symptomausbildung und Sporulation angewendet werden können. Die Anwendung dieser Methodik erlaubt, beide Arten im Verlauf der Vegetation getrennt zu erfassen und deren separate Entwicklung abzubilden.

Ein Vergleich verschiedener Vegetationsjahre als auch Standorte zeigt, dass das Auftreten beider Erreger variieren kann. Durch den Nachweis pilzlicher DNA im Blatt konnte aufgezeigt werden, dass im Jahr 2003 am Standort Weihenstephan die Art *Alternaria alternata* bereits sehr früh in der Vegetation auftrat und auch im weiteren Verlauf dominierte, während am gleichen Standort in den Jahren 2004 und 2005 verstärkt DNA von *A. solani* quantifiziert wurde. Auch im Verlauf der Vegetation entwickelte sich *A. solani* am stärksten. Inwieweit sortenspezifisch unterschiedliche Anfälligkeiten gegenüber beiden Erregern auftreten gilt weiter zu klären. Anhand erster Sortenvergleiche (n = 6) konnte eine differenzierte Erregerentwicklung beobachtet werden. Ebenso wurde festgestellt, dass Varianten, für die infolge einer Fungizidbehandlung der Blattbefall verringert wurde, einen geringeren Gehalt an Pilz-DNA im Blatt ausprägten. In Abhängigkeit des applizierten Wirkstoffs wurde die Menge der Pilz-DNA unterschiedlich stark reduziert. Durch die Aufteilung der Pflanzhöhe in verschiedene Blattetagen konnte der Verlauf der Befallszunahme für die jeweiligen Blattsegmente abgebildet werden.

Im Rahmen eines Isolatscreenings wurden 230 Isolate von *A. solani*, die seit dem Jahr 2005 von mit *Alternaria* infizierten Beständen isoliert wurden, auf das Auftreten der F129L Mutation hin untersucht. Infolge vermehrter Anwendung von Strobilurinen ist insbesondere für *A. solani* das Risiko für die Ausbildung dieser Mutation erhöht. Mutationen im Targetgen (*cyt b*) werden als ein Grund für geringere fungizide Sensitivität diskutiert. Die Untersuchung zum aktuellen Auftreten der F129L Mutation ermöglicht eine Analyse der Anpassungsdynamik sowie eine Abschätzung künftiger Entwicklungen. Isolate mit F129L Mutation (n = 2) wurden erstmals 2009 in Deutschland nachgewiesen. Insbesondere für das Jahr 2011 war eine Zunahme an Isolaten mit der Mutation F129L festzustellen (n = 39). Im Rahmen von biologischen Versuchen (in vitro Tests) wurde die Sensitivität des Erregers untersucht. Dabei wurde für Wildtypen und F129L Mutanten von *A. solani* der EC<sub>50</sub>-Wert erhoben. Hier zeigte sich, dass unter Anwendung des Strobilurins Azoxystrobin für Isolate mit F129L Mutation der EC<sub>50</sub>-Wert erhöht war. Die bis 2011 untersuchten Isolate zeigten einen Anstieg der EC<sub>50</sub>-Werte, wenngleich die Zunahme des Resistenzniveaus bis dato weitaus geringer ausfiel, als dies für Isolate anderer Länder beobachtet wurde. Zur Untersuchung der Auswirkung der F129L-Mutation auf die Wirkung des QoI-Fungizids unter Feldbedingungen wurde am Standort Kirchheim ein Feldversuch angelegt. Für diesen Standort wurden Stämme mit F129L Mutation nachgewiesen. Die Wirkung strobilurin-haltiger Präparate zeigte sich am Standort als sehr gut, unabhängig von der Häufigkeit der F129L-Mutation in der Population. Dennoch sollte aufgrund der beobachteten Sensitivitätsverschiebungen die Anwendung resistenzgefährdeter Produkte angepasst werden. Mit dem Ziel Selektionsvorgänge zu reduzieren, wird empfohlen, die Anwendungshäufigkeit strobilurin-haltiger Produkte auf maximal 3 pro Saison zu begrenzen (siehe auch FRAC-Richtlinie). Ebenso sollte die Anwendung von Strobilurinen alterniert oder durch Mischungen mit weiteren potenten, nicht kreuzresistenten Wirkstoffen, kombiniert werden.

(DPG PG Kartoffel)

## 6) Ausgewählte Versuchsergebnisse zur *Alternaria*-Bekämpfung in Kartoffeln 2012 – Grundlage für einen neuen Ringversuch 2013

Karsten OSMERS

Landwirtschaftskammer Niedersachsen, Meppen

Auf der Basis eines gemeinsamen Versuchsprogrammes wurden Ergebnisse zur *Alternaria*-Bekämpfung 2012 aus Niedersachsen (Bezirksstellen Uelzen und Emsland) und Baden-Württemberg (Donaueschingen) vorgestellt.

Bei insgesamt geringeren Befallswerten im Norden konnte durch die Anwendung der *Alternaria*-Fungizide Signum bzw. Ortiva nur in einem VG ein signifikant höherer Knollenertrag im Vergleich zur unbehandelten Kontrolle festgestellt werden (Versuch in Donaueschingen). Die erforderliche Intensität der *Alternaria*-Bekämpfung unter Berücksichtigung verschiedener Sortenanfälligkeiten wurde diskutiert. Bei zukünftigen Bekämpfungsstrategien ist neben der Wirtschaftlichkeit und dem Sorteneinfluss auch die mögliche Resistenzentwicklung der *Alternaria*-Arten gegen die zu Verfügung stehenden Fungizide (bisher 2 und ab 2013 wahrscheinlich 3 Wirkstoffgruppen) im Rahmen des integrierten Pflanzenschutzes zu beachten.

Im Hinblick auf ein gemeinsames Versuchs- bzw. Untersuchungsprogramm wurde vereinbart, dass zum einen ein für Niedersachsen konzipierter *Alternaria*-Bekämpfungsversuch an die Pflanzenschutzdienste der Länder und alle Tagungsteilnehmer m.d.B. um Beteiligung versendet wird und zum anderen die Kollegen HAUSLADEN und LEIMINGER eine Anleitung für die Entnahme und den Versand von definierten Kartoffelblattproben (Vegetationsjahr 2013) erstellen mit dem Angebot, diese Proben im Hinblick auf auftretende *Alternaria*-Arten und evtl. vorhandene Fungizidresistenzen zu untersuchen (vorherige bilaterale Absprache ist erforderlich). Dafür sei Ihnen bereits im Voraus herzlich gedankt.

(DPG PG Kartoffel)

## 7) Dreijährige Versuchsergebnisse mit neuen Beizmitteln gegen *Rhizoctonia* in Kartoffeln

Michael ZELLNER

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Institut für Pflanzenschutz (IPS 3c), Lange Point 10, 85354 Freising

*Rhizoctonia*-Befall kann vor allem bei Speise- und Veredelungskartoffeln zu gravierenden Qualitätsmängeln bis hin zur nicht Vermarktbarkeit der Partie führen.

In einer dreijährigen Versuchsreihe an vier Standorten in Bayern und Baden-Württemberg wurden verschiedene Präparate (Ortiva 3 l/ha als Furchenbehandlung, Monceren 1,5 l/ha, Monceren Pro 1,5 l/ha, Moncut 0,5 l/ha, Moncut + Sana Terra 0,5 l + 0,5 l/ha und zwei Versuchsmittel als Knollenbehandlung in der Legemaschine) auf ihre Wirksamkeit gegen *Rhizoctonia*-Pockenbesatz und „dry core“ getestet. In den Versuchen wurde stärker befallenes Pflanzgut verwendet, um einen ausreichenden Krankheitsdruck sicher zu stellen.

Im Mittel über alle Versuche und Jahre konnte der *Rhizoctonia*-Pockenbefall an der Tochterknolle um 38 Prozent beim schwächsten und um 57 Prozent beim wirkungsstärksten Fungizid reduziert werden. Jedoch schwankte der Wirkungsgrad bei allen Präparaten sehr stark und eine statistische Absicherung war nur bei Ortiva und Moncut gegeben. Mit einer Reduzierung von 28 bis 49 Prozent noch deutlich schwächer und unsicherer war die Wirkung der geprüften Präparate gegen „dry core“. Eine statistische Absicherung der Wirksamkeit war hier bei keinem Präparat möglich. Darüber hinaus führte die Beizbehandlung zu keinen nennenswerten Mehrerträgen.

Aus den Ergebnissen wird deutlich, dass nur durch ein Maßnahmenbündel eine hinreichend sichere Reduzierung von *Rhizoctonia*-Symptomen erreicht werden kann. Dazu gehören weite Fruchtfolge, Verwendung von gesundem Pflanzgut, Pflanzung in ein warmes Saatbeet, gute Bodenstruktur, Vermeidung von Strohdüngung, Unkraut- und Drahtwurmkontrolle, Schaffung optimaler Auflaufbedingungen und möglichst frühe Ernte. Die Beizung des Pflanzgutes ist demzufolge nur als ein Baustein bei der Reduzierung der *Rhizoctonia*-Schäden an den Kartoffelknollen zu betrachten.

(DPG PG Kartoffel)

## 8) Untersuchungen zur Insektizidresistenz des Kartoffelkäfers (*Leptinotarsa decemlineata* (SAY)) – Aktuelle Ergebnisse

Claudia TEBBE, Birgit BRECKHEIMER, Paolo RACCA, Beate TSCHÖPE

Zentralstelle der Länder für EDV-gestützte Entscheidungshilfen und Programme im Pflanzenschutz (ZEPP), Rüdeshheimer Str. 60-68, 55545 Bad Kreuznach

E-Mail: Claudia.Tebbe@dlr.rlp.de

Im Jahr 2012 wurde bei 7 Populationen des Kartoffelkäfers (*Leptinotarsa decemlineata* (SAY)) aus Deutschland und Österreich der Resistenzstatus gegenüber verschiedenen Insektiziden mit Hilfe der anerkannten Methode 7 des „Insecticide Resistance Action Committee“ (IRAC) untersucht. Dabei wurden die Junglarven des Kartoffelkäfers (L1/L2) für 48 Stunden mit behandelten Kartoffelblättern in Kontakt gebracht. Getestet wurden 8 verschiedene Konzentrationsstufen des Versuchsmittels zwischen 0,75 und 400% der Feldaufwandmenge sowie eine Kontrolle mit Wasser zur Erfassung der natürlichen Mortalität. Nach Ablauf der 48 Stunden wurde der Anteil letal geschädigter Larven bonitiert. Die statistische Auswertung erfolgte mittels Probit-Analyse, mit deren Hilfe die LD<sub>50</sub>- und LD<sub>90</sub>-Werte (Letale Dosis) sowie der Wirkungsgrad berechnet wurden.

Die LD<sub>50</sub>-Werte für das Produkt Karate-Zeon® lagen an allen Standorten unterhalb der Feldaufwandmenge (18,75 ppm). Im Gegensatz dazu wurde bei der LD<sub>90</sub> die Feldrate in Mainz-Hechtsheim (118,4 ppm), Albisheim (34,1 ppm) und Königsbrunn/Österreich (20,7 ppm) überschritten. Die Wirkungsgrade für das Pyrethroid lagen zwischen 86 und 100%.

Die getesteten Insektizide aus der Klasse der Neonicotinoide, Semicarbazone und Spinosyne waren in vollem Umfang wirksam. Der mittlere Wirkungsgrad für das Produkt Coragen® lag am Standort Sünching bei 96% und in Albisheim bei 91%. Dieser Unterschied konnte statistisch nicht abgesichert werden.

Im Jahr 2013 soll das Insektizidresistenzmonitoring fortgeführt und um eine Untersuchung auf knock-down-Resistenz ergänzt werden.

In einem dreijährigen Forschungsprojekt soll ein Expertensystem zur Planung der Insektizidstrategie für die Bekämpfung des Kartoffelkäfers entwickelt werden. Zur Vermeidung bzw. starken Verzögerung des Auftretens von Resistenzen soll die Notwendigkeit einer Behandlung unter ökologischen und ökonomischen Aspekten analysiert werden. Neben den vorhandenen Prognosemodellen zur Populationsdynamik SIMLEP1-Start und SIMLEP3 soll das System unter anderem ein neu zu entwickelndes Modell SIMRES-LEP zur Beschreibung der Insektizid- bzw. Wirkstoff-Resistenzentwicklung enthalten.

Für die Entwicklung des Modells SIMRES-LEP wurde eine Kartoffelkäferzucht mit zwei Populationen etabliert. Hierbei handelt es sich um eine sensitive Population aus Mainz-Hechtsheim und eine Laborpopulation, die eine Wirkort-Resistenz gegenüber Pyrethroiden (kdr) aufweist. Zunächst wurde der Resistenzstatus dieser Populationen gegenüber einem

Pyrethroid und einem Neonicotinoid mittels IRAC-Methode Nr. 7 bestimmt und die LD<sub>40</sub> ermittelt. Anschließend wurden die Junglarven in jeder Generation mit der Dosis behandelt, die die LD<sub>40</sub> bewirkt. Dazu wurden Kartoffelblätter in eine Insektizidlösung der entsprechenden Konzentration getaucht und Junglarven für 48 Stunden aufgesetzt. Die überlebenden Larven wurden zur Weiterzucht verwendet.

Die sensitive Population aus Mainz-Hechtsheim wurde sechsmal mit einem Pyrethroid behandelt. Mit zunehmender Anzahl der Behandlungen stieg die LD<sub>50</sub> im Vergleich zur Ausgangspopulation tendenziell an. Bei der Laborpopulation gab es nach zwei Behandlungen mit einem Neonicotinoid erste Anzeichen einer möglichen Resistenzentwicklung gegenüber dem entsprechenden Produkt.

Um die Rückentwicklung einer vorhandenen Resistenz nachvollziehen zu können, wurde der Pyrethroid-Resistenzstatus der Laborpopulation, die fortlaufend mit einem Neonicotinoid behandelt wurde, bestimmt. Die Ergebnisse deuten an, dass durch den Wechsel der Wirkstoffklasse eine Rückentwicklung der Pyrethroid-Resistenz möglich ist.

Das Forschungsprojekt wird gefördert mit Mitteln der Deutschen Bundesstiftung Umwelt.

(DPG PG Kartoffel)

## 9) Mehrjährige Erfahrungen mit Nemathorin 10G zur Kontrolle von Zystennematoden im Kartoffelbau

Heinz FRENKING

ISK Biosciences, De Kleetlaan 12B, 1831 Diegem, Belgien

Nemathorin, mit dem Wirkstoff Fosthiazate (C<sub>9</sub>H<sub>18</sub>NO<sub>3</sub>PS<sub>2</sub>) aus der Gruppe der Organophosphate wurde von Ishihara Sangyo Kaisha Ltd. entwickelt und vertrieben durch SYNGENTA Agro, um Nematoden in vielen Kulturen zu bekämpfen. Hauptanwendungsgebiete sind Kartoffel, Banane, Citrus, Tomate und andere Gemüsepflanzen.

Nemathorin ist aktiv gegen Zysten-, Gallen- und freilebende Nematoden, wie *Heterodera*, *Globodera*, *Meloidogyne*, *Pratylenchus*, *Radopholus* und *Helicotylenchus*.

Nemathorin wurde in den Jahren 2010, 2011 und 2012 in Deutschland in resistenten und toleranten Kartoffelsorten getestet, um den Einfluss auf Ertrag und Wirksamkeit zu überprüfen.

Die Versuchsergebnisse und Applikationstechnik wurden im Detail vorgestellt. Ein pf/pi < 0,5 wurde erzielt, bei Ertragssteigerungen von 10% bis zu 60%.

Die Ergebnisse belegen, dass es sinnvoll sein kann, bei entsprechendem Druck, Nemathorin in Kombination mit resistenten Kartoffelsorten zur Reduzierung der Nematoden-Population einzusetzen.

Nemathorin ist darüber hinaus in der festgelegten Aufwandmenge von 30 kg/ha sehr kulturverträglich.

(DPG PG Kartoffel)



## Mitteilungen und Nachrichten

Aus den Arbeitskreisen der Deutschen Phytomedizinischen Gesellschaft (DPG):

### Bericht zur 41. Tagung des DPG-Arbeitskreises Nematologie

Am 12. und 13. März 2013 tagte der Arbeitskreis Nematologie im Züchtungszentrum von Syngenta in Bad Salzungen. Wie in den Vorjahren trafen sich etwa 70 Teilnehmer aus Wissenschaft, Industrie und Beratung. Neben Beiträgen aus der Schweiz beteiligten sich auch Kollegen aus den Niederlanden und Schweden mit Vorträgen. In diesem Jahr lag der Schwerpunkt der Beiträge ausschließlich auf dem Themenkomplex zu pflanzenparasitären Nematoden, da die seit einigen Jahren gemeinsam mit dem AK Freilebende Nematoden abgehaltenen Treffen seit 2012 nur noch im zweijährigen Turnus stattfinden. Damit will der Arbeitskreis, durch die Wahl der Tagungsorte, den unterschiedlichen Interessenslagen beider Gruppen entgegen kommen. Inhaltlich wurden in den vier Sektionen aktuelle Themen aus den Bereichen Züchtungsforschung und Einsatz von Toleranzeigenschaften, Einschätzung von Feldpopulationsdichten und Bekämpfung, Wechselwirkung zwischen Nematoden und Mikroorganismen sowie Neues zur Diagnose und Epidemiologie geregelter Nematoden behandelt. Vor der Tagung gab es die Gelegenheit zur Besichtigung des Züchtungszentrums. Die Kurzfassungen aller Beiträge sind über die Homepage der DPG ([www.phytomedizin.org](http://www.phytomedizin.org)) abrufbar. Für die großzügige Unterstützung und die hervorragende Organisation der Tagung bedankt sich an dieser Stelle die Arbeitskreisleitung noch einmal insbesondere bei Dr. Enno BLUMENBERG und Frau PRÜSSNER, sowie den zahlreichen Helfern. Die nächste Tagung des DPG AK Nematologie wird am 18./19. März 2014 im Senckenberg-Museum in Görlitz wieder zusammen mit dem AK Freilebende Nematoden stattfinden.

Für den DPG AK Nematologie:  
Dr. Matthias DAUB (JKI Elsdorf)  
Dr. Ulrike HAKL (PSD Bonn)

Nachfolgend aufgeführt sind die von den jeweiligen Autoren genehmigten Zusammenfassungen der Tagungsbeiträge.

#### 1) Pf/Pi-Werte in der praktischen Zuckerrübenzüchtung

Sandra FISCHER  
Strube Research GmbH & Co. KG, Hauptstraße 1, 38387 Söllingen,  
Deutschland  
E-Mail: [s.fischer@strube.net](mailto:s.fischer@strube.net)

*Heterodera schachtii* ist einer der bedeutendsten Schädlinge im Zuckerrübenanbau. Für die Züchtung neuer nematodentoleranter und -resistenter Zuckerrübensorten, muss die Leistung mit und ohne Nematodenbefall getestet werden. Die Auswahl toleranter oder resistenter Pflanzen für neue Kreuzungen erfolgt über einen Biotest mit *H. schachtii* unter standardisierten Bedingungen im Gewächshaus. In der Auswertung wird nur die Anzahl der Zysten bestimmt. Potentielle neue Sorten werden europaweit in Feldversuchen mit und ohne Befall von *H. schachtii* getestet. Für die Einschätzung ob ein Standort mit oder ohne Befall ist, wird vor der Leistungsprüfung der Zuckerrüben der pi Wert bestimmt. Proben werden von 0–30 cm und von 30–60 cm genommen. 2011 wurden von vier Versuchsstandorten (drei in Deutschland und einer in Frankreich) einer internen Versuchsserie mit 36 Genotypen und zwei Wiederholungen pi und pf

Werte ermittelt. Neben anfälligen und toleranten Standardsorten wurden Kandidaten für neue nematodentolerante Sorten getestet. Dazu wurden jeweils drei Einstiche pro Parzelle gemacht um eine Mischprobe zu erhalten. An drei Standorten wurden 0–30 cm und 30–60 cm beprobt und an dem vierten gab es nur einen Wert für 0–60 cm. Die pf/pi Werte waren meistens hoch, wenn der Ausgangsbefall sehr niedrig war. Bei den Ergebnissen wurden einerseits anfällige Sorten gefunden, die in der Lage waren die Nematoden zu reduzieren und andererseits konnten bei den nematodentoleranten Kandidaten Genotypen gefunden werden, die Nematoden stark vermehren, leicht vermehren oder reduzieren. Die Ergebnisse sind zwischen den Wiederholungen und den Standorten auch teilweise sehr unterschiedlich. Dadurch ist es schwierig, Informationen für die weitere züchterische Bearbeitung der Genotypen daraus zu gewinnen. Aufgrund der hohen Kosten und des hohen Aufwandes ist es auch nicht möglich, pf/pi Werte über das ganze Zuchtprogramm zu bestimmen.

(DPG AK Nematologie)

#### 2) Die Bestimmung von *Heterodera schachtii* in Bodenproben mittels Schlupfinduktionsmethode und nachfolgender PCR

Dietmar HORN<sup>1</sup>, Fred FÜRSTENFELD<sup>1</sup>, Klaus BÜRCKY<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Bodengesundheitsdienst GmbH, Marktbreiter Str. 74, 97199 Ochsenfurt

<sup>2</sup> Südzucker AG, Marktbreiter Str. 74, 97199 Ochsenfurt

E-Mail: [Dietmar.Horn@bodengesundheitsdienst.de](mailto:Dietmar.Horn@bodengesundheitsdienst.de)

Die Bestimmung von Rüben nematoden (*Heterodera schachtii*) erfolgt in zwei Schritten: Die Extraktion von Rüben nematoden aus dem Boden mittels einer Schlupfinduktionsmethode und dem Nachweis von *Heterodera schachtii* mittels PCR und Gel-Elektrophorese. Für die Extraktion der Nematoden werden Bodenproben im Frühjahr des Jahres vor dem Rübenanbau bei einer Bodenfeuchte von ca. 50% nFK aus der Ackerkrume entnommen und anschließend im Labor 3 Tage bei 26°C inkubiert. Der Schlupfreiz wirkt spezifisch auf *Heterodera schachtii* und regt die lebensfähigen Larven zum Schlüpfen aus den Eiern an. Anschließend werden die Proben für 3 Tage bei Zimmertemperatur auf mit Wasser gefüllte Baermanntrichter gesetzt. Die ausgewanderten Nematoden sammeln sich am Trichtergrund und werden dort zum weiteren Nachweis mittels PCR-Technik und Gel-Elektrophorese aufgenommen.

Für den Nachweis von *Heterodera schachtii* wurde ein spezifischer Primer für die PCR-Technik entwickelt. Proben mit *Heterodera schachtii* haben eine charakteristische Bande. Diese wird per Bildanalyse erfasst und die Intensität der Bande mit kalibrierten Banden verglichen. Seit 2004 wurden mehr als 16 000 landwirtschaftliche Böden untersucht und der Nematodenbefall in 4 Gruppen eingeteilt.

(DPG AK Nematologie)

#### 3) Nicht-invasive Sensortechniken am Blattapparat der Zuckerrübe zur Dichteschätzung von *Heterodera schachtii*

Birgit FRICKE<sup>1</sup>, Kai SCHMIDT<sup>2</sup>, Matthias DAUB<sup>3</sup>

<sup>1</sup> INRES/Pflanzenernährung Uni Bonn, Karlrobert-Kreiten-Str. 13, 53115 Bonn

<sup>2</sup> Nemaplot, Argelderstr. 3, 53115 Bonn

<sup>3</sup> Julius Kühn Institut (JKI), Institut für Pflanzenschutz in Ackerbau und Grünland, Dürener Str. 71, 50189 Elsdorf

E-Mail: [birgit.fricke@uni-bonn.de](mailto:birgit.fricke@uni-bonn.de)

Die Entwicklung von Hochdurchsatzverfahren unter Feldbedingungen beschreibt die Etablierung einer Methode zur zerstörungsfreien Analyse von Stressreaktionen am Blattapparat der



Zuckerrübe unter Parasitenbefall durch den Rübenzystenmatischen *Heterodera schachtii* mittels hyperspektraler Sensortechniken. Das Projekt ist Bestandteil des vom Bundesministerium für Bildung und Forschung geförderten Kompetenznetzwerkes CROP.SENSE.net und wird getragen vom Europäischen Fonds für Regionale Entwicklung durch den Auftraggeber des Ministeriums für Innovation, Wissenschaft, Forschung und Technologie in NRW sowie durch das Forschungszentrum Jülich. Das Kompetenznetzwerk für Phänotypisierungsforschung dient der Entwicklung von praxistauglichen Verfahren zur Effizienzsteigerung in Pflanzenzüchtung und Bestandsmanagement. Dieses Teilprojekt widmet sich der Entwicklung eines nicht-invasiven Verfahrens, das den Nachweis bodenbürtiger Schaderreger anhand der Änderung der hyperspektralen Signatur des Blattapparates ermöglicht. In der Saison 2012 wurden alle 14 Tage auf drei Skalenebenen (Blattquerschnitt, Blattbestand sowie Luftbildaufnahmen im Bereich 800 nm) hyperspektrale Aufnahmen des JKI-Versuchsfelds in Elsdorf durchgeführt. Die Verteilung der Nematodendichten (in Eier und Larven/100 ml Boden) wurden vor Saat bestimmt, drei Rübensorten mit unterschiedlichen Resistenzeigenschaften ausgesät. Insgesamt wurden pro Termin 120 Parzellen mit je 10 bis 20 Wiederholungen gemessen. Mit dem gekoppelten Weibullmodell (Patent Nemaplot) lassen sich in einem ersten Analyseschritt beliebige hyperspektrale Signaturen anpassen ( $R^2 > 0,99$ ) und in einen numerischen Parametervektor übertragen. Dieser Vektor kann für diskrete Merkmale mit einer Diskriminanzanalyse ausgewertet werden. In einem zweiten Analyseschritt wird die stetige Zielgröße Eier und Larven/100 ml Boden auf ein Summenprodukt der nichtlinearen Parameter des Weibullmodells mit den entsprechenden Linear-Konstanten abstrahiert und kann dann mit einer gewissen Zuverlässigkeit empirisch abgeleitet werden. Durch diese beiden Analyseschritte lässt sich für den Standort Elsdorf in 2012 zu einem gegebenen Termin die Nematodendichte direkt aus der Signatur ableiten und ermöglicht quantitative Aussagen, die in seiner Güte für ein nematologisches Problem ausreichen. Das Verfahren ist bisher nicht für alle Sorten geeignet, die tolerante Sorte Theresa maskiert den Nematodeneffekt im Signal, dennoch eignen sich hyperspektrale Signaturen anhand des Blattapparates der Zuckerrübe zur Dichteschätzung von *H. schachtii*. Ebenfalls haben die Witterungsbedingungen 2012 Nematodeneffekte (Welkesymptome) aufgrund ausreichender Niederschläge maskiert. Die Luftbildaufnahmen zeigen bisher kein erwünschtes Ergebnis. Für eine allgemeine Anwendung müssen für das ganze System die Dynamiken sowohl des Wirtes als auch des Nematoden auf der Skala hyperspektraler Signaturen abgebildet werden.

(DPG AK Nematologie)

#### 4) Schadpotential tiefliegende Populationen von *Heterodera schachtii* auf Zuckerrüben

Andreas WESTPHAL<sup>1</sup>, Matthias DAUB<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Julius Kühn Institut (JKI), Institut für Pflanzenschutz in Ackerbau und Grünland, Messeweg 11/12, 38104 Braunschweig

<sup>2</sup> Julius Kühn Institut (JKI), Institut für Pflanzenschutz in Ackerbau und Grünland, Dürener Straße 71, 50189 Elsdorf

E-Mail: andreas.westphal@jki.bund.de

Der Fruchtfolgeschädling *Heterodera schachtii* tritt in vielen Rübenanbaugebieten schädigend in Erscheinung. Das Management beruht auf weiten Fruchtfolgen, dem Anbau resistenter Zwischenfrüchte und resistenten oder toleranten Rübenentypen. Die Bestimmung der Populationsdichte in der Ackerkrume (0 bis 30 cm Tiefe) scheint nicht immer hinlänglich zu sein, das Risiko für Nematodenschaden abzubilden. In diesem Projekt wurde das Schadpotential von Rübenzystenmatischen unter-

sucht. In zwei Versuchen wurden PVC-Röhren mit einem 30-cm Durchmesser senkrecht auf 60 cm Bodentiefe im Feld eingegraben und mit gedämpfter Erde in 0–30 cm und 30–60 cm Tiefe gefüllt. Im ersten Versuch wurde Boden mit 550 Eiern/100 g Boden von *H. schachtii* genutzt, um vier Behandlungen zu etablieren: (NI) nicht inokuliert; (KI) inokuliert 0–60 cm Tiefe; (FI) inokuliert 0–30 cm Tiefe; und (TI) inokuliert 30–60 cm Tiefe. Jede solche Variante wurde mit Zuckerrüben 'Beretta' (anfällig), 'Sanetta' (resistent) oder 'Pauletta' (tolerant) besät. Im zweiten Versuch, wurde ein ähnliches Tiefenverteilungsschema etabliert, aber zusätzlich die Populationsdichte von 200 bis 2000 Eiern pro 100 ml Boden variiert. In diesem Versuch wurde nur die anfällige 'Beretta' ausgesät. Drei Wochen nach Aussaat wurden die eingedrungenen J2 in den Wurzeln überzähliger Rübensämlinge gezählt, nach weiteren zwei Wochen wurden die Kronendurchmesser bestimmt. Aus den Ergebnissen ließen sich lineare Zusammenhänge der Wurzelpenetration und des Kronendurchmessers herleiten. Juvenilzahlen waren gute Voraussage des Nematodenschadpotentials. Eine umfangreichere Bestimmung des Anteils tiefliegender Populationen an der Wurzelpenetration sollte eine Abschätzung deren Schadpotentials ermöglichen und die Notwendigkeit der Populationsdichtebestimmung unterhalb der Ackerkrume bewerten.

(DPG AK Nematologie)

#### 5) Ertragsreaktionen von Zuckerrüben unter *Heterodera schachtii*-Befall und Einfluss unterschiedlicher Sortentypen auf die Vermehrungsraten der Nematoden im langjährigen Feldversuch

Matthias DAUB

Julius Kühn Institut (JKI), Institut für Pflanzenschutz in Ackerbau und Grünland, Dürener Straße 71, 50189 Elsdorf

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

In den deutschen Kernanbaugebieten von Zuckerrüben (Hildesheimer- und Braunschweiger Börde, Köln-Aachener Bucht, Rheinhessen, Franken) treten Rübenzystenmatischen (*Heterodera schachtii*) häufig als Hauptschädlinge auf. Im Rahmen eines integrierten Nematodenmanagements stehen für den Anbau von Zuckerrüben in solchen Regionen Sorten mit Toleranz oder Resistenz gegen *H. schachtii* zur Verfügung. In langjährigen Feldversuchen (dreijährige Fruchtfolge Winterweizen-Wintergerste-Zuckerrübe seit 1969) werden seit 2006 Befalls/Verlustrelationen von Zuckerrüben bei unterschiedlichen Befallsstärken auf einem Versuchsfeld in Elsdorf (Rheinland) gemessen. Durch den Anbau von resistenten und anfälligen Zwischenfrüchten (z.B. Weißer Senf oder Ölrettich) im Vorjahr des Rübenanbaus konnten seit 2007 hohe Spannweiten an Befallsstärken, beginnend von der Nachweisgrenze der Befallsfreiheit bis ca. 6000 Eier und Juvenile (E + J)/100 ml, im Oberboden erreicht werden. Auf 80 bis 180 Parzellen pro Jahr wurden seit 2007 Standardsorten, sowie tolerante und resistente Sorten angebaut. Bodenproben wurden im Oberboden entnommen, aus denen die Anfangspopulationsdichte ( $P_i$ ) vor Anbau von Zuckerrüben sowie die Endpopulationsdichte ( $P_f$ ) nach Anbau von Zuckerrüben erfasst wurde. Die Ertragsfeststellung erfolgte per Handrodung der mittleren zwei Kernreihen für jede Parzelle (vierreihig) einzeln. Entsprechend den bisher gültigen Modellen zeigten empfindliche Standardsorten signifikante Ertragsrückgänge in Befallsstärkeklassen oberhalb von 500 E + J/100 ml. Hingegen wiesen sowohl resistente Sorten als auch tolerante Sorten solche Reaktionen erst bei deutlich höheren Befallsstärken auf. Die Vermehrungsraten von *H. schachtii* ließen sich zwischen den drei Sortentypen oberhalb eines  $P_i$  von 500 E + J/100 ml deutlich voneinander unterscheiden. Bei niedrigen  $P_i$

Dichten konnten auch bei toleranten Sorten starke Vermehrungen von *H. schachtii* beobachtet werden. Bei den untersuchten, toleranten Sorten könnten durch populationsmindernde Maßnahmen des Integrierten Nematodenmanagements (z.B. Sortenwechsel, Anbau von resistenten Zwischenfrüchten) Ertragsvorteile zwischen 3% und 16% erzielt werden.

(DPG AK Nematologie)

## 6) Prüfung von Ölrettich auf Resistenz gegen *Meloidogyne chitwoodi*

Johannes HALLMANN<sup>1</sup>, Andreas WESTPHAL<sup>2</sup>, Richard MANTHEY<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Julius Kühn-Institut (JKI), Institut für Epidemiologie und Pathodiagnostik, Toppheideweg 88, 48161 Münster

<sup>2</sup> Julius Kühn-Institut (JKI), Institut für Pflanzenschutz in Ackerbau und Grünland, Messeweg 11/12, 38104 Braunschweig

<sup>3</sup> Bundessortenamt, Osterfelddamm 80, 30627 Hannover  
E-Mail: johannes.hallmann@jki.bund.de

Der Wurzelgallennematode *Meloidogyne chitwoodi* ist gemäß Richtlinie 2000/29/EG ein Quarantäneschaderreger. Bei Auftreten dieses Schaderregers sind entsprechende Gegenmaßnahmen durchzuführen, um die Verschleppung des Schaderregers zu verhindern bzw. die Besatzdichte auf Befallsflächen zu reduzieren. Eine mögliche Maßnahme zur Reduzierung der Besatzdichte ist der Anbau von resistenten Sorten, wie z.B. Ölrettich, als Sommerzwischenfrucht oder überwinternde Gründüngung. Die Prüfung auf Resistenz erfolgt durch das Bundessortenamt in Zusammenarbeit mit dem Julius Kühn-Institut – Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen. Für Ölrettich wurde folgendes Prüfprotokoll etabliert. Pro Prüfglied werden acht 1,4-L Töpfe mit 1900 g Silbersand gefüllt und im Gewächshaus aufgestellt. Pro Topf werden je 17 Korn der jeweiligen Prüf- bzw. Verrechnungssorte ausgesät. Nach dem Auflaufen werden die Keimlinge auf 15 pro Topf vereinzelt und die Pflanzen 10 Tage nach Aussaat mit 7000 Juvenilen (J2) von *M. chitwoodi* (500 J2/100 ml Silbersand) inokuliert. Sobald die Hälfte der Eier in den Eipaketen juvenile Stadien enthält (Temperatursumme > 8°C von ca. 580°C), wird die Prüfung ausgewertet. Zunächst wird der Spross abgeschnitten und verworfen. Danach werden die Wurzeln vorsichtig aus dem Silbersand gewaschen, in 2-cm Stücke geschnitten und für zwei Minuten in einer 1%igen NaOCl-Lösung kräftig geschüttelt, um die Eier aus der sie umgebenden gelatinösen Matrix zu lösen. Die Suspension wird dann über ein 1000 µm-Sieb gegeben und die extrahierten Eier werden auf einem 20 µm-Sieb aufgefangen und unter dem Mikroskop gezählt. Sorten mit einer relativen Anfälligkeit < 5% gegenüber dem anfälligen Standard 'Siletina' werden als resistent eingestuft.

(DPG AK Nematologie)

## 7) Bekämpfung von Blattnematoden (*Aphelenchoides* spp.) an Stauden mit Vertimec oder Movento

Wolfgang W.P. GERLACH, Gisela WESTERMEIER

Abt. Pflanzenschutz, Fakultät Gartenbau, Hochschule

Weihenstephan-Triesdorf, 85350 Freising

E-Mail: wolfgang.gerlach@hswt.de

Krankheitsdiagnosen in Staudengärtnereien in Süddeutschland während der letzten 10 Jahre haben ergeben, dass bei über 25 Gattungen von Stauden ein Befall mit Blattnematoden (*Aphelenchoides* spp.) auftreten und zu starken Schäden führen kann. Da gegenwärtig in Deutschland keine Pflanzenschutzmittel zur Bekämpfung von Blattnematoden zugelassen sind, wurden über 15 zugelassene Insektizide unter Gewächshausbedingungen auf ihre Wirksamkeit an Zinnien geprüft. Diese waren

mit *Aphelenchoides* spp. inokuliert worden. Hervorragende Wirkung besaßen Vertimec, Milbeknock und Movento. In Freilandversuchen an schon befallenen *Anemone hepheensis* wurden Vertimec und Movento geprüft, und es konnte eine deutliche Wirksamkeit demonstriert werden. Ziel ist es, eine Zulassung zur Bekämpfung von Blattnematoden bei Stauden zu erreichen.

(DPG AK Nematologie)

## 8) Bekämpfung der Stockkrankheit (*Ditylenchus dipsaci*) an Phlox durch Meristemkultur

Wolfgang W.P. GERLACH, Gisela WESTERMEIER, Martina THESING-HERRLER

Abt. Pflanzenschutz, Fakultät Gartenbau, Hochschule

Weihenstephan-Triesdorf, 85350 Freising

E-Mail: wolfgang.gerlach@hswt.de

Auf Anfrage einer Bio-Staudengärtnerei wurde das Verfahren entwickelt auch weil keine entsprechenden Pflanzenschutzmittel in Deutschland verfügbar sind. Die Stockkrankheit bei Phlox führt zu Pflanzen mit fadenförmigen Blättern und einer allgemeinen Verkrüppelung der Pflanze. Vor allem wird die Blüte verhindert. Die Infektion, bzw. Übertragung der Nematoden findet meist während der Vermehrung beim Schneiden der Wurzelschnittlinge im Winter statt, wenn die Mutterpflanzen nicht eindeutig gesund sind, bzw. das Substrat kontaminiert ist. Zur Meristemvermehrung werden die Pflanzen im Winter im Gewächshaus angetrieben, um geeignete Sprossspitzen zu erhalten. Nach Meristementnahme werden diese auf einem modifizierten MS Nährboden angezogen und *in-vitro* vermehrt. Einzelne Pflanzen aus der klonalen Meristemvermehrung werden auf Befallsfreiheit geprüft. Nach der Gewährleistung der Nematodenfreiheit werden die entsprechenden Klone einer *in-vitro* Massenvermehrung unterzogen. Bei gewisser Größe werden die Pflanzen aus der Gewebekultur in Multitopflatten, gefüllt mit Perlite, bewurzelt. Diese dann abgehärteten Pflanzen werden an die entsprechenden Auftraggeber geliefert. Der Arbeitsablauf von der ersten Anzucht der Mutterpflanzen bis zur Auslieferung bewurzelter Pflanzen dauert ca. 20 Monate.

(DPG AK Nematologie)

## 9) Vorstellung eines Verbundprojekts: Biologische Bodenentseuchung für eine umweltgerechte und intensive Gehölzproduktion – Auswirkungen der Biofumigation auf mikrobielle Gemeinschaften im Boden

Heike NITT<sup>1</sup>, Andreas WREDE<sup>2</sup>, Bunlong YIM<sup>3</sup>, Traud WINKELMANN<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Landwirtschaftskammer Schleswig-Holstein, Gartenbauzentrum, Thiensen 22, 25373 Ellerhoop

<sup>2</sup> Gartenbauzentrum, Thiensen 22, 25373 Ellerhoop

<sup>3</sup> Institut für Zierpflanzen- und Gehölzwissenschaften, Leibniz

Universität Hannover, Herrenhäuser Str. 2, 30419 Hannover

E-Mail: hnitt@lksh.de

In Feldversuchen in drei Baumschulbetrieben im Pinneberger Raum, die sich auf die Anzucht von Rosenunterlagen oder Obstgehölzen spezialisiert haben, wird in einem Verbundprojekt die Auswirkung verschiedener Zwischenkulturen auf die Wuchsleistung von Gehölzen, die empfindlich auf die Bodenmüdigkeit reagieren, untersucht. Folgende Varianten werden miteinander verglichen: (1) die Brassicaceen-Sorten *Raphanus sativus* var. *oleiformis* 'Defender' und *Brassica juncea* 'Terraplus' werden in den ersten beiden Versuchsjahren zweimal im Jahr angebaut und mit der Technik der Biofumigation eingearbeitet, (2) mit dem Anbau von *Tagetes patula* 'Nemamix' sollen Nematoden der Gattung *Pratylenchus* reduziert werden, (3) die Versuchsglieder mit

Graseinsaat zeigen, welche Einbußen erfolgen, wenn keine Maßnahmen ergriffen werden, (4) der Anbau von Gehölzen der Gattung *Malus* und *Rosa* verstärkt die Bodenmüdigkeitssymptome, während (5) die chemische Bodenentseuchung mit Basamid Granulat die jetzige aber zukünftig durch Alternativen zu ersetzende Standardvariante der Baumschulpraxis präsentiert. Die Nematodenpopulationen werden an drei Terminen im Jahr von der phytopathologischen Diagnostik der Landwirtschaftskammer Schleswig-Holsteins in Kiel (Dr. Bettina GOLECKI) und dem Pflanzenschutzdienst der Landwirtschaftskammer in Nordrhein-Westfalen (Dr. Ulrike HAKL) untersucht. Im dritten Versuchsjahr werden in allen Versuchspartikeln *Rosa corymbifera* 'Laxa' und *Malus* spp. kultiviert, die die spezifische Bodenmüdigkeit durch Wuchsdepressionen anzeigen. Die Unterschiede in den Wuchsleistungen zwischen den Versuchsvarianten zeigen die Wirksamkeit der angebauten Zwischenfrüchte im Hinblick auf die Überwindung der Bodenmüdigkeit an. Mit Indikatorpflanzen, die in Containern im Gewächshaus erfolgen, wird die Effizienz der Biofumigation überprüft. Die Böden aus dem Feldversuch erfahren hierbei unterschiedliche Behandlungen: unbehandelte Variante, Temperaturbehandlung 50°C (1 h), sowie Gamma-Bestrahlung. Die Wuchsunterschiede der Indikatorpflanzen erlauben Rückschlüsse auf den Grad der spezifischen Bodenmüdigkeit. Darüber hinaus erfolgt in Kooperation mit dem Leibniz-Institut für Gemüse- und Zierpflanzenbau Großbeeren/Erfurt e.V. (Prof. Dr. Monika SCHREINER und Dr. Franziska HANSCHEN) die Analyse der Glucosinolatgehalte der Biofumigationspflanzen und der Isothiocyanatgehalte im Boden nach der Biofumigation sowie nach der Basamid Granulatbehandlung. Am Julius Kühn-Institut (Prof. Dr. Kornelia SMALLA) werden die Mikroorganismenpopulationen im Boden mit der molekularbiologischen Methode der DGGE (Denaturierende Gradienten-Gelelektrophorese)-Fingerprints untersucht. In vergleichenden Fingerprint-Analysen sollen Verschiebungen in der bakteriellen und pilzlichen Gemeinschaft detektiert und entsprechende Populationen durch Sequenzierung identifiziert werden, wodurch Erklärungsansätze zu den die Bodenmüdigkeit verursachenden und/oder zu antagonistischen Mikroorganismen entwickelt werden können. Somit sollen die Untersuchungen aufklären, wie sich die Biofumigation auf die Mikroorganismenzusammensetzung im Boden auswirkt.

Gefördert durch das Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestags im Rahmen des Bundesprogramms Ökologischer Landbau und andere Formen nachhaltiger Landwirtschaft (BÖLN).

(DPG AK Nematologie)

## 10) 100 Jahre Kartoffelzystenematoden im Land Mecklenburg-Vorpommern

Jan KRUSE<sup>1</sup>, Asmus DOWE<sup>2</sup>, Rolf KUHN<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Landesamt für Landwirtschaft, Lebensmittelsicherheit und Fischerei Mecklenburg-Vorpommern, Graf-Lippe-Straße 1, 18059 Rostock

<sup>2</sup> ehemals Universität Rostock, Agrar- und Umweltwissenschaftliche Fakultät, Fachgebiet Phytomedizin, Satower Str. 48, 18059 Rostock

<sup>3</sup> ehemals Institut für Kartoffelforschung der Akademie der Landwirtschaftswissenschaften der DDR, 18190 Groß Lüsewitz  
E-Mail: jan.kruse@lalff.mvnet.de

Gegenwärtig sind zwei an der Kartoffel *Solanum tuberosum* L. ssp. *tuberosum* und Tomate *Lycopersicon esculentum* Miller parasitierende zystenbildende Nematoden beschrieben, *Globodera rostochiensis* und *G. pallida*. Im deutschsprachigen Raum war zunächst der Begriff Kartoffelälchen oder Kartoffelnematode gebräuchlich. In Anlehnung an die englische Namensgebung wurde später die Bezeichnung Kartoffelzystenematode gebräuch-

lich. Das Auftreten des Gelben Kartoffelnematoden (*Globodera rostochiensis*, WOLLENWEBER, 1923; SKARBILOVICH, 1959) wurde in Mecklenburg 1913 erstmals und ausführlich durch ZIMMERMANN dokumentiert. In der Artbezeichnung von WOLLENWEBER findet sich als Erstfundort Rostock wieder. Für Vorpommern (Demmin) liegt ein erster Befund aus dem Jahr 1926 vor. Heute sind Kartoffelzystenematoden weltweit verbreitet. Der Weiße Kartoffelzystenematode (*Globodera pallida*, STONE, 1973; BEHRENS, 1975) ist bisher in Mecklenburg-Vorpommern (MV), trotz umfangreicher Untersuchungen, noch nicht nachgewiesen worden. Vorhandene Unterlagen über die Verbreitung von *G. rostochiensis* wurden vom ersten Nachweis bis zum gegenwärtigen Kenntnisstand ausgewertet. Neben der Dokumentation der im Land MV ermittelten Fundorte werden auch die eingeleiteten Bekämpfungsmaßnahmen dargestellt sowie die erreichten Ergebnisse erläutert. (DPG AK Nematologie)

## 11) Regulierung von *Meloidogyne* spp. mit Dampf

Reinhard EDER, Irma ROTH, Sebastian KIEWNICK

Forschungsanstalt Agroscope Changins-Wädenswil ACW, Forschungsbereich Pflanzenschutz und Extension Obst und Gemüse, Schloss 1, 8820 Wädenswil, Schweiz  
E-Mail: reinhard.eder@acw.admin.ch

In der Schweiz und besonders im geschützten Anbau verursachen Wurzelgallennematoden (*Meloidogyne* spp.) Schäden und Ertragsverluste. Eine gängige Methode zur Bekämpfung von *Meloidogyne* spp. ist die Bodenbehandlung mit Dazomet. Als Alternative wird vor allem für den biologischen Anbau die Bodendämpfung angewendet. Zur Bekämpfung von bodenbürtigen Krankheiten und Schädlingen, inklusive pflanzenparasitären Nematoden, ist eine Bodentemperatur von 70°C für mindestens eine halbe Stunde notwendig. Bei den auf Praxisbetrieben durchgeführten Gewächshausversuchen wurde der Temperaturverlauf während der Dämpfung mit Dataloggern in verschiedenen Tiefen aufgezeichnet. Die anschließende Auswertung zeigte, dass die Vorgaben bis zu einer Tiefe von maximal 35 cm erreicht werden konnten. Die Dämpfzeit bis zum Erreichen der Vorgaben variierte je nach Dämpfvorgang (Gewächshausabschnitt, -abteil, Bodenfeuchte etc.) und Messtiefe von 3,5 bis 8,5 Stunden. Nach der Dämpfung konnten in allen Versuchen keine lebenden *Meloidogyne* spp. Larven bis zu einer Tiefe von 30 cm nachgewiesen werden. Die jeweilige nachfolgende Hauptkultur zeigte keine Ertragsausfälle. Um die Wirkdauer der Temperaturbehandlung zu bestimmen, wurden 12 Monate nach der Dämpfung erneut Bodenproben in den Gewächshäusern entnommen. Es zeigte sich, dass die Anzahl der *Meloidogyne*-Larven wieder das Niveau der Populationsdichten vor der Behandlung erreicht hatten. Es konnte somit demonstriert werden, dass die Wirkdauer einer thermischen Bodenbehandlung der einer chemischen Entseuchung entspricht und Schutz vor Schäden durch Wurzelgallennematoden für eine Hauptkultur bietet. (DPG AK Nematologie)

## 12) Risiko der Vermehrung von *Heterodera schachtii* an ausgewählten Unkräutern unter Feldbedingungen

Annabell MEINECKE<sup>1</sup>, Klaus BÜRCKY<sup>2</sup>, Klaus ZIEGLER<sup>3</sup>, Andreas WESTPHAL<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Julius Kühn-Institut (JKI), Institut für Pflanzenschutz in Ackerbau und Grünland, Messeweg 11/12, 38104 Braunschweig

<sup>2</sup> Südzucker AG, Marktbreiter Straße 74, 97199 Ochsenfurt

<sup>3</sup> Arbeitsgemeinschaft für das Versuchswesen im Zuckerrübenanbau Franken, Würzburger Str. 44, 97246 Eibelstadt  
E-Mail: andreas.westphal@jki.bund.de

Der Rübenzystennematode, *Heterodera schachtii*, ist in vielen Zuckerrübenanbauregionen der wirtschaftlich bedeutendste Schädling. Integrierte Pflanzenschutzmaßnahmen wie der Anbau resistenter Kreuziferen als Zwischenfrüchte ermöglichen ein Nematodenmanagement, aber es bleibt ein nicht unerhebliches Risiko der Schädigung auch zu Zeiten von resistenten und toleranten Zuckerrübensorten. Diese Letztgenannten können bei hohem bis sehr hohem Nematodenbefall ebenso geschädigt werden. Daher ist eine Feldhygiene zwingend notwendig, um Populationsdichten gering zu halten. Besonders in Gebieten, wo kein Zwischenfruchtanbau im Jahr vor dem Rübenanbau praktiziert wird, könnte sich eine Unkrautflora auf den Feldern entwickeln, die Rübenzystennematoden fördert. Im vorliegenden Projekt wurden 42 Unkrautarten, die entweder häufig auf Stoppelfeldern gefunden werden oder die als gute Nematodenwirte bekannt sind, getestet. In zweijährigen Gewächshausversuchen zeigten die meisten der häufig in Zuckerrübenanbaugebieten vorkommenden Arten geringes Nematodenvermehrungspotential. Nur Acker-Hellerkraut (*Thlapsi arvense*)

und Kressearten (*Lepidium* spp.) sorgten für eine starke Vermehrung. Geringere Reproduktion zeigten Acker-Schöterich (*Erysium cheiranthoides*), Acker-Senf (*Sinapis arvensis*) und Vogel-Sternmiere (*Stellaria media*). In einem Kleinparzellenversuch im Freiland wurden ausgewählte Unkrautarten mit zwei Populationsdichten in der Sommerbrachezeit ausgesät. Im einjährigen Versuch wurden die Gewächshausdaten im Wesentlichen bestätigt. Die Anfälligkeit der Unkrautarten gegenüber *H. schachtii* im Vergleich zur anfälligen Zuckerrübe schien etwas höher als im Gewächshaus zu sein. Ackerhellerkraut zeigte ein besonderes Vermehrungspotential, und gerade bei hohen Pflanzendichten (> 180 Pflanzen/m<sup>2</sup>) wurde eine Nematodenvermehrung ähnlich zu anfälliger Zuckerrübe gemessen. Die übrigen getesteten Unkrautarten hatten auch bei hohen Dichten nur geringen Einfluss auf die Nematodenpopulationsdichten. Eine zusätzliche Validierung dieser Ergebnisse wird die Grundlage für ein standortbezogenes Unkrautmanagement schaffen.

(DPG AK Nematologie)



## Report on the 41<sup>st</sup> meeting of the DPG-Working Group “Nematology”

The annual meeting was held on March 12 and 13 at Syngenta breeding station in Bad Salzuflen. Like in previous years about 70 participants from Germany, Switzerland, Netherlands and Sweden with scientific background, related to industry and extension joined the meeting. The main topic of the meeting was related to plant parasitic nematodes exclusively, due to the fact that the joint meetings together with the working group “free living nematodes” will be held every second year since 2012. This was decided aiming to meet deviating interests of participants. A broad variety of themes was discussed throughout four sessions covering the topics: Breeding and use of tolerant cultivars, estimation of field populations and control, interactions between micro-organisms and nematodes and finally new topics on diagnostics and epidemiology of quarantine nematodes. Prior to the meeting participants could take opportunity to visit the breeding station. Excess to all abstracts is provided at the DPG homepage ([www.phytomedizin.org](http://www.phytomedizin.org)). Abstracts of authorized contributions are given below.

The working group acknowledges the broad endorsement and the excellent organization of the meeting with special thanks to Dr. Enno Blumenberg, Mrs. Prüssner and the many helpers around. The next meeting together with the working group “free living nematodes” will take place at the Senckenberg Museum in Görlitz.

Matthias Daub & Ulrike Hakl, DPG Working Group  
“Nematology”

### Nematicidal potential of plant extracts against the root-knot nematodes, *Meloidogyne hapla* and *M. incognita*

Beira Hailu Meressa<sup>1</sup>, Heinz-Wilhelm Dehne<sup>2</sup> & Johannes Hallmann<sup>1</sup>

- <sup>1</sup> Julius Kühn-Institut, Institut for Epidemiology and Pathogen Diagnostics, Toppheideweg 88, 48161 Münster
- <sup>2</sup> Institute for Crop Science and Resource Conservation (INRES), Department of Phytomedicine, University of Bonn, Nußallee 9, 53115 Bonn, Germany  
e-mail: [beira-hailu.meressa@jki.bund.de](mailto:beira-hailu.meressa@jki.bund.de)

Environmental concerns and high costs of synthetic nematicides have increased interest in searching for alternative control measures such as plant products. Within this respect, the nematicidal potential of both aqueous and ethanol extracts from corm of *Rumex abyssinicus* Jacq, roots of *Plumbago dawei* Rolfe and inflorescence of *Maesa lanceolata* Forssk was evaluated. Each extract was tested at five concentrations and seven exposure periods for inhibition of *Meloidogyne hapla* and *M. incognita*. In addition, ethanol

extracts of each plant species were tested in the greenhouse at three different concentrations on tomato (*Solanum lycopersicum* cv. Moneymaker) inoculated with 100 juveniles of *M. incognita* and *M. hapla* per 100 ml soil, respectively. Results of the *in vitro* test revealed that extracts of all three plant species significantly inhibited *M. hapla* and *M. incognita* compared with the control. At the highest concentrations and longest exposure periods, ethanol extracts of all three plant species achieved 100% mortality of both nematode species. The LC50 of *M. lanceolata* varied significantly with time of exposure and extraction procedure ( $p < 0.001$ ). In general, the LC50 was lower for the ethanol extract than the aqueous extracts. For *P. dawei* the LC50 of the ethanol extract was significantly lower ( $p < 0.05$ ) than that of the aqueous extract within the first one hour of exposure; for *R. abyssinicus* this was the case for the first 30 min of exposure time. In the greenhouse experiment root and shoot fresh weight of tomatoes treated with the highest extract concentration of *P. dawei* and *M. lanceolata* were significantly higher when compared with the untreated plants ( $p < 0.001$ ). In contrast, shoot and root fresh weight of tomatoes treated with *R. abyssinicus* did not differ from the untreated control plants, most likely because of phytotoxic effects observed immediately after application. Moreover, nematode densities were significantly reduced following application of the highest concentration of all three plant extracts ( $p < 0.001$ ). The application of these plant species as botanical nematicides against *Meloidogyne* is highly promising as these plants are abundantly available in the reach of every grower in Ethiopia.

### Distribution of Pine Wood Nematodes, *Bursaphelenchus xylophilus*, in a batch of wood packaging material

Anne Sophie van Bruggen, AM de Heij, C Cornelisse & Loes JMF den Nijs

NVWA, department NRC, Geertjesweg 15,  
6706 EA Wageningen, The Netherlands  
e-mail: [l.j.m.f.den.nijs@minlnv.nl](mailto:l.j.m.f.den.nijs@minlnv.nl)

Wood packaging material (pallets, crates, dunnages etc) should be treated according to ISPM 15 to prevent the international transport and spread of diseases, nematodes and insects. International Standards for Phytosanitary Measures No. 15 (ISPM 15) is an International phytosanitary measure developed by the International Plant Protection Convention (IPPC). ISPM 15 describes that the wood should be heated (56°C for 30 min, HT) or methylobromide should be used (MB). After proper treatment the nematodes, *Bursaphelenchus xylophilus* (PWN), should be killed. To check whether the treatments are performed properly the NPPO of the



Netherlands takes samples of wood packaging material. In a sample from a pallet from Portugal carrying natural stone *B. xylophilus* was detected. All the pallets of the batch were traced and transferred to the NPPO. The batch consisted of 29 pallets. Samples were taken and analyzed for the presence of nematodes. In 10 pallets *B. xylophilus* was found, 9 of these pallets were marked (HT), the other showed no mark of treatment. In 2 of the contaminated pallets *B. xylophilus* was found together with *B. fungivorus*. One pallet was analyzed further, to find out where *B. xylophilus* was located in the pallet, in the planks or in the blocks that separate the planks. From each item (block or plank) a sample was taken for further analysis. Preliminary results show that the nematodes were only found in the planks. Additional research will be carried out to include more pallets and to study the distribution of *B. xylophilus* within the plank.

#### Development and validation of a real-time PCR assay for the detection and identification of the root-knot nematode *Meloidogyne enterolobii*, a new EPPO A2 list quarantine organism

Sebastian Kiewnick, Andrea Braun-Kiewnick & Jürg E Frey

Agroscope, Schloss 1, 8820 Wädenswil, CH  
e-mail: sebastian.kiewnick@acw.admin.ch

Root-knot nematodes (*Meloidogyne* spp.) pose a significant risk to agricultural production systems all over Europe. *Meloidogyne enterolobii* is a polyphagous species and has been found on many host plants including ornamentals and important agricultural crops. *Meloidogyne enterolobii* is considered to be a very pathogenic species, and shows a high reproduction potential on root-knot nematode-resistant plants which makes it extremely difficult to manage. Interceptions of ornamental plants infested with *M. enterolobii* by European NPPOs, lead to the addition of this species to the EPPO (European Plant Protection Organization) A2 list in 2010. The presence of *M. enterolobii* in greenhouses in Switzerland and France clearly demonstrated that pathways for introduction do exist. To identify these pathways and to ensure that appropriate phytosanitary measures and management strategies are available to protect European agriculture against quarantine nematodes, reliable detection and identification tools are needed. Real-time PCR assays demonstrated their usefulness for detection and identification of quarantine nematodes in the past. Therefore, Lock Nucleic Acid Probe based assays (LNA) were designed on the basis of the second intergenic spacer (IGS2) region of the ribosomal DNA cistron and the cytochrome oxidase c subunit I (COI) and tested using different platforms and chemistry. Specificity of assays was confirmed with 14 *M. enterolobii*, 17 other *Meloidogyne* populations (8 species)

and three other species. Testing the assays on 2 platforms with different chemistry revealed a sensitivity of one juvenile in a background of 1000 nematodes or one juvenile per 100 ml soil. Currently, a test performance study under the EUPHRESO framework is underway to validate the performance of the COI based assay with 7 partners all over Europe.

#### Population density suppression of *Globodera pallida* in a multi-year microplot trial with potato monoculture

Caroline Eberlein<sup>1</sup>, Stefan Vidal<sup>2</sup>, J Ole Becker<sup>3</sup> & Andreas Westphal<sup>1</sup>

- 1 Julius Kühn-Institut, Institute for Plant Protection in field crops and grassland, Messeweg 11/12, 38104 Braunschweig
- 2 Georg-August-University, Department of Crop Sciences/ Agricultural Entomology, Grisebachstrasse 6, Göttingen, Germany
- 3 Department of Nematology, University of California, 3401 Watkins Drive, Riverside, CA 92521, U.S.A  
e-mail: andreas.westphal@jki.bund.de

Potato cyst nematodes have quarantine status in Europe to contain these important pests. The decline of population densities of plant-parasitic nematodes in monocultures of susceptible hosts and otherwise disease-conducive conditions is an example of soil suppressiveness. The presence of a plant-parasitic nematode can lead to an increase of nematode antagonists, e. g. fungi, that parasitize females, and eggs of endoparasitic nematodes have been implicated in such suppressiveness. The objectives of this study were to determine a) if soil under a potato monoculture becomes suppressive to *Globodera pallida* Pa3, and b) if *Dactylella oviparasitica*, a known fungal parasite of cyst and root-knot nematodes, can suppress population densities of *G. pallida*. From 2009 to 2012, *G. pallida*-infested microplots were cropped with susceptible potatoes. At each planting and harvest, cysts were extracted, the eggs counted and categorized into healthy and diseased. In the first season, the number of healthy eggs of *G. pallida* increased. In 2010, the plots were divided into two groups with either non-treated or receiving *D. oviparasitica*-amendment treatments. Based on the total number of extracted eggs, the percentage of diseased eggs increased from about 2% in 2009 to almost 70% in 2012. Although *D. oviparasitica* parasitized eggs of *G. pallida* *in vitro*, its efficacy *in vivo* remains unknown. The fungus did not additionally increase the number of diseased nematode eggs in the amended microplots. Apparently, the potato cyst nematode population was compromised under the potato monoculture. Further studies will focus on causes leading to such high proportions of diseased eggs.

## 2013 Report on the Annual Meeting of the Working Groups 'Host-Parasite Interactions' and 'Mycology'

The 2013 Annual Meeting of the Study Groups 'Host-Parasite Interactions' and 'Mycology' of the German Society of Plant Protection and Plant Health (Deutsche Phytomedizinische Gesellschaft e.V.) was held on March 21–22, 2013 at Göttingen University. The meeting was hosted, and perfectly organized, by Prof. Dr. Andreas von Tiedemann and his group. As for many years, the meeting was set up as a joint workshop with one combined and two separate sessions. In total, ~130 senior and junior scientists attended the joint meeting presenting 42 talks and 16 posters. Talks and posters covered diverse topics, such as gene expression in pathogens and attacked plants, fungal effector molecules, proteome and secretome analyses, host and non-host disease resistance, induced resistance, fungicide sensitivity, post-harvest diseases, to name but a few.

The next joint meeting of the Working Groups 'Host-Parasite Interactions' and 'Mycology' will be held on March 20–21, 2014 at RWTH Aachen University. It will be hosted by Professor Dr. Uwe Conrath and colleagues.

Prof. Dr. Uwe Conrath, Dr. Ulrike Steiner

### 2013 Report on the Annual Meeting of the Working Group 'Host-Parasite Interactions'

#### Tandem MOAC identifies novel phosphoproteins involved in the primed defence response of *Arabidopsis*

Gerold JM Beckers<sup>1</sup>, Wolfgang Hoehenwarter<sup>2</sup>, Dennis Hopkins<sup>1</sup>, Michal Jaskiewicz<sup>1</sup>, Matthias Nagler<sup>2</sup>, Bastiaan Minkenberg<sup>1</sup>, Ella Nukarinen<sup>2</sup>, Martin Thomas<sup>1</sup>, Wolfram Weckwerth<sup>2</sup> & Uwe Conrath<sup>1</sup>

<sup>1</sup> RWTH Aachen University, Plant Biochemistry and Molecular Biology Group, Department of Plant Physiology, 52056 Aachen, Germany

<sup>2</sup> University of Vienna, Department Molecular Systems Biology, Althanstrasse 14, A-1090 Vienna, Austria  
Contact: beckers@bio3.rwth-aachen.de

Plants can be primed for more rapid and robust activation of defence which often comes with induced immunity. In *Arabidopsis thaliana* defence priming requires heat shock transcription coactivator HsfB1, histone modifications on defence gene promoters, and accumulation of mitogen-activated protein kinases MPK3 and MPK6. However, MPK3/6

are maintained in an inactive state in primed cells and require pathogen challenge for activation. Upon pathogen challenge more MPK3/6 enzymes are activated in primed than in non-primed cells. The activation of more MPKs in primed plants correlates with enhanced defence gene expression and induction of immunity. Thus, MPK3/6 are important regulators of priming in *Arabidopsis*. However, other phosphoproteins important for priming remained elusive. We developed a powerful, tandem metal oxide affinity chromatography approach for the extraction, identification, and quantification by LC/MS of low abundant, transiently phosphorylated proteins. The tandem-MOAC approach enabled direct measurement and quantification *ex vivo* of site-specific phosphorylation of novel phosphoprotein candidates that are important for defence priming in *Arabidopsis*.

#### Screening for PEN3 interaction partners by protein microarrays

Ruth Campe<sup>1</sup>, Gerold Beckers<sup>1</sup>, Caspar Langenbach<sup>1</sup>, Sorina Popescu<sup>2</sup>, Uwe Conrath<sup>1</sup> & Katharina Göllner<sup>1</sup>

<sup>1</sup> RWTH Aachen University, Plant Physiology Department, 52074 Aachen, Germany

<sup>2</sup> Boyce Thompson Institute for Plant Research, 533 Tower Road, 14853 Ithaca, USA  
Contact: campe@bio3.rwth-aachen.de

The ABC-transporter PENETRATION3 (PEN3) is important for non-host resistance of *Arabidopsis* to various fungal pathogens which include *Phakopsora pachyrhizi* and *Blumeria graminis* f.sp. *hordei*. However, little is known about PEN3's function and interaction network. We aim at elucidating the mode of PEN3 action by searching for PEN3-binding proteins. Half of the *Arabidopsis* proteome was screened for interaction partners of the N-terminal soluble domain of PEN3 using protein microarrays. These revealed calmodulin and two additional EF-hand calcium-binding proteins as putative PEN3 network components. The *Arabidopsis* calmodulin mutant *cam7* is compromised in non-host resistance to *P. pachyrhizi*. This is evident by further proliferation of the fungus in the *cam7* mesophyll tissue when compared to wild-type plants. These findings point to a contribution of early calcium signaling to PEN3-mediated pre-invasion resistance.

## Enhanced plant immunity conferred by non-host resistance genes

Caspar Langenbach<sup>1</sup>, Ruth Campe<sup>1</sup>, Nadine Tresch<sup>2</sup>,  
Holger Schultheiss<sup>2</sup>, Uwe Conrath<sup>1</sup>, Katharina Göllner<sup>1</sup>

<sup>1</sup> RWTH Aachen University, Plant Physiology Department,  
52056 Aachen, Germany

<sup>2</sup> BASF Plant Science Company GmbH,  
67117 Limburgerhof, Germany

Contact: [langenbach@bio3.rwth-aachen.de](mailto:langenbach@bio3.rwth-aachen.de)

Worldwide soybean production is threatened by various diseases which include Asian soybean rust (ASR). This disease is caused by the basidiomycete fungus *Phakopsora pachyrhizi*. The aggressive biotrophic pathogen defoliates susceptible soybean plants rapidly and frequently causes severe yield losses. Until now, commercial soybean varieties with durable resistance to *P. pachyrhizi* isolates are not available. Thus, identification of novel resistance traits for engineering soybean varieties with durable immunity to ASR is urgently needed. By global transcriptome analysis of different Arabidopsis genotypes, we identified several Arabidopsis nonhost resistance (NHR) genes to ASR. Transcription of these genes correlated with post-invasion resistance in the mesophyll of the *P. pachyrhizi*-infected Arabidopsis *pen2* mutant. Though full compatibility was not achieved, knockdown or mutation of single candidate NHR genes, e.g. *BRT1* (bright trichomes; UGT84A2) in the *pen2* genetic background significantly attenuated *pen2*'s post-invasion NHR to ASR. Most notably, stable overexpression of single identified Arabidopsis NHR genes in the susceptible soybean cultivar Williams 82 conferred enhanced ASR resistance. We provide first evidence for interspecies transfer of Arabidopsis NHR genes as a promising strategy for achieving soybean resistance to *P. pachyrhizi*.

## Functional analysis of root-knot nematode genes during Arabidopsis infection

Frederik Polzin, Jan Utermark, Ruslan Yatusovich &  
Cynthia Gleason

Georg-August-Universität Göttingen, Schwann-Schleiden-  
Forschungszentrum, Julia-Lermontowa-Weg 3,  
D-37077 Göttingen, Germany.

Contact: [cynthia.gleason@biologie.uni-goettingen.de](mailto:cynthia.gleason@biologie.uni-goettingen.de)

Plant-parasitic nematodes are a huge agricultural problem on many of the world's main food crops, and one of the most damaging of the plant-parasitic nematodes is the root-knot nematode (*Meloidogyne* spp). These nematodes pose a serious agricultural threat due to their large host range and because many crop plants lack natural nematode resistance. During the susceptible interaction, root-knot nematodes invade host roots where they choose plant cells to convert into metabolically-active feeding sites. The root-knot nema-

tode's manipulation of the plant cell, and in particular how the nematode is able to regulate host plant pathways, is not well-understood. Here we report on the initial findings from a novel effector screen using a heterologous bacterial expression system to functionally analyze the roles of putative root-knot nematode effectors. We describe our early steps in characterizing a repertoire of secreted root-knot nematode proteins and their possible roles in the compatible interaction with *Arabidopsis thaliana*. By using the genetic and genomic resources available for Arabidopsis, we hope to further our understanding of the nematode's relationship with the plant.

## Phenotypic diversity of *Plasmopara viticola* on *Vitis* genotypes: a leaf bioassay approach

Javier Gómez-Zeledón, Reinhard Zipper & Otmar Spring

University of Hohenheim, Institute of Botany, Garbenstr. 30,  
70593 Stuttgart, Germany

Contact: [JavierGZ64@gmail.com](mailto:JavierGZ64@gmail.com)

One of the major limiting issues in the management of downy mildew of grapevine is the lack of information on the pathogenic diversity of *Plasmopara viticola*. Molecular studies have previously confirmed a high genetic diversity of this pathogen, but no pathotypes or races have yet been characterized. Besides, no commercial cultivar bears complete resistance against downy mildew, making it a challenge to select host differentials for pathotype characterization. A leaf disk inoculation technique was used to assess the variability of reactions of six different *Vitis* genotypes infected with single sporangial clones of five field isolates of *P. viticola* from different geographical origins. The virulence of thirty *P. viticola* clones was characterized on grapevine cultivars (Müller-Thurgau, Regent and Cabernet Cortis) and wild species (*V. vinifera* ssp. *sylvestris*, *V. rupestris* and *V. riparia*) with different susceptibility for downy mildew. Five categories ranging from full susceptibility with profuse sporulation (type A) to complete resistance with no sporulation or necrotic reaction (type E) were defined to evaluate the pathogen phenotype. A high variation of pathotypes was found amongst the samples from different field accessions, but even more unexpected was the variability between the cloned strains of each field. This includes the different reaction of the strains observed in leaf disk inoculations with the two most common fungicides: metalaxyl-M (phenyl amide group) and dimethomorph (cinnamic acid amide group). Within the same field, clones showing high sensitivity and high tolerance to metalaxyl-M, dimethomorph or both were found. The differences in virulence patterns found within clones of single field isolates supports previous reports that numerous genotypes may be involved in the infection of a single plant or even a single leaf. Moreover, our study provides a methodology to select specific host-pathogen combination for future studies to unravel infection and resistance mechanisms in grapevine downy mildew interaction.

## Role of a partial gene duplicate of a U-box/ARM-repeat protein in barley powdery mildew interactions

Jeyaraman Rajaraman<sup>1</sup>, Dimitar Douchkov<sup>1</sup>, Goetz Hensel<sup>1</sup>, Twan Rutten<sup>1</sup>, Ralph Hückelhoven<sup>2</sup>, Jochen Kumlehn<sup>1</sup>, Patrick Schweizer<sup>1</sup>

- <sup>1</sup> Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), D-06466 Gatersleben, Germany  
<sup>2</sup> Technische Universität München (TUM), Lehrstuhl für Phytopathologie, D-85350 Freising, Germany  
 Contact: schweiz@ipk-gatersleben.de

Powdery mildew disease in barley is caused by the obligate biotrophic fungal pathogen, *Blumeria graminis* f.sp. *hordei* (Bgh). The immune responses of plants to any fungal or other pathogens are broadly categorized into two distinct types involving race non-specific basal resistance (PAMP-triggered immunity or PTI) and R gene-mediated effector triggered immunity (ETI). Basal resistance is important because it appears to be more durable and involves cascade of signaling events involving several cellular processes usually leading to quantitative resistance. In those signaling events, protein-protein interactions play an important role in activation and relay of perceived cellular events. Armadillo (ARM)-repeat proteins are characterized by tandem repeats of ~42 amino acids known to be involved in protein-protein interaction. With this background, the main objective of this study is to functionally characterize and understand the mode of action of an ARM-repeat containing gene that was previously found to affect barley-powdery mildew interactions upon silencing.

The barley ARM-repeat gene chosen in this study is a partial duplicate of a U-box/ARM-repeat E3-ligase which in turn is a homolog of rice plant U-box protein-15 (OsPUP15). The sequence homology of these two proteins is very high in the ARM-repeat region but not in the U-box domain. Gene duplication is known to play a prominent role in adaptive phenotypic evolution of plants. To further characterize the role of this protein in powdery mildew interaction, several approaches like Yeast 2 hybrid (Y2H) interaction studies, stable transgenic plants, transient silencing (TIGS) and overexpression were carried out.

Our results indicate that an incomplete gene duplication event in the barley genome might probably have resulted in neo-functionalization of a U-box/ARM-repeat protein with relevance to basal resistance barley against powdery mildew attack. Since E3-ligases are one of the preferred targets for effectors, it is possible that the partial gene duplicate acts as a structural “decoy” for the possibly effector-targeted, OsPUB15-like E3-ligase of barley.

### ROPIP1 – A Bgh-derived peptide with the potential of targeting HvRACB

Mathias Nottensteiner, Jutta Preuss & Ralph Hückelhoven

TU München, Chair of Phytopathology, Emil-Ramann-Straße 2, 85350 Freising, Germany

Powdery mildew fungi are thought to be responsible for substantial yield losses in nearly every important crop plant. The true ascomycete fungi of the *Erysiphales* order establish a biotrophic interaction which is highly specialized to their respective hosts. Understanding the underlying mechanism leading to fungal success is crucial to counteract this disease. Barley (*Hordeum vulgare*) HvRACB protein is key to the success of *Blumeria graminis* f.sp. *hordei* (Bgh). This small monomeric G-protein of the plant-specific ROP (Rho of plants) subfamily of Rho signaling G-proteins has been shown to be one major susceptibility factor in the interaction of Bgh with barley epidermal cells. Being the bait in a yeast two-hybrid (Y2H) screen against a cDNA library of Bgh-infected barley leaves HvRACB was found to interact inter alia with the product of a short fungal cDNA sequence. The existence of this sequence on RNA level, named ROP-interacting-peptide1 (ROPIP1), was proven by reverse-transcription-PCR (RT-PCR). 35S-driven transient over-expression of ROPIP1 in barley epidermal cells increased the haustorial index significantly. Vice versa transient induced gene silencing (TIGS) of ROPIP1 decreased the number of established haustoria. A GFP-ROPIP1 fusion protein co-localized with mCherry-tagged HvRACB in planta. Furthermore, a bimolecular fluorescence complementation (BiFC) signal was obtained in the combination of ROPIP1 and HvRACB in a split YFP BiFC assay. Interestingly, YFP complementation was seen when ROPIP1 was combined with a constitutive-active (CA) mutant of HvRACB but not when a dominant-negative (DN) HvRACKB mutant was used. A targeted Y2H combining ROPIP1 and HvRACB, CA HvRACB and DN HvRACB as putative protein interaction partners lead to the observation of the same pattern. This preference of ROPIP1 may imply a possible interference in HvRACB downstream signaling. Unexpectedly, GFP-ROPIP1 got recruited to microtubules when transiently co-expressed with RFP-tagged MICROTUBULE-ASSOCIATED ROP-GTPASE ACTIVATING PROTEIN (MAGAP1), a prominent protein-interaction partner of HvRACB. Here, we report on the discovery of a Bgh-derived peptide that shows the potential to interact with HvRACB in planta and in yeast.

### Defence related biochemical changes in rice leaves exposed to high temperature and *Magnaporthe oryzae* infection

Geoffrey Onaga<sup>1</sup>, Kerstin Wydra<sup>2</sup>, Birger Koopmann<sup>1</sup>, Yakoub Sere<sup>3</sup> & Andreas v.Tiedemann<sup>1</sup>

- <sup>1</sup> Georg-August-Universität Göttingen, Dept. of Crop Sciences, Germany  
<sup>2</sup> Georg-August-Universität Göttingen, CBL – Tropical and Subtropical Agriculture and Forestry, Germany  
<sup>3</sup> Africa Rice Center, Benin  
 Contact: gonaga@gwdg.de



Temperature is one of the most important abiotic factors affecting plant pathogen interaction. Knowledge about the biochemical and genetic components involved in R-mediated resistance at high temperature in rice-*Magnaporthe oryzae* interaction is limited. The aim of our study was to examine the effects of temperature on disease severity and defence related biochemical changes in rice leaves in response to *Magnaporthe oryzae*. Two rice monogenic lines carrying the same R gene (*Pik-h*) were used in this study. Delay in disease progression was observed in both genetic backgrounds at 35°C than at 28°C. Monogenic lines with Co39 background showed susceptibility at 28°C than lines with LTH background. These results demonstrate that high temperature enhances resistance. This effect appears to be due to the fact that high temperatures alter rice defence response against *M. oryzae*, and could be enhanced by the genetic background in which the R gene is introgressed. It remains to be determined whether these temperature and background dependent plant responses is reflected in biochemical and genetic responses involved in the plant defence.

#### Differential plant defence responses in sorghum and maize during pathogenesis of two *Sporisorium reilianum* varieties

Alana Poloni & Jan Schirawski

RWTH Aachen University, Institut of Applied Microbiology,  
52074 Aachen, Germany  
Contact: alana.poloni@rwth-aachen.de

Smut fungi are biotrophic plant pathogens that have a very narrow host range. The smut fungus *Sporisorium reilianum* exists in two host-adapted varieties that cause head smut on sorghum (SRS) or on maize (SRZ). To better understand the host specificity in *S. reilianum*, we microscopically followed SRS and SRZ during colonization of sorghum and maize. Both varieties were able to penetrate and proliferate in leaves of both hosts. In sorghum, hyphae of SRS preferentially colonized bundle sheath cells, entered the vascular bundles and reached the apical meristem. In contrast, hyphae of SRZ did not show a preference for particular plant tissues and were never found in apical meristems. A quantification of fungal DNA showed that SRS was prominent in inoculated leaves, nodes and apical inflorescences, while the quantity of SRZ was already lower in the inoculated leaves and decreased with increased distance to the inoculation site. SRZ induced a succession of defence responses in sorghum, which were observed by microscopy of stained samples and quantitative real time PCR of marker genes. Hyphae of SRZ induced a local H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> response at 1 day after inoculation (dai) on sorghum, callose deposition in plant cell walls at 2 dai, and phytoalexin accumulation at 3 dai. On the other hand, none of these defence responses were observed in maize. These results suggest that host specificity of *S. reilianum* is determined differently in distinct hosts.

#### Obligate biotrophy influences biodiversity

Jonas Ruhe, Matthew Agler & Eric Kemen

Max-Planck-Institut für Pflanzenzüchtungsforschung,  
Abteilung Pflanze-Mikroben Interaktion/AG Kemen,  
Carl-von-Linné Weg 10, 50829 Köln, Germany  
Contact: ruhe@mpipz.mpg.de

Obligate biotroph oomycetes like *Albugo* sp. are effective pathogens with broad-host range infecting *Arabidopsis thaliana* and other Brassicaceae. As part of their life style they suppress host innate immune responses to enable nutrient acquisition exploiting living plant cells. Due to this suppression the host becomes susceptible to prokaryotic and eukaryotic secondary parasites. This poses the question: Why do *Albugo* sp. enable growth of microbes acting as potential competitors or even destroyers of their ecological niche?

To unravel mechanisms of interaction between leaf bacteria and pathogens is the first goal of our project. Therefore we quantitatively and qualitatively dissect bacterial diversity during *Albugo* infection by using high throughput sequencing in conjunction with classical cell counts and microscopy. By comparing lab- versus natural-infections we are narrowing down the core microbiome. For studying the crosstalk between the host and colonists we perform proteomic analyses on apoplastic fluid of *Albugo* infected plants. Using these strategies we hope to unravel the impact of an increased biodiversity on costs and benefits for each organism.

First results show that the microbial diversity on leaves varies strongly, when comparing infections of two different *Albugo* species. We hypothesize that the biotrophic life style of *Albugo* sp. increases microbial biodiversity to help provision of important compounds for the oomycete infection cycle. If bacteria only profit from pathogen growth or if bacteria promote the growth of *Albugo* is one of the future goals we will address.

#### Mycoviruses in rust fungi

Janina Seitz, Nina Vitello & Tobias Link

Universität Hohenheim, Institut für Phytomedizin, FG Phytopathologie, Otto-Sander-Str. 5 70599 Stuttgart, Germany  
Contact: janina.seitz@gmx.net

Rust fungi, for instance *Uromyces appendiculatus* the causal agent of bean rust and *Phakopsora pachyrhizi*, which causes rust disease on soybean plants, can infect many important crops. These fungi are economically important since they can cause yield losses of up to 50 percent. Because they are obligate biotrophic parasites which means they cannot be cultured it is difficult to work with rust fungi on a molecular level. Until now only few obligate biotrophic organisms have been genetically transformed.

Mycoviruses, or fungal viruses, are common in all major fungal groups. During 454-pyrosequencing of the haus-

torial transcriptomes of the rust fungi *U. appendiculatus* and *P. pachyrhizi* we found 14 putative virus sequences. First experiments indicate that the viruses have double-stranded RNA genomes. Viruses and also mycoviruses can be used as tools in molecular biology for both silencing and overexpressing genes in their hosts. Since such tools so far are scarce for rust fungi our goal is to develop one each of the mycoviruses in *U. appendiculatus* and *P. pachyrhizi* into a tool for routine transient transformation. Therefore we aim for the construction of infectious clones. We then want to use these for silencing or overexpressing effectors or candidate effectors or putative pathogenesis proteins. We would also like to couple candidate effectors to fluorescent proteins for subcellular localization experiments.

We also want to analyze the fungal-virus interactions and see if we can manipulate this relationship. Possibly we might even be able to develop one of the viruses into a biocontrol agent. This has been successfully accomplished for *Cryphonectria hypovirus 1 (CHV1)* that is being used for the control of the chestnut blight pathogen *Cryphonectria parasitica*.

In our work schedule first we want to verify the virus sequences using standard PCR and the genome ends using RLM-RACE-PCR. Both PCR methods will be performed using both total RNA and dsRNA prepared using a protocol involving the binding of dsRNA to cellulose in the presence of 16% ethanol.

In addition we plan the screening of different strains for presence of the viruses. On the one hand we want to find virus-free isolates that should work better in infection experiments and for physiological comparing of infected and non-infected strains. On the other hand we may be able to draw epidemiological conclusions from the distribution of the viruses.

### Discovering host specificity candidate genes of *Sporisorium reilianum* by genotyping mixed-variety offspring

Theresa Wollenberg<sup>1</sup>, Jannik Donner<sup>2</sup>, Katja Zuther<sup>2</sup>, Lorena Stannek<sup>2</sup> & Jan Schirawski<sup>1</sup>

<sup>1</sup> RWTH Aachen University, iAMB – Microbial Genetics, 52074 Aachen, Germany

<sup>2</sup> Georg-August-Universität Göttingen, Albrecht-von-Haller Institute for Plant Sciences, 37073 Göttingen, Germany

Contact: [theresa.wollenberg@rwth-aachen.de](mailto:theresa.wollenberg@rwth-aachen.de)

*Sporisorium reilianum* is a biotrophic plant pathogenic basidiomycete that causes head smut of maize and sorghum. The fungus exists in two varieties with different host specificity. The sorghum variety (*SRS*) is fully virulent on sorghum. *SRS* infection of maize leads to weak symptoms, such as phyllody of the floral parts. The maize variety (*SRZ*) is fully virulent on maize, but does not show symptoms on sorghum inflorescences. Instead, *SRZ* infection of sorghum leads to the formation of red phytoalexin-containing spots on inoculated leaves.

To identify factors responsible for host specificity, we analyzed segregants of a mixed-variety infection both phenotypically and genotypically. Approximately 100 offspring of a cross of *SRZ* × *SRS* were tested for virulence on sorghum. Strains that did not lead to disease symptoms and those showing full virulence on sorghum were subjected to genotypic analysis using species-specific PCR. Genomic regions originating from the *SRZ* parent in non-virulent offspring and from the *SRS* parent in virulent offspring (or vice versa) are expected to contain candidate genes for host specificity. To obtain a linkage map covering the complete genome, we currently analyse Solexa resequencing data of 22 phenotypically selected mixed-variety offspring. We identified the beginning of chromosome 7 as one region of interest. This region harbours an *SRZ*-specific gene (*hsc1*) that, when introduced into *SRS*, was shown to negatively contribute to the aggressiveness of the recombinant strains on sorghum. This shows that genotyping of mixed-variety offspring is a powerful tool to discover candidate genes involved in host specificity.

### Host-induced gene silencing in the wheat-Fusarium head blight interaction

Wanxin Chen & Patrick Schweizer

Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), D-06466 Gatersleben, Germany

Contact: [schweiz@ipk-gatersleben.de](mailto:schweiz@ipk-gatersleben.de)

Fusarium head blight (FHB) is one of the most important diseases of wheat and other cereals worldwide. Very few major quantitative trait loci for FHB as well as efficient fungicides have been identified and applied to protect host plants from FHB. Host-induced gene silencing (HIGS) has recently been reported to represent a promising strategy to increase plant resistance against fungal pathogen such as *Blumeria graminis* (1) and *Puccinia triticina* (2), which based on *in-planta* generated RNA molecules that traffic into the fungus via an unknown mechanism and trigger gene silencing of the target. We set up a virus-induced gene silencing system in adult wheat, which allows the expression of an antisense sequence of a fungal target *in planta* via virus RNA multiplication, followed by point inoculation of *Fusarium culmorum* spores into flowering spikelets after 10 to 14 days of virus infection and FHB disease scoring. Four fungal target genes were tested using this system in at least three independent experiments. Reverse transcription real time PCR results showed that all four transcripts were knocked down in *Fusarium culmorum*. Silencing of three of the four targets also significantly decreased FHB disease. Our results demonstrate that HIGS is a potentially powerful technique to increase resistance against FHB in wheat, which open a new possibility for future practical use.

(1) Nowara D et al., 2010. Plant Cell 22, 3130-3141.

(2) Vinay P et al., 2013. Plant J 73, 521-532.

### Identification of *Vag2*, a virulence effector of the maize head smut pathogen *Sporisorium reilianum*

Yulei Zhao<sup>1</sup>, Hassan Ghareeb<sup>2</sup> & Jan Schirawski<sup>1</sup>

<sup>1</sup> RWTH Aachen University, Institute of Applied Microbiology -iAMB Microbial Genetics, 52074 Aachen, Germany

<sup>2</sup> Georg-August-University Goettingen Schwann-Schleiden Centre, Department of Plant Cell Biology, Julia-Lermontowa-Weg 3 37077 Goettingen, Germany  
Contact: Yulei.Zhao@rwth-aachen.de

The biotrophic smut fungus *Sporisorium reilianum* infects maize at seedling stage by direct penetration of the leaf surface. The infection proceeds initially without symptoms, which appear only at flowering time: inflorescences are substituted by spores and/or show phyllody. Genome comparison between *Sporisorium reilianum* and the closely related maize smut fungus *Ustilago maydis*, discovered the presence of genomic regions of weakly conserved genes mainly encoding secreted proteins. Deletion of the largest divergence region of about 30 genes in *S. reilianum* dramatically reduced virulence and led to wilting of inoculated leaves. By sub-deletion analysis we identified a region encoding three related secreted effector proteins responsible for the early leaf wilting phenotype. Deletion of one of these effectors (*vag2*, *virulence associated gene 2*) additionally led to reduced virulence. *vag2* is highly upregulated during biotrophic growth of *S. reilianum* as determined by qRT-PCR analysis. Yeast two-hybrid analysis revealed potential interaction partners that are involved in hormone production and plant disease resistance. This suggests a potential mechanism of effector function by modulating plant hormone levels, or suppressing plant defence.

### 2013 Report on the Annual Meeting of the Working Group 'Mycology', held on March 21–22, 2013 at Göttingen University

### Worldwide occurrence and genetic variation of the mycovirus PhV in field isolates of *Plasmopara halstedii*, the downy mildew pathogen of sunflower

Wolfgang Grasse & Otmar Spring

Universität Hohenheim, Institut für Botanik, Garbenstr. 30, 70599 Stuttgart, Germany  
Contact: Wolfgang.Grasse@uni-hohenheim.de

PhV is an isometric virus recently found in the biotrophic oomycete *Plasmopara halstedii*. The virus genome is sequenced and consists of two ss(+)RNA strands encoding for the RNA depending RNA polymerase (RdRp) and the coat protein (CP), respectively. While the virus had been reported

to occur in most of the German field isolates, its worldwide distribution has not been screened in detail yet.

In the current study, over 100 *P. halstedii* isolates collected over the past 40 years from 17 countries of 4 continents and were screened with PHV specific primers and PCR for the presence or absence of the virus. These samples showed a ca. 95% rate of infection within all isolates. The first occurrence of the virus could be traced back to the oldest samples tested from early 1970ies. A centre of origin could not be found within the current set of samples nor was it possible to identify traits of spreading. Sampling from old herbarium specimens of downy mildew infected sunflower will be attempted to test the assumption of a contemporary distribution of PHV with the first introduction of the *P. halstedii* to Europe in the 1940ies.

Nucleotide sequencing of selected isolates from the most distant origins showed an unexpected low degree of variance in both RNA stands. This underlines the highly conserved nature of the genome encoding for RdRp and the CP. While there were no differences at all in the encoding parts of the genome, some single nucleotide polymorphisms were detected in the 5' untranslated regions. These variations will be used for phylogenetic analyses of PhV and promise to provide deeper insights in the evolution and distribution of this mycovirus whose hypovirulence effect on the pathogenicity of its host was recently shown.

### Fungal biota on carpospheres of ripening grape clusters (*Vitis vinifera*)

Elizabeth Kecskeméti<sup>1</sup>, Beate Berkelmann-Löhnertz<sup>1</sup>, Karl-Heinz Kogel<sup>2</sup> & Annette Reineke<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Hochschule Geisenheim, Institute of Phytomedicine, Von-Lade-Str. 1, 65366 Geisenheim, Germany

<sup>2</sup> Justus-Liebig University, Institute of Phytopathology and Applied Zoology, Heinrich-Buff-Ring 26-32, 35392 Gießen, Germany

Contact: Elizabeth.Kecskemeti@hs-gm.de

The ascomycete *Botrytis cinerea*, the causal agent of bunch rot of grapes, represents one of the most important fungal diseases in Central European viticulture. Besides *B. cinerea*, several other fungal species are involved in the development of bunch rot, respectively. In addition, putative fungal antagonists present on the grape carposphere as well, might be relevant for extent and progression of bunch rot epidemics. However, so far little is known on the composition of microbial communities on grape berries and how these are influenced by different crop management systems or plant protection strategies in viticulture. With this background, grape clusters (*Vitis vinifera* cv. Riesling) were collected during the ripening period in 2010 and 2011 on three sampling dates (BBCH 81, 85 and 89) from one vineyard located in the German grapevine growing region Rheingau (49°59'N, 7°57'E). This experimental vineyard contains plots, which have been cultivated according to three different manage-

ment systems (integrated, bio-organic and bio-dynamic) for the last six years.

Total microorganisms from the berry skin surface were washed off and DNA was isolated. High-throughput tag-encoded FLX amplicon pyrosequencing of an ITS fragment was used to characterize fungal communities on grape berry skins. By sequencing about 42 000 fungal amplicons, more than twelve different fungal taxa could be identified. Data showed, that the abundance of members of the Sclerotiniaceae (amongst others *B. cinerea*) increased during ripening while the extent of fungal biodiversity (calculated on the basis of the Shannon-Index) decreased. The extent of biodiversity and composition of fungal communities were different depending on the management system. On grape berries from integrated viticulture, a higher diversity of fungal communities was observed compared to berries from bio-organic or bio-dynamic plots. In addition, putative fungal and bacterial antagonists were found particularly on grape berries from integrated plots in 2011. Abundance of fungal antagonists like *Aureobasidium pullulans*, *Metschnikowia pulcherrima* or *Sporidiobolus pararoseus* on the carposphere of different grape samples was further quantified by qPCR.

A detailed knowledge about the functional and structural diversity of the microbial community of berry skin surfaces is a relevant basis to promote indigenous antagonists in a stable microbial community with the aim to suppress bunch rot of grapes. Considering the recent effects of climate change on the extent of bunch rot epidemics, such an approach might be an important tool of future pest control programs in viticulture.

#### Evaluation of the antagonistic potential of *Trichoderma* spp. against trunk diseases of grapevine (*Vitis vinifera*)

Martina Haustein, Janine Köckerling & Andreas Kortekamp

DLR Rheinpfalz/Phytomedizin/Mykologie, Breitenweg 71, 67435 Neustadt, Germany  
Contact: martina.haustein@dlr.rlp.de

ESCA and associated grapevine trunk pathogens cause severe damages to grapevines resulting in serious crop losses. The spectrum of putative pathogens of trunk diseases on grapevine was investigated. A large proportion of isolated trunk pathogens is not connected to ESCA in the narrow sense. In addition to pathogens, a wide range of *Trichoderma* species was isolated, some of which are considered to have antagonistic potential promoting growth of grapevines and their resistance against pathogens, but their role in grapevine remains vastly unsolved. The antagonistic potential of ten *Trichoderma* species was evaluated investigating their preventive and curative effect on trunk pathogens in three different *in-vitro* experiments. The species examined show clear differences in their antagonistic potential. The species' effects are exclusively either preventive or curative. *T. gamsii* and *T. koningiopsis* almost completely inhibit spore germination of *Cylindrocarpon* spp. and *Botryosphaeria* spp.,

whereas *T. harzianum* colonizes and parasitizes established pathogen's mycelium indicating different possibilities in using *Trichoderma* as biocontrol agents.

#### Host jumps from *Lactuca serriola* gave rise to *Bremia lactucae* on *Lactuca sativa*

Fabian Runge

Universität Hohenheim, Institut für Botanik, Garbenstr. 30, 70599 Stuttgart, Germany  
Contact: Fabian.Runge@uni-hohenheim.de

*Bremia lactucae* is one of the most devastating pathogens in lettuce production worldwide. Despite its economic importance, uncertainty prevails about species delimitation in the genus *Bremia*, and *B. lactucae* was long time believed to be the solely species of this genus infecting Asteraceae. In contrast, recent studies uncovered several distinct species in the genus *Bremia*, most of them with high host species specificity. Consequently, *B. lactucae* might be restricted to cultivated *Lactuca sativa* and wild growing *Lactuca serriola*. Many of the Dm resistance genes in cultivated lettuce originate from *L. serriola*, but often new downy mildew races rapidly overcome the resistance of the crop. Therefore the importance of wild pathosystems for cultivated lettuce and for crop pathosystems was debated. Molecular data indicates that *Bremia lactucae* on *Lactuca sativa* emerged from several host jumps from *Lactuca serriola*, while geneflow between both pathosystems is only weakly pronounced. The pathogen population from *L. serriola* is characterized by a fast dispersal, but also a still close relationship of all specimens with a balanced selection pattern. Regarding *L. sativa* the pathogen population is also characterized by a fast dispersal, but additionally by a directional selection pattern that indicates a founder effect most likely caused by a host jump resulting in a fast radiation and colonization of the new host. Thus it seems likely that since the cultivation of lettuce not a parallel co-evolution of both pathosystems occurred, but rather multiple host jumps caused the periodical occurrence of downy mildew epidemics in lettuce production and the breakdown of resistance introduced from *L. serriola*.

#### Sensitivity of *Phakopsora pachyrhizi*, causal agent of soybean rust, to QoI and DMI fungicides and analysis of corresponding resistance mechanisms

Helena K Schmitz<sup>1</sup>, Carlos-Antonio Medeiros<sup>2</sup>, Ian R Craig<sup>3</sup> & Gerd Stammer<sup>4</sup>

<sup>1</sup> Universität Hohenheim, Institut für Phytomedizin, Otto-Sander-Straße 5, 70599 Stuttgart, Germany

<sup>2</sup> BASF SA, Rodovia SP 340 – Km 144 Estacao Experimental Agricola, 13830-000 Santo Antonio de Posse, Brazil



<sup>3</sup> BASF SE, Carl-Bosch-Strasse 38, 67056 Ludwigshafen, Germany

<sup>4</sup> BASF SE, Speyerer Strasse 2, 67117 Limburgerhof, Germany

Contact: helena.sch@gmx.de

Following wheat, maize and rice, soybeans belong to one of the most important crops worldwide. Leading producers of soybeans are the USA, Brazil and Argentina. With 36% of the harvested area soybean cultivation dominates the Brazilian agriculture. At the beginning of the 21<sup>st</sup> century *Phakopsora pachyrhizi* arrived in South America. Since then it has become a crucial soybean disease causing high yield reductions and considerably increasing costs for disease management. Control of *P. pachyrhizi* is mainly based on fungicide applications. Most important and effective fungicide classes are demethylation inhibitors (DMIs) and Quinone outside-inhibitors (QoIs). Both classes are frequently applied in combinations to ensure prolonged effects.

A considerable number of *P. pachyrhizi* isolates from Brazil, which were isolated from soybean leaf samples from different regions in growing season 2009/2010, were analyzed by detached leaf tests and confirmed that efficacy of QoIs was still stable while sensitivity to DMIs was reduced. The major resistance mechanisms of phytopathogenic fungi against QoIs are the point mutations F129L, G137R and G143A within the *cytochrome b* gene, which is the target gene of QoIs. It has been shown for other rust species that the genetic consistency of *cytochrome b* is responsible for the maintenance of sensitivity towards QoIs. This also applies to *P. pachyrhizi* as shown by genetic analysis.

In contrast, genetical analyses of the target gene of DMI fungicides, *cyp51*, revealed that adaptation is based on different resistance mechanisms which have an additive or synergistic impact. Using (pyro-) sequencing, six point mutations within the *cyp51* gene were discovered. Mutations on their own or combination with another mutation induced higher ED<sub>50</sub> values compared to a DMI sensitive reference strain. As suggested by modelling studies, an impact on increased ED<sub>50</sub>-values due to all discovered mutations is reasonable. Furthermore, qPCR analysis revealed that up-regulation of *cyp51* of three- to tenfold, compared to the reference strain, also leads to increased ED<sub>50</sub> values and therefore serves as an independent second mechanism for *P. pachyrhizi* adaptation against DMIs.

### Pathogenicity of *Alternaria* species on potatoes and tomatoes

Simone Miessner<sup>1</sup>, Franziska Böhme<sup>2</sup> & Gerd Stammler<sup>1</sup>

<sup>1</sup> BASF SE, Agrarzentrum, Limburgerhof, Germany

<sup>2</sup> Universität Hohenheim, Institut für Phytomedizin, Otto Sander Strasse, Germany

Contact: gerd.stammler@basf.com

In previous monitoring studies two *Alternaria* species were isolated from a number of European potato leaf samples. Factors after sampling played an important role in the success of isolation of *A. solani* or *A. alternata*. Lower temperatures (16°C) during isolation process favoured significantly *A. solani*, while more frequently *A. alternata* was isolated when leaves were incubated at higher temperatures (22°C) just before isolation.

Various glasshouse trials on tomatoes and potato with different *A. solani* and *A. alternata* isolates showed high virulence of all *A. solani* species, while infections with *A. alternata* were without success or yielded only in weak symptoms under different inoculation and incubation conditions.

Field trials were performed with susceptible potato varieties and artificial inoculation with various *A. solani* and *A. alternata* isolates. After 4 days typical early blight symptoms were visible in the *A. solani* inoculated plots while *A. alternata* plots were without any symptoms. Lesions developed also in *A. alternata* plots during the season but only *A. solani* strains were re-isolated from these.

Mixtures of spores from both species were inoculated to prove the hypothesis that *A. solani* infects leaves and *A. alternata* uses such lesions afterwards as infection point. Spore suspensions with different ratios were inoculated, disease progress was observed and ratios of *A. solani* and *A. alternata* were detected with molecular biological methods. First data indicate that *A. alternata* frequency in leaf samples is decreasing during season and confirm the finding of all glasshouse and field trials that *A. solani* is the more virulent pathogen in early blight.

Currently, other species such as *A. grandis*, *A. arborescens*, *A. tenuissima* and *A. tomatophila*, which have been reported to be involved in early blight on tomatoes and/or potatoes are under investigation.

### Identification of sugar beets resistant against the fungal pathogen *Cercospora beticola* using non-invasive and invasive detection systems

Simone Schmittgen, Sergej Bergsträsser, Hanno Scharr, Uwe Rascher, Fabio Fiorani & Marcus Jansen

Institute of Bio- und Geosciences IBG-2: Plant Sciences, Forschungszentrum Jülich GmbH 52425 Jülich, Germany  
Contact: si.schmittgen@fz-juelich.de

The fungal pathogen *Cercospora beticola* occurs worldwide on sugar beet fields and can reduce sucrose yield up to economically important amounts. The crucial objective of integrated plant protection is to introduce resistant sugar beets into breeding programs. Accelerated selection of candidate genotypes can be supported with non-invasive sensor systems scoring progressing disease severity. Moreover, hyperspectral imaging analyzing simultaneously reflectance, transmittance, and absorbance may allow detecting and quantifying effects of pathogen infestation and plant

responses before and beyond conspicuous symptoms. Fungal foliar symptoms caused specific reflectance and transmittance reduction in the green and near-infrared region. In a second non-invasive approach magnetic resonance imaging (MRI) of the taproot gave insight into below-ground taproot development and sugar accumulation during above-ground leaf infestation. Developmental reduction in taproot volume and cambial growth rings could be shown distinguishing between infected plants and healthy control. After first candidate selection molecular methods offer the possibility to quantify and characterize plant resistance in detail. At early time points before visible symptoms, differences in fungal biomass of infected leaf tissue could be detected by amplifying the *Cercospora* calmodulin gene with real-time PCR. Lower detected amounts of fungal biomass indicated genotypes with higher resistance levels. Hence, combining and cross-validating these three methods hyperspectral imaging, MRI, and molecular methods, comprehensive analyses of plant resistance levels can be conducted to improve breeding and phytopathological knowledge of *Cercospora* leaf spot disease.

#### Oospores of *Pustula helianthicola* in sunflower seeds and their role for the epidemiology of white blister rust

Sukanya Soonagahalli Lava & Otmar Spring

Universität Hohenheim, Institut für Botanik, Garbenstr. 30, 70599 Stuttgart, Germany  
Contact: Soonagah@uni-hohenheim.de

Sunflower white blister rust caused by *Pustula helianthicola* is an important disease in many countries of the world. The epidemiology of the pathogen is not fully understood yet, particularly with respect to the role of oospores in primary infection and for long distances dispersal. Sunflower seeds are postulated to be a main source in disseminating the disease to new areas. The oospores of the pathogen appear to be the suitable propagules to outlast the period between growing seasons well preserved in the shelter of contaminated seeds.

To assess this assumption, we recorded the disease severity in sunflower plants under natural conditions. The infection rate reached 97–99% in fields where first infected sunflower had been observed ca. 8 years ago. The presence of large amounts of oospores on the involucre bracts of infected plants was confirmed under a stereo microscope. These oospores were isolated and used for the inoculation of sunflower seedlings under controlled conditions. Successful infection was recorded after 2–3 weeks when the typical pustules of mitotically produced sporangia appeared on cotyledons and leaves. Capitula of 17 infected plants from the field were harvested in late flowering stage and 50 seeds from each sample were checked microscopically for the presence of oospores in the inner parenchyma of the pericarp. Achenes from all samples were contaminated with oospores at a ratio of 2 to 28%. Dried seeds of 12

samples were planted in pathogen-free soil and checked for seed-borne infection under controlled conditions in a climate chamber. Within 3 weeks, 10 of the 12 samples provided seedlings with typical pustules on cotyledons reaching a maximum infection rate of 58%. A PCR-based diagnostic test was used to trace asymptomatic infections in phenotypically healthy plants. The test confirmed the presence of the pathogen in additional plants that did not show pustules within the time frame of the experiment. These results show that oospores of *P. helianthicola* are an important source for primary infection in sunflower and they most likely account for the recently observed long distance transmission of the pathogen into new areas through contaminated seeds.

#### Black rot on grape vine – infection structures and development on different grape genotypes

Christine Tisch<sup>1</sup>, Peter Nick<sup>2</sup> & Andreas Kortekamp<sup>1</sup>

- 1 DLR Rheinpfalz, Abteilung Phytomedizin, Breitenweg 71, 67435 Neustadt an der Weinstraße, Germany
- 2 Karlsruher Institut für Technologie, Botanisches Institut, Kaiserstraße 2, 76128 Karlsruhe, Germany  
Contact: christine.tisch@dlr.rlp.de

*Guignardia bidwellii*, the causal agent of black rot on grapevine, is one of the most important fungal pathogens on grape vine. In the last decade, it caused an increasing impact on European wine production especially in organic farming, where effective protection strategies are currently not available.

Some *Vitis vinifera* species and cultivars differ in their sensitivity to black rot infections. However, there is still a lack of knowledge regarding the interaction between *Guignardia bidwellii* and different *Vitis vinifera* species and cultivars, the mechanisms of resistance, and the initial infection process.

Therefore within a project, studying the genetic potential of *Vitis vinifera* ssp. *sylvestris*, the infection process of the asexual cycle of *Guignardia bidwellii* was observed on leaves of *Vitis vinifera* cv. Müller-Thurgau (susceptible), *Vitis vinifera* cv. Börner and Solaris (resistant) and three accessions of *Vitis vinifera* ssp. *sylvestris* (partial tolerant).

Fluorescence microscopy was used to analyse conidia attachment, germination and appressoria formation, development of hyphae and expansion of mycelium. Across all variants no differences of conidial attachment, germination and formation of appressoria were observed. But less conidia with appressoria were able to form hyphae and mycelial growth was reduced on the resistant cultivars as well as the tested accessions of *Vitis vinifera* ssp. *sylvestris* compared to the susceptible cultivar Müller-Thurgau.

First results obtained by light microscopy indicated that Börner, Solaris and the tested accessions of *Vitis vinifera* ssp. *sylvestris* are able to form papillae in the epidermis cell layer, which may play a role in resistance towards black rot.

## REPORT ON THE ANNUAL MEETING OF THE WORKING GROUPS 'HOST-PARASITE INTERACTIONS' AND 'MYCOLOGY' 2013

### REGULATION OF ALCOHOL DEHYDROGENASE ISOFORMS OF BARLEY MODULATES SUSCEPTIBILITY TO THE PARASITIC FUNGUS *BLUMERIA GRAMINIS* F.SP. *HORDEI*

Auber, Andor<sup>1</sup>, Pathuri, Indira Priyadarshini<sup>1</sup>, Reitberger, Ines E.<sup>1</sup>, Hückelhoven, Ralph<sup>1</sup>, Proels, Reinhard K.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>*Technische Universität München, LS Phytopathologie, Emil-Raman-Str 2, 85350 Freising, Deutschland*

Contact: [proels@wzw.tum.de](mailto:proels@wzw.tum.de)

The plant primary energy metabolism is profoundly reorganized under biotic stress conditions and there is increasing evidence for a role of aerobic fermentation in biotic interactions. Pathogen infection results in a reduction in photosynthetic rates and the formation of reactive oxygen species. In all probability this results in a reduced oxygen pressure in infected tissues and consequently an induction of fermentative metabolism. We have shown a function of alcohol dehydrogenase 1 (ADH1) in the interaction of barley with the biotrophic fungus *Blumeria graminis* f.sp. *hordei* (*Bgh*) (1). Here we extend our studies on stable transgenic barley lines characterized by a RNAi-mediated knock-down of *HvADH1* or an overexpression of *HvADH1*. Knock down or over-expression of *HvADH1* in stable transgenic barley lines mediates a decrease or increase of penetration success of *Bgh*, respectively. Following *Bgh* infection the ADH2-ADH2 homodimer is strongly induced. The possibility is discussed that barley ADH activity is regulated via the redox-status of a conserved cysteine.

### MAPPING FUNCTIONAL DOMAINS OF A SECRETED EFFECTOR OF *SPORISORIUM REILIANUM*

Hassan Ghareeb<sup>1</sup>, Frank Drechsler<sup>2</sup>, Jan Schirawski<sup>3</sup>

<sup>1</sup>*Georg-August-University Goettingen, Schwann-Schleiden Centre Department of Plant Cell Biology, Julia-Lermontowa-Weg 3, 37077, Goettingen*

<sup>2</sup>*RWTH Aachen, Institute of Applied Microbiology (Biologie IV), Worringerweg 1, 52074 Aachen*

<sup>3</sup>*RWTH Aachen, Institute of Applied Microbiology (Biologie IV), Worringerweg 1, 52074, Aachen*

Contact: [frank.drechsler@stud.uni-goettingen.de](mailto:frank.drechsler@stud.uni-goettingen.de)

*Sporisorium reilianum* is a biotrophic smut fungus that infects and manipulates the architecture of the inflorescence of maize (*Zea mays*). In later stages of infection symptoms occur in the male and female flower. Symptoms include the formation of spores or phyllody, as well as the formation of multiple cobs per branch. Formation of multiple cobs per branch can be abolished by deletion of a single gene. This gene codes a potential secreted effector protein. This effector was named Suppressor of apical dominance1 (*Sad1*). We use protein-protein interaction studies as well as domain analysis to map domains of *Sad1* and interaction partners important for suppression of apical dominance.

We created a set of 13 truncated versions of *Sad1*, each missing 12 amino acids. The truncations disrupt each predicted domain of *Sad1*. Yeast-two hybrid screens with the previously identified interaction partners of *Sad1* revealed that the C-terminus of *Sad1* interacts with most proteins. We also could map the interaction domains of interesting target proteins involved in apical dominance. To study the functionality of the truncated versions we

perform infection experiments using recombinant *S. reilianum* strains. Studies are currently ongoing, but preliminary data suggests that truncations at the N-terminus of Sad1 abolish Sad1 function. These analyses will show whether protein-protein interactions, and which domains of Sad1 are essential for suppression of apical dominance in *Zea mays*.

## **DIFFERENT CELL DEATH MECHANISMS DETERMINE RESISTANCE OF BARLEY IN HOST AND NON-HOST INTERACTIONS**

Hof, Alexander<sup>1</sup>, Zechmann, Bernd<sup>2</sup>, Schwammbach, Daniela<sup>1</sup>, Eichmann, Ruth<sup>3</sup>, Hückelhoven, Ralph<sup>3</sup>, Doehlemann, Gunther<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Max Planck Institute for Terrestrial Microbiology, Department of Organismic Interactions, Karl-von-Frisch-Str. 10, D-35043 Marburg, Germany

<sup>2</sup>Institute of Plant Sciences, Karl-Franzens University of Graz, Schubertstr. 51, 8010 Graz, Austria

<sup>3</sup>Center of Life and Food Science Weihenstephan, Technische Universität München, Emil-Ramann-Str. 2, D-85350 Freising-Weihenstephan, Germany

Contact: alexander.hof@mpi-marburg.mpg.de

In plants programmed cell death (PCD) is an essential defense mechanism during pathogen attack, making PCD prevention essential to biotrophic plant pathogens such as *Ustilago hordei*. During the compatible interaction of this basidiomycetous fungus with its host plant barley, PCD is fully prevented and no macroscopic symptoms are visible upon infection.

In contrast, deletion mutants of the secreted effector protein Pep1 cause PCD comparable to the non-host resistance reaction after infection with the corn smut *U. maydis*.

Microscopical analyses revealed that plants overexpressing the conserved cell death suppressor Bax Inhibitor-1 (BI-1) show an increased susceptibility to the non-host pathogen *U. maydis*. Interestingly, BI-1 seems to play no role in the interaction with the *U. hordei* or *U. maydis pep1* deletion mutant, respectively, indicating that the cell death reaction induced by the effector mutant is mediated via a BI-1 independent pathway. Our results point towards a role of apoptosis-like cell death during non-host responses, while autophagy might be induced during interaction with *pep1* deletion mutants. These findings shed new light on the regulation of host cell death pathways leading to plant resistance in different types of incompatible interactions.

## **IDENTIFICATION OF LEAF-SPECIFIC EFFECTORS IN THE USTILAGO MAYDIS - MAIZE INTERACTION**

Matei, Alexandra<sup>1</sup>, Ajami-Rashidi, Ziba<sup>1</sup>, Redkar, Amey<sup>1</sup>, Schilling, Lena<sup>1</sup>, Doehlemann, Gunther<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Max Planck Institute for Terrestrial Microbiology, Department of Organismic Interactions, Karl-von-Frisch-Str. 10, D-35043 Marburg, Germany

Contact: alexandra.matei@mpi-marburg.mpg.de

The basidiomycete fungus *Ustilago maydis* is a soil borne rust fungus that causes smut disease on maize. As tumor formation occurs in all aerial parts of the plant, the fungus has to adjust to different kinds of host tissue which differ in structure and physiology. *U. maydis* therefore deploys a highly adaptable set of effector proteins to circumvent host immunity and induce tumor-formation in different types of host tissue (Skibbe *et al.*, 2010). In order to understand the organ-specific establishment of *U. maydis* on maize plants, we aim to identify fungal effector proteins with organ-specific virulence functions.



Using the available gene expression data, candidate genes for seedling leaf-specific effectors were chosen, presupposing that they are specifically expressed during infection of seedling leaves. In a next step, potential candidate genes were analyzed for diversifying selection in comparison to the smut fungi *Sporisorium reilianum* and *Ustilago hordei*, which do not form symptoms in seedling leaves. Ten candidate genes with leaf-specific expression and significantly increased dS/dN-ratio were selected for the generation of *U. maydis* deletion mutants. Here, we present recent progress on the functional analysis of these new, leaf-specific effector candidates.

## **APHID DERIVED ELICITORS OF THE RUSSIAN WHEAT APHID RESISTANCE RESPONSE IN WHEAT**

Mohase, Lintle<sup>1</sup>, Taiwe, Bernice<sup>1</sup>, van der Westhuizen, Amie<sup>1</sup>

<sup>1</sup>University of the Free State, Dept. Plant Sciences, Nelson Mandela Rd., 9301 Bloemfontein, South Africa

Contact: vdwestaj@ufs.ac.za

Elicitors of inducible resistance responses are indispensable tools in the elucidation of resistance mechanisms in wheat. The Russian wheat aphid (*Diuraphis noxia*, Kurdjumov) is a major pest that leads to massive yield losses in wheat production. Mutations in Russian wheat aphid populations have led to development of biotypes with varying degrees of virulence, increasing the need to explore alternative means to enhance wheat resistance to aphid infestation. Our study investigated the intercellular wash fluids (IWF) of aphid infested wheat as well as aphid saliva as sources of elicitors of the resistance response in wheat. Elicitor-containing samples were fractionated by C18 reverse phase and gel filtration chromatography and concanavalin-A binding glycoproteins were isolated from some active fractions. The eliciting activity was tested in the subsequent fractions by injecting into leaves of susceptible wheat cultivars and those expressing resistance genes *Dn1* or *Dn5*. Induced defence responses were measured in terms of enzyme activities of lipoxygenase, peroxidase and  $\beta$ -1,3-glucanase. The IWF derived elicitors from biotype1 infested resistant plants induced higher resistance responses in *Dn1*-containing resistant plants than in susceptible plants. Aphid saliva-derived elicitors were more specific. The elicitor-active fractions of biotype 1 saliva induced resistance responses only in cultivars expressing either *Dn1* or *Dn5* resistance genes. Elicitor-active fractions from biotype 2 saliva induced resistance responses only in cultivars expressing *Dn5*. Elicitors in the saliva of South African Russian wheat aphid biotypes are specific and biotype 2 aphids present elicitors with virulence that has overcome resistance conferred by the *Dn1* resistance gene. Identification of aphid derived elicitors may provide additional strategies for enhancing resistance in wheat.

## **THE USTILAGO MAYDIS EFFECTOR PIT2 INHIBITS MAIZE CYSTEINE PROTEASES TO SUPPRESS HOST DEFENSE**

Müller, André<sup>1</sup>, Ziemann, Sebastian<sup>1</sup>, Treitschke, Steffi<sup>2</sup>, Aßmann, Daniela<sup>1</sup>, Döhlemann, Gunther<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Max Planck Institute for Terrestrial Microbiology, Karl-von-Frisch Str. 10, 35043 Marburg, Germany

<sup>2</sup>Fraunhofer ITEM-R, Biopark I, Josef-Engert-Straße 9, 93053 Regensburg, Germany

Contact: andre.mueller@mpi-marburg.mpg.de

The basidiomycete *Ustilago maydis* is the causal agent of smut disease in maize. Infected plants show tumor formation in all infected aerial parts as prominent symptoms. As a biotroph

pathogen, *U. maydis* depends on living plant tissue and hence efficient suppression of plant immunity is required. In a previous study, the secreted effector protein Pit2 (Protein important for tumors 2) was found to be essential for tumor formation in infected plants [1].

A combination of yeast-two-hybrid and protease activity assays showed that Pit2 acts as an inhibitor of a set of defense related apoplastic plant cysteine proteases. Sequence comparisons with Pit2 orthologs from related smut fungi revealed a conserved 14 amino acid motif whose mutation leads to a loss-of-function of Pit2 and consequently to avirulence of *U. maydis*, indicating that protease inhibition by Pit2 is essential for fungal virulence [2]. Our current aim is to elucidate specificity of Pit2 and its inhibitor-domain.

### **IDENTIFICATION AND CHARACTERISATION OF NEW BMP1 MAP KINASE CASCADE COMPONENTS INVOLVED IN APPRESSORIA FORMATION AND PATHOGENESIS IN BOTRYTIS CINEREA**

Müller, Nathalie<sup>1</sup>, Leroch, Michaela<sup>1</sup>, Kleber, Astrid<sup>1</sup>, Hahn, Matthias<sup>1</sup>

<sup>1</sup>*Technische Universität Kaiserslautern, Abteilung Phytopathologie, Erwin-Schrödingerstr.22, 67663 Kaiserslautern, Deutschland*

Contact: [nmueller@rhrk.uni-kl.de](mailto:nmueller@rhrk.uni-kl.de)

The necrotrophic ascomycete *Botrytis cinerea* infects more than 200 host plants and is responsible for great pre- and postharvest losses. The infection cycle starts with the germination of the conidia which is induced by different physical and chemical stimuli. In all fungi studied so far, mitogen-activated protein (MAP) kinase cascades serve as central signaling complexes that are involved in diverse aspects of growth, stress response and infection. *B. cinerea* deletion mutants of the MAP triple kinase Ste11, the MAP kinase kinase Ste7 and the adaptor protein Ste50 all resulted in phenotypes similar to the BMP1 MAP kinase mutant, namely defects in germination on hydrophobic surfaces without nutrients, lack of appressoria formation, delayed vegetative growth, and loss of pathogenicity. We also identified a putative surface sensor protein, the signaling mucin Msb2, which seems to act upstream of the BMP1 MAPK cascade. Msb2 deletion mutants are defective in appressoria formation and show reduced BMP1 phosphorylation levels during germination on hard and hydrophobic surfaces. Microarray transcriptome analysis of wild-type conidia indicate, that in contrast to other filamentous fungi, *B. cinerea* conidia show a peak of secretory activity during germination. Expression of many genes encoding secreted proteins was dependent on both Msb2 and BMP1, which is further evidence for a regulatory link between Msb2 and BMP1.

To identify new proteins interacting with BMP1 MAP kinase pathway components, the split ubiquitin yeast two-hybrid system. This resulted in the identification of two new BMP1 interacting proteins, Bic5 and Bic8. While Bic5 encodes for a membrane protein with a possible function in glycosylation, Bic8 is a predicted cytosolic protein possibly involved in nitrogen metabolism. The function of these two proteins will be analysed by knockout analysis. Further a yeast two-hybrid cDNA screen will be performed to identify more components of the Msb2 - BMP1 signaling pathway.

### **INVESTIGATION OF THE GLUTATHIONE METABOLISM IN ARABIDOPSIS THALIANA AND ITS IMPACT ON PATHOGEN DEFENSE**

Nöllen, Markus J.<sup>1</sup>, Schreiber, Miriam<sup>1</sup>, Gruhlke, Martin C.<sup>1</sup>, Slusarenko, Alan J.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>*RWTH Aachen University, Department of Plant Physiology (Bio3), 52056 Aachen, Germany*

Contact: [Markus.Noellen@rwth-aachen.de](mailto:Markus.Noellen@rwth-aachen.de)

An important physiological reaction for a successful plant-defense against pathogens is the so called hypersensitive response (HR). During HR, a change in the cellular redox-state occurs. This shift correlates with the formation of reactive oxygen species (ROS), for example hydrogen peroxide, and the oxidative burst 6-8 hours after inoculation with an avirulent pathogen like *Pseudomonas syringae* pv. *tomato*.

Two hours after inoculation, a transient, strong oxidation followed by a reduction was measured in transgenic roGFP (redox sensitive green fluorescent protein) *Arabidopsis thaliana* Col-0 plants. This reduction might be involved in the monomerisation of NPR1 (nonexpressor of pathogen related genes). NPR1, in its monomeric form, is able to enter the nucleus where it induces the activation of defense genes. A study, using suspension cultured cells of bean showed that the application of reduced glutathione triggers the expression of defense-genes (Wingate et al., 1988). This observation leads to the question, as to whether a change of glutathione-redoxstate influences the plant defense against pathogens. To get a hand on this question, the influence of inoculation with virulent and avirulent *Pseudomonas* and the application of glutathione in its reduced and oxidized form on the cellular redox-state in hydrocultures of *A. thaliana* was investigated with two independent methods.

In one approach, plants, expressing a redox sensitive green fluorescent protein (roGFP) were used. The fluorescence-intensity at excitation-wavelengths of 405 and 485 nm of this GFP depends on the redox-state of its environment.

Beside roGFP plants in the Col-0 wildtype background, also roGFP plants in a glutathione-reductase mutant background (*glr*) were used. The GLR1 enzyme is important for the homeostasis between oxidized and reduced glutathione.

In a second approach, the concentration of reduced and oxidized glutathione in the crude extract of *A.thaliana* hydrocultures after glutathione-application (oxidized and reduced) was measured by the glutathione-reductase-recycling-assay. Furthermore, the population growth of avirulent *Pseudomonas* was quantified by reisolation of the bacteria. Here Col-0 wildtype plants and *npr1* mutants were used, to test whether glutathione has influence on susceptibility in the absence of NPR1 or not.

Both methods showed that approx. 2 hours after inoculation with avirulent bacteria in Col-0 and Col-0 roGFP plants a transient oxidation occurred, while the overall glutathione-pool stayed on a constant level, but the proportion of the oxidized form rised from ca. 1% to 60% at the same time point.

In contrast, no oxidation was observed in Col-0 wildtype plants after mock-inoculation or after inoculation with virulent bacteria as well as *npr1-2* and *glr*-roGFP plants, independent of the treatment. External application of glutathione resulted increases the internal concentration of glutathione and enhanced the susceptibility of wildtype plants towards *pseudomonas* in a concentration dependent manner. The hypersusceptibility of *npr1* mutants was not affected by glutathione application.

The results suggest that the glutathione-dependent change of the redoxstatus to a more oxidized milieu increases the susceptibility of Col-0 wildtype plants to bacterial infection whereas *npr1* mutants were not affected.

## **TRANSFORMATION OF THE OBLIGATE BIOTROPHIC RUST FUNGUS UROMYCES FABAE**

Rehfus, Alexandra<sup>1</sup>, Djulic, Alma<sup>2</sup>, Seibel, Christian<sup>1</sup>, Link, Tobias<sup>1</sup>, Vögele, Ralf<sup>1</sup>

<sup>1</sup>*Universität Hohenheim, 360 a, Otto-Sander-Str.5, 70599 Stuttgart, Deutschland*

<sup>2</sup>*Universität Konstanz, Lehrstuhl für Phytopathologie, Universitätsstraße 10, 78457 Konstanz*

Contact: Alexandra.Rehfus@uni-hohenheim.de

The possibility to genetically manipulate organisms provides a useful tool to investigate their physiology and lifestyle. Research on obligate biotrophic fungi, like rust fungi which represent a major class of economically important crop pathogens, is impaired due to the lack of a stable transformation system. Here, we report a transformation system established for the broad bean rust *Uromyces fabae*. We have established both biolistics and *Agrobacterium tumefaciens* mediated transformation for gene delivery. Transient transformation events with color makers GUS, GFP and DsRed occur in a frequency of about  $10^{-5}$  applied urediospores, which act as target cells. Furthermore, an *in planta* selection approach has been established. As selective agent we are currently using the fungicide carboxin together with a point mutated allele of *U. fabae Succinate Dehydrogenase 1 (SucDHI'*: *SucDHI(H254Y)*) conferring carboxin resistance of transformants. Using *SucDHI'* as selectable marker we achieved stable carboxin resistant phenotype of transformant lines. PCR analysis of these transformants indicates the presence of the transgene after up to ten rounds of Carboxin selection. Using a SNP-PCR approach we were moreover able to assess locus and integration mechanism of the transgene. However, the low Urediospore production of transformant lines under carboxin pressure so far prevented southern hybridization as formal proof of transgene integration. Current strategies to circumvent these limitations and to optimize our system are presented. Nonetheless, here presented data indicate stable transformation of *Uromyces fabae* being achieved.

## IDENTIFYING RUST FUNGAL EFFECTORS BY FINDING PLANT INTERACTION PARTNERS

Schmidt, Daniela<sup>1</sup>, Link, Tobias<sup>1</sup>, Vögele, Ralf T.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>*Universität Hohenheim, Institut für Phytomedizin, FG Phytopathologie, Otto-Sander-Straße 5, 70599 Stuttgart, Deutschland*

Contact: [daniela.schmidt@uni-hohenheim.de](mailto:daniela.schmidt@uni-hohenheim.de)

All pathogens use effectors to manipulate their host. However, little is known about these effectors so far, but the perception of their importance increases. Rust fungi are obligate biotrophic and therefore need a living host to survive. To better understand these specific plant-pathogen interactions elucidating the function and role of effectors is a key requisite.

In former projects families of putative effector candidates have been identified by 454 sequencing of haustorial transcriptomes of *Phakopsora pachyrhizi* and *Uromyces appendiculatus* and sequencing of the secretome of *U. fabae*. This resulted in a large amount of candidate effectors for all three fungi. Our goal is to identify true effectors from these candidates and to elucidate their function in plant-pathogen interactions. We are assuming that in order to manipulate the host plant effectors have to interact with specific host target proteins. Therefore, the existence of a plant interaction partner is a good criterion to identify effectors. To identify interaction partners we decided to use a yeast-two-hybrid system. The yeast-two-hybrid kit we chose is the Matchmaker™ Gold system from Clontech.

This system contains four different reporter genes activated by GAL4 transcription factor to detect protein interactions. UAR1-C provides resistance to Aureobasidin A. HIS3 enables yeast strain Y2HGold to synthesize histidin, ADE2 adenine. Therefore, if an interaction is present Y2HGold can grow on SD–Ade/–His minimal medium. MEL1 encodes  $\alpha$ -galactosidase, an enzyme that causes yeast cells to turn blue in the presence of X- $\alpha$ -Gal. Occurrence of false positives is highly unlikely due to the different reporter genes.

Candidate effectors were chosen from families of secreted proteins. These families have different characteristics like being restricted to the family *Pucciniaceae*, the genus *Uromyces* or maybe even to a specific species. Others show indication of being present in all rust fungi and one family, forming an exception to the rule, can be found in distantly related pathogens like *Phytophthora infestans* but not in other basidiomycetes except other rust fungi, which



might indicate horizontal gene transfer. Other interesting candidates are up regulated in specific infection structures like haustoria, indicating an importance in pathogenesis. To get a broader view at some families, we are investigating homologs from more than one species. For screening we are cloning the effector candidates without the signal peptide to ensure that the effector is not exported out of the yeast cell and thus out of the system. cDNA libraries of the host plants *V. faba* and *P. vulgaris* were constructed, both from healthy leaves and from infected leaves to ensure that proteins that are only expressed during infection like pathogenesis related proteins are also represented. Possible interaction partners of the effector proteins might be either their targets or resistance proteins. By identifying these we should be able to draw conclusions about the function of these highly interesting effector families and move a huge step forward understanding plant-pathogen interactions.

### **ROLE OF NECROSIS- AND ETHYLENE INDUCING PROTEINS IN EARLY INFECTION STAGES OF THE OBLIGATE BIOTROPHIC OOMYCETE *PLASMOPARA VITICOLA***

Schumacher, Stefan<sup>1</sup>, Fuchs, René<sup>1</sup>, Fahrenttrapp, Johannes<sup>2</sup>, Kassemeyer, Hanns-Heinz<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>*Staatliches Weinbauinstitut, Abteilung Biologie, Merzhauser Str. 119, 79100 Freiburg, Deutschland*

<sup>2</sup>*Plant Pathology Integrative Biology Zurich (IBZ) Swiss Federal Institute of Technology, ETH Zurich, Zurich, Switzerland*

Contact: [hanns-heinz.kassemeyer@wbi.bwl.de](mailto:hanns-heinz.kassemeyer@wbi.bwl.de)

Necrosis- and ethylene- inducing proteins (NEPs) are widespread through all kingdoms of microorganisms. They induce ethylene production and trigger cell death in both host and non-host plants. It is assumed that these effector molecules play a crucial role for hemibiotrophic pathogens as soon as they switch their pathogenic lifestyle from biotrophic to necrotrophic. In contrast to hemibiotrophic pathogens the function of NEPs in obligate biotrophic pathogens is unknown. The obligate biotrophic oomycete *Plasmopara viticola*, also known as grape downy mildew, is one of the most devastating diseases in grapevines. In collaboration with INRA Bordeaux (France) we were able to identify three potential coding regions of NEP-like proteins within in the *Plasmopara viticola* genome. Bioinformatical analysis revealed important differences in DNA and subsequent amino acid sequence of these three different genes. For instance one gene carries a deletion which results in a stop-codon and presumably leads to a loss of function mutant. Furthermore we were able to identify mutations inside a second gene occurring only in some tested *P. viticola* isolates. This single nucleotide substitution potential leads to changes in tertiary structure and to a loss of function of the protein.

Gene expression analyses of all three genes revealed a strong induction in the first 30 hours after inoculation with zoospores followed by a second weaker induction 96 hours after infection. This result may point to a potential role of these effector molecules during early stages of infection. Sequence and expression analyses of NEP-like proteins from different *Plasmopara viticola* strains collected from either susceptible or resistant cultured grape-vines may give further ideas for the importance of these proteins for pathogenicity.

### **WHOLE-AA/CC-GENOME ANALYSIS REVEALED A SET OF CONSERVED AND NOVEL MICRORNAS IN A COMPATIBLE BRASSICA NAPUS-VERTICILLIUM LONGISPORUM INTERACTION**

Shen, Dan<sup>1</sup>, Cai, Daguang<sup>1</sup>

<sup>1</sup>*Rodewald Str. 9, D-24118 Kiel, Germany*

Contact: [d.shen@phytomed.uni-kiel.de](mailto:d.shen@phytomed.uni-kiel.de)

miRNAs are short, endogenous non-coding RNAs that regulate a wide range of biological and metabolic processes by modulating stability of their targets on the mRNA level. To identify *V. longisporum*-responsive miRNAs from the rapeseed (*Brassica napus*) genome (AA/CC), a genome-wide survey of miRNAs was conducted with the aid of *Brassica rapa* (AA) and *Brassica oleracea* (CC) genomes. Sequencing of two small RNA libraries made from *V. longisporum* infected and non-infected rapeseed roots identified 360 conserved and 533 *B. napus*-specific miRNAs. Of these, only 137 syntenic miRNA pairs were found from conserved miRNAs between AA and CC genomes. Evidently, the duplication events between AA and CC genomes at the genome-wide as well as the specific locus-level resulted in the emergence of *B. napus* miRNAs. Furthermore, we identified 122 conserved and 82 *B. napus*-specific miRNAs, which expression is responsive to *V. longisporum* infection as revealed by miRNAseq as well as by qRT-PCR analyses. Functional characterization of the miRNAs and their targets suggested a complex miRNA-based regulatory network triggered by *V. longisporum* infection in rapeseed plants.

## CHARACTERIZATION OF CALCIUM SIGNALLING MUTANTS IN ARABIDOPSIS THALIANA INNATE IMMUNITY

Stefanie Ranf<sup>1</sup>, Ralph Hückelhoven<sup>1</sup>, Justin Lee<sup>2</sup>, Dierk Scheel<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Wissenschaftszentrum Weihenstephan Technische Universität München, Institut für Phytopathologie, Emil-Ramann-Str. 2, D-85350 Freising-Weihenstephan, Germany

<sup>2</sup>Leibniz-Institut für Pflanzenbiochemie, Abteilung Stress- und Entwicklungsbiologie, Weinberg 3, D-06120 Halle (Saale), Germany

Contact: ranf@wzw.tum.de

During attempted infection of plants, pathogens are betrayed by conserved “Microbe-Associated Molecular Patterns” (MAMPs) that are recognized by specific host receptors and initiate intracellular signalling cascades leading to MAMP-triggered immunity. Endogenous “Damage-Associated Molecular Patterns” (DAMPs) similarly elicit receptor-mediated defences. Rapid elevations in the free cytosolic Ca<sup>2+</sup> concentration ([Ca<sup>2+</sup>]<sub>cyt</sub>) are a core component of MAMP and DAMP signal transduction and are crucial for establishment of downstream responses, such as reactive oxygen species (ROS) accumulation, activation of protein kinases, and induction of defence gene expression. The MAMPs flagellin (flg22), elongation factor Tu (elf18) and chitin, as well as the DAMP, AtPep1, provoke generally similar prolonged [Ca<sup>2+</sup>]<sub>cyt</sub> elevations in *Arabidopsis thaliana* but with distinct lag times and amplitudes. Mutant analysis revealed a feedback impact of the Ca<sup>2+</sup>-dependent ROS accumulation on the [Ca<sup>2+</sup>]<sub>cyt</sub> elevation. Despite the pivotal role of Ca<sup>2+</sup> as second messenger in MAMP signalling, only a few participating Ca<sup>2+</sup> channels and transporters are known. Using chemically mutagenised Arabidopsis seedlings expressing the Ca<sup>2+</sup>-reporter aequorin, we isolated mutants with *changed calcium elevation* (*cce*) in response to flg22. These comprise novel alleles of the flagellin receptor *FLS2* and the receptor-associated kinase *BAK1*, as well as other *cce* mutants with partially reduced or enhanced [Ca<sup>2+</sup>] elevations in response to several MAMPs and DAMPs. Thus, these *CCE* genes encode components shared by different MAMP/DAMP signalling pathways and will be useful to unravel early signalling events in plant-microbe interactions. Currently, we are identifying the *CCE* genes by mapping and genome sequencing and characterising their role in innate immunity.

## **UNUSUAL BEHAVIOUR OF THE PLANT PATHOGENIC FUNGUS *BIPOLARIS SOROKINIANA* WITH RESPECT TO INTEGRATION OF FOREIGN DNA.**

Susanne Köllmer<sup>1</sup>, Jorrit-Jan Krijger<sup>1</sup>, Holger B. Deising<sup>1</sup>

<sup>1</sup>*Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Agrar- und*

*Ernährungswissenschaften, Professur für Phytopathologie und Pflanzenschutz, Betty-Heimann-Straße 3, 06120 Halle (Saale), Deutschland*

*Contact: jorrit-jan.krijger@landw.uni-halle.de*

In the course of a joint effort towards identification of pathogenicity and virulence genes in a number of fungal pathogens of barley, attempts were made to generate an eGFP-tagged strain of the broad host-range plant pathogenic fungus *Bipolaris sorokiniana* to be used as strain background for random mutagenesis by *Agrobacterium tumefaciens*-mediated transformation (ATMT). Various random integration approaches were applied for integration of a DNA fragment carrying hygromycin-resistance- and eGFP-expression cassettes. In parallel, targeted integration by homologous recombination of the same fragment into a xylanase-gene was attempted. The results from these experiments indicate that *B. sorokiniana* randomly integrates foreign DNA only at an extremely low rate, if at all. Possible reasons for this behaviour will be discussed.

## **TOWARDS THE IDENTIFICATION OF FUNGAL EFFECTOR MOLECULES INVOLVED IN HOST PLANT DEVELOPMENTAL REPROGRAMMING**

Thole, Karin<sup>1</sup>, Reusche, Michael<sup>1</sup>, Faino, Luigi<sup>2</sup>, Thomma, Bart<sup>2</sup>, Teichmann, Thomas<sup>1</sup>, Lipka, Volker<sup>1</sup>

<sup>1</sup>*Schwann-Schleiden Forschungszentrum, Abteilung Zellbiologie der Pflanze*

<sup>2</sup>*Radix Building, Laboratory of Phytopathology, Wageningen University, 6708 PB Wageningen, The Netherlands*

*Contact: kthole@gwdg.de*

Typically, *Verticillium* infections lead to severe wilting symptoms on their respective host plants, with the remarkable exception of *V. longisporum* infected Brassicaceae, which maintain their water status. Recently, we could show that water status maintenance correlates with a substantial *V. longisporum*-induced developmental reprogramming on its host plants *Brassica napus* and *Arabidopsis thaliana* (Reusche et al., 2012). Together, our data suggest that de novo formation of xylem by hyperplasia and transdifferentiation in response to infection by *V. longisporum* is likely to be a compensatory plant response resulting in increase of plant water storage capacity. Interestingly, tomato races of *V. dahliae* have been shown to be vascular pathogens of *Arabidopsis*, too, and have been used for functional studies of tomato resistance genes by interfamily transfer (Fradin et al., 2011). However, comprehensive comparative analyses of *V. dahliae*-induced symptom development on *Arabidopsis thaliana* have not been conducted to our knowledge. To take remedial action we recently analyzed symptom development induced by 22 different *V. longisporum* and 43 *V. dahliae* strains on *Arabidopsis thaliana* ecotype Col-0 (Thole et al., unpublished). Interestingly, we identified three *V. dahliae* strains that phenocopy the disease symptoms typically associated with *V. longisporum* infection. On the other hand, we found several *V. dahliae* strains which induce strong wilting phenotypes and lateral branching, but lack the capacity to induce developmental reprogramming of vascular tissues. Comparative genomic sequence analyses of these haploid *V. dahliae* strains will be conducted in order to identify and functionally characterize effector molecule candidates underlying the distinct infection symptoms.

## PLASMA AS A POSTHARVEST TREATMENT AGAINST MONILIA SPP. ON PLUM

Wimmer, Julia<sup>1</sup>, Scheer, Christian<sup>1</sup>, Schulz, Andreas<sup>3</sup>, Vögele, Ralf<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Kompetenzzentrum Obstbau-Bodensee, Bereich Pflanzenschutz, Schuhmacherhof 6, 88213 Ravensburg

<sup>3</sup>Universität Stuttgart, Institut für Grenzflächenverfahrenstechnik und Plasmatechnologie, Pfaffenwaldring 31, 70569 Stuttgart

<sup>4</sup>Universität Hohenheim, Institut für Phytomedizin, Fachgebiet Pflanzenschutz, Otto-Sander-Str. 5, 70599 Stuttgart

Contact: julia.wimmer@kob-bavendorf.de

The genus *Monilia spp.* causes brown rot as well as blossom and twig blight of stone and pome fruits. In Europe mainly *Monilia laxa* and *Monilia fructigena* are present. During the past couple of years, however, detections of the more aggressive species *Monilia fructicola* have increased. Usually, infections of ripening fruits can be kept low by appropriate phytosanitary measures. However, in recent years an increasing number of plums from southern Germany developed infection symptoms post harvest on their way to the consumer. As fungicide treatments are not permitted post harvest, it is important to develop alternative decontamination methods for the plums to reduce the fast decay of the fruits.

Cold plasma emerges as an alternative to steam or heat sterilization, irradiation and chemical techniques against microbial contamination in food production and medicine. As it operates at low temperatures, product quality is not affected by heat.

Plasma is generated when a gas is chemically activated by electricity or microwave sources. It consists of ions, electrons and radicals that can have a high decontaminating effect on microorganisms and biofilms. Human pathogens, such as *Escherichia*, *Salmonella* and *Listeria* species can already be inactivated in a time range of seconds. These effects are supported by UV irradiation that is released in the plasma stream by activated molecules falling back to their inactive state. Until recently cold plasmas could only be generated under vacuum. New technologies enable plasma formation under atmospheric pressure, thus allowing the treatment of fresh produce and easier industrial application.

To use the sterilizing effects of cold plasma for the development of an alternative plant protection application in pomiculture, we are trying to inactivate conidia and mycelia of *Monilia spp.* on plums. A preliminary trial was conducted with mycelia of *Monilia laxa* on PDA-plates, using three different Plasma sources to get a first impression on the efficiency of different plasma parameters. The variety of techniques in plasma induction offers a wide range of possibilities, thus requiring to define specific ones for every sort of microorganism and application. Cultures were inoculated 20 hours prior to plasma treatment and cultivated afterwards for five days at 22°C. Cultures were treated in triplicates for each plasma source. Mycelial area was measured using ImageJ software (Java). Arithmetic mean and standard deviation was calculated of the area measured for each replicate. Mycelial growth was significantly reduced by treatment with Microwave torch. Low pressure treatment and Arc Discharge tend to have a growth reducing effect but standard deviation was too high to be significant.

## FUNCTIONAL CHARACTERIZATION OF THE GERMIN-LIKE PROTEIN ATGLP5 IN ARABIDOPSIS THALIANA WITH REGARD TO ITS ROLE IN PLANT-PARASITE INTERACTIONS

Wonneberger, Ronja<sup>1</sup>, Rietz, Steffen<sup>1</sup>, Cai, Daguang<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Department of Molecular Phytopathology, Christian-Albrechts-University of Kiel, Hermann-Rodewald-Str. 9, D-24118 Kiel

Contact: r.wonneberger@phytomed.uni-kiel.de



Germin-like proteins (GLPs), encoded by gene families in a plethora of plant species, possess different molecular activities and some members have important functions in plant-parasite interactions. In this regard GLPs with superoxide dismutase (SOD) activity are particularly interesting as they generate H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>, a major reactive oxygen species involved in pathogen defence. Recently, we have identified a GLP gene family consisting of 14 members in rapeseed (*Brassica napus*) and demonstrated that BnGLP3 and BnGLP12 with SOD activity play a functional role in the rapeseed- *Sclerotinia sclerotiorum* interaction. The goal of this study is to explore the role of the BnGLP3 orthologue in *Arabidopsis thaliana*, AtGLP5, in the defence reaction against *S. sclerotiorum*. Results demonstrated that experiments with *glp5* Arabidopsis knockout mutants revealed increased susceptibility compared to wild-type plants. Moreover, higher molecular weight complexes of AtGLP5 possess SOD activity as demonstrated by transient expression of AtGLP5 in *Nicotiana benthamiana*. Cellular localization experiments with GFP fused to the C-terminal end of AtGLP5 showed that the protein is localized to the plasmalemma membrane. Experiments with GLP5-overexpressing Arabidopsis plants are in progress aiming at the exploration of a functional role of AtGLP5 in defence against necrotrophic *S. sclerotiorum* and the underlying mechanism as well.

## **ROLES OF APOPLASTIC PAPAIN-LIKE CYSTEINE PROTEASES IN DEFENSE RESPONSES OF ZEA MAYS**

Ziemann, Sebastian<sup>1</sup>, van der Linde, Karina<sup>1</sup>, Müller, André<sup>1</sup>, Kaschani, Farnusch<sup>2</sup>, van der Hoorn, Renier<sup>3</sup>, Döhlemann, Gunther<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Max Planck Institute for Terrestrial Microbiology, Department of Organismic Interactions, Karl-von-Frisch-Str. 10, D-35043 Marburg, Germany

<sup>2</sup>Center of medical biotechnology, University of Duisburg-Essen, 45117 Essen

<sup>3</sup>Max Planck Institute for Plant Breeding Research, D-50829 Cologne, Germany

Contact: sebastian.ziemann@mpi-marburg.mpg.de

Papain-like cysteine proteases play important roles in plant defense mechanisms. During the interaction of the biotrophic corn smut fungus *Ustilago maydis* with its host *Zea mays*, protease profiling revealed a significant inhibition of maize cysteine protease activity. *U. maydis* blocks the activation of salicylic acid (SA)-dependent defense genes by inducing the expression of the plant compatibility factor CC9 (corn cystatin 9). CC9 was shown to block SA-signaling by inhibition of apoplastic cysteine proteases (ACPs). In turn, activated ACPs induced SA-associated defense gene expression in naïve plants, demonstrating a crucial role of maize cysteine proteases in SA-dependent defense signaling. By using a mass spectrometry approach, a set of five ACPs (CP1A, CP1B, CP2, XCP2 and CatB) was identified.

Central questions from these findings are, (i) how the individual ACPs contribute to defense induction, (ii) which signals are released by their activity and (iii) what are the downstream signaling components leading to activation of defense. In addition, we are studying the root-to-shoot conservation of ACP-mediated signaling. Here we present a strategy to dissect the functions of ACPs in maize immunity and give an update on our recent progress.

## **BOTRYTIS FUNGICIDE RESISTANCE SITUATION IN STRAWBERRY FIELDS**

Düker, Andreas<sup>1</sup>

<sup>1</sup>TU Kaiserslautern, Fachbereich Biologie, Postfach 3049, 67653 Kaiserslautern

Contact: dueker@rhrk.uni-kl.de

Protection of small berry fruit crops against grey mould rot is difficult, requiring adjusted cultural practices and the use of fungicides. In Germany, strawberry fields are repeatedly

sprayed during flowering, imposing a high selection pressure on the grey mould population. A large scale resistance monitoring in soft fruit fields revealed high frequencies of resistance against all site-specific botryticides, including target resistance and efflux transporter-mediated multidrug resistance (MDR). Many fungal isolates possessed multiple fungicide resistances, and a stronger variant of the previously described MDR1 phenotype, called MDR1h, conferring increased partial resistance to cyprodinil and fludioxonil. All MDR1h isolates were found to belong to a novel taxonomic clade, called *Botrytis* group S, which is closely related to but distinct from *B. cinerea* (Leroch et al., 2013). *Botrytis* group S strains are widely distributed in soft fruit fields, but largely absent in German vineyards.

In the frame of a project funded by the Bundesamt für Landwirtschaft und Ernährung, we are planning to develop *Botrytis* anti-resistance management strategies, in order to conserve the plant protection efficiency of site-specific fungicides against grey mould in soft fruit production, and to reduce the use of chemicals to the necessary minimum.

We will present our recent data on the dynamics of fungal populations in fungicide-treated fields. The frequency of fungicide resistance clearly reflected the spraying programs used. Single fungicide treatments were sufficient to drastically increase fungicide resistance frequencies in strawberry fields. Fungicide resistant isolates were able to survive the winter season and were present in the fields already before spraying. Furthermore, significant shifts in the genetic structure of the populations in response to fungicide treatments were observed. Preliminary evidence indicate small- and large-scale spread of multi-resistant fungal isolates between distant strawberry fields.

References:

Leroch et al. (2013) *Appl Environ Microbiol* 79:159-167.

## **MONITORING THE INFECTION OF ROSES BY PERONOSPORA SPARSA**

Gomez, Sandra<sup>1</sup>, Oerke, Erich-Christian<sup>1</sup>, Dehne, Heinz-Wilhelm<sup>1</sup>, Steiner, Ulrike<sup>1</sup>

<sup>1</sup>*Universität Bonn, INRES Phytomedizin, Nussallee 9, D-53115 Bonn, Germany*

Contact: [sgomez@uni-bonn.de](mailto:sgomez@uni-bonn.de)

The oomycete *Peronospora sparsa* causing downy mildew in roses is considered nowadays one of the most important diseases in cut roses under glass in the tropics. Due to its relevance in crop protection programs in rose production additional information about the development of the infection is still necessary especially since systemic infections for other downy mildew have been reported. This is a crucial element to improve control strategies, mainly timely fungicides applications. The purpose of this study was to investigate the development and spread of the pathogen in the plant from different approaches under controlled conditions. The infection was followed macro and microscopically, and by thermography after localized inoculation. Symptoms of the disease began at the inoculation site and spread to neighboring areas. Inside the tissue, structures and ultrastructures of the pathogen were observed in inoculated and non-inoculated organs of the plant. On the other hand by thermography it was possible to detect the infection of the pathogen before it was visually observed and changes in leaf temperature could be related with the colonization of the plant tissue by the pathogen.

Key words: Oomycetes, downy mildew, microscopy, histology, thermography.

## **SPECTRAL SENSORS FOR THE DETECTION OF PLANT DISEASES**

Mahlein, Anne-Katrin<sup>1</sup>, Dehne, Heinz-Wilhelm<sup>1</sup>, Steiner, Ulrike<sup>1</sup>, Oerke, Erich-Christian<sup>1</sup>

<sup>1</sup>*Universität Bonn, INRES-Phytomedizin, Nussallee 9, 53115 Bonn, Deutschland*

Contact: [amahlein@uni-bonn.de](mailto:amahlein@uni-bonn.de)

Hyperspectral imaging is a promising method for a precise, reproducible and objective estimate of plant diseases for precision crop protection or for the selection of disease resistant genotypes in plant breeding. Reliable and accurate assessments of plant diseases are further important for the prediction of yield losses, and for monitoring and forecasting epidemics. Different kinds of optical sensors can substitute visual disease assessment by human experts or destructive analytical or molecular methods.

Both, changes in the biochemical composition of symptomatic leaf areas as well as changes in the leaf structure influence spectral reflectance of plants in characteristic ways. Subtle host-pathogen interactions can be measured with high spatial and temporal accuracy by assessing the spectral reflectance of plants in the visible range (VIS), in the near infrared (NIR) and in the shortwave infrared (SWIR). However, characteristic for optical sensor systems, especially of hyperspectral systems, is the recording of large amounts of data points of plants. Since large amounts of data also imply enormous file sizes and computing times, the analysis of hyperspectral data is a complex domain, and different approaches can be used to obtain satisfactory results.

This contribution aims to provide a survey on current spectral sensor technologies and their prospects and limitations for the detection and identification of plant diseases. The impact of pathogens on optical properties will be emphasized and the key aspects of an efficient interpretation of hyperspectral data will be discussed. It is assumed, that hyperspectral sensing in combination with powerful data analysis methods will be of essential support for integrated pest management strategies and for understanding fundamental processes during pathogenesis.

# VIRUSKRANKHEITEN DER PFLANZEN

PROGRAMM UND TEILNEHMERLISTE DES 45. JAHRESTREFFENS DES DPG-ARBEITSKREISES  
 "VIRUSKRANKHEITEN DER PFLANZEN"  
 AM 14. + 15. OKTOBER 2013

*Großer Sitzungssaal des Julius Kühn-Instituts (JKI), Messeweg 11/12, 38104 Braunschweig*

Montag, 14. Oktober 2013	
13:00 – 13:20	Anreise und Tagungsanmeldung im Vorraum des Großen Sitzungssaals des Julius Kühn Instituts (JKI), Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Messeweg 11/12, <b>38104 Braunschweig</b>
13:20 – 13:30	Frank Rabenstein & Tatjana Kleinow: Begrüßung u. organisatorische Bekanntmachungen
<b>13:30 – 15:30</b>	<b>Sektion I: Moderation Stephan Winter</b>
13:30 – 13:50	<b>Deep Sequencing of double-stranded RNA as a tool to assess the presence of unknown RNA viruses in plants</b> <i>Till Lesker &amp; Edgar Maiß</i>
13:50 – 14:10	<b>Next generation sequencing as a tool for diagnosis and investigation of (viral) diseases of pome-fruits</b> <i>Vladimir Jakovljevic &amp; Wilhelm Jelkmann</i>
14:10 – 14:50	Einführungsvortrag <b>RNA silencing als Mechanismus der Abwehr gegen Pflanzenviren (TGS und PGTS)</b> <i>Michael Wassenegger</i>
14:50 – 15:10	<b>Primers with modified sequences for the differential detection of Andean potato latent and Andean potato mild mosaic viruses in quarantine tests</b> <i>Heiko Ziebell &amp; Renate Koenig</i>
15:10 – 15:30	<b>Yam bean mosaic virus - characterisation and impact</b> <i>Heiko Ziebell, Bettina Heider &amp; Jan Kreuze</i>
<b>15:30 – 15:50</b>	<b>KAFFEE-/TEEPAUSE</b>
<b>15:50 – 16:50</b>	<b>Sektion II: Moderation Mark Varrelmann</b>
15:50 – 16:10	<b>Die Diversität des Dasheen mosaic virus in Aronstabgewächsen und Entwicklung einer zuverlässigen Diagnostik zur Gewährleistung von virusfreiem Zuchtmaterial</b> <i>Marion Liebrecht; Kamala Ajith; Makesh Kumar Tangaraju &amp; Stephan Winter</i>
16:10 – 16:30	<b>Development of a detection method for Cucumber mosaic virus using the Luminex xTAG® Technology</b> <i>Niklas Bald, Jan Bergervoet &amp; Edgar Maiß</i>
16:30 – 16:50	<b>Detection of Tobacco mosaic virus (TMV) with antibody mimics derived from a phage library</b> <i>Dominik Klinkenbuß &amp; Edgar Maiß</i>
<b>16:50 – 17:20</b>	<b>KAFFEE-/TEEPAUSE mit Präsentation der Poster im Vestibül</b>
<b>17:20 – 17:45</b>	<b>Sektion III: Rubrik "Aus der Praxis, für die Praxis" Moderation Frank Rabenstein</b>
17:20 – 17:25	<b>Nachweis von Apfeltriebsucht aus Wurzeln infizierter Apfelbäume</b> <i>Volker Zahn</i>
17:25 – 17:45	<b>Neue Viren an Getreidekulturen in Deutschland</b> <i>Frank Rabenstein</i>
17:45 – 18:00	<b>Allgemeines</b>
<b>ab 18:30</b>	<b>Abendessen und Gemütliches Beisammensein im Restaurant „Grüner Jäger“</b>



Dienstag, 15. Oktober 2013	
09:00 – 10:20	<b>Sektion IV: Moderation Carmen Büttner</b>
09:00 – 09:40	Einführungsvortrag <b>Viruskrankheiten der Zuckerrübe – aktuelle Entwicklungen der Forschung und Bekämpfung</b> <i>Mark Varrelmann</i>
09:40 – 10:00	<b>Characterization of the influence of Beet soil-borne mosaic virus on the aggressiveness of Beet necrotic yellow vein virus in sugarbeet</b> <i>Kathrin Borneman, Mark Varrelmann &amp; Melvin Bolton</i>
10:00 – 10:20	<b>Molekulare Analyse von Kürbisgewächspflanzen auf eine mögliche Polerovirus Infektion zeigt das Vorhandensein von mindestens sechs unabhängigen Polerovirus Spezies</b> <i>Dennis Knierim, Edgar Maiss &amp; Lawrence Kenyon</i>
10:20 – 11:20	<b>KAFFEE-/TEEPAUSE und Präsentation der Poster im Vestibül</b>
11:20 – 12:20	<b>Sektion V: Moderation Edgar Maiß</b>
11:20 – 11:40	<b>Identifizierung von Wirtskomponenten bei der Replikation von Geminiviren in <i>Arabidopsis thaliana</i></b> <i>Kathrin Richter &amp; Holger Jeske</i>
11:40 – 12:00	<b>Phosphorylation of the begomovirus movement protein affects host range, symptom development, and viral DNA accumulation</b> <i>Tatjana Kleinow, Gabi Kepp, Marc Nischang, Sigrid Kober, Fariha Tanwir, Werner Preis, Monika Stein, Alexander Beck, Holger Jeske &amp; Christina Wege</i>
12:00 – 12:20	<b>Allgemeines und Abschlussdiskussion</b> Frank Rabenstein & Tatjana Kleinow
anschließend	<b>Tagungsende</b>

## Abstracts Vorträge

### Einführungsvortrag: **RNA silencing als Mechanismus der Abwehr gegen Pflanzenviren (TGS und PGTS)**

*Michael Wassenegger*

AgroScience GmbH, AlPlanta-Institute for Plant Research, Epigenetics, Breitenweg 71, 67435 Neustadt-Mußbach

### **Deep Sequencing of double-stranded RNA as a tool to assess the presence of unknown RNA viruses in plants**

*Till Lesker & Edgar Maiß*

Institute of Horticultural Production Systems - Dept. Phytomedicine, Leibniz Universität Hannover, Herrenhäuser Str. 2, D-30419 Hannover, Germany

Most plant infecting viruses use single-stranded RNA as their genome and generate double-stranded RNA (dsRNA) during replication. Moreover, a number of cultivars are known to contain high-molecular-weight dsRNA, for which a viral nature has been suggested, but without showing any symptoms. These dsRNAs are normally not found as part of ordinary plant cells. DsRNA can be purified from plant material by its ability of binding to cellulose in the presence of an appropriate concentration of ethanol. This offers an easy way for RNA-virus screening in plants without previous knowledge about the virus. However, additional and laborious work like RT-PCR, cloning and sequence determination of viruses is necessary for a complete characterization of the virus(es). Moreover the amount of dsRNA can vary between different viruses and might be even too low for the detection in electrophoresis. High throughput sequencing technologies can help to circumvent these difficulties by omitting time-consuming manual sequencing analyses. In addition it enables the detection of lowest target amounts even in mixed infections.

DsRNA purifications obtain usually only very low contaminations with plant nucleic acids and single-stranded viral RNAs. Therefore, dsRNA purification in combination with deep sequencing analyses can be used on the one hand for a full sequence determination of viruses and allows on the other hand a pooling of many samples without losing a high detection sensitivity.

In a recent study we combined dsRNA samples from white clover, red clover, hop trefoil and dill for a cost effective benchtop sequencing technology to detect latent and cryptic virus infections. Analyses of deep sequencing data revealed recently described cryptic viruses (Lesker et al., 2013) but also a couple of putative and so far unknown viral sequences. The power and possibilities but also the limitations of our approach will be discussed.

Reference:

Lesker, T.; Rabenstein, F.; Maiss, E. (2013): Molecular characterization of five betacryptoviruses infecting four clover species and dill. *Archives of Virology* **158**, 1943-1952.

### **Next generation sequencing as a tool for diagnosis and investigation of (viral) diseases of pome-fruits**

*Vladimir Jakovljevic & Wilhelm Jelkmann*

JKI, Pflanzenschutz im Obst- und Weinbau, Schwabenheimer Straße 101, 69221 Dossenheim

During last several years next generation sequencing (NGS) has been widely used as a powerful method for sequencing whole genomes and transcriptomes. However application of NGS in plant pathology, in particular plant virology is in comparison to the other fields of research (e.g. metagenomics, animal and clinical research etc.) still relatively underrepresented. Here we describe use of NGS for diagnosis and investigation of pome-fruit diseases. Examples include latent viruses of apples and pears and apple rubbery wood (ARW), a disease with unknown etiology.

### **Primers with modified sequences for the differential detection of Andean potato latent and Andean potato mild mosaic viruses in quarantine tests**

*Heiko Ziebell & Renate Koenig*

JKI, Institut für Epidemiologie und Pathogendiagnostik, Messeweg 11, D3804 Braunschweig

Andean potato latent virus (APLV) is a Tymovirus which was first described by Gibbs et al. in 1966. It is widely spread in the Andean region and is a regulated pest in the European Union. In a joint study performed by scientists of the International Potato Center (CIP) in Lima and of the earlier Biologische Bundesanstalt we had found in the late 70ies that various isolates differ greatly in their serological and pathogenic properties (Koenig et al., *Phytopathology* 69: 748, 1979). The work in Braunschweig had been enabled by a grant of the Deutsche Forschungsgemeinschaft. The cooperation between scientists from CIP and JKI has recently been revived on the basis of molecular studies. In Lima, 'Deep sequencing' was used to determine the complete sequence of two serologically rather distinct isolates (Col and Hu). In Braunschweig the coat protein gene sequences of twelve isolates were determined. These studies revealed that the genus APLV should be subdivided into two genera, i.e. APLV and Andean potato mottle virus (APMMV) which share less than 57 % coat protein amino acid sequence identity (Kreuze et al., *Virus Research* 173:431, 2013). To enable the differential RT PCR detection of APLV and APMMV strains in quarantine tests, broad specificity antisense primers are needed for the production of cDNAs for the wide range of strains of the two viruses which may be present in infected material. The sense primers to be used should also show in most parts of their sequences a broad specificity to allow their binding to a wide range of APLV or APMMV cDNAs, respectively. The 3' ends of such primers should, however, be highly specific for nucleotides which are found in the respective position either exclusively in all APLV sequences, but in none of the APMMV sequences or vice versa. On the basis of the sequence information available so far, we have developed a PCR system which allows the separate detection of APLV and APMMV strains on the basis of primers which due to A->C or T->C exchanges in their 3' terminal parts have a greatly increased differentiating power.

### Yam bean mosaic virus - characterisation and impact

Heiko Ziebell<sup>1</sup>, Bettina Heider<sup>2</sup> & Jan Kreuze<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Julius Kühn-Institut, Institut für Epidemiologie und Pathogendiagnostik, Messeweg 11-12, 38106 Braunschweig, Deutschland

<sup>2</sup>International Potato Centre, Global Program Genetic Resources, Av La Molina 1895, La Molina, Lima, Peru

<sup>3</sup>International Potato Centre, Virology and Quarantine Units, Av La Molina 1895, La Molina, Lima, Peru

Towards the end 2010, viral disease symptoms (mosaic with or without leaf deformation) were observed in a yam bean (*Pachyrhizus* sp.) field trial in San Ramon, Junín, Peru. Small interfering RNA (siRNA) sequencing and assembly was performed on a sample showing severe mosaic and leaf deformation and the full genome sequence of a virus could be assembled. Based on molecular analysis (amino-acid and nucleotide sequence identity) it was confirmed to be a potyvirus, however clearly distinct from several bean viruses, including BCMV to which it is most closely related. We have designated this virus as yam bean mosaic virus-isolate SR (YBMV-SR). The sequence of YBMV-SR was highly similar to a partial potyvirus sequence (accession number AB289438) reported from yam bean in Indonesia (Damayanti *et al.* 2008) suggesting this virus might have a world-wide distribution. Aim of this joint project of JKI (Germany) and CIP (Peru) is the development of cheap and rapid detection methods specific to YBMV as well as investigations on host range, seed transmission studies and impact of YBMV-infection on yield.

### Die Diversität des Dasheen mosaic virus in Aronstabgewächsen und Entwicklung einer zuverlässigen Diagnostik zur Gewährleistung von virusfreiem Zuchtmaterial

Marion Liebrecht; Kamala Ajith; Makesh Kumar Tangaraju & Stephan Winter

<sup>1</sup>Leibniz-Institut DSMZ, Abteilung Pflanzenviren, Inhoffenstraße 7B, 38124 Braunschweig, Germany

<sup>2</sup>Central Tuber Crops Research Institute, India

Im Rahmen des International Network of Edible Aroids (INEA) Projektes "Adapting Clonally Propagated Crops to Climatic and Commercial Change" werden Pflanzenviren in Taro und anderen essbaren Aronstabgewächsen untersucht, da ein Virusbefall von Zuchtmaterial gravierende Auswirkungen auf den internationalen Austausch von Keimplasma zur Folge hat. *Dasheen mosaic virus* (DsMV) ist der bedeutendste virale Erreger in Aronstabgewächsen. Dieses Potyvirus ist in fast allen Anbaugebieten von Taro und Cocoyam verbreitet. DsMV infizierte Pflanzen weisen eine Vielfalt von schwachen bis starken Symptomen auf, was auf eine hohe Diversität und/oder das Vorkommen von Mischinfektionen hinweist. In unserer Untersuchung der genetischen Diversität von DsMV aus verschiedenen führenden Anbauregionen dieser Welt, wurden Gesamtgenome von zwei DsMV Isolaten aus Taro (*Colocasia esculenta*) und Amorphophallus (*Amorphophallus* ssp.) sequenziert. Darüber hinaus ergab der Vergleich der 3'-terminalen Region des ssRNA Genoms von einer beträchtlichen Anzahl an Virusisolaten, dass die genetische Diversität der Viren eine zuverlässige Diagnostik für DsMV behindert. Zur Detektion von Viren wurden Antisera auf Basis von rekombinant exprimiertem Hüllprotein von zwei DsMV Isolaten produziert und infolgedessen DAS-ELISA Tests zur Untersuchung von pflanzlichem Material auf eine Infektion mit DsMV entwickelt. Zusätzlich wurden aufgrund des Sequenzvergleichs Primer in konservierten Bereichen des DsMV Hüllproteins erstellt um ein RT-PCR Protokoll zur Detektion des Virus zu entwickeln. Beide diagnostischen Verfahren (DAS-ELISA und RT-PCR) wurden in unseren Laboren gemäß den EPPO Standards zur Detektion von Viren in pflanzlichem Material validiert und ein Standardverfahren zur Erkennung von DsMV Infektionen in Aronstabgewächsen entwickelt.

### Development of a detection method for Cucumber mosaic virus using the Luminex xTAG® Technology

Niklas Bald<sup>1</sup>, Jan Bergervoet<sup>2</sup> & Edgar Maib<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Leibniz Universität Hannover, Institut für Gartenbauliche Produktionssysteme, Abteilung Phytomedizin, Herrenhäuser Straße 2, 30419 Hannover, Deutschland

<sup>2</sup>Wageningen UR, Plant Research International, Biointeractions and Plant Health, Droevendaalsesteeg 1, 6708PB Wageningen, Netherlands

A nucleic acid based test for the detection of the economically important plant virus *Cucumber mosaic virus* (CMV) based on the Luminex xTAG® Technology was developed. This technology has the advantage of allowing the simultaneous detection of various targets. Viral RNA is transcribed into DNA and then PCR-amplified (preamplification). In a 2<sup>nd</sup> round of PCR (target specific primer extension or TSPE) biotinylated dCTP is integrated into the DNA together with the other nucleotides and specific TSPE primers are used that have tags consisting of 24 nucleotides added to their 5'-ends. These tags are complementary to anti-tags which are attached to the surface of the MagPlex-TAG™ Microspheres. There are different sets of polystyrene microspheres or beads, each filled with a spectrally distinct dye and a corresponding anti-tag. The amplified target DNA will hybridize to a distinct microsphere through a tag to anti-tag interaction. Streptavidin-R-phycoerythrin, a reporter protein, binds to the incorporated biotin of the DNA. Experimental analysis will proceed in a manner similar to flow cytometry. In the analyzing instrument a red laser will excite the bead dye and a green laser will stimulate the streptavidin-R-phycoerythrin. The detected fluorescences of both the bead dye and the reporter protein are proof for the presence of the target virus nucleic acids.

Using this technology we tested for the presence of CMV in general and started to differentiate between its two subgroups (I and II) for which significant differences concerning severity of symptoms, virulence and geographic distribution have been reported. Generic TSPE primers were designed which led to the detection of all 30 CMV isolates obtained from the DSMZ in inoculated plants. Subgroup specific TSPE primers for either CMV subgroup I or II were also created but still need to be tested. Nevertheless, classification of the 30 CMV isolates to either subgroup I or II was confirmed by an ELISA using specific antibodies. Eighteen isolates were allocated to subgroup I, 10 isolates were classified into subgroup II and two isolates could not be filed into either subgroup.

This work is part of a project which aims to develop a test for the simultaneous detection of various (viral, bacterial and fungal) plant pathogens in plant material. It is funded by the EU INTERREG program Gezonde Kas.

### Detection of Tobacco mosaic virus (TMV) with antibody mimics derived from a phage library

Dominik Klinkenbuß & Edgar Maiß

Leibniz Universität Hannover, IGPS, Herrenhäuser Straße 2, 30419 Hannover, Deutschland

Worldwide, *Tobacco mosaic virus* (TMV) is known as a serious pathogen causing diseases in more than 200 plant species (Scholthof, 2004). TMV has a rod-like appearance with a modal length of 300-310 nm. The genome consists of a linear positive sense single-stranded RNA with a size of 6.3-6.6 kb, which is translated mainly into three proteins, namely RNA-dependent RNA polymerase, movement and coat protein (CP). According to the physical and molecular parameters TMV belongs to the genus *Tobamovirus*. For detection of TMV serological methods, e.g. enzyme-linked immune assay (ELISA) are routinely used.

Beside several advantages (robustness, relatively simple handling and suitability for mass testing) ELISA procedures depend on finite resources since required antibodies for the test procedure have to be produced and validated consistently. To overcome this disadvantage, protein molecules binding to TMV target proteins, especially the CP, are created and used instead of common antibodies (Petrenko & Vodyanoy, 2003).

The aim of this study was the production of “antibody mimics” directed towards plant viruses derived from a phage library. This phage library consists of millions of different phages, whereby each phage displays an artificial and unique peptide on its surface. In a screening procedure called “Biopanning” phages are selected binding tightly to target molecules, i.e. TMV CP. Here, the pannings with the commercially available phage libraries Ph.D.<sup>TM</sup>-12 and Ph.D.<sup>TM</sup>-C7C were carried out against purified TMV. After three rounds of biopanning, several phages were selected and tested in a “Phage-ELISA” with purified TMV and TMV infected plant material.

Some phages showed a significant interaction with the purified TMV target in a “Phage-ELISA”, revealing high readings within a few minutes, whereas phages without the specific 12 amino acid motif failed in detection of TMV. On the other hand almost every selected phage clone showed an interaction with healthy plant material.

After application of a short protocol for crude purification of plant viruses (Dr. Rene van der Vlugt, PRI of Wageningen; pers. comm.) phage clones were able to distinguish between infected and healthy plant material. To analyse if the ELISA-signal can be enhanced, the specific amino acid sequence was also used in another fusion protein construct (fibronectin type III domain (10Fn3)). Overall, the results indicate that antibody mimics based on phages can be a valuable tool to supplement and improve ELISAs for detection of plant viruses.

References:

Petrenko, V. A. & V. J. Vodyanoy (2003): Phage display for detection of biological threat agents. *J. Microbiol Methods* **53**: 253-262.

Scholthof, K. B. (2004): Tobacco mosaic virus: a model system for plant biology. *Annun. Rev. Phytopathol.* **42**: 13-34.

Einführungsvortrag: **Viruskrankheiten der Zuckerrübe – aktuelle Entwicklungen der Forschung und Bekämpfung**

*Mark Varrelmann*

Institut für Zuckerrübenforschung, Holtenser Landstr. 77, 37079 Göttingen

### Characterization of the influence of Beet soil-borne mosaic virus on the aggressiveness of Beet necrotic yellow vein virus in sugarbeet

Kathrin Borneman<sup>1</sup>, Mark Varrelmann<sup>2</sup> & Melvin Bolton<sup>3</sup>

<sup>1</sup>North Dakota State University, Department of Plant Pathology, 306 Walster Hall, Fargo, ND, 58102, USA

<sup>2</sup>Institut fuer Zuckerruebenforschung, Holtenser Landstr. 77, 37079 Goettingen

<sup>3</sup>USDA Agricultural Research Service, Northern Crop Science Laboratory, 1605 Albrecht Blvd., Fargo, ND, 58102, US

*Beet necrotic yellow vein virus* (BNYVV) strains with different levels of aggressiveness have spread to sugarbeet growing areas worldwide. As the *Rz1* resistance gene has been used in most of the commercial varieties since its identification, it had to be anticipated that resistance breaking variants would be selected. In the US and Europe, resistance breaking properties of some BNYVV strains causing high yield losses have been observed. The objective of the study was to identify the influence of (i) the sugarbeet genotype, and (ii) *Beet soil-borne mosaic virus* (BSBMV) on the aggressiveness of BNYVV strains. Both viruses are vectored by the plasmodiophoromycete *Polymyxa betae* and occur in mixed infections in the field. Competition experiments with different BNYVV strains from Europe (Germany, France and Italy), and the US were performed under standardized greenhouse conditions. Infected roots of different sugarbeet genotypes (susceptible and resistant) were analyzed after five weeks of cultivation to determine virus titer (ELISA), and amino acid composition by means of “deep sequencing” of the viral pathogenicity factor. In a second experiment, the same BNYVV strains and the same sugarbeet genotypes were used in mixed infections with BSBMV. Additionally, another experimental approach was chosen to compare the aggressiveness of resistance breaking and wild type BNYVV strains in single and mixed infections with BSBMV. Therefore, the same vector population was loaded with both viruses, which also showed that the ability to overcome resistance was independent of the vector population. The results of the first experiment showed that, depending on the sugar beet genotype, certain amino acids of the viral pathogenicity factor, which determine the resistance breaking properties of the virus strain, occur with a higher frequency. In *Rz1* plants, the resistance breaking variants out-competed the wild type variants, and mostly vice versa in susceptible plants, demonstrating a relative fitness penalty of resistance breaking mutations. The strong genotype effect supports the hypothesized *Rz1* resistance breaking strain selection with four RNAs suggesting a certain tetrad needs to become dominant in a population to influence its properties. Tetrad selection was not observed when a resistance breaking strain, with an additional P26 protein encoded by a fifth RNA, competed with a wild type strain supporting its role as second pathogenicity factor and suggesting reassortment of both types. At harvest, typical virus symptoms were observed in mixed infections with BNYVV and BSBMV. Further analysis remains to be done.



## Molekulare Analyse von Kürbisgewächspflanzen auf eine mögliche Polerovirus Infektion zeigt das Vorhandensein von mindestens sechs unabhängigen Polerovirus Spezies

Dennis Knierim<sup>1</sup>, Edgar Maiss<sup>2</sup> & Lawrence Kenyon<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Leibniz-Institut DSMZ, Abteilung Pflanzenviren, Inhoffenstraße 7 B, 38124 Braunschweig, Germany

<sup>2</sup>Leibniz University Hannover, Abteilung Phytomedizin, Herrenhäuser Strasse 2, 30419 Hannover, Germany

<sup>3</sup>AVRDC - The World Vegetable Center, Plant Virology, PO Box 42, Shanhua, Tainan 74199, Taiwan

Bei der Analyse von 66 Kürbisgewächspflanzen mit Vergilbungs-Symptomen von Feldern aus den Ländern Mali, den Philippinen, Thailand und Usbekistan konnte bei 21 von ihnen eine Polerovirus Infektion festgestellt werden. Der Nachweis erfolgte mit Hilfe der Reverse Transkriptase-Polymerase-Kettenreaktion (RT-PCR) mit generellen Polerovirus Primern. Diese 21 positiven Proben wurden mit spezifischen Primer weiter analysiert auf die bekannten Kürbispflanzen infizierenden Polerovirus Spezies *Cucurbit aphid-borne yellows virus* (CABYV), *Melon aphid-borne yellows virus* (MABYV) und *Suaeda aphid-borne yellows virus* (SABYV). In einen weiteren Schritt wurden wiederum die CABYV positiven Proben analysiert auf das Vorhandensein des gewöhnlichen „common“ (CABYV-C) oder des rekombinanten (CABYV-R) CABYV Stammes. Es konnte zum ersten Mal das SABYV und CABYV-R für die Länder Thailand und die Philippinen nachgewiesen werden. In sieben der als Polerovirus positiv identifizierten Proben konnte keines der drei oben genannten Polerovirus Spezies nachgewiesen werden, woraufhin für diese Proben ein generelles Polerovirus RT-PCR Produkt von 1.4 kb Länge amplifiziert und sequenziert wurde. Es konnten zwei zuvor nicht beschriebenen Polerovirus Spezies identifiziert werden. Die identifizierte Polerovirus Spezies aus Mali wurde vorläufig als *Pepo aphid-borne yellows virus* (PABYV) und die Spezies aus Thailand *Luffa aphid-borne yellows virus* (LABYV) beschrieben. Für beide neuen Spezies wurden spezifische RT-PCR Nachweisprotokolle entwickelt. Zudem konnte keine Übereinstimmung mit der vor kurzem veröffentlichten Sequenz des *Cucumber aphid-borne yellows virus* (CuABYV) festgestellt werden.

## Identifizierung von Wirtskomponenten bei der Replikation von Geminiviren in *Arabidopsis thaliana*

Kathrin Richter & Holger Jeske

Universität Stuttgart, Biologisches Institut, Abteilung Molekularbiologie u. Virologie der Pflanzen, Pfaffenwaldring 57, 70550 Stuttgart

Geminiviren sind Phytopathogene, die wichtige Nutzpflanzen weltweit infizieren. Sie bestehen aus zirkulärer Einzelstrang-DNA (*single-stranded*, ssDNA), die in Zwillingkapside aus zwei unvollständigen Icosaedern verpackt wird. Der erste Schritt zur Vermehrung der viralen DNA innerhalb des Zellkerns der Wirtspflanze ist die Komplementärstrangsynthese (*complementary strand replication*, CSR), wobei die ssDNA zum Doppelstrang (dsDNA) aufgefüllt wird. Die dsDNA wird in Nukleosomen verpackt und liegt in diesen Minichromosomen als kovalent geschlossen, zirkuläres Molekül vor (*covalently closed circular*, cccDNA). Dieses dient als Template für die weitere Replikation über *rolling circle replication* (RCR) und Rekombinationsabhängige Replikation (*recombination-dependent replication*, RDR). Geminiviren sind vollkommen abhängig von Wirts-DNA Polymerasen und anderen DNA-modifizierenden Enzymen für ihre Replikation, da sie für keine eigene DNA Polymerase kodieren. Ziel unserer Arbeit ist es, die von der Wirtspflanze genutzten Enzyme zur viralen DNA-Synthese und -Modifikation zu identifizieren. Hierfür werden *Arabidopsis thaliana* knock-out Linien verwendet, denen einzelne Komponenten der somatisch homologen Rekombinations- oder Reparaturmaschinerie fehlen. Nach Inokulation mit den *Arabidopsis*-infizierenden Geminiviren EuMV (*Euphorbia mosaic virus*) und CLCrV (*Cleome leaf crumple virus*) wird der Infektionsverlauf durch das Vorhandensein der verschiedenen viralen DNA-Intermediate analysiert. Durch den Vergleich mit Wildtyp-Pflanzen können Rückschlüsse auf die Rolle der jeweiligen Wirtsenzyme bei der Virusreplikation gezogen werden.

## Phosphorylation of the begomovirus movement protein affects host range, symptom development, and viral DNA accumulation

Tatjana Kleinow, Gabi Kepp, Marc Nischang, Sigrid Kober, Fariha Tanwir, Werner Preis, Monika Stein, Alexander Beck<sup>2</sup>, Holger Jeske & Christina Wege

<sup>1</sup>Universität Stuttgart, Institute of Biology, Molecular Biology and Plant Virology, Pfaffenwaldring 57, 70550 Stuttgart, Germany

<sup>2</sup>PANATecs GmbH, Vor dem Kreuzberg 17, 72070 Tübingen, Germany

The DNA-B component of bipartite begomoviruses (family *Geminiviridae*) encodes for a nuclear shuttle protein (NSP) and a movement protein (MP), which enable systemic spread within host plants and affect pathogenicity. The MPs mediate multiple functions during intra- and intercellular trafficking, such as binding of viral nucleoprotein complexes, targeting to and modification of plasmodesmata and release of the cargo after cell-to-cell transfer is completed.

A phosphorylation of *Abutilon* mosaic virus (AbMV) MP was shown for bacteria-, yeast- and *Nicotiana benthamiana*-derived protein [1, 2]. Mass spectrometry analyses of yeast-expressed MP identified three phosphorylation sites (Thr-221, Ser-223 and Ser-250) located in the C-terminal oligomerization domain [1, 3]. To assess their functional relevance for the viral life cycle within plants, several point mutations were introduced into the MP gene of AbMV DNA-B, which lead to an exchange of Thr-221, Ser-223, and Ser-250, either singly or in various combinations, with either an uncharged alanine or a phosphorylation-mimicking aspartate residue [1]. When co-inoculated with a wild-type DNA-A, all mutated DNA-B variants give rise to a systemic infection in *N. benthamiana*. However, some mutations in MP abolished an AbMV-infection in other plant species of the families *Solanaceae* and *Malvaceae*. In systemically infected plants, symptoms and/or viral DNA accumulation were significantly altered for several of the tested DNA-Bs encoding MP mutants. The identification of three phosphorylation sites in AbMV MP, which have an impact on host range, symptom development, and/or viral DNA accumulation, indicates a regulation of the diverse MP functions by plant-derived posttranslational modification and underscores their importance for geminivirus/host plant interaction.

References: [1] T. Kleinow, M. Nischang, A. Beck, U. Kratzer, F. Tanwir, W. Preis, G. Kepp, H. Jeske (2009): *Virology* **390**: 89.

[2] T. Kleinow, G. Holeiter, M. Nischang, M. Stein, M. Karayavuz, C. Wege, H. Jeske (2008). *Virus Research* **131**: 86.

[3] B. Krenz, V. Windeisen, C. Wege, H. Jeske, T. Kleinow (2010). *Virology*: **401**, 6.

## Beiträge zur Rubrik "Aus der Praxis, für die Praxis"

### Nachweis von Apfeltriebsucht aus Wurzeln infizierter Apfelbäume

Volker Zahn

Pflanzenschutzamt der Landwirtschaftskammer Niedersachsen, Wunstorfer Landstr. 9, 30453 Hannover

Apfeltriebsucht wird aufgrund der sich ändernden Klimabedingungen auch für nördliche Gebiete eine immer größere Herausforderung. Bei Untersuchungen an Wurzelstücken von infizierten Apfelpflanzen stellten wir fest, dass entgegen der bisher vertretenen Meinung, der Erreger nicht homogen in allen Wurzeln und sogar innerhalb einer Wurzel nicht homogen verteilt ist. Dies hat enorme Auswirkungen auf die Nachweisbarkeit von Apfeltriebsucht. Gibt es dazu von anderen Untersuchungsstellen ähnliche Ergebnisse?

### Neue Viren an Getreidekulturen in Deutschland

Frank Rabenstein

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

Infolge des Klimawandels und den global steigenden Austausch von Saatgut und Pflanzen ist auch in Deutschland mit dem Auftreten neuer, bisher hier wirtschaftlich nicht relevanter Viren zu rechnen. Hinzu kommt, dass die Erschließung neuer Absatzmärkte in Osteuropa durch deutsche Züchtungsfirmen zu unerwarteten phytopathologischen Problemen führen kann. In diesen Regionen sind meist andere Viren und Vektoren vorhanden, gegen die hier gezüchteten Sorten weniger tolerant bzw. nicht resistent sind.

An Getreidekulturen sind bei uns insbesondere die durch Insekten übertragenen Viren des Barley yellow dwarf- bzw. Wheat dwarf- Komplexes von Bedeutung sind. Neben den an Weizen, Triticale und Roggen auftretenden bodenbürtigen Viren sind vor allem die Gelbmosaikviren der Wintergerste wirtschaftlich relevant. In 2013 wurden zwei weitere Viren an Getreide in D entdeckt. Dies sind zum einen das an vielen Gräsern vorkommende Trespenmosaik-Virus (*Brome mosaic virus*, BMV), das bisher als wirtschaftlich wenig bedeutend angesehen wird sowie das Weizenstrichelmosaik-Virus (*Wheat streak mosaic virus*, WSMV), welches in den USA eines der ökonomisch bedeutendsten Viren am Weizen ist. Außer in D konnten wir erstmalig das WSMV 2013 auch in Weizenproben aus Österreich identifizieren. Als Virusvektor ist die Gallmilbenart *Aceria tosichella* bekannt, die man generell als einen Gewinner des Klimawandels beurteilen muss. Sowohl an mit WSMV infizierten Weizen- und Gerstenpflanzen (Ausfallgetreide) wurden Gallmilben beobachtet und mittels Rasterelektronenmikroskopie dem kryptischen Artenkomplex *A. tosichella* zugeordnet. Es wird international eingeschätzt, dass die von *A. tosichella* übertragenen Viren weltweit eine zunehmende Gefahr für die Getreideproduktion darstellen (NAVIA et al. 2012). Das stützen auch neueste Befunde über das Vorkommen solcher Viren in Südamerika (Argentinien, Brasilien) und Australien. Es besteht dringender Forschungsbedarf bezüglich der Identifizierung und Charakterisierung von WSMV Isolaten aus D bzw. deren Vektoren sowie zu Resistenzquellen in europäischen Weizen- und Gerstensorten.

Das BMV wurden 2013 nicht nur in Weizenparzellen von Züchtungsfirmen aus Deutschland und Österreich nachgewiesen, sondern es trat massiv auch im Gewächshaus an DH-Populationen eines Weizenzüchters auf, sodass das gesamte Material vernichtet werden musste. Das Virus ist sehr leicht durch mechanischen Kontakt übertragbar und hat einen extrem weiten Wirtspflanzenkreis. Zu möglichen Vektoren gibt es sehr widersprüchliche Angaben. Ein besonderes Problem stellt ein von uns kürzlich entdecktes Satellitenvirus dar, das 2012 zunächst nur in Material aus Russland auftrat (RABENSTEIN et al., 2013), in diesem Jahr aber auch in BMV infiziertem Weizen aus einem Zuchtbetrieb in D beobachtet werden konnte. Satellitenviren können die Eigenschaften der Helferviren verändern, sodass diese sich u. U. stärker vermehren und besser ausbreiten können. Die Bedeutung des Komplexes BMV + Satellit für den Weizenanbau ist derzeit völlig ungeklärt. Es besteht Forschungsbedarf hinsichtlich einer schnellen und verlässlichen Diagnostik sowie zur Epidemiologie des Krankheitskomplexes. Das Vorhandensein und Auffinden möglicher Resistenzen in Getreide muss geprüft werden.

References:

NAVIA, D., R. S. MENDONCA, A. SKORACKA, W. SZYDŁO, D. KNIHINICKI, G.L. HEIN, P.L. PEREIRA, G. TRUOL, L. DOUGLAS, L. (2012): Wheat curl mite, *Aceria tosichella*, and transmitted viruses: an expanding pest complex affecting cereal crops. *Experimental & Applied Acarology* **59**, 95-143.  
 RABENSTEIN, F.; ZIEGLER, A.; SCHLIETER, B., DANILKIN, N. (2013): A satellite virus associated with Brome mosaic virus isolated from winter wheat and triticale plants in the Russian Central Cernozem region. *12<sup>th</sup> International Symposium on Plant Virus Epidemiology, Evolution, Ecology and Control of Plant Viruses, Program and Book of Abstracts*, 28 January - 1 February 2013, Arusha, Tanzania, p. 212.  
[https://www.researchgate.net/publication/236051237\\_12th\\_IPVE\\_Symposium\\_Abstract\\_Book](https://www.researchgate.net/publication/236051237_12th_IPVE_Symposium_Abstract_Book)

## 1

**Bestimmung der vollständigen Nukleotidsequenz des Asparagus virus 1**

Blockus, Sebastian; Lesker, Till; Maiß, Edgar

Leibniz Universität Hannover, Institut für Gartenbauliche Produktionssysteme / Abt. Phytomedizin / AG Pflanzenvirologie, Herrenhäuser Straße 2, 30419 Hannover

Das *Asparagus virus 1* (AV-1) wird dem Genus *Potyvirus* zugeordnet und besitzt ein einzelsträngiges RNA-Genom von etwa 10 kbp mit positiver Polarität. Erstmals wurde es durch Hein (1960) beschrieben, dabei verursacht es keine optisch feststellbaren Symptome in *Asparagus officinalis* L. – Kulturen. Doppelinfektionen mit dem *Asparagus virus 2* (Genus *Ilarvirus*) und dem *Cucumber mosaic virus* (Genus *Cucumovirus*) führen zu Ertragsverlusten von 20% beziehungsweise 49,5%. Zusätzlich ist das AV-1 mit dem „Asparagus decline Syndrom“ assoziiert, durch die kombinierte Wirkung verschiedener *Fusarium spec.* führt dieses zum Absterben der gesamten Pflanze (Wade *et al.*, 1996). Bisher ist lediglich eine partielle Nukleotidsequenz des Hüllproteins verschiedener Isolate bekannt.

Zur Bestimmung der Nukleotidsequenz wurde eine dsRNA-Extraktion aus niedersächsischen Feldproben (Sorte Gijmlin) sowie aus zwei von der DSMZ bereitgestellten Isolaten (PV-0954; PV-0955) durchgeführt. Die dsRNA wurde mittels randomisierter Hexamer-Oligonukleotiden revers transkribiert und die resultierende cDNA in einer PCR vervielfältigt. Die erhaltenen DNA-Fragmente dienen nach anschließender Sequenzierung zur Erstellung von spezifischen Oligonukleotiden mit denen die vollständigen Genome der Isolate PV-0954 und PV-0955 bestimmt werden konnten.

Die ermittelte Nukleotidsequenz des Isolates PV-0954 besitzt eine Größe von 9762 Basenpaaren und weist eine hohe Ähnlichkeit zu den Potyviren *Plum pox virus* (66%), *Japanese yam mosaic virus* (65%) und *Sweet potato virus 2* (69%) auf. Mit dieser Identität unter 76% kann das AV-1 nach Adams *et al.* (2005) als neue Spezies innerhalb des Genus *Potyvirus* eingeordnet werden. Die Hüllproteinsequenz ist zu 98% identisch mit den bisher bekannten AV-1 Isolaten.

Innerhalb von AV-1 tritt eine Variabilität in der Fähigkeit der systemischen Infektion bei *Nicotiana benthamiana* auf, die eine Einteilung in Typ I (keine systemische Infektion) und Typ II (systemische Infektion) ermöglichen (Rabenstein *et al.*, 2007; Tomassoli *et al.*, 2008). Entsprechend der Symptomausprägung kann das Isolat PV-0954 zum Typ II gezählt werden. Auf Ebene der Nukleotidsequenz besitzt es eine Ähnlichkeit von 99,6% zu dem Isolat PV-0955, welches nicht in der Lage ist eine systemische Infektion zu erlangen (Typ I). Die Isolate unterscheiden sich in 37 Nukleotidpositionen, die zu 15 Aminosäureaustauschen führen. Die bestimmten Nukleotidsequenzen ermöglichen eine weitere Analyse der Ursachen für die unterschiedliche Symptomausprägung des AV-1 Typ I und Typ II und bilden weiterhin die Grundlage für die Erstellung von infektiösen Voll-Längen Klonen.

Literatur:

Adams MJ, Antoniw JF, Fauquet CM. (2005): Molecular criteria for genus and species discrimination within the family *Potyviridae*. *Arch Virol.* **150**: 459-79.

Hein A. (1960). Über das Vorkommen einer Virose an Spargel. *Z. PflKrankh.* **67**: 217-219.

Rabenstein F., Schubert J., Habekuß A. (2007). Identification and differentiation of viruses on asparagus in Germany. Plant Virus Epidemiology Symposium, 15-19 October 07, ICRISAT, India.

Tomassoli L., Tiberini A., Zaccaria A., Vetten, J. H. (2008). Molecular and biological studies of *Asparagus virus 1* (genus *Potyvirus*). *J. Plant Pathol.* **90** (Suppl. 2): 437.

Wade H. Elmer, Dennis A. Johnson, Gaylord I. Mink, (1996) Epidemiology and management of the diseases causal to *Asparagus decline*. *Plant Disease* **80**: 117-125

## 2

**Processing and function of two proteins of the Mycovirus FgV-ch9 found in *Fusarium graminearum***

Blum, Christine; Garten, Hille; Heinze, Cornelia

Universität Hamburg, AMP III, Ohnhorststr. 18, 22609 Hamburg

The putative Chrysovirus FgV-ch9 replicates in *Fusarium graminearum* and causes hypovirulence on wheat and maize. In radial growth assays infected *Fusarium graminearum* shows an irregular shape and an intense red pigmentation. The colony size is significantly reduced.

The genome of FgV-ch9 consists of five dsRNA segments which each encodes one open reading frame (ORF). The RNA 1 encodes the RNA dependent RNA polymerase (RdRp) which is found in the particles. The segments RNA 2 and 3 encode capsid proteins which form a 40 nm isometric particle. With the exception of the RdRP no protein with the predicted molecular weight (MW) has been detected yet. A processing is most likely. The ORFs of RNA 4 and 5 encode non-structural proteins with unknown functions.

The ORF of RNA 3 encodes one of the capsid proteins and has a predicted MW of 93 kDa. However only proteins smaller than 68 kDa are detected in the particles. Both heterologous expression in *E. coli* and *in vitro* transcription/translation assays of ORF 3 result in a N-terminal 70 kDa and a C-terminal 25 kDa protein. An antiserum, which was raised against purified particles, detects the N-terminal 68 kDa in particles as well as additional bands with sizes between 68 kDa and more than 55 kDa. An antiserum raised against the C-terminus of P3 detects the 25 kDa of the *E. coli* and *in vitro* expressed ORF, but does not detect any protein in purified particles or in infected mycelium. This result suggests an autoproteolytic processing in a first step followed by a second processing in an unknown manner.

The ORF of RNA 5 encodes a non-structural protein P5 with a predicted MW of 79 kDa. This protein shows 12 zinc finger motifs. Heterologous expression in *E. coli* suggests a processing, since a smaller protein has been detected with a His-tag specific antiserum. This protein P5 shows gene silencing suppressor activity when tested in a transient *Agrobacterium tumefaciens* infection system.

## 3

**Lokalisation des Cherry leaf roll virus (CLRV) in Blütenständen der Hänge-Birke (*Betula pendula*)**

Dierker, Luise; Von Bargen, Susanne; Büttner, Carmen

Humboldt-Universität zu Berlin, Fachgebiet Phytomedizin, Lentzeallee 55/57, 14195 Berlin

Das *Cherry leaf roll virus* (CLRV) der Gattung *Nepovirus* ist weltweit in einer Vielzahl krautiger und holziger Wirtspflanzenarten vertreten. Die natürliche Verbreitung kann vertikal durch Saatgut und horizontal durch Pollen erfolgen. Etwa 20 % aller Pflanzenviren sind durch Samen übertragbar (Maule und Wang, 1996), so dass dieser Übertragungsweg von großer epidemiologischer Relevanz ist. Untersuchungen aus dem Jahr 2009 an der Modellpflanze *Arabidopsis thaliana* konnten eine Übertragung von CLRV durch Samen über mehrere Generationen zeigen (Rumbou et al., 2009). Die Hänge-Birke (*Betula pendula*) ist als Wirtspflanze des CLRV ökonomisch und ökologisch bedeutend. Sie produziert große Mengen an Pollen bzw. Samen. Daher wurden initiale Studien zur Lokalisation des Virus in Blütenständen der Hänge-Birke mittels *Tissue Printing* durchgeführt. Männliche und weibliche Kätzchen wurden von CLRV-infizierten Birken vom Standort Berlin-Dahlem zu unterschiedlichen Zeitpunkten in den Vegetationsperioden 2012 und 2013 beprobt. Quer- und Längsschnitte wurden auf Nitrocellulose appliziert und das Virus mittels CLRV-spezifischer Antikörper detektiert. Für die Untersuchungen wurden solche Birken ausgewählt, die bereits positiv auf eine Infektion mit CLRV getestet wurden. Es erfolgte der Nachweis in Blattmaterial sowie Blütenständen über die Amplifikation eines 416 bp Fragments der 3' nicht-translatierten Region (3' NTR) des CLRV in der IC-RT-PCR (Werner et al., 1997). Die CLRV-Infektion der untersuchten Birken konnte in beiden Vegetationsperioden bestätigt werden. CLRV konnte durch *Tissue Printing* in beiden Jahren sowohl in männlichen als auch in weiblichen Blütenständen erfolgreich detektiert werden. In Kätzchen-Querschnitten war CLRV zentral in Leitgefäßen sowie der Peripherie der Blütenstände nachweisbar, wobei keine Unterschiede in der Signalstärke zwischen männlichen und weiblichen Kätzchen festgestellt werden konnten. Untersuchte Längsschnitte wiesen eine unregelmäßige Verteilung des Virus über die gesamte Fläche auf.

## 4

**Beating Begomoviruses**

Götz, Monika<sup>1</sup>; Cuong, Ha Viet<sup>2</sup>; Pissawan, Chiemsombat<sup>3</sup>; Boopathi, N. Manikanda<sup>4</sup>; Hansen, Peter<sup>5</sup>; Kenyon, Lawrence<sup>5</sup>; Hoang, Duong Vu Huy<sup>1</sup>; Winter, Stephan<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Plant Virus Department, Leibniz-Institut DSMZ, German Collection of Microorganisms and Cell Cultures GmbH, Braunschweig, Germany

<sup>2</sup>Department of Plant Pathology, Hanoi University of Agriculture, Ha Noi, Viet Nam

<sup>3</sup>Department of Plant Pathology, Kasetsart University, Nakhon Pathom, Thailand

<sup>4</sup>Department of Plant Molecular Biology and Bioinformatics, Tamil Nadu Agricultural University, Coimbatore, India

<sup>5</sup>AVRDC - The World Vegetable Center, Tainan, Taiwan

Begomoviruses present a serious threat for vegetable crop production in tropical and subtropical regions. The reasons for this are attributed to 1), the emergence of more competitive begomovirus species and strains and 2), the displacement of indigenous vector species by the invasive *Bemisia tabaci* Middle East-Asia Minor 1 and Mediterranean. The development of efficient and sustainable management strategies requires a comprehensive overview on the most abundant begomovirus species in the agro-ecological environment, their host range and whitefly vectors. This is especially significant when host plant resistance in newly developed crop cultivars with good resistance characters is to be employed. The AVRDC/DSMZ project funded by BMZ/GIZ with partners from Vietnam, Thailand and India is studying begomoviruses and whitefly species on tomato, hot peppers, mung bean and weeds. In all countries, the diversity of begomovirus found in surveys was considerably high, with Tomato leaf curl Yunnan virus, Pepper leaf curl Malaysia virus, Chilli leaf curl Pakistan virus and Tomato leaf curl New Delhi virus most predominantly found in Thailand. In Vietnam among others, *Tomato leaf curl Vietnam Virus*, *Tomato leaf curl China virus* and *Tomato leaf curl Kanchanaburi virus* played a major role in the tomato production of the country. *Mungbean yellow mosaic virus* was the most predominant virus in mung beans in India and was also found throughout Vietnam. Interestingly while major outbreaks around the world are attributed to MEAM1/Med infestations, presence of these whitefly species, albeit earlier reported, was not confirmed in India or in Thailand. Only in Vietnam an invasion of *B. tabaci* MEAM1 in northern Vietnam with north-south direction was found which probably originates in China. In Thailand and India only the indigenous Asia1 and Asiatic whitefly species were identified indicating that these areas are still not in the invasion line.

## 5

**Impact of silica supplementation on cucumber cultures**

Holz, Sabine<sup>1</sup>; Bartoszewski, Grzegorz<sup>2</sup>; Kube, Michael<sup>1</sup>; Büttner, Carmen<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Humboldt-Universität zu Berlin, Department of Crop and Animal Sciences, Division Phytomedicine, Lentzeallee 55/57, 14195 Berlin, Germany

<sup>2</sup>Warsaw University of Life Sciences, Department of Plant Genetics Breeding and Biotechnology, 159 Nowoursynowska Street, 02-776

Warsaw, Poland

Silicon is taken up by plants in its soluble form, silicic acid (SA) [Si(OH)<sub>4</sub>] and finally polymerized in the leaves. Even not to be an essential element for plants, its beneficial effects on growth of crops such as rice, barley, wheat, cucumber etc. are reported. SA treatment decreases the effects caused by abiotic and biotic stresses and it is proposed that silicon also strengthens the mechanical barrier improving the protecting from mycosis. SA pretreated *Cucumis sativus* plants show improved rapid and extensive defense reaction. It still remains unclear, if such effects also have impact on virus infections. Our study aims to provide information on changes in gene expression caused by SA treatment of *C. sativus* cultivars. Subsequent studies will allow estimating putative beneficial effects on the prevention of virus infections on cucumber.



## 6

### Protein interactions of alphacryptoviruses and betacryptoviruses from white clover, red clover and dill by bimolecular fluorescence complementation analysis

Lesker, Till; Maiss, Edgar

Institute of Horticultural Production Systems - Dept. Phytomedicine, Leibniz Universität Hannover, Herrenhäuser Str. 2, D-30419 Hannover, Germany

The genera *Alphacryptovirus* and *Betacryptovirus* within the family *Partitiviridae* contain viruses infecting different plants. These so called plant cryptic viruses cause no visible effects on their hosts and are only transmitted in a passive way during cell division and through the gametes. The bipartite dsRNA genome encodes only a RNA-dependent RNA polymerase (RdRp) and a coat protein (CP). Our knowledge about the biology of these viruses like the influence on the host and molecular characteristics of their replication is limited. Most recent studies have put their focus on sequence determinations and the evolutionary relationship of fungal partitiviruses. Aside from structural analyses, the investigation of protein interactions is a next step towards virus characterization. After cloning and sequencing of *White clover cryptic virus 1* and *2* (WCCV-1 and WCCV-2), the two type members of Alpha- and Betacryptovirus, as well as the related *Red clover cryptic viruses 1* and *2* (RCCV-1 and RCCV-2) and the *Dill cryptic virus 1 + 2* (DCV-1 and DCV-2) the ORFs corresponding to the RdRp and the CP, respectively, were introduced into binary expression vectors for bimolecular fluorescence complementation (BiFC) assays. A testing of CP – RdRp and self-interaction in all possible permutation fusion proteins were performed for each virus. Furthermore self-interaction of proteins from different viruses of two genera was investigated. For the WCCV-1 CP and WCCV-2 CP we tested different deletion mutants to determine putative interaction sites in the proteins. All observed interactions were localized in epidermal leaf cells of *Nicotiana benthamiana* after agroinoculation. This is the first report of in vivo protein interaction analyses for the family *Partitiviridae*.

## 7

### Charakterisierung eines neuen Aureusvirus aus Yam

Menzel, Wulf<sup>1</sup>; Thottappilly, George<sup>2</sup>; Winter, Stephan<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Leibniz Institute DSMZ, German Collection of Microorganisms and Cell Cultures, Plant Virus Department, Inhoffenstraße 7 B, 38124 Braunschweig, Germany

<sup>2</sup>Sahrdaya College of Engineering and Technology, Biotechnology, Kodakara, P.B.No.17, Thrissur Area, Pin 680684, Kerala State, India

Yam ist eine bedeutende Nährstoffquelle in westafrikanischen Ländern. Nur wenige Viren sind bisher in Yam (*Dioscorea* sp.) beschrieben worden. Diese gehören alle zu den Gattungen *Badnavirus* und *Potyvirus* und besitzen bazilliforme oder filamentöse Virionen. In einer 1998 in Nigeria gesammelten Yam Probe wurde ein Virus mit isometrischen Virionen, im Folgenden als Yam spherical virus bezeichnet (YSV, DSMZ PV-0517), identifiziert. Das Virus wurde mechanisch auf *Nicotiana benthamiana* Pflanzen übertragen, in denen es zu systemischen Adernekrosen bis hin zum Absterben der Pflanzen führte. Die Gelelektrophorese der extrahierten viralen dsRNA ergab drei dsRNAs von ca. 4,5, 2,0 und 0,8 kbp. Mithilfe dieser dsRNA wurde die vollständige genomische Sequenz des Virus ermittelt (4.464 Nukleotide). Die anderen dsRNAs wurden als subgenomische dsRNAs von YSV identifiziert. Der Vergleich mit GenBank Sequenzen zeigte, dass das YSV die insgesamt höchsten nt Sequenzidentitäten zu Spezies der Gattung *Aureusvirus* (z.B. CLSV 74,1 % , POLV 71,3 %) hat. Diese Gattung gehört zu der umfassenden Virusfamilie *Tombusviridae*. Die aa-Sequenzidentitäten der Polymerase (ORF1) zu anderen Aureusviren reicht von 54,8 % (MWLMV) bis zu 86,3 % (CLSV), wobei letzterer Wert oberhalb der Spezies Abgrenzungsschwelle von 80 % liegt. Das ORF2 codierte Hüllprotein zeigte die höchsten aa-Sequenzidentitäten zu SNMV (55,2 %) und JGCSMV (45,6 %), die beide oberhalb des Spezies Abgrenzungsschwellenwertes von 40 % liegen. Die Sequenzidentitäten zu anderen Arten lagen alle unterhalb dieser Schwellenwerte. Darüber hinaus wurde ein Antiserum gegen gereinigte YSV Virionen (DSMZ AS-0517) hergestellt, welches einen sensitiven Nachweis des YSV im DAS-ELISA erlaubt. Eine serologische Kreuzreaktion mit anderen Mitgliedern der Gattung (CLSV PV-0880, JGCSMV PV-0605, POLV PV-0604) konnte nicht beobachtet werden. Aureusviren können effizient mechanisch übertragen werden. Die natürliche Übertragung erfolgt durch den Boden, Boden bewohnende Pilze (*Olpidium*) oder zirkulierende Bewässerungssysteme. Die natürliche Form der YSV Übertragung wurde nicht untersucht und ist somit unbekannt. Die Ergebnisse der Sequenzanalyse erlauben eine eindeutige Zuordnung zur Gattung *Aureusvirus*. Selbst wenn das YSV Sequenzidentitäten für das CP zum SNMV und JGCSMV und für die Polymerase zum CLSV zeigt, die über den jeweiligen Grenzwerten für die Speziesdemarkation liegen, sind die Identitäten der anderen Gene deutlich geringer. Dadurch, sowie durch die Wirtsspezifität und die serologischen Eigenschaften sollte das YSV als eigenständige Spezies und nicht als abweichendes Isolat einer der bekannten Spezies angesehen werden.

### Genome features and particularities of achleoplasmas and phytoplasmas

Michael Kube<sup>1</sup>; Christin Siewert<sup>1</sup>; Sabine Holz<sup>1</sup>; Bojan Duduk<sup>2</sup>; Carmen Büttner<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Department of Crop and Animal Sciences, Humboldt-Universität zu Berlin, Lentzeallee 55/57, 14195 Berlin, Germany

<sup>2</sup>Department of Plant Pathology, Institute of Pesticides and Environmental Protection, Banatska 31b, P.O. Box 163, 11080 Belgrade, Serbia

Here, we present the complete genome sequences of the plant-derived isolates *Acholeplasma brassicae* and *A. palmae* comprising circular chromosomes of 1.9 Mb and 1.6 Mb in size and a G + C content of 36% and 29%. Comparative analysis of these sequences and previously published genomes of the family *Acholeplasmataceae* highlight a limited shared basic genetic repertoire. The achleoplasma genomes are separated by a low number of re-arrangements, duplication and integration events from phytoplasmas. Rare exceptions are the unusual duplication of rRNA-operons in *A. brassicae* and an independently introduced second gene for *ssb*. In contrast to phytoplasmas, the achleoplasma genomes differ by encoding a wide variety of ABC transporters, the FOF1 ATP synthase, the Rnf-complex, a rich equipment for carbohydrate metabolism, fatty acid, isoprenoid and partial amino acid metabolism. Conserved metabolic proteins encoded in phytoplasma genomes such as the malate dehydrogenase SfcA, several transporters and proteins involved in host-interaction and virulence-associated effectors were not predicted for the achleoplasmas. In summary, minimal genomes of phytoplasmas reflect the adaptation to the obligate parasitism. Additional genetic modules in the genomes of these phytopathogens are involved in host/vector interaction (encoded effectors and virulence factors) or as egoistic DNA. Genome condensation has not reached such a level in achleoplasmas, which depend on a regulated uptake of nutrient, genome stability and complex metabolism providing flexibility for successful colonization of different ecological niches.

### Screening von *Epiphyllum* sp. mittels dsRNA-Isolation und auf Virusinfektionen

Paul Rentz<sup>1</sup>; Rosa Herbst<sup>2</sup>; Anette Hohe<sup>2</sup>; Ulrich Haage<sup>3</sup>; Till Lesker<sup>1</sup>; Edgar Maiss<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Leibniz Universität Hannover, Institut für Gartenbauliche Produktionssysteme, Abt. Phytomedizin, Arbeitsgruppe Pflanzenvirologie / Molekulare Phytopathologie, Herrenhäuser Str. 2, 30419 Hannover

<sup>2</sup>Leibniz-Institut für Gemüse- und Zierpflanzenbau Großbeeren/Erfurt e.V., Theodor-Echtermeyer-Weg 1, 14979 Großbeeren

<sup>3</sup>Kakteen-Haage, Blumenstrasse 68, 99092 Erfurt, Deutschland

In der Familie der *Cactaceae* (Kakteengewächse) sind aktuelle etwa 8 verschiedene Kakteen-infizierende Viren bekannt. Dazu gehören in der Gruppe der Potexviren das *Cactus virus X* (CVX), *Schlumbergera virus X* (ScVX), *Opuntia virus X* (OVX) und *Zygocactus virus X* (ZyVX). In der Gruppe der Tobamoviren *Sammons' Opuntia virus* (SOV), *Cactus mild mottle virus* (CMMoV) und das *Rattail cactus necrosis associated virus*. Weiter ist nur noch das Carmovirus *Saguaro cactus virus* (SCV) bekannt. Ziel der hier vorgestellten Arbeiten war die Erfassung des Virusstatus verschiedener *Epiphyllum* sp. Genotypen.

Eine dsRNA-Isolation nach Morris und Dodds (1984) ermöglicht die Isolation von dsRNA aus dsRNA-Viren, aus (+) und (-) Einzelstrang RNA-Viren in der replikativen Übergangsform sowie von subgenomischen RNAs. Die isolierte dsRNA kann mit Random-Hexamer-Oligonukleotiden revers transkribiert und über PCR vermehrt werden. Die so erhaltenen Fragmente können anschließend kloniert und sequenziert werden. Eine dsRNA-Isolation wurde mit 50 verschiedenen Genotypen von *Epiphyllum* sp. durchgeführt, um so eine mögliche Virusinfektion festzustellen. DsRNAs von ausgewählten Genotypen wurde wie oben beschrieben und näher untersucht. Die ermittelten Sequenzen wiesen Ähnlichkeiten zu Viren aus 3 unterschiedlichen Virusgruppen auf – zur Familie der *Closteroviridae* und zu den Genera: *Carla-* und *Potexvirus*.

Eine Sequenz zeigt mit 92% Identität auf Aminosäure-Ebene des Hüllproteins deutliche Ähnlichkeit zu CVX. Es bedarf hier aber noch weiterer Sequenz-Analysen der RNA-abhängigen RNA-Replikase (RdRp), um eindeutig zu klären, ob es sich um einen Stamm von CVX handelt oder um ein neues Potexvirus. Bei einer zweiten Sequenz finden sich Ähnlichkeiten zum Hüllprotein des Carlavirus *Potato Virus S* (PVS). Die Identität der Sequenz auf Aminosäureebene beträgt rund 88%. Weitere Sequenzen weisen Ähnlichkeiten zum Triple-Gene-Block (TGB) und zum ORF 6 von Carlaviren auf. Bei der dritten Sequenz finden sich Ähnlichkeiten zum Polyprotein des *Grapevine leafroll-associated virus 5*. Dieses Virus gehört zum Genus *Ampelovirus* in der Familie *Closteroviridae*. Da die Ähnlichkeiten mit 47 und 42% gering sind, bedarf es noch weiterer Analysen, um eine abschließende Einordnung vornehmen zu können. Die ermittelten Sequenzen erlauben die Entwicklung von RT-PCR Verfahren zum schnellen und sicheren Nachweis dieser Viren in den *Epiphyllum* sp. Genotypen.

## 10

**Nachweis des European mountain ash ringspot-associated virus in *Sorbus aria* und *Sorbus intermedia***

Robel, Jenny<sup>1</sup>; Büttner, Theresa<sup>1</sup>; Mühlbach, Hans-Peter<sup>2</sup>; von Barga, Susanne<sup>1</sup>; Büttner, Carmen<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Humboldt-Universität zu Berlin, Fachgebiet Phytomedizin, Lentzeallee 55/57, 14195 Berlin

<sup>2</sup>Universität Hamburg, Biozentrum Klein Flottbek, Ohnhorststr. 18, 22609 Hamburg

Das *European mountain ash ringspot-associated virus* (EMARaV) ist vor allem in Nord- und Mitteleuropa in Ebereschen (*Sorbus aucuparia*) weit verbreitet und führt an Blättern zu Symptomen wie chlorotischen Ringflecken und Scheckungen (Büttner *et al.*, 2013) sowie zur Degeneration der Pflanze. Bisher war ausschließlich *S. aucuparia* als Wirtspflanze von EMARaV bekannt. Mit den vorliegenden Untersuchungen konnte erstmals dieses Virus in Mehlbeere (*Sorbus aria*) und der Schwedischen Mehlbeere (*Sorbus intermedia*) nachgewiesen werden. Beide Arten besitzen einen hohen Zierwert für öffentliches Grün und werden aufgrund ihrer Robustheit häufig als Straßen- und Alleebäume gepflanzt. Bisher sind keine Infektionen dieser Spezies durch Pflanzenviren beschrieben. Durch die enge Verwandtschaft der Mehlbeere zur Eberesche liegt eine Infektion mit EMARaV nahe.

In 2012 wurden Blätter einer Schwedischen Mehlbeere mit chlorotischen Ringflecken sowie eine Mehlbeere mit chlorotischen Linienmustern aus Västerås (Schweden) untersucht. Gesamt-RNA symptomtragender Blätter von *S. aria* und *S. intermedia* wurde nach Mielke und Muehlbach (2007) isoliert. Mittels RT-PCR wurden Fragmente von allen vier viralen RNAs amplifiziert und im Anschluss sequenziert. Die Amplifikation von Fragmenten der RNA1-RNA3 erfolgte analog zu Mielke *et al.* (2008). Die P4-kodierende Region der RNA4 wurde mit P4-spezifischen Oligonukleotiden vervielfältigt. Es konnten alle vier viralen RNAs von EMARaV in *S. aria* und *S. intermedia* nachgewiesen werden. Der nBLAST des 159 bp Fragments aus der 3' nicht-translatierten Region (3' UTR) der RNA3 führte zu hohen Identitäten (98 %) der EMARaV-Variante aus *S. aria* zu EMARaV-Varianten aus Schweden, Tschechien und Finnland. Auch der Vergleich des 3' UTR Fragmentes aus *S. intermedia* mit 99 % Identität zu EMARaV-Varianten aus Schweden, Finnland und Deutschland bestätigte das Vorkommen von EMARaV in weiteren *Sorbus*-Spezies.

Literatur:

Mielke N, Muehlbach H-P. 2007. *Journal of General Virology* **88**: 1337-1346.

Mielke N, Weber M, Khan S, Mühlbach H-P. 2008. *Forest Pathology* **38**: 371-380.

Büttner C, von Barga S, Bandte M, Mühlbach H-P. 2013. Forest diseases caused by viruses. In: Gonthier P, Nicolotti G. (eds) Infectious forest diseases: CABI, Oxfordshire. in press.

## 11

**Nachweis des European mountain ash ringspot-associated virus in Ebereschen in Großbritannien**

von Barga, Susanne; Dieckmann, Luisa; Robel, Jenny; Büttner, Carmen

Humboldt-Universität zu Berlin, Fachgebiet Phytomedizin, Lentzeallee 55/57, 14195 Berlin

Seit mehr als 50 Jahren wird von virusverdächtigen Symptomen wie Scheckungen und chlorotische Ringflecken an Ebereschen (*Sorbus aucuparia* L.) berichtet (Robel *et al.* 2013). Diese Symptome werden nach aktuellen Studien mit dem *European mountain ash ringspot-associated virus* (EMARaV) assoziiert. Dabei handelt es sich um ein (-)ssRNA Virus mit einem vier-geteiltem Genom, welches die Typspezies der neuen Virusgattung *Emaravirus* darstellt (Mühlbach & Mielke-Ehret, 2011). Die beschriebenen Krankheitssymptome wurden in Großbritannien vorher bereits beobachtet (Cooper, 1993). Dort sind Ebereschen aufgrund ihrer robusten Wuchseigenschaften zahlreich vertreten und tragen zur Diversität der regionalen Flora bei (Rapse *et al.*, 2000). In der vorliegenden Untersuchung konnte in Ebereschen aus Schottland mit genannten Symptomen erstmals EMARaV nachgewiesen werden. In verschiedenen Regionen Schottlands, wurde im Juli 2011 an 23 Ebereschen Symptome wie chlorotische Flecken, chlorotische Ringflecken, Eichenblattmuster und chlorotische Scheckungen beobachtet. Bäume mit diesen Symptomen wuchsen sowohl in urbanen Bereichen (Dunvegan, Inverness, Killin, Lawers) als auch in ländlichen Gebieten, als Straßenbegleitgrün (Eilean Donan Castle, Killiecrankie, Loch Tummel), als Unterholz in Wäldern (Corrieshalloch Gorge, Falls of Bruar) und im Gebirge (Berge um Kinlochleven, Ullapool Hill). Blätter von *Sorbus aucuparia* mit diesem Symptomen wurden an vier verschiedenen Standorten entlang der nord-westlichen „Highlands“ gesammelt und in der RT-PCR mit Primerpaaren, die spezifisch für alle 4 EMARaV RNAs sind, untersucht. Fragmente der erwarteten Größe (300 bp, RNA2; 204 bp, RNA3; 699 bp, RNA4) wurden in 5 von 6 untersuchten Blattproben amplifiziert. Die vRNA1 ließ sich in Ebereschenblättern aus Kinlochleven nachweisen. Die Sequenzierung der erhaltenen PCR-Fragmente bestätigte die EMARaV-Infektion der erkrankten Ebereschen im Nordwesten Schottlands. In der phylogenetischen Analyse mittels Neighbour-joining Algorithmus des RNA2-Fragments, welches für einen möglichen Glycoproteinprecursor kodiert, bilden die Sequenz-Varianten aus Schottland eine eigenständige Gruppe.

Referenzen:

Cooper JI, 1993. Virus diseases of trees and shrubs. S. 149.

Mühlbach HP, Mielke-Ehret N. 2011. In: King A, Lefkowitz E, Adams MJ, Carstens EB. Virus Taxonomy: IXth Report of the International Committee on Taxonomy of Viruses: 767-770.

Raspé O, Findlay C, Jacquemart AL, 2000. *Journal of Ecology* **88**: 910-930.

Robel J, Bandte M, Mühlbach HP, von Barga S, Büttner C. 2013. In: Dujesiefken D. Jahrbuch der Baumpflege: 47-53.

12

**High genetic variability found among Cherry leaf roll virus variants from symptomatic birch trees in Rovaniemi (Finland)**Rumbou Artemis<sup>1</sup>; von Bargen Susanne<sup>1</sup>; Rott Markus<sup>1</sup>; Jalkanen Risto<sup>2</sup>; Buettner Carmen<sup>1</sup><sup>1</sup>HU-Phytomedicine, Lentzeallee 55/57, 14195 Berlin, DE<sup>2</sup>METLA, PL 16, FI 96301, Rovaniemi, Finland

*Cherry leaf roll virus* in the birch forests in northern Finland has expanded widely during the last decade and rapidly turned to a severe epidemic. To investigate the genetic variability of the virus, 14 birch trees exhibiting strong symptoms (leaf discoloration and deformation as well as tree decline) were selected in Rovaniemi. After total RNA-isolation from leaf samples, RFLP-analysis and partial sequencing of the genome were performed. A 420 bp-fragment from the 3'-untranslated region (3'-UTR) was cut with three restriction enzymes revealing at least 8 different genotypes based on the RFLP-patterns. The high variability was confirmed by the sequence analysis. From each RNA isolation fragments from three genetic regions were cloned and sequenced; 420bp from the 3'-UTR, 627 bp from the coat protein region (CP) and 318 bp from the RNA-dependent-RNA polymerase region (RdRp). Genotype variability was found to be high, 3-7 different genotypes were identified in each region. The highest variability was found in the UTR region and the genotypes found were in accordance with the genotypes obtained by RFLP-analysis of the 420 bp UTR-fragment. In the majority of the trees two different genotypes were found in at least one genetic region, suggesting the presence of at least two different virus variants within those trees. The genotypic diversity of the virus among trees is significantly higher than the diversity found earlier in Germany and Great Britain and this may constitute an explanation for the high disease severity in Finland.

13

**Molecular characterization, infectivity and phylogenetic studies on begomoviruses infecting cotton in Pakistan**Shuja, Malik Nawaz<sup>1</sup>; Tahir, Muhammad<sup>2</sup>; Winter, Stephan<sup>1</sup><sup>1</sup>Leibniz-Institut DSMZ-Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH, Braunschweig, Germany<sup>2</sup>Atta-ur-Rahman School of Applied Biosciences, National University of Sciences and Technology, Islamabad, Pakistan

Cotton leaf curl disease (CLCD) is a major threat to cotton crop worldwide, which was reported to be associated with begomovirus satellite molecule called Betasatellite. Variations in strains and recombinations among them are known to introduce strains that combat host resistance creating outbreaks like Cotton leaf curl Burewala virus (CLCuBuV) in Pakistan from 1992-97 that caused losses of 5 Billions US\$. Cotton plants showing begomovirus symptoms were collected from various regions in the cotton belt of Pakistan. Full-length genomes of viruses were cloned, sequenced and analyzed. One (C-49) out of five clones showed recombination in the virion strand, which upon sequencing showed to be a new complex of Cotton leaf curl Multan virus and Cotton leaf curl Kohran virus. Furthermore, pairwise nucleotide identity for Isolate C-49 was determined to be 91.6% with CLCuBuV. Phylogenetic studies placed this strain as an out-group, which signifies that this is a new recombined CLCuBuV. Infectious clones developed from C-49 are being used for infectivity studies.

14

**Labelling of Tobacco mosaic virus (strain OhioV) with gfp (green-fluorescent protein: GFP) for propagation studies and mutational analyses in *Nicotiana benthamiana***Rose, Hanna<sup>1</sup>; Heinze, Cornelia<sup>2</sup>; Maiß, Edgar<sup>1</sup><sup>1</sup>Leibniz University Hannover, Institute of Horticultural Production Systems, Dept. Phytomedicine, Herrenhäuser Str. 2, 30419, Hannover, Germany<sup>2</sup>Biocenter Klein Flottbeck, Ohnhörstrasse 18, 22609 Hamburg, Germany

The *Tobacco mosaic virus* OhioV (TMV) belongs to the genus *Tobamovirus*. Concerning the codon usage it is highly adapted to the hosts of *Solanaceae* [1]. The four open reading frames encode the viral proteins replicase (RdRP: methyltransferase, helicase, polymerase), movement protein (MP) and coat protein (CP). MP and CP are translated via formation of subgenomic RNAs and their translation afterwards [2]. The movement protein contains multiple functional domains and mediates the short-distance movement of the virus in the plant through the plasmodesmata of adjacent cells. Thus, the MP binds the viral RNA and forms a complex, which reaches the plasmodesmata by using components of the cellular cytoskeleton. After increasing the size exclusion limit, the complex is able to pass the plasmodesmata [2].

To study the replication and movement of the virus in the plants, visualization was achieved after labelling TMV OhioV with *gfp*. It was important to keep the ability of TMV to infect *N. benthamiana* systemically. Labelling was performed by using a special "cleavage" mechanism of the P2A-peptide of the *Foot-and-mouth-disease virus* [3]. Proteins linked by this peptide will be separated after translation [4]. As a consequence, GFP will exist as an individual protein. Labelled TMV was able to infect plants even systemically, however, symptoms were milder compared with the wild-type virus. In addition, GFP fluorescence was detected but "cleavage" of the GFP was not entirely achieved. Nevertheless, this system seems suitable for TMV replication and movement studies.

For mutational studies several deletion mutants of the MP were constructed. To test whether the short-distance movement could be complemented by an intact MP of wild-type TMV OhioV, mutants with GFP and wild-type TMV OhioV were co-inoculated into *N. benthamiana*. None of the TMV mutants was able to infect a plant systemically. However, in a few cases a weak GFP fluorescence was detected in inoculated leaf areas but not in non-inoculated ones. Despite symptom development throughout the whole plant caused by wild-type TMV OhioV, GFP was slightly detected in inoculated leaf areas but not in systemically infected leaves, indicating that short- and long-distance movement was hampered by the mutations.

[1] Körbelin, J., Willingmann, P., Adam, G., & Heinze, C. (2012). The complete sequence of tobacco mosaic virus isolate Ohio V reveals a high accumulation of silent mutations in all open reading frames. *Archives of virology*, 157(2), 387–389.

[2] Scholthof, K-B G. (2004). Tobacco mosaic virus: a model system for plant biology. *Annual review of phytopathology*, 42, 13–34.



[3] Belsham, G. J. (1993). Distinctive features of foot-and-mouth disease virus, a member of the picornavirus family; aspects of virus protein synthesis, protein processing and structure. *Progress in biophysics and molecular biology*, 60(3), 241–260.

[4] Donnelly, M. L., Gani, D., Flint, M., Monaghan, S., & Ryan, M. D. (1997). The cleavage activities of aphthovirus and cardiovirus 2A proteins. *The Journal of general virology*, 78(Pt 1), 13–21.

## 15

### Detection of siRNA using long, DIG-labelled DNA-probes

Weißhaar, Nina Kathrin

Universität Stuttgart, Biologisches Institut/ Abteilung für Molekularbiologie und Virologie der Pflanzen, Pfaffenaring 57, 7069 Stuttgart, Deutschland

A Bachelor's thesis, dealing with the problem of the detection of small RNA molecules, e.g. siRNA. The detection was performed with Northern-Blot analysis, using DIG labelled DNA probes. Different lines of *Nicotiana benthamiana* were used as model-plants to harvest siRNA. As a result, the developed system allowed a detection of siRNA as separated bands on X-ray films.

## 16

### Development of a dual enzyme reaction system on tobacco mosaic virus

Wabbel, Katrin<sup>1</sup>; Azucena, Carlos<sup>2</sup>; Gliemann, Hartmut<sup>2</sup>; Eiben, Sabine<sup>1</sup>, Wege, Christina<sup>1</sup>

<sup>1</sup>University of Stuttgart, Institute of Biology; Molecular Biology and Plant Virology, Pfaffenwaldring 57, 70550 Stuttgart, Germany.

<sup>2</sup>Karlsruhe Institute of Technology (KIT), Institute of Functional Interfaces (IFG), Hermann-von-Helmholtz-Platz 1, 76344 Eggenstein-Leopoldshafen

For lab on a chip applications enzymes have to be immobilized as active units at a small scale but at the same time with a high surface area. Using tobacco mosaic virus (TMV) we aim to realize both, a surface area enhancement and selective binding of the enzymes to a specific site on the virion. The enzyme system used is glucose oxidase and horseradish peroxidase, which are both coupled specifically to a cysteine coat protein mutant present in the TMV particles through a biotin-streptavidin-linker.

## 17

### A satellite virus associated with *Brome mosaic virus* isolated from winter wheat and triticale in the Russian Central Cernozem region

Rabenstein, Frank<sup>1</sup>; Ziegler, Angelika<sup>1</sup>; Wolf, Annegret<sup>2</sup>; Mock Hans-Peter<sup>2</sup>; Schlieter, Bernd<sup>3</sup>; Daniilkin, Nikolay<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Julius Kühn Institute, Federal Research Centre for Cultivated Plants (JKI), Institute of Epidemiology and Pathogen Diagnostics, Erwin-Baur-Str. 27, 06484 Quedlinburg,

<sup>2</sup>Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), OT Gatersleben, Corrensstrasse 3, 6466 Stadt Seeland, Germany

<sup>3</sup>Deutsche Saatveredelung AG, Saatzuchtstation Leutowitz, OT Leutowitz Nr. 26, 01665 Käbschütztal, Germany

<sup>4</sup>GSA Agro LLC, 399921, Township Roshinskiy, Tchapliginsky district, Lipezk region, Russia

Cereal plants displaying yellow dwarf symptoms contained high concentrations of *Brome mosaic virus* (BMV) as detected by DAS-ELISA and immunoelectron microscopically decoration tests. However, no luteoviruses or geminiviruses were detected in the material originating from a German affiliated breeding company located in the Central-Cernozem region of Russia. BMV isolates from winter wheat and triticale were obtained by mechanical inoculation of test plants. In addition to BMV particles of 28-30 nm in diameter both isolates contained smaller spherical particles of 18 nm in diameter. The wheat isolate (BMV-R-W) was selected for further investigation and propagated in winter barley. Virus particles were purified by density gradient centrifugation. A broad, more diffuse lower band was observed after ultracentrifugation containing typical BMV particles of approx. 30 nm and a minor upper band filled with smaller particles of ca 18 nm in size. This fraction was used for immunization of rabbits and an antiserum was obtained showing no cross-reaction in ELISA with plants infected with "normal" BMV.

RNA extracted from purified BMV-R-W consisted of four RNAs characteristic for normal BMV isolates whereas the particles from the upper band contained RNA of approximately 1200 nucleotides. Sequencing revealed an open reading frame coding for a protein of 155 amino acids. Multiple alignments showed about 50 % identity to P20 protein encoded by Bamboo mosaic virus satellite RNA and to capsid protein of *Panicum mosaic satellite virus*. There are several identical amino acid motifs including an arginine-rich N-terminal domain. MALDI-TOF analysis indicates that the BMV-sat 155 amino acid protein is indeed the satellite virus capsid protein.

Taking together, our results show that a hitherto unknown satellite virus of BMV was identified. Further studies are necessary to support the conclusion that among RNA viruses with jelly roll capsid proteins such a helper virus - satellite virus interaction exists not only for members of *Tombusviridae* (STNV, MWLMV, and PMV) and *Virgaviridae* (STMV) but also for BMV, the type member of the genus *Bromovirus* within the family *Bromoviridae*.

## **TREFFEN DES AK „BIOMETRIE UND VERSUCHSMETHODIK“, 27./28. 06.2013, BAD SALZUFLEN**

Am 27. und 28. Juni 2013 fand die diesjährige Gemeinsame Sommertagung der AG „Landwirtschaftliches Versuchswesen“ der Biometrischen Gesellschaft mit den Arbeitsgruppen „Versuchswesen“ der Gesellschaft für Pflanzenbauwissenschaften (GPW), „Biometrie und Informatik“ der Gesellschaft für Pflanzenzüchtung (GPZ) sowie „Biometrie und Versuchsmethodik“ der Deutschen Phytomedizinischen Gesellschaft (DPG) statt.

Tagungsort war diesmal die Fa. Syngenta in Bad Salzuflen. Vom 9. bis 14. März 2014 findet das Biometrische Kolloquium in Bremen statt. Hier ist die AG an der Organisation von Sessions zum Bereich Landwirtschaft beteiligt. Die nächste Sommertagung findet vom 26. bis 27. Juni 2014 auf dem Ihingerhof, der Versuchsstation der Universität Hohenheim, statt. Details zur geplanten Sommertagung, zu stattgefundenen Veranstaltungen sowie weitere Informationen finden Sie unter:

<http://www.biometrische-gesellschaft.de/arbeitsgruppen/landwirtschaftliches-versuchswesen/>  
Hans-Peter PIEPHO, (Stuttgart-Hohenheim)

Alle Vorträge zu finden unter

<http://www.biometrische-gesellschaft.de/arbeitsgruppen/landwirtschaftliches-versuchswesen/tagungsberichte-ab-1996/sommertagung-in-bad-salzuflen-juni-2013.html>

### **ANALYSE VON AUSWERTUNGSSERIEN MIT MEHRJÄHRIGEN FRUCHTARTEN**

Eckl T

*Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL), Abteilung Versuchsbetriebe,  
85354 Freising  
thomas.eckl@lfl.bayern.de*

### **MODELLIERUNG DER RESTFEHLER IN EINEM VIERORTIGEN VIERJÄHRIGEN GEHÖLZHÄCKSELVERSUCH**

J. Möhring, E. Vogler, F. Seidl, K. Nerlich

*Universität Hohenheim, Fruwirthstr. 23, Institutgebäude, 218, 70599 Stuttgart  
moehring@uni-hohenheim.de*

### **USE OF ENVIRONMENTAL CHARACTERIZATION IN BREEDING**

Schlegel V

Syngenta

### **COMPARISON OF THE PERFORMANCE OF BEST LINEAR UNBIASED ESTIMATION AND BEST LINEAR UNBIASED PREDICTION OF GENOTYPE EFFECTS FROM ZONED INDIAN MAIZE DATA**

K. Kleinknecht

*Bioinformatics Unit, Institute of Crop Science, Univ. of Hohenheim, Fruwirthstr. 23, 70599  
Stuttgart, Germany*

## **ARMED AND DANGEROUS, THE POTENTIAL CONSEQUENCES OF NOT RANDOMIZING THE FIRST BLOCK IN A RCB**

Santen E. v. [and Mark West, USDA Agricultural Research Service]

*Dept. of Agronomy and Soils, Auburn University, AL 36849-6248, USA*

*Email: vanedza@auburn.edu*

Replication and randomization are the keys for statistically valid experiments. Both are necessary components for statistically valid experimentation. Yet it is an industry wide practice in weed science research to assign treatment in the first block of a randomized complete block design in a systematic order for reasons of convenience. We investigated this practice by comparing four randomization/analysis scenarios: (i) complete randomization in all blocks, (ii) systematic assignment of treatments in block 1, where the best treatment was assigned to the best plot, (iii) systematic assignment of treatments in block 1, where the best treatment was assigned to the worst plot, and (iv) systematic assignment of treatments in block 1 but not using it in the analysis. We created 1000 simulated datasets for three levels of experimental precision and two group sizes ( $t=3$  and  $t=9$ ). Results indicate that dropping block 1 from the analysis resulted in a loss of power, as did the best to worst assignment scenario. The best to best assignment resulted in increased power that would lead to an inflated Type I error. Differences between the drop block 1 and best to worst scenarios tended to become smaller as the experiment size increased and the experimental precision decreased. The recommendation for the practice would be (1) to follow proper randomization procedures, and (2) to add an extra block to the experiment for demonstration purposes only

## **PAIRED PLOT DESIGNS : EXPERIENCE AND RECOMMENDATIONS FOR IN FIELD PRODUCT EVALUATION AT SYNGENTA**

J.-J. Schott

*Syngenta*

## **ÜBER HUBERT GROUVEN UND SEINE VERSUCHSSERIE 1862 BIS 1864**

E. Thomas

*Potsdam*

## Projekt Virtuelle Fachbibliothek Biologie

Die Universitätsbibliothek Johann Christian Senckenberg, Frankfurt am Main, hat mit der Virtuellen Fachbibliothek Biologie (vifabio) einen integrierten Zugang zu wissenschaftlicher Information für Biologen über das Internet entwickelt. Den Anstoß dazu gaben Anforderungen der Deutschen Forschungsgemeinschaft (DFG), die Sammlungen des Sondersammelgebietes Biologie, Botanik, Zoologie überregional besser verfügbar zu machen. Das Projekt wurde von 2006 bis 2011 durch die DFG gefördert.

Über die Virtuelle Fachbibliothek Biologie (vifabio) sind Katalogdaten, ausgewählte Internetquellen, Zeitschriften, Datenbanken und Volltextdokumente an einem virtuellen Ort vereint.

Zielgruppen sind wissenschaftlich tätige Biologen in ganz Deutschland, Fachwissenschaftler benachbarter Fächer, im Bereich biologischer Bildung Tätige (Lehrer), Studierende der Biologie sowie naturkundlich interessierte Privatpersonen und Interessierte in Verwaltung, Politik und Medien. Der spezifische Informationsbedarf potentieller Benutzergruppen ist in einer Voruntersuchung (370 KiB) ermittelt worden. Phytomedizinische Themen sind vielfältig berührt z.B. durch die Fächer Botanik, Zoologie, Entomologie, Herpetologie, Nematologie und andere mehr. Ein Besuch lohnt sich!

[www.vifabio.de](http://www.vifabio.de)



## Treffen der Landesgruppe Sachsen-Anhalt 2013

Die Landessprecherin Prof. Dr. Christa Volkmar hatte am 05.07.2013 zu einem Treffen der Landesgruppe bei der Firma RAGT2n mit Sitz in 38855 Silstedt eingeladen. Im Unternehmen wurden wir vom Weizenzüchter Herrn Diplomingenieur Hilmar Cöster begrüßt. Der Einladung waren 16 Mitglieder der Phytomedizinischen Gesellschaft gefolgt, darunter auch Kollegen, die sich bereits im Ruhestand befinden. Außerdem nahmen Studierende von der Universität in Halle an der Veranstaltung teil. Nach der Begrüßung durch die Landessprecherin stellte Herr Cöster das Unternehmen in einem sehr interessanten Vortrag vor. Nach einem historischen Abriss wurden uns sehr verständlich die vielfältigen Züchtungsaufgaben mit dem Schwerpunkt Weizenzüchtung vermittelt.

In zwei Fachbeiträgen referierten Frau Dr. Antje Habekuß (JKI Quedlinburg) und Frau Prof. Christa Volkmar (Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Universität Halle) zu folgenden Fachthemen:

Habekuß, A.: »Resistenzzüchtung gegen insektenübertragene Viren bei Gerste und Weizen«

Volkmar, C. & Geist, E.: »Zum Auftreten von Ährenschädlingen in einem Winterweizensortiment am Standort Silstedt 2010-2012«.

In der sich anschließenden Diskussion entwickelte sich ein reger Erfahrungsaustausch insbesondere zu Fragen des aktuellen Standes der Resistenzzüchtung gegen Viren im Getreide und tierische Schad-erreger. Das Fachgespräch profitierte von den umfangreichen Detailkenntnissen der Kolleginnen und Kollegen aus dem JKI, der Landesanstalt für Landwirtschaft, Forsten und Gartenbau Sachsen-Anhalt, der Universität Halle sowie des einladenden Unternehmens RAGT2n. Der Gedankenaustausch wurde bei einer anschließenden Besichtigung des umfangreichen Zuchtgartens intensiv fortgesetzt und um das Thema »Fusarium« erweitert. Die Veranstaltung hatte einen hohen Informationsgehalt und die Diskussionsfreudigkeit der Kolleginnen und Kollegen trug wesentlich zum Gelingen des Treffens bei. An dieser Stelle soll auch Frau Dr. Antje Habekuß noch einmal gedankt werden, daß Sie mit Ihrem Vortrag wesentlich zum Gelingen der Veranstaltung beitrug. Außerdem einen herzlichen Dank an Frau Liesenberg und Herrn Cöster von der Firma RAGT2n für die exzellente Betreuung der Landesgruppe vor Ort und die gute Bewirtung.

Der rege Erfahrungsaustausch soll auf einem Landesgruppentreffen 2014 weiter geführt werden, über den Veranstaltungsort sind wir im Gespräch.

*Prof. Dr. Christa Volkmar*





## TREFFEN DES AK „PHYTOBAKTERIOLOGIE“, 5.9.2013, NEUSTADT/WEINSTRASSE

### GENOME FEATURES AND PARTICULARITIES OF ACHOLEPLASMAS AND PHYTOPLASMAS

Holz S<sup>1</sup>; Siewert C<sup>1</sup>; Duduk B<sup>2</sup>; Büttner C<sup>1</sup>; Kube M<sup>1</sup>

<sup>1</sup>*Humboldt-Universität zu Berlin, Department of Crop and Animal Sciences, Division Phytomedicine, Lentzeallee 55/57, 14195 Berlin, Germany*

<sup>2</sup>*Institute of Pesticides and Environmental Protection, Banatska 31b, P.O. Box 163, 11080 Belgrade, Serbia*

Contact: [sabine.holz@agr.ar.hu-berlin.de](mailto:sabine.holz@agr.ar.hu-berlin.de)

The members of the two sister clades Acholeplasma and ‘Candidatus Phytoplasma’ share similar evolutionary trends. These are for instance a decrease of G + C content and genome condensation resulting in the loss of metabolic pathways. However, the majority of Acholeplasma species show a rich genetic environment, which is necessary for colonization of different ecological niches and sometimes allowing a ubiquitous distribution as shown for instance for *A. laidlawii*. In contrast, phytoplasmas depend on the colonization of insect vector and plant host. Obligate parasitism and vector- /host-pathogen interaction are characteristic for the members of this provisory genus. In consequence, the evolutionary split of the genera is indicated by the gene content involved in the transport systems, carbohydrate metabolism, amino acid synthesis, interacting membrane and effector proteins. Furthermore, genome condensation and intercellular colonization also resulted in genome instability of phytoplasmas. In contrast, horizontal gene transfers and duplication events are rare in acholeplasmas.

Here, we highlight basic points and selected particularities of genomes in both genera.

### GRAPEVINE RED BLOTCH-ASSOCIATED VIRUS IS WIDESPREAD IN THE UNITED STATES

Krenz B<sup>1</sup>, Thompson J R<sup>2</sup>, McLane H L<sup>2</sup>, Fuchs M M<sup>3</sup>, Perry K L<sup>2</sup>

<sup>1</sup>*Lehrstuhl Biochemie Department Biologie - Universität Erlangen-Nürnberg Staudtstr. 5 91058 Erlangen Germany*

<sup>2</sup>*Department of Plant Pathology and Plant-Microbe Biology, 334 Plant Science, Cornell University, Ithaca, NY, 14853 USA*

<sup>3</sup>*Plant Pathology and Plant-Microbe Biology, Cornell University, New York State Agricultural Experiment Station, Geneva NY, 14456 USA*

Contact: [bjoern.krenz@fau.de](mailto:bjoern.krenz@fau.de)

Grapevine red blotch disease has been recognized since 2008 as affecting North American grape production. The presence of the newly described grapevine red blotch-associated virus (GRBaV) is highly correlated with the disease. To more effectively detect and monitor the presence of the virus, a sample processing strategy and multiplex polymerase chain reaction assay were developed. Forty-two of 113 vine samples collected in or received from seven of the United States were shown to harbor the virus, demonstrating the virus is widely distributed across North America. Phylogenetic analyses of a viral replication-associated protein (Rep) gene fragment from the 42 isolates of GRBaV demonstrated there were two distinct clades (1 and 2) of the virus, with clade 1 showing the greatest variability. The full-length

genomes of six virus isolates were sequenced, and phylogenetic analyses of 14 whole genomes recapitulated results seen for the Rep gene. A comparison of GRBaV genomes found evidence of recombination underlying some of the variation seen among GRBaV genomes within clade 1. Phylogenetic analyses of coat and replicase-associated protein sequences among single-stranded DNA viruses revealed GRBaV to group tentatively within the family Geminiviridae, with limited significant affinities to both recognized genera and novel plant-infecting Gemini-like viruses.

### **COMPARATIVE GENOME ANALYSIS OF ACHOLEPLASMA BRASSICAE, A. PALMAE, A. LAIDLAWII AND CANDIDATUS PHYTOPLASMA SPECIES HIGHLIGHTS LIMITS IN SHARED GENETIC CONTENT**

Kube M<sup>1</sup>, Siewert C<sup>1</sup>, Migdoll M A<sup>2</sup>, Holz S<sup>1</sup>, Duduk B<sup>3</sup>, Rabus R<sup>4</sup>, Seemüller E<sup>5</sup>, Mitrovic J<sup>3</sup>, Reinhardt R<sup>6</sup>, Büttner C<sup>1</sup>

<sup>1</sup>*Humboldt-Universität zu Berlin, Department of Crop and Animal Sciences, Division Phytomedicine, Lentzeallee 55/57, 14195 Berlin, Germany*

<sup>2</sup>*National Center for Tumor Diseases (NCT) Heidelberg, Im Neuenheimer Feld 460, 69120 Heidelberg, Germany*

<sup>3</sup>*Institute of Pesticides and Environmental Protection, Banatska 31b, P.O. Box 163, 11080 Belgrade, Serbia*

<sup>4</sup>*Institute for Chemistry and Biology of the Marine Environment, Carl von Ossietzky University of Oldenburg, Carl-von-Ossietzky Straße 9-11, 26111 Oldenburg, Germany*

<sup>5</sup>*Julius Kühn Institute, Federal Research Centre for Cultivated Plants, Institute for Plant Protection in Fruit Crops and Viticulture, 69221 Dossenheim, Germany*

<sup>6</sup>*Max Planck Genome Centre Cologne, Carl-von-Linné-Weg 10, 50829 Köln, Germany*  
Contact: Michael.Kube@agrar.hu-berlin.de

The Acholeplasmataceae comprises the genera Acholeplasma and ‘Candidatus Phytoplasma’. Members of the first genus are characterized by a saprophytic lifestyle and do not contain primary pathogens. The pathogenic phytoplasmas can be separated as insect vector spread obligate parasites colonising the sieve cells of the plant phloem. Sequencing of the plant-derived Acholeplasma brassicae and A. palmae resulted in determination of circular chromosomes with 1.9 Mb and 1.6 Mb in size and a G + C content of 36% and 29%. Genomes encode around 1,690 and 1,439 proteins, respectively. Comparative analysis of these and recently published genomes of A. laidlawii, ‘Ca. P. asteris’ strains, ‘Ca. P. australiense’ and ‘Ca. P. mali’ highlights a limited shared basic genetic repertoire of acholeplasmas and phytoplasmas. Acholeplasma chromosomes are characterized by a higher genetic stability. Rare exceptions are the unusual duplication of rRNA-operons and independently introduced gene copies in both genera. Furthermore, acholeplasmas differ for instance by encoding a wide variety of ABC transporters, the F0F1 ATP synthase, the Rnf-complex, an additional gene of the Sec-dependent secretion system, a rich equipment for carbohydrate, fatty acid, isoprenoid and partial amino acid metabolism. Important proteins of phytoplasmas such as enzymes involved in transport, carbohydrate metabolism, proteins involved in host-interaction and virulence-associated effectors were not identified in acholeplasmas indicating the evolutionary split of both genera.

## **TRANSCRIPTOME AND PROTEOME ANALYSIS PROVIDES INSIGHTS IN METABOLIC KEY FEATURES OF CANDIDATUS PHYTOPLASMA MALI**

Siewert C<sup>1</sup>, Luge T<sup>2</sup>, Duduk B<sup>3</sup>, Seemüller E<sup>4</sup>, Sauer S<sup>2</sup>, Büttner C<sup>1</sup>, Kube M<sup>1</sup>

<sup>1</sup>*Humboldt-Universität zu Berlin, Department of Crop and Animal Sciences, Lentzeallee 55/57, 14195 Berlin, Germany*

<sup>2</sup>*Max Planck Institute for Molecular Genetics, Ihnestr. 63, 14195 Berlin, Germany*

<sup>3</sup>*Department of Plant Pathology, Institute of Pesticides and Environmental Protection, Banatska 31b, P.O. Box 163, 11080 Belgrade, Serbia*

<sup>4</sup>*Institute for Plant Protection in Fruit Crops and Viticulture, Federal Research Centre for Cultivated Plants, Schwabenheimer Straße 101, 69221 Dossenheim, Germany*

Contact: [christin.siewert@agrar.hu-berlin.de](mailto:christin.siewert@agrar.hu-berlin.de)

Candidatus *Phytoplasma mali* is the causative agent of apple proliferation, which is one of the most economically important phytoplasma diseases in Europe. Infection results in low fruit quality and reduced productivity of trees. Knowledge on expression of 'Ca. *P. mali*' focussed on a few selected genes so far. Here, we provide first insights in the transcriptome and proteome of 'Ca. *P. mali*'.

*Nicotiana occidentalis* plants infected by 'Ca. *P. mali*' strain AT (showing chlorosis, small leaf formation and decline) were used for RNA and protein extraction from leaf midribs. Obtained RNA was treated by rRNA-depletion, DNase digest and obtained RNA used as template for RNA-Seq (Illumina) resulting in above 17 million reads. RNA-Seq data were mapped on the bacterial genome using CLC Genomics Workbench.

Protein content was separated via SDS-Page and divided into 16 sections followed by tryptic digest. Samples were analysed by LC-MS/MS and assigned to the deduced protein content of 'Ca. *P. mali*' using MaxQuant software package.

Transcripts of around 130 predicted genes were identified by RNA-Seq and around 100 proteins by mass spectrometry. A non-redundant set of around 200 expressed genes of 'Ca. *P. mali*' was identified. Expressed genes were analysed according to their assignment to categories in the protein database of Clusters of Orthologous Groups, their cellular location and their impact on bacterial metabolism. This analysis provides new insights into the metabolism of phytoplasmas.

Treffen des AK „Phytomedizin in den  
Tropen und Subtropen“ auf dem

## Tropentag 2013

International Research on Food Security, Natural  
Resource Management and Rural Development

# Agricultural development within the rural-urban continuum

## Book of abstracts

**Editor:** Eric Tielkes

**Reviewers/scientific committee:** Steffen Abele, Folkard Asch,  
Siegfried Bauer, Regina Birner, Georg Cadisch, Uta Dickhöfer,  
Christof Engels, Falko Feldmann, Bernhard Freyer, Frank Hartwich,  
Ludger Herrmann, Christian Hülsebusch, Ludwig Kammesheidt,  
Michael Krawinkel, John Lamers, Iris Lewandowski, Bohdan Lojka,  
André Markemann, Joachim Müller, Regina Rössler, Carsten Schulz,  
Khalid Siddig, Nils Teufel, Detlev Virchow, Anthony Whitbread

**Editorial assistance:** Mareike Aufderheide, Clemens Voigts



# Crop biotic stresses (DPG session)

---

## Invited Paper

- STEPHAN WINTER:  
**Virus Diseases of Major Significance to Tropical Crop Production - From Diagnosis to Disease Management** 447

## Oral Presentations

- KENNETH ODHIAMBO, FREDRICK WANJALA, BATTAN KHAEMBA:  
**Potential of Selected Plants as IPM Components against *Leptocybe invasa*** 448

- OLAWUYI ODUNAYO JOSEPH, ADEGBOYEGA CHRISTOPHER ODEBODE, SAMUEL OLAKOJO:  
**Genotype × Concentration × Mycorrhiza Interactions on Early Maturing Maize under *Striga lutea* in Nigeria** 449

- ESMAT HEGAZI, WEDAD E. KHAFAGI, FREDRIK SCHLYTER, M.A. KONSTANTOPOULOU, A. ATWA ATWA, ESSAM AGAMY:  
**Mass-Trapping of the Xylophagous Moth Species, *Zeuzera pyrina*, by UV-Light-Pheromone Sticky Trap** 450

- ZOE HEUSCHKEL, ROBERT HOME, MONIKA SCHNEIDER, JÜRGEN POHLAN:  
**Assessment of Farmers' Plant Disease Knowledge in Organic Cacao Cultivation** 451

## Posters

- ESTEFANIA LUENGAS BAUTISTA, ALEJANDRA ABRIL GUEVARA, ANDRES GUHL CORPAS, SILVIA RESTREPO:  
**GEOSIMCast Model: An Empirical Approach in Cundinamarca, Colombia** 452

- VALENTINO GIACOMUZZI, JOHN ABRAHAM, SERGIO ANGELI:  
**Feeding Damage of *Pandemis heparana* Induces the Release of Specific Volatile Compounds from Apple Plants** 453

- JÜRGEN KROSCHER, HENRI TONNANG, HENRY JUAREZ, BRUNO PIERRE LE RU, RACHID HANNA:  
**Analyzing Climate Impacts on Insect Pests using Phenology Modelling and GIS Implemented in the ILCYM Software** 454

- ESMAT HEGAZI, FREDRIK SCHLYTER, WEDAD E. KHAFAGI:  
**Population Cycles and Economic Losses Caused by *Zeuzera pyrina* in an Olive Orchard, Egypt** 455
- MONIKA SCHNEIDER, EUCEBIO PEREZ, FREDDY ALCON, ROMERO CHOQUE, GERMÁN TRUJILLO, CHRISTIAN ANDRES:  
**Cocoa Yield Development of Different Sites, Varieties, Production Systems and Years, in Alto Beni, Bolivia** 456
- RENZOANDRE DE LA PENLA LAVANDER, MARC COTTER, TOM VAN MOURIK, JOACHIM SAUERBORN:  
**A Maximum Entropy Model for the Potential Distribution of *Striga hermonthica* in Africa** 457
- JUDITH ZIMMERMANN, ALAN WATSON, MARKUS GORFER, GEORG CADISCH, FRANK RASCHE:  
**Effects of Contrasting Soil Types, Organic Fertilisation and *Striga* Presence on the Abundance of the Biocontrol Agent *Fusarium oxysporum* F. sp. *strigae* in Soils** 458
- MELINA LYDIA STANUSCHEWSKI, PETER MUTH, HEIKO K. PARZIES, BETTINA I.G. HAUSSMANN:  
**Genetic Diversity of African *Striga hermonthica* Populations and Pathogenic Effects on Contrasting *Sorghum bicolor* Cultivars** 459
- SEGUN GBOLAGADE JONATHAN, OLAWUYI ODUNAYO JOSEPH, BUSAYO JOSHUA BABALOLA:  
**Evaluation of Okra Accession in Treatment Combinations of Mycorrhizal Fungus, Mushroom Compost and Poultry Manure** 460
- JOSHUA OKONYA, JÜRGEN KROSCHEL:  
**Pest Status and Farmers' Pest Management Practices in Sweetpotato Cropping Systems of Uganda** 461
- RAO ROMANA ANJUM, MUHAMMAD ASLAM KHAN, YASIR MAHMOOD, SAMI UL-ALLAH:  
**Comparative Efficacy of Various Botanicals against Potato Leaf Roll Virus in Relation to Environmental Conditions** 462
- JOHN NDERITU, KABURU D. MISHEK, JOHN M. KASINA:  
**Evaluation of Safe Pesticides and Varieties for Management of Insect Pests in Snapbeans in Kenya** 463
- YASIR MAHMOOD, MUHAMMAD ASLAM KHAN, SAMI UL-ALLAH:  
**Effectiveness of Biological Control Agents for the Successful Management of Chickpea Wilt Caused by *Fusarium oxysporum* F. sp. *ciceris* (Padwick)** 464
-

## Virus Diseases of Major Significance to Tropical Crop Production - From Diagnosis to Disease Management

STEPHAN WINTER

*Leibniz-Institut, German Collection of Microorganisms and Cell Cultures GmbH, Plant Virus Department, Germany*

Viruses present a major constraint to plant cultivation in the tropics and those infecting food crops - tomato, cucurbits and leguminosae as well as cassava and banana - are most devastating. This significance is because of changing agricultural practices (intensification) and climatic conditions and is foremost a result of an increased abundance of insect vectors especially of *Bemisia tabaci* and *Thrips* sp. efficiently transmitting many viruses. In addition, changes of vector populations including invasion into new areas and, the indiscriminate use of infected planting material contribute significantly to virus dissemination and spread.

In tropical agricultures, begomoviruses cause major diseases with serious impact, yield reductions and losses. Whiteflies are very efficient in spreading viruses and diseases because these insects can reach enormous population densities. Once introduced by only few insects viruses spread rapidly and thus 100 % infection can be reached in affected fields. Virus populations also change over time and this is because new viruses are introduced and can establish in their original host or other susceptible crops. Newly emerging viruses threaten virus resistance in crops and this highlights the necessity of continuous surveillance and monitoring of pests and diseases in crop management.

In protected production, crop management options directed at virus diseases generally are targeted to the exclusion of insect vectors and prevention of population growth and the use of virus-tolerant/ resistant cultivars. Disease management is feasible by a combination of measures that also include bio-control agents and the sensitive application of pesticides. In open field production, many of these control measures cannot be applied and here virus disease control is predominantly based on insecticide applications which reduce population densities but do not prevent virus spreading. Virus resistance in crops is a main element of disease management strategies but for many crops resistant, cultivars are not available. Disease management in open fields requires a combination of elements and well defined crop management strategies based on a thorough understanding of the epidemiological and ecological factors driving vector populations and virus dynamics.

**Keywords:** *Bemisia tabaci*, begomovirus, disease management, insect-transmitted viruses, thrips, tospovirus

---

**Contact Address:** Stephan Winter, Leibniz-Institut, German Collection of Microorganisms and Cell Cultures GmbH, Plant Virus Department, Messeweg 11/12, 38102 Braunschweig, Germany, e-mail: stephan.winter@jki.bund.de

## Potential of Selected Plants as IPM Components against *Leptocybe invasa*

KENNETH ODHIAMBO<sup>1</sup>, FREDRICK WANJALA<sup>2</sup>, BATTAN KHAEMBA<sup>2</sup>

<sup>1</sup>University of Kabianga, Agroforestry and Rural Development, Kenya

<sup>2</sup>University of Eldoret, Biological Science, Kenya

This study was done to evaluate three herbaceous plants (*Leonotis nepetifolia*, *Schkuria pinnata* and *Tagetes erecta*) for their use in cultural control of *Leptocybe invasa* Fisher & La Salle (Hymenoptera: Eulophidae), a gall wasp that attacks eucalypts in western Kenya. Fifty cages were set in a completely randomised design within a greenhouse with each cage enclosing potted healthy *E. saligna* seedlings either with each one of the test plants or alone. The caged seedlings were infested with *L. invasa* insects then the set up was monitored for five months. Height (Ht) and root collar diameter (RCD) growth of *E. saligna* were measured weekly for five months while number of galls on leaf mid-rib, petioles and stems of the seedlings were recorded for three months from the onset of gall induction. Data were subjected to ANOVA and means separated by LSD using STATGRAPHICS Plus. Mean number of galls on leaf mid-rib, petioles and twigs were, respectively: enclosed alone,  $11 \pm 1$ ,  $5 \pm 1$ ,  $3 \pm 0.5$  ( $p < 0.05$ ); enclosed with *L. nepetifolia*,  $10 \pm 1$ ,  $4 \pm 0.5$  and  $2 \pm 0.4$  ( $p < 0.05$ ); enclosed with *S. pinnata*,  $7 \pm 0.4$ ,  $3 \pm 0.3$  and  $2 \pm 0.5$  ( $p < 0.05$ ); and enclosed with *T. erecta*,  $4 \pm 0.3$ ,  $2 \pm 0.2$  and  $2 \pm 0.1$  ( $p < 0.05$ ). The respective mean height (Ht) and root collar diameter (RCD) growth of *E. saligna* seedlings after week twenty (20) were: *E. saligna* with *L. nepetifolia* (Ht:  $126 \pm 4$ ; RCD:  $2.7 \pm 0.1$ ); *E. saligna* with *S. pinnata* (Ht:  $124 \pm 1$ ; RCD:  $4.3 \pm 0.1$ ); *E. saligna* with *T. erecta* (Ht:  $56 \pm 2$ ; RCD:  $3.7 \pm 0$ ); *E. saligna* that were enclosed alone (Ht:  $85 \pm 2$ ; RCD:  $26 \pm 0$ ); and control *E. saligna* seedlings (Ht:  $140 \pm 1$ ; RCD:  $5.0 \pm 0.1$ ). Pest control by each of the plants was as follows: *T. erecta* (58 %); *S. pinnata* (37 %); and *L. nepetifolia* (16 %). Recommendations on control of *L. invasa* have been made.

**Keywords:** *Leonotis nepetifolia*, *Leptocybe invasa*, *Schkuria pinnata*, *Tagetes erecta*



## Genotype × Concentration × Mycorrhiza Interactions on Early Maturing Maize under *Striga lutea* in Nigeria

OLAWUYI ODUNAYO JOSEPH<sup>1</sup>, ADEGBOYEGA CHRISTOPHER ODEBODE<sup>2</sup>,  
SAMUEL OLAKOJO<sup>3</sup>

<sup>1</sup>*Babcock University, Biosciences and Biotechnology, Nigeria*

<sup>2</sup>*University of Ibadan, Botany, Nigeria*

<sup>3</sup>*Inst. of Agricultural Research and Training, Obafemi Awolowo University, Cereal Improvement Programme, Nigeria*

The yield losses in maize production in tropical Africa including Nigeria are threatened by a number of unfavourable biotic agents of which *Striga lutea* is included. The activities of biotic factors depend on genetic constitution of the cultivars and stage of growth at the time of infection. Therefore, field experiments were carried out for two years in humid climate of *striga* endemic locations in Nigeria, to investigate the interaction of quality protein maize genotype × concentration of arbuscular mycorrhiza fungi (AMF) on early maturing traits and yield related components under *striga* artificial infestation. The early and maturing traits include; number of days from sowing to: emergence (DSE), production of primary (DSP), secondary (DSS), tertiary leaflets (DST), tasseling (DT), 50% silking (DSK) and yield related components: plant aspect, plant harvest, ear aspect, ear harvest and plant stand were evaluated using factorial split model according to the standard procedure. The genotypic and concentration influence produced highly significant ( $p < 0.01$ ) effects for all the early and maturing traits except DSK and DSP in farm settlement. The interactive effect of genotype × concentration were significant for all the early maturing traits, but non-significant for DSE, DSP, DT and DSK in farm settlement. The genotype × concentration level of mycorrhizal interaction were significant for maturing traits except DSE, while significant effect were observed for DSS, DST and DT in farm settlement. The maize genotypes responded positively to the concentration of AMF and their interactions in most of the growth characters in arm settlement compared to Temidire. The level of concentrations in AMF treated plants also produced significant effect, but higher than uninoculated (control) in both locations. However, to improve maize production, selection of early maturing traits and concentration of bio-inoculants should be integrated into maize breeding programmes.

**Keywords:** Concentration, maize genotypes, mycorrhiza, striga

---

**Contact Address:** Olawuyi Odunayo Joseph, Babcock University, Biosciences and Biotechnology, No 22 Olorunsogo street, Back of Presidential Hotel, Osogbo, Nigeria, e-mail: olawuyiodunayo@yahoo.com

## Mass-Trapping of the Xylophagous Moth Species, *Zeuzera pyrina*, by UV-Light-Pheromone Sticky Trap

ESMAT HEGAZI<sup>1</sup>, WEDAD E. KHAFAGI<sup>2</sup>, FREDRIK SCHLYTER<sup>3</sup>,  
M.A. KONSTANTOPOULOU<sup>4</sup>, A. ATWA ATWA<sup>5</sup>, ESSAM AGAMY<sup>6</sup>

<sup>1</sup>Alexandria University, Entomology, Egypt

<sup>2</sup>Ministry of Agriculture, Biological Control, Egypt

<sup>3</sup>Swedish University of Agriculture Sciences, Chemical Ecology, Sweden

<sup>4</sup>Chemical Ecology and Natural Products Laboratory, N.C.S.R. Demokritos, Greece

<sup>5</sup>King Abdulaziz University, Deanship of Scientific Research, Saudi Arabia

<sup>6</sup>Cairo University, Fac. of Agriculture, Egypt

The leopard moth, *Zeuzera pyrina* L. (ZP) (Lepidoptera: Cossidae), is a xylophagous species that has become a serious pest in the olive orchards in Egypt. It attacks a variety of trees and shrubs. More than 150 plant species of up to 20 taxonomic genera, such as apple, pear, plum, olive, apricot, chestnut, and vines, are attacked. Current control practices include either manual killing of larvae inside their galleries, which is time-consuming, labor-intensive and therefore costly procedure, or wide-spectrum insecticide applications against adults. Both chemical and biological control have scored poorly against this pest and additional methods are needed. A simple, durable, but efficient UV-light sticky trap (“Hegazi model”) was devised. The binary blend of the pheromone components, (E,Z)-2,13-octadecenyl acetate and (E,Z)-3,13-octadecenyl acetate (95:5) was combined with the light trap for ZP mass trapping. Combination of light and sex pheromone was optimally attractive to ZP population in olive orchards. Greater reduction in total counts of active galleries was observed in mass-trapping plot compared with those recorded in the control field, where chemical sprays and manual killing were performed. In mass-trapping plot, the seasonal captures and active galleries diminished from one year to the next which may indicate the effectiveness of the method. The study strongly recommends the use of mass-trapping method instead of pesticides against the ZP moths, not only to control them but also to mass-trapping in the same time other olive pests, e.g., the olive (*Prays oleae* Bern) and jasmine (*Palpita unionalis* Hub.) moths. Yield from trees in mass-trapping field was significantly increased in comparison to control trees.

**Keywords:** Leopard moth, light trap, mass trapping, sex pheromone

## Assessment of Farmers' Plant Disease Knowledge in Organic Cacao Cultivation

ZOE HEUSCHKEL<sup>1,2</sup>, ROBERT HOME<sup>2</sup>, MONIKA SCHNEIDER<sup>3</sup>,  
JÜRGEN POHLAN<sup>4</sup>

<sup>1</sup>University of Bonn, ARTS, Germany

<sup>2</sup>Research Institute of Organic Agriculture (FiBL), Socio-Economics Division, Switzerland

<sup>3</sup>Research Institute of Organic Agriculture (FiBL), Intern. Cooperation, Switzerland

<sup>4</sup>International Consultant, Germany

The Alto Beni region on the eastern foothills of the Andes accounts for 90 % of certified organic cacao production in Bolivia and other tropical products for the city of La Paz. In the region more than 2200 households strongly depend on the cultivation of cacao. Cacao is cultivated on smallholder farms mostly in diversified agroforestry systems. These systems contribute to both the conservation of biodiversity and the food security of the farmers.

An outbreak of the frosty pod disease caused by *Moniliophthora roreri* in 2011 is now threatening these relatively sustainable production systems. Examples all over Latin America showed the abandonment and elimination of cocoa systems and the loss of biodiversity and local revenues after its attack. Frosty pod rot is an extremely invasive and destructive disease causing yield losses of 30–80 % after establishment in a region.

An efficient and applicable disease management strategy should address both, ecologic and socio-economic conditions of the entire agro-ecological system. Scientific knowledge must therefore be complemented with the local farmers' knowledge in general and especially their local knowledge on disease management. The aim of this qualitative study was to gather farmers' local disease knowledge to building a fundament for the participatory development of a disease management strategy. Data was collected by combined 24 in depth interviews with on-farm field visits.

We found that there is a certain lack of ecosystem knowledge among the ethnically diverse farmers group, which might be due to the recent colonisation of the area. Cacao cultivation knowledge is present on a basic level but is unequally distributed and the level of performance of disease prevention and control practices lags behind their level of awareness.

It was also found that the process of knowledge formation is ongoing and co-evolving with the active adaptation of the cultivation system. Most sustainable practices related to an additional labour input are strictly challenged by the lack of skilled labour and the migration out of the region into the bigger cities. These constraints should be considered when designing an efficient disease management strategy.

**Keywords:** Bolivia, local knowledge, *Moniliophthora roreri*, participatory technology development, *Theobroma cacao*

---

**Contact Address:** Zoe Heuschkel, University of Bonn, Msc. Programme Agricultural Research and Resource Management in Tropics and Subtropics, Bendenweg 51, 53121 Bonn, Germany, e-mail: z.heuschkel@gmx.de

## GEOSIMCast Model: An Empirical Approach in Cundinamarca, Colombia

ESTEFANIA LUENGAS BAUTISTA, ALEJANDRA ABRIL GUEVARA,  
ANDRES GUHL CORPAS, SILVIA RESTREPO

*University of the Andes, Colombia*

The oomycete *Phytophthora infestans* is the cause of Late Blight, which is considered the most important disease worldwide in potato fields. In most cases, potato production relies on frequent fungicide spraying which rises production costs for farmers in emerging countries, being the main cause of crop abandonment. This study describes the climatic conditions of infected potato crops in Cundinamarca (Colombia) and this study helps to calibrate, standarize and validate the GEOSIMCast model for this region. Colombia is the third potato producer in Latin America, therefore, the results of this research contribute to the understanding of how climatic factors influence the biological cycle of this pathogen in potato fields in different parts of the country. The trial was conducted in eight commercial potato fields in three municipalities of Cundinamarca. Fertilisation and non-experimental fungicides and pesticides were applied according to the standard agricultural practices in the region. Fields were planted with different potato varieties (common called R-12, Criolla and Suprema), which have different level of response to the disease. The sampling for the disease began at the emergence of the crop in each field and lesions were collected to estimate the number of sporangia and the proportion of the lesion in the leaf. Climate data were taken from a weather stations database provided by IDEAM (Instituto Hidrología, Meteorología y Estudios Ambientales de Colombia). Daily climatic data of those stations were interpolated in order to be able to apply the GEOSIMCast model, and the result of the modelling is a fungicide calendar map (risk map). Furthermore, the SIMCAST model (which it is included in the GEOSIMCast model) generates AUDPC graphics, which estimate the late blight progress in potato fields, during the growth stages of the potato crop. These graphics help us to compare the quality of the model predictions and the actual severity of the disease based on the AUDPC graphics created from our sampling.

**Keywords:** Climate, GEOSIMCAST, late blight, *Phytophthora infestans*, potato varieties

## Feeding Damage of *Pandemis heparana* induces the Release of Specific Volatile Compounds from Apple Plants

VALENTINO GIACOMUZZI, JOHN ABRAHAM, SERGIO ANGELI

*Free University of Bozen-Bolzano, Fac. of Science and Technology, Italy*

*Pandemis heparana* Denis & Schiffermüller (Lepidoptera, Tortricidae) is one of the most widespread tortricid leafrollers in European apple orchards and is considered a key pest of apple plants. It is widely distributed in central and north Europe as well as parts of Asia and North America. Larvae of *P. heparana* cause damages primarily on the foliage of its host plants, although they may damage fruits as well. The aim of the present study was to find out if mechanically-damaged and *P. heparana*-damaged apple plants are able to release specific volatile compounds in response to the two different damages, as an indirect defence mechanism. Herbivore-induced plant volatiles (HIPVs) are in fact known to play a critical role in tritrophic interactions.

The volatile organic compounds (VOCs) released by the leaves of one-year-old apple seedlings were collected by closed-loop-stripping-analysis and characterised by gas-chromatography mass-spectrometry. Volatiles were collected for three subsequent days from undamaged, mechanically-damaged and insect-damaged seedlings in three replicates. The mechanical damage was caused on the first day of the experiment (single wounding event). In the case of insect damaged seedlings, 12 larvae were left on the leaves of each plant, feeding for three days.

Twelve VOCs were characterised in the undamaged apple seedlings. They included (Z)-3-hexenyl acetate, nonanal, decanal, 2-ethylhexanol and 8 linear and branched hydrocarbons, ranging from C14 to C20. In case of mechanically-damaged apple seedlings, 6 more volatile compounds were found, namely acrolein diethyl acetal, (E)-4,8-dimethyl-1,3,7-nonatriene, (Z)-3-hexenyl butyrate, (Z)-3-hexenyl benzoate, indole and alpha-farnesene. In case of *P. heparana*-damaged seedlings, we were able to detect a total of 25 volatile compounds. Among these, 8 compounds were specifically induced, namely the terpenes (E)-beta-ocimene, beta-caryophyllene, germacrene D, linalool, calamenene and cadalene, and the benzenoids benzyl cyanide and methyl salicylate.

Our experiments showed for the first time that apple plants strongly respond to insect damage in a specific manner. The volatile profile of *P. heparana*-damaged apple plants included several compounds that were not detected in either undamaged or mechanically-damaged plants. These HIPVs could be important for the development of new eco-friendly techniques of insect pest control in apple orchards.

**Keywords:** Apple volatiles, chemical ecology, *Pandemis heparana* herbivore-induced plant volatiles, plant-insect interaction

---

**Contact Address:** Valentino Giacomuzzi, Free University of Bozen-Bolzano, Fac. of Science and Technology, Piazza Università 5, 39100 Bolzano, Italy, e-mail: valentino.giacomuzzi@gmail.com



## **Analysing Climate Impacts on Insect Pests using Phenology Modelling and GIS Implemented in the ILCYM Software**

JÜRGEN KROSCHEL<sup>1</sup>, HENRI TONNANG<sup>1</sup>, HENRY JUAREZ<sup>1</sup>,  
BRUNO PIERRE LE RU<sup>2</sup>, RACHID HANNA<sup>3</sup>

<sup>1</sup>*International Potato Center (CIP), Global Program of Integrated Crop and Systems Research, Peru*

<sup>2</sup>*International Centre of Insect Physiology and Ecology (ICIPE), Kenya*

<sup>3</sup>*International Institute of Tropical Agriculture, Biocontrol Center of Africa, Benin*

Climate change is expected to exacerbate the already serious challenges to food security and economic development; especially on the African continent where people are already struggling to meet challenges posed by existing climatic variability. Change in temperature caused by climate change is considered the most important abiotic factor affecting the future distribution and abundance of pests. Early predictions of pest risks could help to adapt to climate change by developing and supporting farmers with adequate pest management strategies. The relationship between insect development and temperature is best described by process-based phenology models. The ILCYM software, an open-source computer-aided tool developed by CIP, supports the development of pest phenology models that can be used through simulations for estimating life table parameters (*e.g.*, net reproduction rate). In its GIS component, it estimates three risk indices (establishment (EI), generation (GI) and activity index (AI)) to map and quantify changes on global and regional scales using either actual (WorldClim database) or future temperature data (downscaled data of scenario A1B). Higher spatial (pixel size of 90 m) and temporal resolution (daily data) analysis for capturing insect potential distribution and abundance on small regional scales and variable altitude gradient can also be conducted. In a collaborative effort between CG-Centers (CIP, IITA) and its partners (icipe) the effects of temperature change are assessed on a wide range of insect pests (*e.g.*, cassava mealybug, maize stem borers, potato tuber moths) of important food crops. Preliminary results will be presented; the applied methodology is proposed as a very helpful tool for adaptation planning in integrated pest management.

**Keywords:** Adaptation planning, climate change, food security, insect life cycle modelling, integrated pest management, pest risk assessment

## Population Cycles and Economic Losses caused by *Zeuzera pyrina* in an Olive Orchard, Egypt

ESMAT HEGAZI<sup>1</sup>, FREDRIK SCHLYTER<sup>2</sup>, WEDAD E. KHAFAGI<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Alexandria University, Entomology, Egypt

<sup>2</sup>Swedish University of Agriculture Sciences, Chemical Ecology, Sweden

<sup>3</sup>Ministry of Agriculture, Biological Control, Egypt

The leopard moth, *Zeuzera pyrina* L. (ZP) (Lepidoptera: Cossidae), is an European species with an increasing importance in last few decades in Egypt. Seasonal trends in light-pheromone trap catches for ZP over the period 2002 to 2011 in badly infested olive plots are presented. The ZP moths occurred continuously from late April throughout the growing season and into fall beginning harvest. The ZP has annual biological cycle in olives. The results provided evidence of periodic behaviour in population densities. It seems that the bearing pattern generate periodic oscillation, e.g. larger number of moths in off-year and smaller one in on-year. The ZP reached outbreak densities in the 8<sup>th</sup> year of trapping study. The outbreak cycle may be within the range of 8–12 years. These findings are discussed in relation to bearing pattern of olive tree.

A three-year field experiment was conducted to show that olive strip cropping may reduce ZP infestation and crop losses in olive orchards. In the first two years naturally severely injured plots planted with the highly susceptible local varieties Sennara and Toffahi were observed. Yield losses were estimated at 2.6 to 3.1 t ha<sup>-1</sup> for Sennara and 2.1 to 4.8 t ha<sup>-1</sup> for Toffahi. The value of these losses is estimated at US\$1608 to 1770 per ha for Sennara and 1433 to 3216 per ha for Toffahi. In the 3<sup>rd</sup> year we compared the response of eight olive varieties with different cropping systems (variety mixtures) to ZP incidence and their subsequent yield and value of losses. The results suggested that mixing olive varieties can assist in ZP control. Also, yield loss due to ZP damage is influenced by the companion variety and neighbouring vegetation.

**Keywords:** Economic loss, leopard moth, olive tree, population trend

## Cocoa Yield Development of Different Sites, Varieties, Production Systems and Years, in Alto Beni, Bolivia

MONIKA SCHNEIDER<sup>1</sup>, EUCEBIO PEREZ<sup>2</sup>, FREDDY ALCON<sup>3</sup>,  
ROMERO CHOQUE<sup>4</sup>, GERMÁN TRUJILLO<sup>3</sup>, CHRISTIAN ANDRES<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Research Institute of Organic Agriculture (FiBL), Intern. Cooperation, Switzerland

<sup>2</sup>PIAF - El Ceibo Foundation, Bolivia

<sup>3</sup>ECOTOP, Consulting on Successional Agroforestry, Bolivia

<sup>4</sup>Catholic University Carmen Pampa, Bolivia

One of the most essential limiting factors of cocoa (*Theobroma cacao* L.) productivity worldwide is pests and diseases. Each of the major production regions has its specific pests and diseases. Reported yield losses range from minor to almost 100 per cent.

In Alto Beni, located in the Amazonian watershed of the department La Paz, Bolivia, the Research Institute of Organic Agriculture (FiBL) and its local partners are addressing several problems of cocoa producers using a participatory technology development approach. Problems were identified in a participatory way and are, in order of priority, i) to reduce the incidence of pests and diseases, mainly the cocoa mirid (*Monalonion dissimulatum*) and frosty pod rot (*Moniliophthora roreri*); ii) to evaluate the productivity of different cocoa varieties (local selections, introduced clones), and iii) to document the management practices and plantation layouts of high yielding cocoa farmers. In order to develop novel biological pest control measures, both the knowledge of cocoa yield development in the course of the harvest period, as well as the dynamics of pests and diseases are of great interest.

Data from three different research activities of the mentioned project are analysed for yield development, the appearance and the incidence of pests and diseases. The research data are from:

- a) On-farm trials in multiple locations which were established in 2004. The performance of 16 cocoa varieties have been assessed for 3 years (2010–2012).
- b) Four high yielding cocoa farmers' fields (2012 only).
- c) A long-term field experiment assessing the sustainability of five cocoa production systems (2011 and 2012). The trial investigates the influence of monocultures and different agroforestry systems under organic and conventional management on the yield development, among other agronomic, economic and environmental parameters.

**Keywords:** Cocoa, diseases, pests, production-system, yield-development

## A Maximum Entropy Model for the Potential Distribution of *Striga hermonthica* in Africa

RENZOANDRE DE LA PENA LAVANDER<sup>1</sup>, MARC COTTER<sup>2</sup>, TOM VAN MOURIK<sup>3</sup>,  
JOACHIM SAUERBORN<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Georg-August-Universität Göttingen, Tropical and International Forestry (TIF), Germany

<sup>2</sup>University of Hohenheim, Inst. of Plant Production and Agroecology in the Tropics and Subtropics, Germany

<sup>3</sup>International Crops Research Institute for the Semi- Arid Tropics (ICRISAT), Dryland cereals, Resilient dryland systems, Mali

The genus *striga* (Orobanchaceae) comprises parasitic weeds recognised as a major problem for crop production in sub-Saharan Africa. *Striga hermonthica* is an obligate parasite of pearl millet, sorghum, corn and other important crops in the semi-arid and arid regions of the tropics. Annually, this species produces millions of hectares of yield losses and a great impact on human welfare in the rural areas where it occurs. Under the present situation and the possible scenarios within the framework of climate change *Striga hermonthica*'s current and future distribution needs to be estimated urgently, in order to efficiently target available prevention and management strategies.

Based on data collected from the field and an extensive bibliographic search, we used the Maximum Entropy (Maxent) modelling approach to estimate the distribution of *Striga hermonthica* in the African continent. We focused on the species' present distribution and its prospection for the year 2050. We used the scenarios proposed by the IPCC 4<sup>th</sup> Assessment Report and their climatic models.

The results, based on the accessed data, arguably show the existence of two different sub-populations of *Striga hermonthica*. The sampled points representing the occurrence of *Striga* were first sorted according to their geographical location in the continent. Then a distribution model over the whole African continent was produced for each sub-population. The subgroup distributed in the western part showed affinity for sub-saharan climatic conditions and it is also likely to be present in southeast Africa. The eastern subgroup exhibited preferences for the climatic conditions found in the southern part of the continent and it could have a strong presence in North Africa if conditions are suitable.

**Keywords:** Africa, climate change, maxent, potential distribution, *Striga*

---

**Contact Address:** Marc Cotter, University of Hohenheim, Inst. of Plant Production and Agroecology in the Tropics and Subtropics, Garbenstr. 13, 70599 Stuttgart, Germany-e-mail: Cotter@uni-hohenheim.de

## Effects of Contrasting Soil Types, Organic Fertilisation and *Striga* Presence on the Abundance of the Biocontrol Agent *Fusarium oxysporum* f.sp. *strigae* in Soils

JUDITH ZIMMERMANN<sup>1</sup>, ALAN WATSON<sup>2</sup>, MARKUS GORFER<sup>3</sup>,  
GEORG CADISCH<sup>1</sup>, FRANK RASCHE<sup>1</sup>

<sup>1</sup>University of Hohenheim, Institute of Plant Production and Agroecology in the Tropics and Subtropics, Germany

<sup>2</sup>McGill University Canada, Department of Plant Science, Canada

<sup>3</sup>University of Natural Resources and Life Sciences (BOKU), Fungal Genetics and Genomics Unit, Austria

The parasitic weed species *Striga hermonthica* is one of the major constraints to cereal production in sub-Saharan Africa affecting the livelihood of about 100 million people. *Striga* lives parasitically on cereal crops such as millet, sorghum, maize, rice and sugar cane where it can lead to up to 100 % crop loss in the field. The soil-borne biocontrol agent (BCA) *Fusarium oxysporum* F. sp. *strigae* (acronym: Foxy 2) has shown superior suppression ability of all growing stages of the weed *Striga* and seems to be a promising control tool for the African farmers. For the wide spread application in the field it is necessary to assess the control stability and therefore the persistence of the BCA under contrasting environmental conditions to investigate necessary re-inoculation times. Therefore a molecular detection tool based on quantitative polymerase chain reaction (qPCR) was developed to specifically quantify Foxy 2 in soil samples. In the presented study, a rhizobox experiment was performed with a *Striga* tolerant maize variety under controlled conditions in a climate chamber. Since the persistence of Foxy 2 can vary under different soil conditions and with presence or absence of the weed *Striga* we have included two contrasting tropical soil types, organic fertilisation with *Tithonia diversifolia* and *Striga* presence and absence in the experimental design. Foxy 2 was introduced via seed coating of the maize seed with 1.15\*10<sup>5</sup> colony forming units per seed. Rhizosphere soil samples were obtained 14, 28 and 42 days after planting and further analysed on the abundance of Foxy 2. The rhizobox experiment clearly showed that soil type and organic fertilisation have significant effects on the abundance of Foxy 2. The propagation ability of the BCA was significant higher in the sandy soil type compared to the clayey soil. The organic fertilisation treatment was clearly promoting the abundance of Foxy 2 in both soils and can therefore increase the effectiveness of the BCA which is particularly important under non favoured soil conditions of the BCA to provide stable control ability against *Striga*.

**Keywords:** Biological control agents, *Fusarium oxysporum*, *Striga hermonthica*

---

**Contact Address:** Judith Zimmermann, University of Hohenheim, Institute of Plant Production and Agroecology in the Tropics and Subtropics, Stuttgart, Germany, e-mail: judith.zimmermann2@gmx.de



## Genetic Diversity of African *Striga hermonthica* Populations and Pathogenic Effects on Contrasting *Sorghum bicolor* Cultivars

MELINA LYDIA STANUSCHEWSKI, PETER MUTH, HEIKO K. PARZIES,  
BETTINA I.G. HAUSSMANN

*University of Hohenheim, Inst. of Plant Breeding, Seed Science and Population Genetics, Germany*

The root hemiparasite *Striga hermonthica* causes enormous yield loss in its dryland staple cereal host *Sorghum bicolor*. *Striga*-resistant sorghum cultivars could be an important part of integrated *S. hermonthica* control. For efficient resistance breeding, knowledge about the pathogenic diversity of *S. hermonthica* is essential. The aims of this study were therefore to (i) determine the genetic diversity within and between seven *S. hermonthica* populations from East and West Africa using 15 microsatellite markers and (ii) to assess pathogenic main effects and host-parasite interactions of these *S. hermonthica* populations grown on 16 diverse sorghum genotypes in a greenhouse pot trial.

Most of the observed genetic variance (91 %) assessed with microsatellite markers occurred within *S. hermonthica* populations. Only a small portion (8 %) was accounted to differences between regions of origin of the *S. hermonthica* populations. A positive correlation ( $R^2=0.14$ ) between pairwise geographic and genetic distances reflected the slightly increasing differentiation of *S. hermonthica* populations with increasing geographic distance. East African *S. hermonthica* populations, especially those from Sudan, had significantly greater average infestation success across all sorghum genotypes than West African populations. Some specific host-parasite interaction effects were observed.

The applied markers detected only neutral genetic diversity. To identify any association between *striga* virulence and molecular markers, a high-density marker system covering the whole *striga* genome would be required and a very precise and representative phenotyping system.

The high genetic variation among individuals of each *S. hermonthica* population underlines the high potential adaptability to different hosts and changing environments, and points to the need to manage sorghum resistance alleles in space and time so as to hinder the parasite to overcome resistance.

Combining resistant varieties with an integrated management approach will be essential for effective *S. hermonthica* control.

**Keywords:** Greenhouse pot trial, microsatellite markers, *striga* aggressiveness, *striga* genetic variability, *striga* resistance in sorghum, *striga*-sorghum interaction, witchweed

---

**Contact Address:** Melina Lydia Stanuschewski, University of Hohenheim, Inst. of Plant Breeding, Seed Science and Population Genetics, Stuttgart, Germany, e-mail: melina.stanuschewski@gmail.com

## Evaluation of Okra Accession in Treatment Combinations of Mycorrhiza Fungus, Mushroom Compost and Poultry Manure

SEGUN GBOLAGADE JONATHAN<sup>1</sup>, OLAWUYI ODUNAYO JOSEPH<sup>2</sup>,  
BUSAYO JOSHUA BABALOLA<sup>1</sup>

<sup>1</sup>University of Ibadan, Dept. of Botany, Mycology & Biotechnology Unit, Nigeria

<sup>2</sup>Babcock University, Biosciences and Biotechnology, Nigeria

Okra *Abelmoschus esculentus* L. (Moench) is one of the most widely cultivated vegetables by rural farmers of Nigeria due to its high nutritional value. The potentials of biofertiliser as an alternative to inorganic fertilisers in crop production has been identified. Therefore, the growth and yield response of five okra accessions viz NG/TO/02/12/156, NG/OA/03/12/157, NG/OA/05/12/159, IJ-OND Okr 1 and IJ-OND Okr 2 to sole and combinations in treatment of spent mushroom compost (SMC), *Glomus mosseae* and poultry manure (PM) were investigated at on-farm trial conducted at the research farm of Botany Department, University of Ibadan, Nigeria from December to April, 2013. The experiment was laid out factorially in a complete block design with eight treatments and three replicates. The Arbuscular mycorrhizal fungus (AMF) *G. mosseae*, mushroom compost and poultry manure were inoculated to 8 kg soil at the rate of 1.67 g, 2.5 g and 5 g each per plant, while the control had 0 g. The result showed that the interactive effect of replicates, treatments, week after planting and replicate  $\times$  treatment were highly significant ( $p < 0.01$ ) for most of the agronomic parameters, but non-significant at replicate  $\times$  week after planting level. The effect of treatment  $\times$  week after planting was also significant for number of leaves, leaf length and leaf width, but non-significant for plant height. Again, *G. mosseae* + PM treated plants produced the highest mean number of leaves of 9.66 and were significantly different from other treatments and control. *G. mosseae* + SMC had the highest value of plant height (41.93 cm), leaf length and leaf width compared to other treatments and control. The mean interactive effect of replicates, replicate  $\times$  treatment were non significant for fruit length and width, fruit weight per plant, total number of fruit, but highly significant ( $p < 0.01$ ) for dry weight and seed weight per plant at treatment level. The highest cumulative total number of fruit and fruit weight were recorded for *G. mosseae* inoculated plants. Therefore, these bio-inoculants should be integrated into organic agriculture.

**Keywords:** Bio-inoculants, growth, okra, yield

## Pest Status and Farmers' Pest Management Practices in Sweetpotato Cropping Systems of Uganda

JOSHUA OKONYA<sup>1</sup>, JÜRGEN KROSCHER<sup>2</sup>

<sup>1</sup>International Potato Center (CIP), Global Program of Integrated Crop and Systems Research, Uganda

<sup>2</sup>International Potato Center (CIP), Global Program of Integrated Crop and Systems Research, Peru

Sweetpotato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) is the third most important food crop in Uganda. Although it is considered a food security crop, its productivity is far below its potential. This study assessed the pest status and farmers' perception and management practices of the most economically important insect pests of sweetpotato, *i.e.* the sweetpotato weevils *Cylas puncticollis* Boheman and *C. brunneus* F. and the sweetpotato butterfly *Acraea acerata* Hew.

A total of 192 rural farm households of the districts Kabale, Kasese, Gulu, Masindi, Soroti and Wakiso were interviewed using a structured questionnaire. Additionally, the abundance, infestation rate and intensity of infestation of all three pests was assessed and the root yield loss caused by *Cylas* spp. quantified over two growing seasons in the districts of Kabale and Masindi.

Over 80 % of farmers grow sweetpotato for home consumption, emphasising its importance as a food security crop. *Cylas* spp. and *A. acerata* were ranked as the first (57 % of the households) and second (37 % of the households) most damaging insects to sweetpotato. The prevalence of *A. acerata* larvae was generally low (8–25 %) and its larvae caused very little defoliation (1–25 %). For *Cylas* spp., the abundance was relatively high (40–97 %), with a consequential high yield loss (37–51 %) of marketable root weight. Farmer management practices of *A. acerata* included use of chemical insecticides (24 % of households), ash application (3 %) and hand picking (2 %). However, 65 % and 87 % of the households did not apply any control measure for *A. acerata* and *Cylas* spp., respectively.

All pests are a big constraint to sweetpotato production in Uganda. Thus, appropriate integrated pest management (IPM) strategies must be designed, particularly for *Cylas* spp., if the food security and livelihoods of farmers who depend on this crop is to be improved.

**Keywords:** *Acraea acerata*, *Cylas* spp, farmers' perception, IPM, *Ipomoea batatas*, sweetpotato butterfly, sweetpotato weevil

---

**Contact Address:** Jürgen Kroschel, International Potato Center (CIP), Global Program of Integrated Crop and Systems Research, Apartado 1558, 12 Lima, Peru, e-mail: j.kroschel@cgiar.org

## Comparative Efficacy of Various Botanicals against Potato Leaf Roll Virus in Relation to Environmental Conditions

RAO ROMANA ANJUM<sup>1</sup>, MUHAMMAD ASLAM KHAN<sup>1</sup>, YASIR MAHMOOD<sup>1</sup>,  
SAMI UL-ALLAH<sup>2</sup>

<sup>1</sup>University of Agriculture, Dept. of Plant Pathology, Pakistan

<sup>2</sup>University of Kassel, Grassland Science and Renewable Plant Resources, Germany

Research was carried out to identify resistant source against potato leaf roll virus (PLRV) on the basis visual symptoms and ELISA test. Out of twenty-nine varieties/lines only two 394021–120 (line) and Orla (variety) was resistant to PLRV and ten varieties showed moderately resistant response categorized on the basis of visual symptoms. These results were confirmed through ELISA test. All other varieties/lines fall in the susceptible to highly susceptible range. The disease incidence was highly significant correlated with maximum and minimum air temperature and relative humidity. While on the other hand there was also a significant correlation of maximum and minimum air temperature, relative humidity and wind speed with number of aphids per plants. There was increasing trend in disease severity with one degree increase in maximum temperature. The critical rang for temperature at which maximum disease was recorded was 22–24°C with a relative humidity range of 60–70 %. For the successful management plant extracts, neem (*Azadirachta indica*), datura (*Datura stramonium*), garlic (*Allium sativum*), onion (*Allium cepa* L.), allovera (*Aloe barbadensis*), eucalyptus (*Eucalyptus globulus*) and two bio products i.e Imidacloprid and Vampire were evaluated in the field. All the treatments were replicated thrice by following a complete randomised block design. All the treatments showed a significant reduction in disease by lowering the aphid population. Among the two bio products Imidacloprid proved to be the best by decreasing the disease incidence up to 36.10 %. Among plant extracts datura (*Datura stramonium*) and neem (*Azadirachta indica*) were proved equally effective by lowering the disease incidence up 38.14 % and 37.72 % respectively.

**Keywords:** Correlation, ELISA, leaf rolls virus, management

---

**Contact Address:** Yasir Mahmood, University of Agriculture, Dept. of Plant Pathology, Room No 18 C Qazzaffi Hall University of Agriculture, 3800 Faisalabad, Pakistan, e-mail: yasir\_scout@yahoo.com

## Evaluation of Safe Pesticides and Varieties for Management of Insect Pests in Snapbeans in Kenya

JOHN NDERITU<sup>1</sup>, KABURU D. MISHEK<sup>2</sup>, JOHN M. KASINA<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Mount Kenya University, Research and Development, Kenya

<sup>2</sup>Ministry of Agriculture, Crop Management, Kenya

<sup>3</sup>Kenya Agricultural Research Institute, Entomology, Kenya

Studies were undertaken from December 2009 to January 2011 to assess varieties and the efficacy of some neonicotinoid formulations used in snap bean production as seed dressings and soil drenches against snap bean pests. In the first experiment, four neonicotinoid seed dressing (Gaucho, Monceren, Cruiser, Apron Star) and two soil drench formulations (Actara and Confidor) were tested on Amy variety in a randomised complete block design replicated three times. Seed dressing chemicals were applied on site just before planting whereas the soil drenching chemicals were applied twice on the third and 13<sup>th</sup> day after emergence. In the second experiment, seven commercial snap bean varieties (Amy, Alexandra, Bravo, Serengeti, Paulista, Tana and Mara) were tested with and without a pesticide (Confidor) in a split plot design. Confidor pesticide formed the main plots and variety the sub-plots. Data was collected weekly on number of plants per plot, bean fly maggots, whitefly nymphs, bean fly ovipuncture marks, number of thrips on leaves and flowers and finally on pod yield.

The number of bean fly maggots was significantly ( $p < 0.001$ ) lower in plots treated with Confidor, Actara, Gaucho, Monceren and Cruiser than in Apron Star and non-treated control plots. Plots treated with Confidor and Actara had significantly ( $p < 0.001$ ) lower bean fly infestations and gave significantly ( $p < 0.001$ ) higher yields. Thus neonicotinoid treatment with Cruiser, Monceren or Confidor in snap bean production can effectively reduce bean fly infestation and increase yields hence offering great benefits to snap bean growers. On host plant resistance, the varieties were significantly different ( $p = 0.001$ ) in the number of plants as well as in marketable ( $p = 0.001$ ) and total pod yields ( $p = 0.001$ ). Alexandra and Serengeti variety had higher plant stand and yields than Amy variety, the commonly grown variety in Mwea. Treatment with Confidor further improved plant stand and increased pod yield. Some degree of resistance was noticed in Alexandra and Serengeti varieties against bean fly which was enhanced by treatment with Confidor. Alexandra and Serengeti varieties could be recommended to snap bean growers in areas like Mwea which experience high pest infestation.

**Keywords:** Beanfly, pesticides, seed dressing, thrips

---

**Contact Address:** John Nderitu, Mount Kenya University, Research and Development, 342-00100, Thika, Kenya, e-mail: h.nderitu@mku.ac.ke



## Effectiveness of Biological Control Agents for the Successful Management of Chickpea Wilt caused by *Fusarium oxysporum* f.sp. *ciceris* (Padwick)

YASIR MAHMOOD<sup>1</sup>, MUHAMMAD ASLAM KHAN<sup>1</sup>, SAMI UL-ALLAH<sup>2</sup>

<sup>1</sup>University of Agriculture, Dept. of Plant Pathology, Pakistan

<sup>2</sup>University of Kassel, Grassland Science and Renewable Plant Resources, Germany

Chickpea wilt caused by *Fusarium oxysporum* f.sp. *ciceris* (Padwick) is a devastating disease of chickpea around the globe wherever this crop is grown. For the successful and environmentally friendly management six biological control agents were evaluated against the pathogen *in vitro* assay, glass house assay and in the field. Among the six biological control agents *Pseudomonas fluorescens* was proved to be very effective by inhibiting the mycelia growth of fungus up to 70.94 % inhibition over control on PDA medium. *Trichoderma harzianum* was proved to be second best followed by *Rhizobia* spp. and *Bacillus subtilis* with 63.95 %, 60.79 % and 57.68 % growth reduction over control, respectively. When seeds were treated with bio-control agents all the antagonists were effective in managing the disease. In this case *Pseudomonas fluorescens* proved to be most effective on a moderately resistant variety (Noor 91) and two susceptible varieties (Pb2000 and ICC131–21) and showed significant disease reduction percentage with mean 76.78 over inoculated control in glass house. While *Rhizobium* spp was proved to be second best followed by *Trichoderma harzianum* with means disease reduction percentages 69.44 and 57.73 respectively. *Bacillus subtilis* was least effective against the disease. The overall and individual effect of all treatments was highly significant on moderately resistant variety (Noor 91) as compared to other two and inoculated control. Field trail under sick plot condition showed that when chickpea seeds of four varieties were treated with *Pseudomonas fluorescens* it reduced the disease incidence up to 69.89 % over control. When seeds of chickpea were treated with *Rhizobium* sp., proved to be second best followed by *Trichoderma harzianum* with disease reduction percentage mean 66.76 and 57.17 respectively on all four chickpea varieties.

**Keywords:** Chickpea, chickpea wilt, *Pseudomonas fluorescens*, *Trichoderma harzianum*

---

**Contact Address:** Yasir Mahmood, University of Agriculture, Dept. of Plant Pathology, Room No 18 C Qazaffi Hall University of Agriculture, 3800 Faisalabad, Pakistan, e-mail: yasir\_scout@yahoo.com

## Report on the meeting of the working groups „Population dynamics and epidemiology“ of DPG and “Epigeic arthropods” of DGaaE and „Agroecology“(GfÖ)

The meeting for the working groups “Epigeic arthropods and population dynamics and epidemiology” of DGaaE and DPG and “Agroecology”(GfÖ) took place September 26<sup>th</sup>, 2013 at Halle (Saale).

It was organized by Prof. Dr. Christa Volkmar and team from Institute of Agriculture & Nutritional Sciences, Martin-Luther-University Halle-Wittenberg. In total, 31 specialists from research and practice attended the meeting from University Halle, Julius Kuehn Institute (JKI) Quedlinburg and Kleinmachnow, National Research Center Dokki Giza, Egypt, Institute for Land Use Systems, Leibniz-Centre for Agricultural Landscape Research (ZALF) Müncheberg, Federal Research Centre for Cultivated Plants; Institute for Crop and Soil Science Braunschweig, Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK) Gatersleben, Limagrains GmbH Peine-Rosenthal, Bio Chem agrar, Bayer CropScience Deutschland GmbH.

The next meeting (2015) will be organized by Dr. Ralph Platen, Institute for Land Use Systems, Leibniz-Centre for Agrarian Landscape Research (ZALF), Müncheberg.

Christa Volkmar, Halle (Saale)

### “Population dynamics and epidemiology” of DPG

#### Examination of various traits on wheat midge resistance in some spring wheat genotypes

Nawal Gaafar<sup>2</sup>, Nabil El-Wakeil<sup>1,2</sup>, Ulrike Lohwasser<sup>3</sup>, Christa Volkmar<sup>2</sup> & Andreas Börner<sup>3</sup>

- <sup>1</sup> Pests and Plant Protection Dep., National Research Centre, Dokki, Cairo, Egypt
- <sup>2</sup> Institute of Agric. & Nutrit. Sciences, Martin-Luther-University Halle-Wittenberg, Germany
- <sup>3</sup> Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research, Gatersleben (IPK), Germany  
Contact: nabil.el-wakeil@landw.uni-halle.de

At the Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research, Gatersleben (IPK), a core collection comprising 117 wheat accessions was cultivated in 2012. The population was used for a genome wide association mapping study of agronomic traits, including plant height, flowering time, grain weight per spike, grain number per spike as well as wheat midge adults and larvae. Orange and yellow wheat midges were surveyed by white water traps as well by dissecting wheat ears to count adults and larvae of thrips and midge larvae.

Water traps: The wheat genotypes could be categorized based on midge larvae and adults into three groups; with low, moderate and high levels of wheat midge populations. Low wheat orange and yellow larvae populations were recorded in TRI 4547, TRI 5603 and TRI 6094; while the high both larvae populations were found in lines TRI 403, TRI 3987, TRI 2679 and TRI 3931. For orange wheat midge adults 43 marker trait associations (MTA) were detected, while they were 25 for its larvae. On the other hand, 22 and 19 MTA for yellow wheat midge adults and larvae were identified, respectively.

Dissecting wheat ears: High numbers of *Sitodiplosis mosellana* larvae were found in TRI 4116, TRI 4042 and TRI 3931. The lowest numbers of *S. mosellana* larvae were recorded in TRI 4943, TRI 5601 and TRI 10688. TRI 2656, TRI 4551 and TRI 5425 were identified as the highest larval records of *Contarinia tritici*. Genotypes TRI 5342, TRI 3881 and TRI 10338 had the lowest levels of *C. tritici* larval infestation. For *S. mosellana* and *C. tritici* could be detected 21 MTA for both midges through the ears analysis. Thirty two MTA were found in thrips adults and 31 MTA for thrips larvae.

Overall, in 2012 spring wheat trials, the higher number of MTA found in the spring wheat panel may be due to a higher genetic diversity present in that collection (gene bank accessions) compared with the winter wheat panel, consisting mainly of advanced breeding lines/cultivars in the near future.

#### Observations on *Oscinella frit* and various aphids in a spring wheat collection in 2013

Juliane Richter<sup>1</sup>, Ulrike Schmidt<sup>1</sup>, Robert Rethfeld<sup>1</sup>, Mike Taylor<sup>2</sup>, Andreas Börner<sup>3</sup>, Ulrike Lohwasser<sup>3</sup> & Christa Volkmar<sup>1</sup>

- <sup>1</sup> Martin-Luther-University Halle-Wittenberg, Institute of Agriculture and Nutritional Sciences, Halle, Germany
- <sup>2</sup> Limagrains GmbH, Peine-Rosenthal, Germany
- <sup>3</sup> Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), Gatersleben, Germany  
Contact: Juliane.Richter89@web.de

The frit fly is an oligophagous fly assigned to the family Chloropidae. It is an important pest in wheat and maize. *Oscinella frit* has three generations, the larvae penetrate into the stem core and are crawling toward the tillering node. Only one larva lives in one stem. The female flies lay their eggs on stems of underdeveloped plants and on ears of spring crops.

In wheat various aphids are causing damage by sucking the phloem on ears and leaves. Major species are *Sitobion avenae*, *Metopolophium dirhodum* and *Rhopalosiphum padi*.

The observed spring wheat collection consists of 111 different genotypes from 27 countries. It was sown at Gatersleben in the forelands of the Harz Mountains on the experimental area of the Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research. By using white dish traps in every plot it was possible to catch adult flies and various stages of aphids to determine the activity of both pests. The white dish traps were controlled weekly and additional visual rating was used for identifying the infestation with aphids on ears and flag leaves. Using sweep nets was a suitable method to catch aphids and flies for a complete determination of species.

After sampling all traits it was possible to calculate an association study to find out characteristic marker trait associations (MTA) for potential resistance on the wheat genes. These tests were conducted at the Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research by the research group Resources Genetics and Reproduction, directed by Dr. Andreas Börner. For a potential resistance to *Oscinella frit* it was possible to detect 41 MTA, for the aphids it was possible to detect 44 MTA on the different wheat genes.

Secondary observations were made in 2013 about potential resistance against aphids in a winter wheat collection, consisting of 96 genotypes at Gatersleben and on a second experimental area provided by Limagrain GmbH in the proximity of Peine (Lower Saxony). It was possible to collect characteristic traits for an association study calculation to find out characteristic MTA for the traits infestation with aphids on ears and on flag leaves. Major species found in winter wheat were *Sitobion avenae* (67.5%), *Rhopalosiphum padi* (18.8%) and *Metopolophium dirhodum* (13.7%). It was also possible to detect two genotypes with low to zero aphid activity in the test period.

Full results about possible resistances of genotypes and full description of the detected MTA are illustrated in a master's thesis authored by Juliane Richter and a bachelor's thesis authored by Robert Rethfeld 2013.

### Influence of temperature and alkaloid concentration on aphid population development on narrow-leafed lupins

Jasmin Philippi, Edgar Schliephake & Frank Ordon

Julius Kuehn Institute – Federal Research Centre for Cultivated Plants, Institute for Resistance Research and Stress Tolerance, Erwin-Baur-Str. 27, D-06484 Quedlinburg, Germany  
Contact: jasmin.philippi@jki.bund.de

Due to high protein content, the ability to fix nitrogen by symbiosis with rhizobia thereby accumulating nitrogen in the rhizosphere and the deep root system having a positive influence on soil structure, narrow-leafed lupins (*Lupinus angustifolius*) are of increasing interest especially on pure,

sandy soils and for organic farming. Characteristic for wild lupins is the accumulation of toxic alkaloids acting as deterrents against several pathogens and herbivores. Breeding of “sweet lupins” with low alkaloid content enhanced the use of lupin seeds in human and animal diets, but led to an increased susceptibility to aphids. It can be expected that in case of an increasing acreage of sweet lupins and due to climate change different aphid species will adapt to low alkaloid lupins and may cause economically important yield losses.

In this regard, 20 narrow-leafed lupin genotypes with different alkaloid levels were investigated concerning the influence of the alkaloid content on the multiplication of the lupin aphid *Macrosiphum albifrons* and the black bean aphid *Aphis fabae* in growth chamber experiments. The alkaloid content of the plant leaves was analyzed in freeze dried leaf material. Results showed that *Macrosiphum albifrons* is not affected by high alkaloid content, whereas a strong negative correlation between the concentrations of different alkaloids and the multiplication of *Aphis fabae* was observed.

Further studies investigated the individual as well as the population development of *M. albifrons* and *A. fabae* in growth chamber experiments at different temperatures (15, 20, 23 and 27°C) on four lupin genotypes: the sweet lupins “Bo083521AR” and “Tallerack”, the sweet lupin “Boregine” with a slightly higher alkaloid content, and the alkaloid rich cultivar “PSG Otsaat Blaue”. Larvae of *A. fabae* died prematurely on the alkaloid rich genotype while larvae of *M. albifrons* were unaffected. For the individual weight growth development a temperature optimum of 23°C for *M. albifrons* and 23–27°C for *A. fabae* was observed. At 15°C level both aphids showed the longest pre-imaginal time, but the optimum temperature for this parameter was for *M. albifrons* (20–23°C) lower as for *A. fabae* (23–27°C). Regarding the life time, *M. albifrons* showed a decreasing life duration with increasing temperature, for *A. fabae* an optimum at 20°C was observed. *M. albifrons* showed a much higher multiplication rate than *A. fabae* with an optimum temperature of 20–23°C for both species. At 27°C the number of larvae was reduced. The life time and fertility (as number of larvae) of *A. fabae* was significantly reduced with increasing alkaloid content. Concerning the population development, characterized by the life table parameters, the net reproductive rate ( $R_0$ ) of the population was similar to the results of the number of larvae of the individuals. The doubling time ( $D_t$ ) decreased with increasing temperature for both aphids. For *M. albifrons* a decreasing mean generation time ( $T$ ) was observed by increasing temperature, while *A. fabae* showed a higher  $T$  value at 20–23°C and a significant influence of the high alkaloid content. The intrinsic ( $r_m$ ) and the finite rate ( $\lambda$ ) of population increase slightly grew with increasing temperature for both aphid species. At the temperature level of 27°C a reduced performance of *M. albifrons* on the alkaloid rich genotypes “Boregine” and “PSG Otsaat Blaue” was observed, compared with the sweet genotypes. Regarding studies showing an increasing alkaloid content in plants by an increased temperature it is presumed that the combina-

tion of stress by high temperature and high alkaloid content decreases the population development potential of *M. albifrons*. This has to be investigated in further studies.

### Seven years of research on the effects of elevated temperatures on *Coccinella septempunctata* and *Harmonia axyridis*

Sandra Krenzel & Bernd Freier

Julius Kühn-Institut, Federal Research Centre for Cultivated Plants (JKI), Institute for Strategies and Technology Assessment, Stahnsdorfer Damm 81, 14532 Kleinmachnow, sandra.krenzel@jki.bund.de, bernd.freier@jki.bund.de  
Contact: sandra.krenzel@jki.bund.de

The aim of a seven year-lasting research programme was to quantify the effects of elevated temperatures on life table parameters and the predatory potential of *Coccinella septempunctata* and *Harmonia axyridis* as natural enemies of *Sitobion avenae*. Several climate chamber investigations using daily temperature profiles focused on their predatory potential, intraguild predation and various life table parameters under elevated temperature conditions. Microcosm experiments revealed a similar potential of both species to reduce aphid infestation rates of wheat plants, whereby elevated temperatures neither clearly increased nor decreased their predatory efficiency. Inside an aphid predator community the two coccinellids were the most dominant fraction and 3 K elevated temperatures led to seven times increased reproduction rates. Exposed to direct competition *H. axyridis* showed a distinct dominance against *C. septempunctata*. Laboratory experiments gained findings on quite different strategies of both species to respond to elevated temperatures. Both ladybirds showed higher feeding rates at elevated temperatures, whereby *C. septempunctata* consumed more aphids than *H. axyridis*. Despite their equal responses regarding feeding rates only *C. septempunctata* was able to transform this higher intake into increased body weight and fat body content at elevated temperatures. *Harmonia axyridis* females showed the lowest efficiency to convert consumed aphid biomass into fat body, in particular under warmer conditions. Both species seem to have different biological strategies. *Coccinella septempunctata* is an univoltine species and consequent upon adult eclosion it prepares itself for hibernation by the accumulation of body fat. In contrast, *H. axyridis* is a polyvoltine ladybird and its favour aim is to reproduce itself. These different strategies could fundamentally affect their potential as natural enemies of aphids under elevated temperature condition. Further investigation will contribute to gain additional results on how global warming could affect ladybirds predatory potential.

### Influence of weather periods on the occurrence of *Puccinia triticina* and *Blumeria graminis* f.sp. *tritici* of winter wheat in Saxony-Anhalt

Bastian Stößel<sup>1,2</sup> & Bernd Freier<sup>2</sup>

- <sup>1</sup> Potsdam Institute for Climate Impact Research e.V. (PIK), Research Domain II – Climate Impacts and Vulnerabilities, Potsdam
- <sup>2</sup> Julius Kühn-Institut, Institute for Strategies and Technology Assessment in Plant Protection, Kleinmachnow  
Contact: bastian.stoessel@pik-potsdam.de

Leaf rust (*Puccinia triticina*) and powdery mildew (*Blumeria graminis* f.sp. *tritici*) are among the most important plant diseases of winter wheat in Germany. It is known that both pathogens are influenced by weather, but detailed studies under field conditions regarding the temporal dimension of influencing climatic variables are missing. Hence, the aim of our study was to determine timeframes during the course of the epidemic year, where weather variables have significant influence on disease severity of leaf rust and powdery mildew of winter wheat.

Randomly sampled monitoring data of 34 years of more than 20 monitoring fields per year between anthesis and early ripening were available for both diseases. The data were collected by the federal plant protection service of Saxony-Anhalt. Weather data for 11 variables at 61 stations were provided by the German Weather Service and missing or inhomogeneous data on specific variables were substituted and corrected using interpolation procedures by the Potsdam Institute for Climate Impact Research. Further climatic variables like freezing days and days with precipitation were calculated by using the original weather variables.

To identify influential periods we used a “window pane” algorithm introduced by Coakley and modified it for our analyses. The algorithm calculated Kendall correlation coefficients for each time window between monitoring date and sowing of the crop with a minimum window length of 5 days. Thus approximately 90 000 correlations per weather variable and pathogen were calculated and analyzed. Correlograms as introduced by Goldwin were used to map those correlations.

Both pathogens showed strongly differing structures comparing the correlation maps for different weather variables. Regarding leaf rust severity temperature during the whole vegetation period seemed to be an important influence. Powdery mildew severity showed the highest correlation coefficients with mean values of sunshine duration during the last month before the monitoring date. The results were compared to the relevant literature and discussed with regard to estimating future disease potentials under climate change.



## Multiannual study under semi-field conditions to the efficiency of insecticides to *Meligethes aeneus*

Martin Ahlemann<sup>1</sup>, Klemens Thierbach<sup>1</sup>, Loreen Schanze<sup>1</sup>, Beate Müller<sup>2</sup>, Christa Volkmar<sup>1</sup> & Joachim Spilke<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg

<sup>2</sup> Bayer CropScience Deutschland GmbH

Contact: martinahlemann@hotmail.de

During the control of the pollen beetle there were resistance problems to pyrethroide group class II in 2006 and 2007 (Landschreiber 2011). This led to high yield losses right up to complete crop losses in some areas with massive infestation. The enormous potential damage of *Meligethes aeneus* under optimal living conditions became clear in the years given above.

Since then there were many studies about the sensitivity of the pollen beetle against pyrethroides. The vial test of the Julius Kühn-Institut (Federal Research Centre for Cultivated Plants) is an established method of sensitivity monitoring. In addition to that there were a lot of field tests.

The experiment described here is a study under semi-field and practically relevant conditions with three insecticides in comparison with the untreated control. The target of the study was to evaluate the duration of effect during re-incur-sion of the pollen beetle after application.

Neonicotinoides are represented by Biscaya with the active agent thiacloprid. An exemplary representative of the pyrethroides group class I is Trebon 30 EC with etofen-prox. The third insecticide is Plenum with the active agent pymetrozin of the pyridin azomethines.

In April 2013 the compounds were applied uniquely on a field in Spickendorf near Halle (S.).

From developmental stage BBCH 51 on the researches started. For this purpose randomly selected plants were harvested from parcels and taken to a greenhouse on nine successive days. The rape plants were placed in water-filled graduated jugs and covered with perforated bags. Exactly ten beetles were put in every bag which simulates then a habitat for the pollen beetle. The beetles were collected on an untreated field near Leipzig and were stored in the refrigerator in perforated bags filled with rape buds.

The observations were construed as a realization of a categorial classified stochastic variable and were evaluated with the model of threshold values (class of generalized linear models). Furthermore the dependence of observations based on repeated observations of the same plant were considered in a random plant effect. Both the comparison of the insecticides and their significance test took place on the base of marginal expectation. For the calculation the procedure NLMIXED (SAS 9.2) was used.

The effects of the tested insecticides are differently. In the greenhouse the pollen beetles were classified in one of three categories. These categories are “alive”, “affected” and “dead”.

In the following the experimental results of the fourth day after application are being presented. Biscaya had a maximal harm of almost 57% in the screening in 2013.

The insecticide Trebon had the most harm on the fourth day after application of a bit more than 20%.

Plenum had a harm to the beetles of 55% and additionally killed 12% of the tested beetles.

The animals were kept in the perforated bags with rape buds for another three days to analyze a potential recovery after the application.

Plants treated with Biscaya had still dead and affected beetles after five days of plant removal.

From the seventh appointment on the rates of the category “alive” increased. The second screening of the plants treated with Trebon showed mostly living pollen beetles. Since the beginning of the experiment Plenum had a low mortality rate. A large percentage of the beetles was classified as “affected”. During the second screening a slow decrease of the impact on the beetles happened on the fifth day after application. The “affected” beetles could recover and were then classified as “alive”.

This methodical attempt of a study under semi-field conditions to rate the efficiency of insecticides can be classified among the vial test and the field trial.

## References

Landschreiber M, 2011. Vorblütenschädlinge im Winterraps – Strategien für den Insektizideinsatz. Raps – Die Fachzeitschrift für Spezialisten 1, 16-24.

## “Epigeic arthropods” of DGaE and “Agroecology”(GfÖ)

### Within-field segregation: Different benefits for ground beetles (Col.: Carabidae) and epigeal spiders (Arach.: Araneae)?

Ralph Platen<sup>1</sup>, Gert Berger<sup>1</sup> & Steffen Malt

<sup>1</sup> Institute for Land Use Systems, Leibniz-Centre for Agricultural Landscape Research (ZALF), Eberswalder Straße 84, 15374 Müncheberg, Germany  
Contact: platen@zalf.de

In northeastern Brandenburg (Germany), low-yield areas within arable fields (In-field Nature Reservation Spots) were set aside in the late 1990s. We investigated ground beetles and epigeal spiders in three different land use types (18 set-asides, 12 arable fields and seven agricultural unmanaged plots (AUPs)) from 2000 to 2002. Ground traps were operated at these sites from April through October. We asked whether ground beetles and epigeal spiders obtained different benefits from the set-asides. We measured these benefits in terms of the number of species and individuals, three diversity indices and additional newly introduced ecological diversity indices. Furthermore, we sought to identify the



driving forces that influence the dynamics of ground beetle and spider assemblages. We found that, as a trend, the number of species and individuals of ground beetles in the set-asides decreased from year to year, whereas the opposite was true for spiders. The number of ground beetle species and the Shannon index were highest in the set-asides. The Alpha and the Simpson indices were highest in both the set-asides and the AUPs. All of the ecological diversity indices were highest in the AUPs. For spiders, all but two calculated measures were highest in the set-asides as well as in the AUPs. We concluded that both animal groups benefited from the set-asides. However, spiders showed an immediate benefit in terms of species and ecological diversity in the young set-asides. The benefit represented by ground beetle diversity could not be recognized immediately in the set-asides but appeared there as early as it did in the AUPs. The height of the vegetation in the set-asides had the greatest positive influence on ground beetle diversity. However, denser vegetation cover decreased the number of species and the activity abundance (i.e., the abundance estimated from trapping results). For spiders, the number of species and individuals increased with increasing vegetation cover. Significantly, however, species that prefer arable fields were negatively affected by dense vegetation and a large amount of litter.

This study was part of the research project “Schlaginterne Segregation” supported by the Federal Agency of Nature Conservation, Bonn, Germany, conducted at the Leibniz-Centre for Agricultural Landscape Research (ZALF), Müncheberg with funds from the German Federal Ministry of Consumer Protection, Food and Agriculture and the Ministry of Agriculture, Environmental Protection and Regional Planning of the State of Brandenburg.

### **The impact of harvest of a short rotation coppice (src) on the migration dynamics of ground beetles (Col: Carabidae) and arachnids (Arach.: Araneae et Opiliones)**

Jessika Konrad

Institute for Land Use Systems, Leibniz-Centre for Agricultural Landscape Research (ZALF), Eberswalder Straße 84, 15374 Müncheberg  
Contact: konrad@zalf.de

In Hesse/Germany; I investigated the migration dynamics of ground beetles and spiders in a short rotation coppice (src). The plot was first planted in 2009 mainly with different cottonwood hybrids. The total plantation covered an area of 25 ha and was divided into three subareas of different developmental stages (1 to 4 yrs.), due to harvesting in a rotation principle. I asked whether forest species among ground beetles and arachnids will leave a plot after harvesting and immigrate into adjacent src's nearby or stay in the clear cut area, alternatively. Vice versa, an equal movement should occur by species that prefer open habitats. Living in nearby fallows and arable fields they might immi-

grate into the src, freshly harvested. To test whether there is a migration at all and if there is whether it can be interpreted as a directional movement towards an adjacent habitat I placed three pairwise installed directional traps (a directional trap unit) at the edges of a freshly harvested src adjoining an arable field, a fallow and another src subarea at a growing stage of three years, respectively. Additionally, two pairs were installed at the borders of a src at the growing stage of three years and an arable field and two src's at growing stages of two and three years, respectively to test the hypothesis that directional movements occur between src's of different developmental stages. The investigation was performed from May 1st through October 31st 2012 with the traps changed fortnightly. One directional trap consisted of four opposed pitfalls separated by cross-shaped guide boards of 2 m length and 25 cm height, each. Thus, the construction allows four possible directions of movement. Only the pitfalls of a directional trap unit that were nearest and farthest away from the border of two adjacent habitats were taken for the interpretation of the catches. Ground beetles and arachnids were classified according to their habitat preferences. Assuming that forest species were about to leave the src harvested and move to the adjacent src of two years standing time, the first was denoted as the habitat of origin the latter as the habitat of destination. Thus, the traps being relevant for directional movement were those being farthest to the border of the habitat of origin, the emigration trap (ET) and the trap that was nearest to the border of the habitat of destination, the immigration trap (IT). A movement was interpreted as directional, if significant maxima or minima of individuals of species of a specific habitat preference were caught in the ET and/or the IT within the habitat of origin and the habitat of destination in one direction and vice versa. In general, I found that for ground beetles directional movements occurred only by species that prefer open habitats and that no directional movement could be detected originating from the src, shortly harvested. Directional movements of species with preference to open habitats were found in the destination trap that faced the fallow. For arable field species a minimum of individuals was found in the IT of the src. Forest species were caught with a maximum of individuals in the ET of the src edge that bordered the src of the three years' developmental stage. In contrast, the movement of spiders consisted of forest species, in the first place. Directional movements of forest species were found in the ET of the younger and the IT of the older src where in the opposite direction the lowest numbers of individuals of forest species were found in the traps being relevant for directional movement. To confirm the results, the investigations will be pursued 2014.

This study was part of the research project “Etablierung einer extensiven Landnutzungsstrategie auf der Grundlage einer Flexibilisierung des Kompensationsinstrumentariums der Eingriffsregelung” (ELKE III), which was financially supported by the Federal Ministry of Education and Research (BMBF) and realized by the Fachagentur für Nachwachsende Rohstoffe (FNR FKZ: 22007709) and the Institut für angewandtes Stoffstrommanagement (IfAS).

## Spiders (Arachnida, Araneae) and ground beetles (Coleoptera, Carabidae) in short rotation coppices in comparison to a natural hedge in the open agricultural landscape

Ismail A Al Hussein<sup>1</sup>, Christian Röhrich<sup>2</sup>, Karin Ruscher<sup>2</sup> & Marita Lübke-Al Hussein<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Malachitweg 24, D-06120 Halle (Saale)

<sup>2</sup> Sächsisches Landesamt für Landwirtschaft, Umwelt und Geologie, Referat 71 – Pflanzenbau & Nachwachsende Rohstoffe, Gustav-Kühn-Str. 8, D-04159 Leipzig

<sup>3</sup> Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften, Betty-Heimann-Str. 3, D-06120 Halle (Saale)  
Contact: alhussein@t-online.de

In various projects funded by the Saxon Land Institute for Environment, Agriculture and Geology (Dresden) accompanying faunal studies in short rotation coppices (poplar, willow and alder partly; various kinds) were carried out (Röhrich et al. 2010, 2011).

The studies of fauna took place on an area of the teaching and experimental farm Köllitsch as well as on a heavy metal contaminated field Krummenhennersdorf near Freiberg. It should be made a species inventory of the epigeal fauna and be assessed whether the structures of the two indicator groups [spiders (Arachnida, Araneae) and ground beetles (Coleoptera, Carabidae)] were influenced by species or variety of trees, age, area size, harvest measures and -methods in the short rotation coppices. At the site Köllitsch a natural hedge was included in the investigations. The surveys on the epigeal fauna in Köllitsch took place in 2006 in a 2002 planted field strip (combination of poplar and willow, poplar Max 3; willow Zieverich). In December 2005 a partial harvesting of trees was carried out. From 2008 to 2010 a second, 2007 planted field strip has been sampled (willow Gigantea, poplar Hybride 275 and poplar Max 3). Beginning of March 2010 a partial harvesting of this field strip was carried out. In 2009, in a short rotation coppice (planting in 2007 and 2008) the influence of different plant densities on the fauna should be investigated (B1-12000 and B2-16000 cuttings/ha). The fauna has been examined in the variants willow Inger, poplar Hybride 275 and poplar Max (Mehrklon). The surveys in Krummenhennersdorf were carried out from 2006 to 2009 in a 2-ha area (willows Jorr and Tora; poplars Hybride 275 and Max 3). The first harvest took place in February 2008 after two years of growth time. All investigations were carried out every year from the end of April/beginning of May until mid-October by means of pitfall traps.

For comparison of the animal communities were used different ecological indices and statistical tests.

The influence of woody species, varieties or clones was very different in the animal groups. At both locations and in both groups of animals more species and individuals could be detected in the willows than in the poplar stands. In the short rotation coppice in Köllitsch the number of species of spiders and ground beetles in B1 (lower plant density) were higher than in B2 (higher plant density). A species-specific

preference for the plant densities by the spiders and ground beetles was apparent. The comparison of animal communities with ecological indices at both locations showed in both groups in the first year after planting still relatively high similarities of dominance identities between the variants. Four years after planting the differences of the ecological indices between the respective variants in the spider communities were larger than those of the ground beetles. The diversity indices (Hs) were significantly lower in comparison to the previous year after total harvesting of tree stands while the values are even increased after partial harvesting. In both animal groups only a few forest species could be detected. With increasing coverage of the plants increased the number of hygrophile species. After a partial harvesting of trees compared with a total harvest the number of ground beetles species was higher, while for the spiders lower values were registered. In the hedge at the site Köllitsch more than twice as much species could be detected in comparison to the short rotation coppices after four years. The form of the short rotation coppices, field strip or block arrangement, had no effect on biodiversity. The narrow field stripes were so rich in species as the block designs at both locations.

### References

- Röhrich C, Ruscher K, Eckhard F, Zöphel B & Al Hussein IA, 2010. Anlage von Windschutzstreifen mit schnellwachsenden Baumarten – Nutzen und Schützen. – Neue Landwirtschaft, Heft 6, 76-79.
- Röhrich C, Grunert M, Jäkel K, Kiesewalter S & Dietzsch A 2011. Nutzung kontaminierter Böden – Anbau von Energiepflanzen für die nachhaltige, ressourcenschonende und klimaverträgliche Rohstoffabsicherung zur Erzeugung von Strom/Wärme und synthetischen Biokraftstoffen der zweiten Generation. – Schriftenreihe LfULG, Heft 19, 1-67.

### Aerial dispersal of spiders in Middle East Germany

Mandy Schröter<sup>1</sup>, Edgar Schliephake<sup>2</sup> & Christa Volkmar<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Martin-Luther-University Halle, Institute of Agriculture and Nutritional Sciences

<sup>2</sup> Julius Kuehn-Institute Quedlinburg  
Contact: volkmar@landw.uni-halle.de

Spiders as predators are important to regulate the populations of pests-insects. They belong to a species-rich group of animals with the ability of adaption to occupy very different habitats. In our study we investigated which species and families in Middle East Germany (Saxonia-Anhalt) can be caught during ballooning in an agricultural season. In this study was analyzed the aeronautical behaviour of spiders using a Rothamsted insect survey trap at the two locations Aschersleben (2005) and Quedlinburg (2007, 2010, 2012). In Aschersleben 3408 individuals were caught in the period

from May till October 2005 and in Quedlinburg (2007) there were 4487 individuals, 2010 only 2296 individuals and 2012 could be identified 2526 individuals in the suction trap. In Aschersleben (2005) were found a part of species from 17 spider families and in Quedlinburg (2007) 12. Mostly these were representatives of Linyphiidae. The species *Erigone atra*, *Oedothorax apicatus*, *Erigone dentipalpis* and *Tenuiphantes tenuis* could be detected as dominant type of the spider family Linyphiidae. In agreement to earlier publications, we could prove that the aeronautic spider fauna is comprised mostly of juvenile spiders which were caught during the whole catching season. The number of ballooning spiders is influenced by many different factors, partly individuals and partly species-specific, such as risk-spreading strategies, constitution of individual spiders, biotic and abiotic stress as well as meteorological conditions.

### How differ winter oilseed rape fields in Germany and Western Balkan countries in respect to the species assemblages of ground beetles (Coleoptera: Carabidae)?

Wolfgang Büchs<sup>1</sup>, Sabine Prescher<sup>1</sup>, Ludger Schmidt<sup>1</sup>, Lazar Sivčev<sup>2</sup>, Ivan Juran<sup>3</sup>, Ivan Sivčev<sup>2</sup>, Draga Graora<sup>4</sup>, Tanja Gotlin-Čuljak<sup>3</sup> & Dinka Grubišić<sup>3</sup>

- 1 Federal Research Centre for Cultivated Plants (Julius Kühn Institut), Braunschweig, Germany
  - 2 Institute for Plant Protection and Environment, Department of Plant Pests, Zemun, Serbia
  - 3 University of Zagreb, Department of Agricultural Zoology, Zagreb, Croatia
  - 4 University of Belgrade, Faculty of Agriculture, Belgrade, Serbia
  - 5 University of Belgrade, Faculty of Biology, Belgrade, Serbia
- Contact: wolfgang.buechs@jki.bund.de

The project was financially supported by the EU (SEE-ERA). It was a cooperation between Germany, Croatia and Serbia. In a 2-year field experiment in each country the impact of three differently managed OSR fields (conventional, integrated, organic) on biodiversity and fitness of predators were investigated. The systems differed in tillage, fertilizer and pesticide input, weed control, row space and application of Perko (*Brassica rapa* × *B. pekinensis*)-trap-crop-strips in “integrated” and “organic” and were implemented in a crop rotation with winter wheat. The predators were assessed with pitfall traps, endogaeic pitfall traps and emergence traps.

A total of 124 species of ground beetles have been recorded (Germany 48, Croatia 72, Serbia 68). Comparing the 10 most abundant ground beetle species from pitfall traps in

OSR, for Germany a typical “standard species community” was recognizable containing the most dominant species when the Carabidae species community was compared between Germany, Great Britain, Sweden, Estonia and Poland within the EU-project MASTER. In contrast to Germany, the Croatian and Serbian OSR-fields showed considerable differences: species like *Loricera pilicornis*, *Nebria brevicollis/salina* and *Pterostichus melanarius*, which are dominant species in Germany and Northern Europe, were more or less completely missing in Croatia and Serbia. In the Western Balkan OSR-fields dominate more *Brachinus* spp. (especially in Croatia) or *Calathus* spp. (especially in Serbia) as well as different *Harpalus* spp. and *Poecilus* species.

In Germany very low abundances were recorded in the “integrated” treatment with mulching compared to the ploughed “conventional” and “organic” treatments; also in Croatia a preference of the Carabidae for “conventional” or “organic” could be observed; in Serbia however, the most abundant species show a preference for the “integrated” management system. However, in Germany, despite of low abundances, by far the highest number of species which occurrence is restricted to one management system was recorded in “integrated”, in Serbia however in “conventional” with a tendency to decrease with increasing extensification. Thus, regardless of being less preferred (=> lower abundances) these management systems are more special regarding the species set.

Regarding the ground beetle larvae, derived from German results, an increasing abundance from “conventional” to “organic” seems to be a general pattern. Thus, it is obvious that a longer term “organic” oilseed rape production enhances the development of larvae within arable fields.

Comparing the three countries the *Calathus*-species are rather interesting: In Croatia they are completely lacking regardless of the relatively small geographical distance (only 333 km) to the Serbian location. In Germany at least single specimens of the genus *Calathus* were recorded in pitfall trap samples. In Serbia however, *Calathus* spp. belong to the most dominant species in the OSR growing period and are absolute dominating regarding their hatching rates in the fallow period after the OSR harvest.

The xerothermophile *Brachinus* species (bombardier beetles – which larvae are ectoparasitoids of ground beetles of the genus *Amara*) are highly remarkable: in Croatia and Serbia four species could be recorded which in Croatia cover app. 50% of all ground beetles from pitfall traps, in Serbia app. 15% and in Germany one species (*Brachinus crepitans*) which covered at least 1,4%. The German record is remarkable because in a 3-years-survey 20 years ago on the same fields no *Brachinus* specimens could be recorded. Thus, we can interpret the occurrence of *Brachinus crepitans* in average Northern German fields near Braunschweig as a kind of precursor of the climatic change.



Deutsche  
Phytomedizinische  
Gesellschaft e.V.

Deutsche Phytomedizinische Gesellschaft e.V.  
Messeweg 11-12  
38104 Braunschweig

## 19. Tagung **ARBEITSKREIS WIRBELTIERE**

in Verbindung mit der Jahrestagung

### **ARBEITSKREIS MÄUSE IM FORST**

am 19. und 20. November 2013

Tagungsstätte: Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Freising

## **P r o g r a m m**

Dienstag, 19. November 2013

11:15	Jacob, J., Schmidt, O., Benker, U.	<b>Eröffnung</b>
11:30		<b>Vorträge</b> – Populationsdynamik Feldnager/ Zoonosen (Moderation S. Endepols)
	Benker, U.	Feldmaus- und Schermausproblematik im Pflanzenschutz in Bayern
	Imholt, C., Reil, D., Jacob, J.	Klimawandel und Populationsdynamik von Rötelmäusen
	Hein, S., Jacob, J.	Erholung von Feldmauspopulationen ( <i>Microtus arvalis</i> ) nach Rodentizideinsatz
	Kling, C., Kratzmann, N., Schmidt, S., Rosenfeld, U.M., Reil, D., Jacob, J., Ulrich, R.G., Essbauer, S.	NaÜPaNet: Untersuchungen zu Rickettsien in Kleinsäugetern in Deutschland
	Bernstein, S., Dremsek, P., Zumpe, M., Schlegel, M., Groschup, M.H., Reetz, J., Heckel, G., Wolf, S., Johne, R., Ulrich, R.G.	Geographisches Vorkommen des Ratten-Hepatitis E-Virus in wildelebenden Wanderratten ( <i>Rattus norvegicus</i> ) aus Europa
12:45		<b>Mittagspause</b>

- 13:30 **Vorträge** – Risikoabschätzung beim Pestizideinsatz  
(Moderation U. Benker)
- C. Brühl Pestizide und Amphibien in der Agrarlandschaft
- Broll, A., Esther, A.,  
Schenke, D., Jacob, J. Verbreitung antikoagulanter Rodentizide in Kleinsäugetern und Füchsen in Deutschland
- Blankenhagen, F. v.,  
Ludwigs, J.D. Bewertung von Risiken für Wirbeltiere bei der Zulassung von Pestiziden in Europa
- 15:00 Abfahrt zur **Exkursion** zum Haus im Moos
- 18:00 **Abendessen** gemeinsamer Restaurantbesuch

Mittwoch, 20. November 2013

- 8:45 **Vorträge** – Rodentizide und Alternativen  
(Moderation J. Jacob)
- Endepols, S., Esther, A. Toleranz und Empfindlichkeit für antikoagulante Rodentizide in zwei resistenten Stämmen der Wanderratte
- Esther, A. FARR - Management bei Rodentizidresistenz
- Göhmann, K., Karg, G. Wühlmausbekämpfung und Tierschutz
- Karg, G., Göhmann, K. Risikominderungsmaßnahmen beim Einsatz von Rodentiziden der 2. Generation – Die Unsicherheit der Betroffenen
- Leukers, A., Koch, C.,  
Wolff, C., Ingrisch, F.,  
Jacob, J. Umweltverträgliche Nagetier-Bekämpfung in der Landwirtschaft: vergleichende Umweltbewertung für Rodentizide, Bewertung nicht-chemischer Alternativen
- Hansen, S., Jacob, J. Entwicklung von Methoden zum Schutz von Bewässerungssystemen vor Nagerschäden weltweit
- Dürger, D., Diehm, M.,  
Neuberger, K., Tilcher, R.,  
Esther, A. Entwicklung eines biologischen Repellents gegen Vogelfraß: Screening von Pflanzenextrakten
- M. Urzinger Ultraschall Tiervertreiber
- 11:30 **Mitgliederversammlung** DPG AK Wirbeltiere
- 12:00 Ende der Tagung

Die Zusammenfassungen der Vorträge mit den Namen und Adressen aller Autoren können auf der Internetseite der Deutschen Phytomedizinischen Gesellschaft eingesehen werden ([www.phytomedizin.org](http://www.phytomedizin.org)), wenn die Autoren den Beitrag freigegeben haben. Auf der Internetseite findet sich auch das Formular für den Eintritt in die Gesellschaft!



## Mitteilungen und Nachrichten

Aus den Arbeitskreisen der Deutschen Phytomedizinischen Gesellschaft (DPG):

### Arbeitskreis Wirbeltiere der DPG – 19. Tagung

Der Arbeitskreis Wirbeltiere der Deutschen Phytomedizinischen Gesellschaft führte seine 19. Jahrestagung am 19. und 20. November 2013 in der Bayerischen Landesanstalt für Landwirtschaft in Freising durch. Wir bedanken uns herzlich bei Herrn Dr. BENKER für die hervorragende Organisation von Tagung und Rahmenprogramm vor Ort. Erstmals wurde die Veranstaltung zusammen mit dem Arbeitskreis „Mäuse im Forst“ abgehalten. Herzlichen Dank an Cornelia TRIEBENBACHER von der Bayerischen Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft, die den forstwirtschaftlichen Teil sehr kompetent organisiert hat.

Das Themenspektrum der Beiträge war breit gefächert. Die 16 Vorträge beschäftigten sich mit den Schwerpunkten Populationsdynamik und Zoonosen der Feldnager, Risikoabschätzung beim Pestizideinsatz sowie Rodentiziden und Alternativen. Dabei wurden außer den traditionell zahlreich vertretenen Arbeiten zu Nagetieren auch Amphibien, Vögel und Großsäuger einbezogen.

Neben den im Folgenden dargestellten Beiträgen wurden z.B. Untersuchungen zu Rickettsien in Kleinsäufern in Deutschland und das Vorkommen des Ratten-Hepatitis E-Virus in wildlebenden Wanderratten in Europa präsentiert. Studien zur Wirkung von Pestiziden auf Amphibien in der Agrarlandschaft sowie Risikominderungsmaßnahmen beim Einsatz von Rodentiziden der 2. Generation boten reichlich Diskussionsstoff.

Die Teilnehmenden beider Gruppen empfanden das gemeinsame Treffen von DPG Arbeitskreis Wirbeltiere und Arbeitskreis „Mäuse im Forst“ als sehr sinnvoll. Deshalb soll dieses Arrangement nach Möglichkeit auch in Zukunft im 2-Jahres-Rhythmus beibehalten werden.

Für den DPG AK Wirbeltiere:  
Dr. Jens JACOB (JKI, Münster)

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

### 1) Verbreitung antikoagulanter Rodentizide in Kleinsäufern und Füchsen in Deutschland

Anke BROLL<sup>1</sup>, Alexandra ESTHER<sup>1</sup>, Detlef SCHENKE<sup>2</sup>, Jens JACOB<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Julius Kühn-Institut (JKI), Institut für Pflanzenschutz in Gartenbau und Forst, Wirbeltierforschung, Toppheideweg 88, 48161 Münster

<sup>2</sup> Julius Kühn-Institut (JKI), Institut für ökologische Chemie, Pflanzenanalytik und Vorratsschutz, Königin-Luise-Straße 19, 14195 Berlin  
E-Mail: anke.broll@jki.bund.de

Antikoagulante Rodentizide (AR) werden in Deutschland regelmäßig zur Schadnagerregulierung eingesetzt, da sie aufgrund ihrer verzögerten Wirkungsweise eine Köderscheu vermeiden und Vitamin K als Gegengift verfügbar ist. Neben den Zielarten (i.d.R. Wanderratten (*Rattus norvegicus*) und Hausmäuse (*Mus musculus*)) können aber auch Nichtzielarten (z.B. andere Nagetierarten) Köder aufnehmen (primäre Vergiftung) und über die Nahrungskette an Prädatoren weitergeben (sekundäre Vergiftung). Da in Deutschland noch keine systematischen empirischen Untersuchungen zum Vorkommen und der Bedeutung primärer- und sekundärer Belastungen durch AR durchgeführt

wurden, haben wir Proben von Kleinsäufern und Füchsen (*Vulpes vulpes*) mittels HPLC-MS auf Rückstände der acht in Deutschland derzeit registrierten AR Wirkstoffe untersucht. Wir haben eine Monitoring-Studie durchgeführt, in der Kleinsäuger vor, während und nach einer bioziden Rodentizidanwendung von Brodifacoum auf landwirtschaftlichen Betrieben im Münsterland gefangen wurden. Zweimal jährlich erfolgte der Fang in unterschiedlicher Entfernung zum Anwendungsort. Vorläufige Ergebnisse zeigen, dass etwa die Hälfte der Individuen in dichter Hofentfernung während und nach der Bekämpfung Rückstände von Brodifacoum aufwies. Außerhalb eines Radius von 15 Metern war der Anteil jedoch unter 20%, mit abnehmendem Anteil bei steigender Entfernung. *Apodemus*-Arten waren mehr belastet als *Microtus*-Arten. Unerwarteterweise konnten Rückstände auch in den insektivoren Spitzmäusen gefunden werden. Über ein deutschlandweites Screening von Füchsen wurde in mehr als der Hälfte der bisher untersuchten Fuchsleberproben mindestens ein Rodentizidwirkstoff nachgewiesen. Brodifacoum wurde am häufigsten gefunden. Die Ergebnisse zeigen, dass primäre Belastungen in Nichtziel-Kleinsäufern während einer bioziden Rodentizidanwendung auftreten, sich aber auf einen engen Radius um den Anwendungsort und bestimmte Arten beschränken, während Rückstände in Füchsen weiter verbreitet zu sein scheinen.

Dieses Projekt wurde durch das Umweltbundesamt im Rahmen des Umweltforschungsplanes des Bundesministeriums für Umwelt, Naturschutz und Reaktorsicherheit (BMU) finanziert; Nummer: 371063401.

(DPG AK Wirbeltiere)

### 2) Entwicklung eines biologischen Repellents gegen Vogelfraß: Screening von Pflanzenextrakten

Joanna DÜRGER<sup>1</sup>, Michael DIEHM<sup>2</sup>, Karl NEUBERGER<sup>2</sup>, Ralf TILCHER<sup>3</sup>, Alexandra ESTHER<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Julius Kühn-Institut (JKI), Institut für Pflanzenschutz in Gartenbau und Forst, Wirbeltierforschung, Toppheideweg 88, 48161 Münster, Deutschland

<sup>2</sup> PhytoPlan Diehm & Neuberger GmbH, Im Neuenheimer Feld 515, 69120 Heidelberg, Deutschland

<sup>3</sup> KWS SAAT AG, Grimsehlstraße 31, 37555 Einbeck, Deutschland  
E-Mail: joanna.duerger@jki.bund.de

Vogelfraß an Samen und Keimlingen verursacht erhebliche Ernte- und Einkommensverluste in der ökologischen Landwirtschaft. Zudem kommt es zu unbeabsichtigten Vergiftungen von Vögeln, wenn sie Giftköder konsumieren, die für das Management von anderen Zielarten eingesetzt werden. Eine geeignete Maßnahme, um beides zu verhindern, könnte ein Repellent sein. Ziel dieses Projektes ist es, ein solches biologisches Repellent zu entwickeln, das aus pflanzlichen Substanzen besteht und toxikologisch unbedenklich ist. Das Hauptaugenmerk der wissenschaftlichen Versuche liegt dabei auf dem Einsatz des Produktes als Saatgutbeize. Der erste Untersuchungsschritt ist ein Screening von verschiedenen Pflanzenextrakten. In Futterwahl- und Keimlingsversuchen in Gehegen mit Tauben und Fasanen konnten bereits Pflanzenextrakte mit eindeutig repellenten Effekten identifiziert werden. Die Ergebnisse des Screenings der Pflanzenextrakte werden präsentiert und Konsequenzen diskutiert.

Dieses Projekt wird finanziert vom Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz beschlossen durch den Deutschen Bundestag.

(DPG AK Wirbeltiere)

### 3) Bestimmung der BCR-Resistenzfaktoren für antikoagulante Rodentizide der zweiten Generation in den homozygot resistenten Stämmen der Wanderratte (*Rattus norvegicus*) Y139C und Y139F

Stefan ENDEPOL<sup>1</sup>, Alexandra ESTHER<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Bayer CropScience, 40789 Monheim, Deutschland

<sup>2</sup> Julius Kühn-Institut (JKI), 48161 Münster, Deutschland

E-Mail: stefan.endepols@bayer.com

Fünf Polymorphismen im VKORC1-Gen markieren verschiedene Grade der Toleranz gegenüber antikoagulanten Rodentiziden in der Wanderratte. Die VKOR-Polymorphismen Y139C und Y139F sind in Europa am weitesten verbreitet, so in resistenten Populationen in Frankreich, Deutschland, Dänemark, den Niederlanden und Großbritannien. Die Resistenzfaktoren gegenüber den antikoagulanten Rodentiziden der zweiten Generation (SGARs) sollten in diesen Stämmen bestimmt werden.

Dafür wurden mit allen zugelassenen SGARs standardisierte Blutgerinnungstests an homozygoten Männchen und Weibchen beider Stämme durchgeführt. Die jeweiligen ED<sub>50</sub>-Werte wurden als Maß der Empfindlichkeit berechnet, um deren Relation zu den publizierten ED<sub>50</sub>-Werten normal empfindlicher Ratten als Maß des Resistenzgrads zu bestimmen.

Die höchsten Toleranzwerte wurden in beiden Stämmen für die Wirkstoffe Bromadiolone und Difenacoum festgestellt. Zwar ist die Studie noch nicht abgeschlossen, die bisherigen Daten lassen aber den Schluss zu, dass die Wirkstoffe Brodifacoum, Difethialone und Flocoumafen wirksame Substanzen für die Bekämpfung in Hot Spots beider resistenter Stämme sind.

Die Studie ist Teil der Arbeit an einer neuen Resistenz-Management-Strategie des Rodenticide Resistance Action Committee (RRAC) von CropLife International (CLI), und wurde von CLI finanziert.

(DPG AK Wirbeltiere)

### 4) FARR – Management bei Rodentizidresistenz

Alexandra ESTHER

Julius Kühn-Institut (JKI), Institut für Pflanzenschutz in Gartenbau und Forst, Wirbeltierforschung, Toppheideweg 88, 48161 Münster  
E-Mail: alexandra.esther@jki.bund.de

Resistenz von kommensalen Nagern gegenüber antikoagulanten Bekämpfungsmitteln führt weltweit zunehmend zu Problemen im Pflanzenschutz- und Hygienebereich. Europäische Richtlinien fordern deshalb eine stetige Überwachung der Resistenzsituation und entsprechende Managementstrategien. Der beim Julius Kühn-Institut angesiedelte Fachausschuss Rodentizidresistenz verfolgt dieses Ziel und publizierte eine Strategie und entsprechende Flyer für Anwender ([www.jki.bund.de/rodentizidresistenz.html](http://www.jki.bund.de/rodentizidresistenz.html)). Schwerpunkt der Strategie ist neben Monitoring und Management die Forschung. Im Vortrag wird darauf eingegangen und die Resistenzproblematik sowohl bei Wanderratten als auch bei Hausmäusen erläutert.

(DPG AK Wirbeltiere)

### 5) Entwicklung von Methoden zum Schutz von Bewässerungssystemen vor Nageschäden weltweit

Sabine HANSEN, Jens JACOB

Julius Kühn-Institut (JKI), Institut für Pflanzenschutz in Gartenbau und Forst, Wirbeltierforschung, Toppheideweg 88, 48161 Münster, Deutschland

E-Mail: sabine.hansen@jki.bund.de

Weltweit werden Bewässerungssysteme in der Landwirtschaft eingesetzt. Unterirdische Schlauchsysteme gewährleisten dabei eine besonders effektive Bewässerung der Felder bei geringem Wasserverbrauch. Jedoch gibt es immer wieder Berichte über Probleme mit Nagetieren, die teilweise für erhebliche Schäden an den Schläuchen verantwortlich sind und damit für beträchtlichen Wasserverlust sorgen. Ziel des Projektes ist es, eine fraßabschreckende Substanz zu finden, so dass diese an oder in den Schläuchen eingesetzt werden kann, um Nagetiere abzuwehren und damit die Schäden für die Landwirte zu mindern. Wir möchten einen kurzen Umriss unserer bereits durchgeführten und geplanten Forschung geben. Der erste Teil der Arbeit fand in Käfigversuchen mit Feld- und Hausmäusen statt, in denen unterschiedliche sekundäre Pflanzeninhaltsstoffe getestet wurden. Nach diesem Screening erfolgten Versuche unter halb-natürlichen Bedingungen mit den am stärksten repellent wirksamen Substanzen in Außengehegen. Anschließend Untersuchungen im Freiland sollen den erhofften Effekt in natürlicher Umgebung und Bedingung überprüfen. Der Einsatz der Repellentien soll in umfangreichen Freilandversuchen in Australien, Israel und den USA zusammen mit anderen Managementmaßnahmen erfolgen, so dass am Ende des Projektes aus einer Reihe von Methoden zum Schutz von Bewässerungssystemen vor Nagerschäden weltweit geschöpft werden kann.

(DPG AK Wirbeltiere)

### 6) Klimawandel und Populationsdynamik von Rötelmäusen

Christian IMHOLT<sup>1</sup>, Daniela REIL<sup>2</sup>, Jens JACOB<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Bundesforschungsanstalt für Tiergesundheit, Institut für neue und neuartige Tierseuchenerreger, Südufer 10, 17493 Greifswald-Insel Riems  
<sup>2</sup> Julius Kühn-Institut (JKI), Institut für Pflanzenschutz in Gartenbau und Forst, Wirbeltierforschung, Toppheideweg 88, 48161 Münster  
E-Mail: jens.jacob@jki.bund.de

Rötelmäuse (*Myodes glareolus*) sind häufige Bewohner von europäischen Waldhabitaten. Sie können v.a. in Nordeuropa als Pflanzenschädlinge in Forstkulturen in Erscheinung treten und sie sind die Wirtsart von Puumala-Hantaviren (PUUV), die beim Menschen Nephropathia epidemica hervorrufen.

Wir haben überprüft, inwieweit die Populationsdynamik von Rötelmäusen mit Wetterkonstellationen korreliert ist und ob sich diese Witterungskonstellationen durch den Klimawandel verändern könnten. Dadurch sollte eine grobe Abschätzung des Risikos von Massenvermehrungen bei Rötelmäusen und möglicher Auswirkungen auf Pflanzen- und Gesundheitsschutz in der Zukunft erfolgen.

Zeitreihen zur Rötelmausabundanz wurden mit *classification and regression tree* Analysen auf Korrelationen mit Wetterkonstellationen (monatliche Mittelwerte) überprüft. Für die Einbeziehung des zukünftigen Klimas wurden Projektionen des A1B-Szenarios für den Zeitraum 2031–2060 verwendet.

Bestimmte Wetterkonstellationen aus dem vorhergehenden und dem vorvorhergehenden Jahr korrelierten gut mit der Rötelmausabundanz. Laut der verwendeten Klimaprojektionsmodelle werden sich jedoch relevante Wetterparameter in Zukunft nicht deutlich ändern, so dass zukünftig mit keinem erhöhten Risiko von Rötelmaus-Massenvermehrungen gerechnet werden muss.

Diese Studie wurde durch das Umweltbundesamt im Rahmen des Umweltforschungsplanes des Bundesministeriums für Umwelt, Naturschutz und Reaktorsicherheit (BMU) finanziert; Nummer: 370941401.

(DPG AK Wirbeltiere)

## 7) Umweltverträgliche Nagetier-Bekämpfung in der Landwirtschaft: vergleichende Umweltbewertung für Rodentizide, Bewertung nicht-chemischer Alternativen

Angela LEUKERS<sup>1</sup>, Claudia KOCH<sup>2</sup>, Christian WOLFF<sup>3</sup>, Florian INGRISCH<sup>3</sup>, Jens JACOB<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Julius Kühn-Institut (JKI), Institut für Pflanzenschutz in Gartenbau und Forst, Wirbeltierforschung, Topphedeweg 88, 48161 Münster

<sup>2</sup> Umweltbundesamt, Fachgebiet IV 1.3 Pflanzenschutzmittel, Wörlitzer Platz 1, 06844 Dessau-Roßlau

<sup>3</sup> Landesanstalt für Landwirtschaft, Forsten und Gartenbau Sachsen-Anhalt, Dezernat Pflanzenschutz, Strenzfelder Allee 22, 06406 Bernburg

E-Mail: jens.jacob@jki.bund.de

Mit dem Vorhaben soll eine Grundlage zur Reduzierung des Rodentizideinsatzes durch die Anwendung umweltverträglicher nicht-chemischer Verfahren im Pflanzenschutz geschaffen werden. Dazu wird die Anwendung von nicht-chemischen Alternativen zum Management von landwirtschaftlichen Schadnagern bezüglich Umweltverträglichkeit, Praktikabilität, Effizienz und Kosten bewertet sowie Praxisempfehlungen abgeleitet und den Anwendern verfügbar gemacht.

Dazu erfolgt zunächst die Erstellung biologisch-ökologischer Profile der Haupt-Schadnagerarten im Landwirtschaftssektor und die Zusammenstellung möglicher Präventionsmaßnahmen und nicht-chemischer Bekämpfungsmethoden für jede Haupt-Schadnagerart. Anschließend werden Bekämpfungsmaßnahmen, die bereits in der Praxis Anwendung finden oder potenziell anwendbar sind, erfasst. Dafür sind u.a. Befragungen von Landesbehörden, Naturschutzverbänden und Öko-/Landwirten hinsichtlich der Erfahrung bei der nicht-chemischen Bekämpfung der Haupt-Schadnagerarten vorgesehen.

Das für die Bewertung bezüglich Umweltverträglichkeit, Praktikabilität und Kosten (Zeitbedarf/finanzieller Aufwand) erforderliche Bewertungskonzept wird im Projekt erarbeitet. Anschließend erfolgt die Anwendung des Bewertungskonzepts auf die relevanten Präventivmaßnahmen und alternativen Bekämpfungsmethoden sowie die chemischen Verfahren, um Umweltverträglichkeit, praktische Anwendbarkeit und Kosten pro Maßnahme und Haupt-Schadnagerart beurteilen zu können. Hier werden möglicherweise Wissenslücken auftreten und weiterer Forschungsbedarf identifiziert werden und deshalb zielführende Vorschläge entwickelt, wie in Zukunft relevante zusätzliche Erkenntnisse generiert werden können.

In diesem Beitrag werden die Grundzüge des Projektes sowie erste Ergebnisse zu den biologisch-ökologischen Profilen der Haupt-Schadnagerarten und eine Übersicht zu Bekämpfungsmethoden vorgestellt.

Diese Studie wird durch das Umweltbundesamt im Rahmen des Umweltforschungsplanes des Bundesministeriums für Umwelt, Naturschutz und Reaktorsicherheit (BMU) finanziert; FKZ: 371367405.

(DPG AK Wirbeltiere)

## TREFFEN DES AK „VORRATSSCHUTZ“, 20. – 21. 11. 2013, FREISING

### ZUR SCHÄDLINGSDICHTEN LANGZEITLAGERUNG VON GETREIDE

Adler C

*JKI, ÖPV, Königin-Luise-Str. 19, 14195 Berlin*

*Contact: Cornel.Adler@jki.bund.de*

2007 wurde europaweit die Zulassung für Dichlorvos (DDVP) widerrufen. Der DDVP abgebende Strip war bis dahin ein sicherer Schutz gegen zufliegende Vorratsschädlinge im Getreidelager. Bereits 2008 kam es zu ersten Hinweisen über verstärktes Auftreten von Vorratsschädlingen, insbesondere von Motten in Getreidelägern.

Ziel des hier vorgestellten Innovationsprojektes mit Förderung durch das Bundesministerium für Ernährung Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BmELV) ist ein mechanischer Schutz vor Schädlingsbefall. Untersucht wird eine gasdichte oder mindestens insektendichte Abdichtung des Vorratslagers in mit BLE-Getreide belegten Getreidelägern. Umbaukosten werden exemplarisch erhoben, Getreidequalitäten nach unterschiedlicher Lagerdauer überprüft. Nachzuweisen ist, ob durch insektendichten Abschluss ein Zuflug vorratsschädlicher Insekten in warmen Sommermonaten unterbleibt. Dies wird unter anderem auch mit Sexuallockstoff-Fallen für Motten überprüft. In Laborversuchen wird zusätzlich Weizen verschiedener Feuchtegehalte luftdicht bzw. unter Vakuum gelagert. Der Effekt dieser Lagerungstechnik auf einen geringen Besatz mit adulten Kornkäfern wird überprüft und die Qualität nach unterschiedlichen Lagerzeiten ermittelt.

Flüchtige Inhaltstoffe in Weizen, die fliegende Insekten in das Getreidelager locken könnten, werden mit Hilfe der Gaschromatographie-Elektroantennographie bestimmt. Duftstoffgradienten sollen in Windabrichtung (Lee) rund um nicht abgedichtete Läger nachgewiesen werden. Derzeit sind die Umbauarbeiten an den Langzeidlägern weitgehend abgeschlossen. Die Laborversuche zur hermetischen Lagerung mit und ohne Vakuum wurden begonnen.

### PROJEKTVORSTELLUNG - ERARBEITUNG SPEZIFISCHER LEITLINIEN FÜR DEN INTEGRIERTEN PFLANZENSCHUTZ UND DEN PFLANZENSCHUTZ IM ÖKOLOGISCHEN LANDBAU IM SEKTOR VORRATSSCHUTZ

Flingelli, Gabriele

*Julius Kühn-Institut, Königin-Luise-Str.19, 14195 Berlin*

*Contact: gabriele.flingelli@jki.bund.de*

Das vorgestellte Projekt wird am Julius Kühn-Institut im Institut für Ökologische Chemie, Pflanzenanalytik und Vorratsschutz bearbeitet. Es wird durch das Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz und im Rahmen des Bundesprogramms Ökologischer Landbau und anderer Formen nachhaltiger Landwirtschaft gefördert. Der Handlungsbedarf ergibt sich aus dem Nationalen Aktionsplan der Bundesregierung zur nachhaltigen Anwendung von Pflanzenschutzmitteln. Darin ist als Maßnahme formuliert, dass Kulturpflanzen- oder Sektor spezifische Leitlinien für den integrierten Pflanzenschutz auf freiwilliger Basis entwickelt werden. Angesprochen sind hier alle berufsständischen oder andere relevante Verbände oder öffentliche Institutionen. Das Julius Kühn-Institut steht beratend zur Seite.

Im Verlauf des zweijährigen Projektes sollen die Besonderheiten des Sektors Vorratsschutz herausgearbeitet und die Praktikabilität der Leitlinien in der Praxis überprüft werden. Der angepasste Entwurf der Leitlinien wird abschließend mit dem Bundesministerium für



Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz sowie mit Verbänden und beratenden Einrichtungen auf Landesebene diskutiert werden.

## **ORGANZINNVERBINDUNGEN ALS POTENTIELLE INSEKTIZIDE FÜR GELAGERTES GETREIDE?**

Ostermann M, Mohr F

*Bergische Universität Wuppertal, Fachbereich C Anorganische Chemie, Gaußstr. 20, 42119 Wuppertal, Deutschland*

Contact: [martina\\_ostermann@web.de](mailto:martina_ostermann@web.de)

Verschiedene Organozinnverbindungen, die durch Kondensation mit den Liganden Salicylaldehyd und mit zwei verschiedenen Aminosäuren hergestellt wurden, sind auf ihre Wirksamkeit gegenüber geschlechtsreifen Kornkäfern *Sitophilus granarius* überprüft worden. Untersucht wurden neben den geeigneten Methoden zur Herstellung der Verbindungen, auch die notwendige Konzentration für den Eintritt eines Effektes und die Zeit, bevor eine Wirkung gegenüber den Insekten eintritt.

Eine Rückstandsanalytik zur Ermittlung des Zinngehalts wurde mit dem unbehandelten Weizen, dem behandelten Weizen, den unbehandelten toten Insekten und den behandelten toten Insekten mittels induktiv gekoppelten Plasma optischen Emissionsspektrometrie (ICP-OES) durchgeführt.

Das Ergebnis zeigt, dass die Insekten das Zinn anreichern und dass im Weizen ein Rückstand von ca. 230 mg/kg Zinn verbleibt. Die hergestellten Substanzen sind wirksam gegenüber Kornkäfern, allerdings sind die Zinnrückstände im Weizen zu hoch. Diese können nicht vermieden, aber durch die Entfernung der Samenschale vermutlich deutlich verringert werden. Die Aufbringung der Substanz auf große Mengen Getreide ist noch zu optimieren.

## **WAHRNEHMUNG FLÜCHTIGER INHALTSSTOFFE AUS GETROCKNETER APRIKOSE DURCH DIE DÖRROBSTMOTTE *PLODIA INTERPUNCTELLA* (HÜBNER)**

Ndomo<sup>1</sup>, Weissbecker B<sup>2</sup>, Schütz S<sup>2</sup>, Von Fragstein M<sup>2</sup>, Ulrichs C<sup>3</sup>, Adler C<sup>1</sup>

<sup>1</sup>*Julius Kühn-Institut, Institut für ökologische Chemie, Pflanzenanalytik und Vorratsschutz, Königin-Luise-Str. 19, D-14195 Berlin*

<sup>2</sup>*Georg-August-Universität Göttingen, Büsgen-Institut, Abteilung Forstzoologie und Waldschutz, Büsgenweg 3, D-37077 Göttingen*

<sup>3</sup>*Humboldt Universität, Landwirtschaftlich-Gärtnerische Fakultät, Urbane Ökophysiologie, Lentzallee 55/57, D-14195 Berlin*

Contact: [agnes.ndomo@jki.bund.de](mailto:agnes.ndomo@jki.bund.de)

Die Dörrobstmotte *Plodia interpunctella* (Hübner) ist ein Primärschädling an gelagerten Vorräten. Die Larven fressen an Trockenobst, Nüssen, Samen, Schokolade, Getreide und Getreideprodukten. Das Ziel dieser Arbeit war die Bestimmung flüchtiger Inhaltsstoffe aus getrockneten Aprikosen, die wahrnehmbar und möglicherweise attraktiv für die Dörrobstmotte sind. Die flüchtigen Inhaltsstoffe wurden aus dem überstehenden Kopfraum eines Rundkolbens mit getrockneten Aprikosen mittels „closed-loop-stripping analysis“-Röhrchen gesammelt. Um zu erfahren welche Verbindungen aus der Duftstoffprobe eine elektrophysiologische Reaktion in der Dörrobstmotte auslösen, wurde die Probe mittels einer Kopplung von Gaschromatographie-Massenspektrometrie und Elektroantennographie (GC-MS/EAG) getestet. Während der Messungen wurde die Antenne der Falter als biologischer Detektor benutzt.



Die Ergebnisse zeigen, dass beide Geschlechter der Dörrobstmotte eine Reihe von Substanzen wahrnehmen können.. Zehn Verbindungen erwiesen sich als EAG-aktiv. Diese gehören zu sechs verschiedenen Gruppen nämlich Alkoholen, Estern, Säuren, Ketonen, Pyrazine-Derivativen, und Benzenoid-Verbindungen. Unter den 10 Substanzen, waren vier zuvor in der Literatur für die Dörrobstmotte noch nicht beschriebene Verbindungen: 2,3,5-Trimethylpyrazin, 3-Hydroxy-2-Butanon, Ethyl Benzoat und 3-Methyl-1-Butanol Acetat. Verhaltensversuche werden nun mit allen gefundenen Verbindungen durchgeführt, um ihre Wirkung (attraktiv oder abstoßend) auf die Orientierung der Dörrobstmotte zu ermitteln.

Stichwörter: flüchtige Inhaltstoffe, Elektroantennographie, getrocknete Aprikosen, *Plodia interpunctella*

## **VERLUSTE IN WERTSCHÖPFUNGSKETTEN VON MAIS UND MANIOK IN NIGERIA**

Ostermann H

*GIZ, Godesberger Allee 119, 53175 Bonn*

*Contact: heike.ostermann@giz.de*

Verluste bei der Nahrungsmittelproduktion sind in Zeiten steigender Nahrungsmittelpreise und zunehmender Landnutzungskonkurrenz ein Problem, das insbesondere auch die armen Bevölkerungsschichten in Entwicklungsländern betrifft. Das BMZ hat in seinem 10-Punkte-Programm zur ländlichen Entwicklung und Ernährungssicherheit daher den Punkt : „Verbesserung des Nachernteschutzes“ explizit mitaufgenommen und die GIZ damit beauftragt, Maßnahmen durchzuführen. Neben einer Bestandsaufnahme der ehemaligen Aktivitäten im Bereich Nachernteschutzes in den 80er und 90er Jahren, führt die GIZ zur Zeit mehrere Studien zum Ausmaß von Verlusten in bestimmten Wertschöpfungsketten in Afrika durch, verbunden mit einer Abschätzung des ökologischen Fußabdruckes dieser Verluste. Im Rahmen der Tagung der DPG, AK Vorratsschutz, vom 20.-21.Nov. 2013 sollen die Ergebnisse einer Studie zu Verlusten in Wertschöpfungsketten von Mais und Maniok in Nigeria sowie deren ökologische Auswirkungen vorgestellt werden. Die Ergebnisse weisen auf signifikante Verluste hin. Die schwache Datenverfügbarkeit sowie Fragen zur Methodologie unter den nigerianischen Bedingungen stellen weiterhin eine Herausforderung dar, die im Rahmen der Tagung ebenfalls diskutiert werden und bei weiteren Verluststudien bearbeitet werden sollen.

## **ZUR PERSISTENZ DER INSEKTIZIDEN ÖLE UND PULVER AUS NIEMSAMEN AUF DEN VIERFLECKIGEN BOHNENKÄFER *CALLOSOBRUCHUS MACULATUS* UND DEN MAISKÄFER *SITOPHILUS ZEAMAI*S**

Tofel H K<sup>1</sup>, Nukenine N E<sup>2</sup>, Adler Cornel<sup>1</sup>

<sup>1</sup>*Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Berlin, Königin-Luise-Str. 19 D-14195 Berlin, Germany*

<sup>2</sup>*Department of Biological Sciences, University of Ngaoundere, P.O. Box 454 Ngaoundere Cameroon*

*Contact: tofelhama@yahoo.fr*

Der Bohnenkäfer *Callosobruchus maculatus* und der Maiskäfer *Sitophilus zeamais* sind in vielen tropischen Ländern gefürchtete Schädlinge an Hülsenfrüchten und Getreide im Lager. Pflanzliche Insektizide werden als gute Alternativen zu den chemischen Insektiziden angesehen, da sie für Anwender oft weniger toxisch und biologisch abbaubar sind. Produkte

des Niembaums werden seit langem in vielen Teilen der Welt für die Bekämpfung verschiedener Schadinsekten verwendet. Der Baum ist verbreitet im Norden Kameruns. Öl und Pulver von Niemsamen aus Kamerun wurden nach 0, 15, 30, 60 und 180 Tagen Lagerung bezüglich ihrer letalen Persistenz auf *C. maculatus* und *S. zeamais* in behandelten Augenbohnen (*Vigna unguiculata*) und Mais (*Zea mays*) beurteilt. Die Hemmung der Nachkommenproduktion wurde nach 0, 60 und 180 Tagen Lagerdauer überprüft, wobei geschluppte Käfer der F1 gezählt wurden.. Niemöl in fünf Dosierungen (2; 3; 4; 5 und 6 g/kg) und Niempulver in fünf Dosierungen (5; 10; 20; 30 und 40 g/kg) wurden jeweils separat den Augenbohnen und dem Mais beigemischt. Die Mortalität der Imagines wurde 3 und 5 Tage nach Versuchsansatz erfasst. Alle untersuchten Mittel verursachten eine signifikant zeitabhängige Sterblichkeit der Insekten. Mit zunehmender Lagerdauer nahm die Wirksamkeit der Niemprodukte ab. Direkt nach Behandlung verursachte nur Niemöl 100 % Mortalität bei *C. maculatus* (5 ml/Kg) und *S. zeamais* (6 ml/Kg). Für die gleiche Einwirkzeit betrug die maximale Sterblichkeit beider Arten bei der höchsten mit Neempulver getesteten Dosis (40 g/kg) 82,5 % bzw. 8,75 % Mortalität. Nach 60 Tagen wurden 100% bzw. 10% Mortalität mit der höchsten Dosis Niemöl (6 ml/kg) auf *C. maculatus* und *S. zeamais* jeweils erreicht. Für alle Dosierungen und Produkte sank die Sterblichkeit nach 180 Tagen Lagerung auf 0% bei *C. maculatus* und und ca. 5% bei *S. zeamais*. Die Nachkommenproduktion beider Arten wurde ab 3 ml/kg Niemöl bzw. 10 g/kg Niempulver auch bis zur längsten Lagerdauer (180 Tage) vollständig gehemmt. Die getesteten Niemprodukte erwiesen sich im Vergleich zur Mortalität bezüglich der Hemmung der Nachkommenproduktion daher als mehr persistent. In Anbetracht dieser Ergebnisse könnten die genannten Wirkstoffe eine Alternative sein zum Schutz gespeicherter Vorratsgüter. In weiteren Untersuchungen könnten die Qualität der behandelten Lebensmittel nach den Lagerzeiten untersucht werden.

**TREFFEN DES AK „MIKROBIELLE SYMBIOSEN“, 27. – 28. 11. 2013,  
BENEDIKTINERABTEI SCHEYERN**

Neben anderen Beiträgen:

**EFFECTS OF FIVE DIFFERENT INOCULATION TREATMENTS ON THE  
GROWTH AND ECTOMYCORRHIZAL COMMUNITY STRUCTURE OF  
QUERCUS ROBUR SEEDLINGS GROWN IN MINERAL SOIL FROM BERLIN  
MITTE**

Beiler K, Balder H

*Beuth Hochschule fuer Technik Berlin, FBV Life Sciences and Technology, Luxemburger  
Strasse 10, 13353 Berlin, Deutschland*

*Contact: Balder@beuth-hochschule.de*

Environmental stress factors common among urban environments can pose a challenge to maintaining healthy soil microbial communities. For example, the winter application of de-icing salts may directly inhibit certain ectomycorrhizal fungal (EMF) species, or act indirectly by affecting host tree health, leading to deficient EMF communities over time. Numerous commercial products have been developed for the re-inoculation or promotion of EMF in urban environments. In this study, the efficacy of five different inoculation treatments were tested based on the subsequent growth and ectomycorrhizal community structure of *Quercus robur* seedlings grown in mineral soil from Berlin Mitte.

## Report on the 32th Annual Meeting of the Working Group “Beneficial Arthropods and Entomopathogenic Nematodes”

The 32<sup>th</sup> Annual Meeting of the Working Group “Beneficial Arthropods and Entomopathogenic Nematodes” of DPG and DGaE was held on 9<sup>th</sup> to 10<sup>th</sup> of December 2013 at the Institute for Biological Control, Julius Kühn-Institut Darmstadt. The Working Group “Beneficials & Entomology” of the JKI organized the meeting and we were happy to welcome more than 50 participants. This time, 23 talks were given during the two days of the meeting. We would like to thank all contributors and especially those who submitted their abstracts for publication.

With financial support by the DGaE we were able to invite also an expert from the Netherlands, Dr. Anton Loomans, Netherlands Food and Consumer Product Safety Authority. Anton gave us a presentation on “Environmental benefits and risks of biological control” which was discussed during the meeting and also later when having a beer at Darmstadt's “Grohe Brauerei”. Again, we would like to thank the steering committee of the DGaE of the generous encouragement for this special event.

In 2014 we will meet together with the “Arbeitstagung Biologische Schädlingsbekämpfung”. The meeting will take place from 25<sup>th</sup> – 26<sup>th</sup> of November 2014 at Veitshöchheim. Please expect our invitation – as usual – end of August 2014!

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

### Resistance of codling moth against *Cydia pomonella* granulovirus: New findings on its distribution and inheritance

Johannes A Jehle, Eva Fritsch, Karin Undorf-Spahn & Stefanie Schulze-Bopp

Institut für Biologischen Pflanzenschutz,  
Julius Kühn-Institut (JKI), Heinrichstr. 243,  
64287 Darmstadt, Germany  
Contact: Johannes.Jehle@jki.bund.de

The codling moth (CM, *Cydia pomonella*) is a nearly worldwide distributed insect pest in apple, pear and walnut growing areas. Since the late 1980s, *Cydia pomonella* granulovirus (CpGV) products have become an important biological control agent for control of CM in both organic and integrated pome fruit production. Since 2005 about 38 commercial orchards with CM populations with a decreased CpGV susceptibility have been identified in several European countries including Germany, France, Italy, Switzerland, the Netherlands, Austria and the Czech Republic. Meanwhile, resistance overcoming CpGV isolate have been identified and are registered for an improved CM control. Bioassays were es-

tablished to test the virulence of different resistance overcoming CpGV isolates to different resistant CM population that have been reared in the laboratory. These tests revealed a varying susceptibility of several populations, indicating some genetic heterogeneity in the response of these populations to the viruses. These observations were confirmed by two different patterns of inheritance of CpGV resistance patterns. Our results demonstrate that the response of CM to CpGV is not homogenous due to some genetic factors. However, the diversity of naturally occurring CpGV isolates is sufficient to control all known resistant CM populations.

### Temporal transcriptional analysis of *Cydia pomonella* granulovirus in the midgut of codling moth by using microarray analysis

Diana Schneider & Johannes A Jehle

Institute for Biological Control, Federal Research Centre for Cultivated Plants, Julius Kühn-Institut (JKI), Heinrichstr. 243, 64387 Darmstadt, Germany  
Contact: diana.schneider@jki.bund.de

The *Cydia pomonella* granulovirus (CpGV) is the most widespread commercially used baculovirus and a cornerstone in the control of codling moth, *C. pomonella*, in both, organic and integrated pome fruit production. Recently, codling moth populations resistant to CpGV products have been located in Europe. However, only limited information on the infection process of CpGV is available. To gain a better understanding of the interaction between CpGV and its host, a microarray analysis of the transcription of CpGV genes in the midgut of codling moth was performed. So far, on transcriptional level, there have been microarray analyses of infected cell lines with Group I and II Alphabaculoviruses only. First, an oligonucleotide based, 15k microarray covering the complete genome of CpGV was developed. Then, codling moth larvae were infected with CpGV and RNA samples were taken from midguts between 0 and 120 h post infection. The obtained microarray data were also compared to reverse transcription quantitative PCR. Microarray analysis of the different time points resulted in a detailed overview of the temporal chronology of the transcription of all 143 CpGV genes. Five representative gene clusters were identified by performing a k-means clustering. Thereby, it was also possible to group undescribed CpGV genes according to their transcriptional profile. First transcriptional signals were detected between 12 and 24 h followed by a transcription boost of CpGV genes at 48 h; highest transcription activity was detected at 96 h post infection. A delayed

and limited transcriptional activity of CpGV was observed in midguts of codling moth strains resistant to CpGV.

### Endophytic establishment of the entomopathogenic fungus *Beauveria bassiana* in grapevine *Vitis vinifera*

Yvonne Rondot & Annette Reineke

Hochschule Geisenheim University, Center of Applied Biology, Institute of Phytomedicine, 65366 Geisenheim, Germany  
Contact: Yvonne.Rondot@hs-gm.de

Fungal entomopathogens are important antagonists of arthropod pests and have attracted increased attention as biocontrol agents in integrated pest management programs. In addition to colonizing arthropods, evidence has accumulated that some entomopathogenic fungi like *Beauveria bassiana* (Ascomycota: Hypocreales) can endophytically colonize a wide array of plant species. For a couple of crop plants it has been proven that endophytic *B. bassiana* can provide a systemic protection against damage by various insect pests or might trigger induced systemic resistance mechanisms against plant pathogens. Currently, it is unknown whether *B. bassiana* can exist as an endophyte in grapevine, *Vitis vinifera* plants and still maintains its antagonistic potential against insect pests. In the present study, greenhouse experiments were conducted to verify endophytic establishment of the entomopathogenic fungus *B. bassiana* in grapevine plants after inoculation. Therefore, a commercialized *B. bassiana* strain (ATCC 74040) was applied as a conidial suspension or as the formulated product Naturalis® on the upper and lower leaf surfaces of potted grapevine plants. To determine if endophytic colonization of grapevine leaves by *B. bassiana* was successful, leaf disks of surface sterilized control and inoculated plants were obtained and placed on a selective medium. Verification of endophytic establishment of *B. bassiana* was achieved by the amplification of strain-specific microsatellite markers or a nested PCR protocol. The antagonistic activity of endophytic *B. bassiana* against putative target pest insects like the vine mealybug *Planococcus ficus* was assessed using surface sterilized leaves for a bioassay. Possible effects of endophytic *B. bassiana* on the feeding preference of black vine weevil *Otiorhynchus sulcatus* choosing between control and inoculated plants were examined through choice assays. Endophytic survival of *B. bassiana* inside leaf tissues was evident at least 28 days after inoculation, irrespective of the inoculum used. A significant effect of endophytic *B. bassiana* on growth and on mortality of *P. ficus* one week after the initial settlement of the vine mealybugs was evident. Adult *O. sulcatus* chose significantly more often the control plants as a host plant compared to grapevine plants with endophytic *B. bassiana*. Endophytic establishment of an entomopathogenic fungus such as *B. bassiana* in grapevine plants would represent an alternative and sustainable plant protection strategy, with the potential of reducing pesticide applications in viticulture.

### Investigations on the applicability of the entomopathogenic fungus *Isaria fumosorosea* for control of fruit moths

Dietrich Stephan

Julius Kühn-Institut (JKI) – Federal Research Centre for Cultivated Plants, Institute for Biological Control, Heinrichstraße 243, 64287 Darmstadt, Germany  
Contact: Dietrich.Stephan@jki.bund.de

Within a national funded project for biological control of the plum fruit moth (*Cydia funebrana*) we investigated the potential of artificial hideouts treated with the entomopathogenic fungus *Isaria fumosorosea*. Assuming that larvae of *C. funebrana* pupate at the bark of the tree or closed to the stem one control strategy by treating these or artificial hideouts with entomopathogenic fungi is under discussion. Experiments on the persistence of *Isaria fumosorosea* on mulch was investigated over two months in 2010 and 2011 under semi-field conditions. Because the persistence and efficacy of biocontrol agents is influenced by the produced inoculum and the type of formulation liquid and solid state fermented spores formulated in oil or water were mixed with or sprayed on bark mulch. After exposure in the field mulch samples were transferred to the lab and were offered for pupating to larvae of the model insect *C. molesta*. Afterwards, the number of hatched moths was determined. In both years, bark mulch treated with rape seed oil alone resulted in a high reduction of number of hatched moths. In contrast, the water based formulation itself did not show any clear effect. When lipophilic solid state fermented conidia were formulated in oil the number of hatched larvae was reduced over more than four weeks. But this effect was mainly caused by the oil itself. For water based formulations of both, conidia and submerged spores, a dramatic reduction of hatched moths was monitored. Independently of using solid state produced conidia or liquid fermented submerged spores, only 20% of the released larvae developed to adults over the whole experimental time (except the last sample). Additionally, always *I. fumosorosea* grown out of the cocoons was found. When two application strategies-mixing with or spraying on the mulches- were compared, a slightly better effect was achieved, when the bark mulch was mixed with the formulation. This can be explained by a better distribution on the mulch. Although the mulch-temperature reached temperatures higher than 45°C, the fungus was still effective over eight weeks. The results indicate that submerged spores were as persistent and effective as solid state fermented conidia. This is important, because this strain can be easily produced in liquid culture and therefore an industrial production of this strain seems to be possible.

### Life history table analysis to investigate reproduction potential of entomopathogenic nematodes

Temesgen Addis<sup>1</sup>, Asmamaw Teshome<sup>2</sup> & Ralf-Udo Ehlers<sup>1,3</sup>



- 1 Faculty of Agriculture and Nutritional Sciences, Christian-Albrechts-University Kiel, Germany
- 2 Department of Biology, Ghent University, Ghent, Belgium
- 3 e-nema GmbH, Schwentinental, Germany  
Contact: ehlers@e-nema.de

Life history traits (LHT) of a hybrid strain of the entomopathogenic nematode *Steinernema riobrave* were assessed at 25°C using a hanging drop technique with three different bacterial food densities prepared from its symbiotic bacteria *Xenorhabdus cabanillasii* in semi-fluid nematode growth gelrite (NGG). The hybrid had been produced by round-robin mating of 12 strains and was compared with wild type strain Sr 7-12, which was selected based on its better performance in virulence and *in vivo* reproductive potential. Experiments indicated that increasing food densities had a significant positive influence on offspring production and net reproductive rate ( $R_0$ ) on both, the hybrid and strain Sr 7-2. All other population growth parameters such as intrinsic rate of natural increase ( $r_m$ ), population doubling time (PDT), the cohort generation time ( $T_0/T_c$ ), mean generation time ( $T_1$ ), the age of the mother of an average new-born in an exponentially growing population ( $T$ ) and average life span were not influenced by bacterial food densities in both strains. The bacterial food density had a significant effect on the body length of female nematodes. A significant positive correlation ( $R = 0.76$ ) was found between body length and offspring production. The life span of female nematodes, which ended the next day after initiation of *endotokia matricida* (hatching of offspring inside the uterus and development to dauer juveniles by consumption of the mother's body) was not significantly different among the bacterial food densities in both strains. The hanging drop method is a precise method to investigate single nematode under defined experimental condition and provides fundamental information on the reproductive biology of the nematode. The result warrant further research on the influence of bacterial symbiont food density on population dynamics under liquid culture conditions so as to optimize the bacterial density for maximum DJ recovery, development and final DJs yield.

#### Effects of novel fungal formulations (*Metarhizium brunneum*) to control wireworm (*Agriotes* spp.) damage in potato fields

Michael A Brandl<sup>1</sup>, Mario Schumann<sup>1</sup>, Michael Przyklenk<sup>2</sup>, Marina Vemmer<sup>2</sup>, Anant Patel<sup>2</sup> & Stefan Vidal<sup>1</sup>

- 1 Department of Crop Sciences, Agricultural Entomology, Georg August University Goettingen, Grisebachstr. 6, 37077 Göttingen, Germany
- 2 University of Applied Sciences, Engineering and Alternative Fuels, Department of Engineering and Mathematics, Wilhelm-Bertelsmann-Strasse 10, 33602 Bielefeld, Germany  
Contact: Mario.Schumann@agr.uni-goettingen.de

Wireworms, larvae of clickbeetles (Coleoptera: Elateridae), cause significant damage to numerous crops due to their polyphagous behaviour. Agronomical, chemical and biological control measurements are available, but their effects are highly variable. Especially biological control gained importance in recent years with political support for the implementation of EC regulation 1107/2009 and Directive 2009/128/EC making integrated pest management (IPM) strategies mandatory. *Metarhizium brunneum* has been identified as an entomopathogenic fungus (EPF) in wireworms and may play an important role for biological control measurements of wireworms. Our studies aimed at implementing an "Attract & Kill" strategy under field conditions, whereby natural CO<sub>2</sub> generating material works as the "Attract" agent and the strain ART2825 of *M. brunneum* as the "Kill" agent. The idea of this strategy lies in the establishment of a CO<sub>2</sub> – gradient to modify the random movement of wireworms and direct them to the EPF. Both agents were positively evaluated in preliminary laboratory studies and applied as formulated capsules to enhance viability in the field. Two of three potato fields were treated right after planting of tubers and one during the vegetation period. The evaluation of wireworm damage in harvested potato tubers showed that an implementation of the "Attract & Kill" strategy might be possible though depending on the time of product application.

#### The box tree pyralid *Cydalima perspectalis*: New results of the use of biological control agents and pheromone traps in the field

Stefanie Göttig & Annette Herz

Julius Kühn-Institute, Federal Research Centre for Cultivated Plants, Institute for Biological Control, Heinrichstr. 243, 84287 Darmstadt, Germany  
Contact: Stefanie.goettig@jki.bund.de

The box tree pyralid *Cydalima perspectalis* is native to East Asia and has been recorded for the first time in Germany in 2007. The distribution in Europe has advanced rampantly, so most countries of Central and Eastern Europe are already concerned. Therefore, investigations concerning the efficacy of entomopathogenic nematodes (EPN), *Bacillus thuringiensis* (*B.t.*) and the plant extract formulation NeemAzal-T/S, as well as the monitoring with pheromone traps, were realized in field. In addition to previous investigations on the susceptibility of *C. perspectalis* larvae to EPN, the impact of NeemAzal-T/S was confirmed by using a bioassay system in the laboratory, carried out with dipped leaf discs. The vitality, feeding activity, moulting as well as the weight of the larvae were recorded at concentrations of 0,1; 0,3; 0,5%. On average, the larvae stopped feeding and died after about 6–14 days. In 2012 and 2013, three field trials were conducted on infested box hedges in Seligenstadt (Hesse). In addition to the mortality observed directly in the field, samples ( $n = 20$ ) of treated branches were collected and fed to

*C. perspectalis* larvae obtained from our cultures in the laboratory. Directly in field the mortality was quite low. Only *B. thuringiensis* (B.t.), which was used as a positive control, achieved high mortality (75–96%). In contrast, the treatments with EPN (2.5 Mio m<sup>-2</sup>) produced mortalities only ranging from 4 to 16%, although 55–80% of the larvae fed with treated branches died in the laboratory. The field treatment with NeemAzal-T/S (0,3%) had to be repeated, because no mortality was recorded. In the laboratory, 30% of the larvae died only after three weeks incubation. In cooperation with Prof. Dr. Thomas Schmitt, TU Darmstadt, and Pherobank (NL), several GCMS-analyses of adult moths were conducted, so that 11 pheromone variations could be tested by using two trap types (Delta and Vario traps) under field conditions. Two variations captured quite a lot of moths, so they can possibly be used to monitor the flight of *C. perspectalis*, but only in combination with Vario traps. Delta traps proved to be unsuitable.

### Use and establishment of predatory mites for sustainable control of two-spotted spider mite (*Tetranychus urticae*) in hop

Marina Jereb, Johannes Schwarz & Florian Weihrauch

Hopfenforschungszentrum, Hüll 5 1/3, 85283 Wolznach, Germany

Contact: Marina.Jereb@lfl.bayern.de

The two-spotted spider mite *Tetranychus urticae* is one of the main pests of hops and able to cause a complete loss of yield. For organic farmers no effective chemical treatments are available. Predatory mites are probably the most promising alternative to prevent damage caused by spider mites. The main objective of the project (funded by the German Federal Office for Agriculture and Food, project code 2812NA014) is to permanently establish populations of predatory mites, especially of the autochthonous species *Typhlodromus pyri*, for several growing seasons. Spider mite control by predatory mites is currently not sustainable in hops like in grape and fruit cultivation. In autumn, the complete hop plants are harvested and removed from the field, thereby removing also all potential hibernation habitats for predatory mites. Ground cover could, however, offer an alternative for predatory mites to overwinter. For this purpose, (1) tall fescue *Festuca arundinaceae*, (2) stinging nettle *Urtica dioica* and (3) gallant soldier *Galinsoga parviflora* were sown between the rows in different plots and tested separately for their respective suitability as winter habitat. The second part of the studies comprises of the development of practicable strategies regarding the optimal time of release, the amount of predators needed and the determination the efficiency of the different predatory mites. The following species were compared: the autochthonous mites (a) *Typhlodromus pyri*, (b) *Amblyseius andersoni* and (c) a mix of the two allochthonous mites *Neoseiulus californicus* and *Phytoseiulus persimilis*. In 2013, the first field trials were conducted in five

different hop gardens with five cultivars – Perle, Opal, Smaragd, Hallertauer Tradition and Herkules – within the Hallertau. Each predator was tested in combination with ground cover. The application was at the end of June with 1 strip (containing 5 gravid females) fixed on every fourth crown, 12 predatory mites released per crown and two bags per row. The population dynamics of spider mites on the hop plants were recorded every second week. Because of bad weather conditions during the first project year, unfortunately, in no plot a sufficiently large spider mite population was able to develop to recognise any effects of the treatments. The trials will continue during the next two years.

### First experiences with *Amblyseius montdorensis* in vegetable and ornamentals

Karin Reiß

Syngenta Flowers Control, Maintal, Germany

Contact: karin.reiss@syngenta.com

*Amblyseius* (*Typhlodromips*) *montdorensis* is a predatory mite, which originates from tropical and warm temperate zones of Australia and the Pacific Islands. Extensive trials have shown that *A. montdorensis* is able to reduce thrips and whitefly populations in warm crops. *Amblyseius montdorensis* has been successfully trialed in peppers, cucumbers, gerbera, roses and tomatoes. It is mainly used for control of thrips and whitefly, and will also give some reduction in other small pest species like tarsonemid mites. Adult female mites lay single eggs onto leaf hairs, and these eggs hatch after 1–2 days to give larvae. As with other mites in the same family, these moult to produce protonymphs and then deutonymphs as they grow. At 25°C, the entire cycle from egg to adult can take less than 7 days. All mobile stages are predatory. *A. montdorensis* consumes more thrips per day than *Amblyseius swirskii* or *A. cucumeris*, and is able to attack and kill second instar as well as first instar larvae. It lays more eggs per day, and populations of *A. montdorensis* grow faster than other *Amblyseius* species when provided with adequate food. *A. montdorensis* is well adapted to the temperature preferences of the target pest *Frankliniella occidentalis*. It will continue to develop at a lower temperature than the pest. There will be no resurgence of pest populations as temperatures fall. In crops grown at cooler conditions, *A. montdorensis* will control pests for longer as temperatures decline in autumn, survive in the crop in higher numbers, become active earlier in spring and will provide longer control of the pests. Laboratory trials on potted chrysanthemum plants confirmed that *A. montdorensis* provides superior control of thrips compared to *A. swirskii*. In semi-field trial in cucumbers in the UK, *A. montdorensis* also controlled whiteflies. The population was reduced by 97%. Mites spread themselves from top to bottom of the plant very quickly from a single sachet at the base of the plant. Adult mites are on the top 4–5 leaves, eggs are just below this and juvenile mites are found on lower parts of the plant. In Gerbera we

could demonstrate an excellent establishment of *A. montdorensis* (eggs, larvae, adults) even at low temperature and high a activity against thrips, white fly and tarsonemid mites. Using sulfur burners in greenhouses the population of *A. montdorensis* is decreasing.

### Environmental benefits and risks of biological control: evaluation of natural enemies as a basis for releasing BCAs in the Netherlands

Antoon JM Loomans

National Plant Protection Organization, Netherlands Food and Consumer Product Safety Authority, Geertjesweg 15, 6706 EA, Wageningen, the Netherlands  
Contact: a.j.m.loomans@minlnv.nl

In the Netherlands, the release of animal species into the wild is prohibited by the Flora and Fauna Act since 2005. Article 14 § 1 of this act forbids the release of animals or their eggs into nature, including biological control agents (BCA). Based on the information then available, a short risk-assessment (quick-scan) was made by the Dutch NPPO for each BCA already in use. As a result, 135 BCAs were considered safe to continue their release. These species were exempted from being licensed (“vrijstellingenlijst 2005”) and thus free to be released. Non-exempted and new BCAs, including species supporting biological control practices as factitious host or prey, can only be released when licensed (“onthefing”). To be eligible for licensing, each stakeholder (e.g. research institute, commercial stakeholder) has to submit an application, including a dossier. In the Netherlands, procedures and criteria for regulation, authorization and preparation of a dossier are used in accordance with international legislation, using harmonized methodologies for regulation and data requirements, adopted as standard PM 6/2(2) by EPPO (2010). Based on the dossier the NPPO performs an Environmental Risk Analysis. This ERA is based on the information requirements and criteria as described by e.g. van Lenteren et al. (2006) and assesses whether release of a specific BCA or other beneficial is considered safe for the native flora and fauna, or not. Taxonomic identity, impact on human and animal health and ecological impact are the main criteria. Efficacy data are optional, but are not required. Establishment and dispersal potential, host specificity and direct/indirect non-target effects of the BCA are assessed to determine ecological impact. Each ERA has a step-wise approach: information requirements needed may vary, based on the type of biological control program (classical, inundative), origin of the organism (native, non-native), ecological factors (known or unknown), 1<sup>st</sup> or 2<sup>nd</sup> application, etc. A permit to release can be issued to a single applicant only and is species-based and not product-based: each applicant has to apply for a permit to release a single species. A permit is issued for a maximum period of 5 years and can be mandated by the applicant to end-users to release their organism already under permit. When a release of a

BCA is assessed as safe for the native flora and fauna, a licence is issued. From 2004–2013, 55 permits for 27 BCA species have been issued, from native as well as non-native origins.

### References

- Van Lenteren JC, Bale J, Bigler F, Hokkanen H & Loomans AJM, (2006). Assessing Risks of Releasing Exotic Biological Control Agents of Arthropod Pests. *Annu Rev Entomol* 51, 609-634 (supplemental tables online at <http://ento.annualreviews.org>).
- EPPO (2010) PM 6/2 (2) – Import and release of non-indigenous biological control agents. *Bull OEPP/EPPO* 40, 335-344 (<http://www.eppo.org>).

### *Trichogramma* diversity in cultivated and agricultural landscape

Tore Kursch-Metz<sup>1</sup> & Sabine Trattnig<sup>2</sup>

- 1 Ecological Networks, Biology, TU Darmstadt, Schnittspahnstr. 3, 64287 Darmstadt, Germany
- 2 AMW Nützlinge GmbH, Außerhalb 54, 64319 Pfungstadt, Germany  
Contact: [kursch-metz@hotmail.de](mailto:kursch-metz@hotmail.de)

*Trichogramma* are polyphagous egg parasitoids, which are used worldwide as biocontrol agents. In Germany, *Trichogramma* are mainly used for controlling lepidopterous pests in corn fields and greenhouses. In contrast to their widespread commercial application, little is known about the natural occurrence of *Trichogramma* species in agro-ecosystems in Germany. Increasing the knowledge about the mode of life of naturally occurring *Trichogramma*-species and their diversity may lead to a better usage of *Trichogramma* as biocontrol agents. Therefore the diversity and seasonality of *Trichogramma* were studied in organic cabbage fields and apple orchards, and hedges surrounding the cropping system. All assessments conducted in Southern Hesse (near Darmstadt). Field observation of *Trichogramma* started in April 2013 and ended in the middle of November 2013. *Trichogramma* were lured with sentinel eggs of *Sitotroga cerealella* glued on small paper cards. The cards were placed into the vegetation and were replaced 2 times per week. After substitution, collected cards were kept at 25 °C for 5 days. Parasitized eggs turned black and could be identified and counted per card and date. *Trichogramma* species were identified after hatching using the ITS-2 spacer region. All *Trichogramma* lines were reared in the laboratory for later characterization. At all study sites, with the exception of one, *Trichogramma* was present. First activity was observed in the middle of April and the beginning of May. The latest date of *Trichogramma*-activity was detected in the beginning of November. The highest *Trichogramma*-activity in the apple orchards and their surrounding was recorded in

April/May and September/October. In cabbage fields *Trichogramma* was active between June and October. Preliminary species identification revealed three *Trichogramma* species; *Trichogramma cacoeciae*, *T. evanescens* and *T. embryophagum*. Over 400 *Trichogramma* lines were found and more than 200 of them were in culture. The study demonstrated that *Trichogramma* exists in the cultivated landscape with a high consistency. Agroecosystems such as the studied organic cabbage fields and apple orchards provide new *Trichogramma*-lines and contribute agrobiodiversity. The different *Trichogramma*-lines that could be reared in the laboratory might supplement existing lines as biocontrol agents.

### Interference between the egg parasitoid *Trichogramma cacoeciae* and the egg-larval parasitoid *Ascogaster quadridentata* and their host *Cydia pomonella*

Annette Herz<sup>1</sup>, Stefanie Hoffmann<sup>1</sup> & Ines Ksentini<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Julius Kühn-Institut, Institute for Biological Control, Heinrichstr. 243, D-64287 Darmstadt, Germany

<sup>2</sup> Institute de l'Olivier, Sfax, Tunisia  
Contact: annette.herz@jki.bund.de

The egg parasitoid *Trichogramma cacoeciae* and the egg-larval parasitoid *Ascogaster quadridentata* are important biocontrol agents of several fruit damaging Tortricidae, including the codling moth *Cydia pomonella*. The potential interference between these two wasps when exploiting their common host source, the codling moth egg, was explored in a series of laboratory experiments. When offering host eggs in different developmental stages, *T. cacoeciae* was more successful in parasitizing fresh or medium-aged eggs in comparison to eggs with a developed larva just before hatching. In contrast, *A. quadridentata* showed no preference for any developmental stage of the host egg and parasitized them all successfully. When observing the oviposition behaviour, *T. cacoeciae* exhibited host-feeding, whereas *A. quadridentata* never showed this kind of host exploitation. On average, a female of *T. cacoeciae* needed 122 sec for oviposition into a host egg. Females of *A. quadridentata* oviposited within 8 sec. In the non-choice situation, *T. cacoeciae* accepted and successfully parasitized eggs, which had been previously parasitized by *Ascogaster*. However, in the choice situation, *T. cacoeciae* was also able to discriminate and preferred non-parasitized eggs for oviposition. Eggs which had been previously parasitized by *Trichogramma*, were less attractive for *A. quadridentata*, which contacted and parasitized these eggs significantly less than non-parasitized ones. In multi-parasitized eggs, *T. cacoeciae* was the higher competitor due to its idiobiont development, independently whether parasitism by *Ascogaster* occurred before or after *Trichogramma* parasitism. Host location of the two species was compared in cage tests using codling moth eggs placed on the foliage of apple tree twigs. Both species demonstrated a high searching efficiency resulting in 70% (*A. quadridentata*) to 80% (*T. cacoeciae*) egg parasitism in control

cages, where only one parasitoid species had been released. In cages, where both species had been released simultaneously, significantly fewer eggs were parasitized by *A. quadridentata* (about 30%). Nevertheless, the release of both species resulted in 100% parasitism of the offered codling moth eggs, suggesting some kind of synergism. Following these results, the potential relationship between the two parasitoids should be studied also under natural conditions to evaluate their common effect on the host population and thus potential for biocontrol of the codling moth.

### The hoverfly *Parasyrphus nigratarsis* as a natural antagonist of the great red poplar leaf beetle (*Chrysomela populi*) in short rotation coppice

Jacqueline Reichenbach, Richard Georgi & Michael Müller

TU Dresden, Professur für Forstschutz, Piener Str. 8, 01737 Tharandt, Germany

Contact: richard.georgi@tu-dresden.de

Due to the use of only few varieties and species, short rotation coppice (SRC) plantations are highly susceptible to biotic agents. At present, the great red poplar leaf beetle (*Chrysomela populi*) is the main insect pest, and is becoming an increasingly important economic factor in the management of SRC. In order to minimize the loss of increment through insect damage while simultaneously reducing the use of plant protection products, nature-based management strategies are being studied in the project 'AgroForNet' (funded by the German Federal Ministry of Education and Research). In 2013, the potential of the hoverfly *Parasyrphus nigratarsis* to control *C. populi* was investigated. Two different experiments were designed for this purpose. Experiment one was a field experiment in Großschirma (Eastern Germany, Saxony) to quantify the predation rate under normal outdoor conditions. From May 13<sup>th</sup> to June 5<sup>th</sup> all egg clusters on 60 poplar stems were photographed every two to three days. On the basis of the photo series it could be determined that on 88% of the plants an impact of *P. nigratarsis* was either directly visible (57.7%, larvae of *P. nigratarsis* visible in egg cluster), very likely (16.3%, larvae visible next to egg cluster) or likely (26%, larvae not visible, but eggs predated). Eggs of *P. nigratarsis* could be found on 50% of all egg clusters, with the average number of eggs of 5.4 ( $\pm 4.24$ ). The second was a laboratory experiment using two different temperatures ( $15 \pm 1^\circ\text{C}$  and  $20 \pm 1^\circ\text{C}$ ), 70–80% relative humidity and 16:8 (L:D) h photoperiod. The larvae were bred and reared in Petri dishes (94 × 16 mm) filled with a thin film of agar-agar (cobe I). Larvae of *P. nigratarsis* were fed eggs of *C. populi* exclusively and observed twice a day. The sample size for both temperature regimes was 25°C. The mortality was 0% for 20°C and 32% for 15°C. The developmental time from hatching to diapause was  $19.7 \pm 2.9$  days for 15°C and  $14.5 \pm 1.4$  days for 20°C. The number of eggs consumed during development was  $270 \pm 36.9$  for 15°C and  $293 \pm 23.1$  for 20°C. The high predation rate in the field



and the results of the laboratory experiment suggest that *P. nigritarsis* may be a strong candidate for biological control programs.

### Predatory bugs as natural antagonists of insect pest species in poplar short rotation coppice – with particular regard to *Arma custos*

Richard Georgi & Michael Müller

TU Dresden, Professur für Forstschutz, Piennner Str. 8, 01737 Tharandt, Germany  
Contact: richard.georgi@tu-dresden.de

The great red poplar leaf beetle (Coleoptera: *Chrysomela populi*) is deemed to be the main pest species in poplar short rotation coppice (SRC) plantations in Germany. The defensive secretion mechanism of *C. populi* larvae means they have only few known natural enemies – most of them specialists. In 2013, the occurrence and potential regulation of predatory insects in SRC was investigated within the project 'AgroForNet', funded by the German Federal Ministry of Education and Research. To determine their occurrence, insects were collected on three sites (Brandenburg: Sorno, Gründewalde, Cahnsdorf) on July 11<sup>th</sup> and on one site (Brandenburg: Sorno) on August 27<sup>th</sup> using beating trays. A total of 114 insects belonging to 17 species were collected. Of these, six species (60 individuals) were carnivorous. *Pinthaeus sanguinipes* (41 individuals) and *Arma custos* (9 individuals) were the most frequent carnivores. The potential for regulation was quantified by breeding and rearing *Arma custos*. On July 17<sup>th</sup> an egg cluster of *A. custos* was collected in Großschirma (Saxony). From July 17<sup>th</sup> to August 24<sup>th</sup> nymphs (beginning with the second instar; first instar does not feed and needs only water) were daily fed first instar larvae of *C. populi*. Breeding and rearing took place in Petri dishes (94 × 16 mm) filled with a thin film of agar-agar (cobe I) and a piece of a poplar leaf (Max 2 variety; food for *C. populi* larvae). Small tubes (3 × 1 cm) provided a supply of water retained using paper pulp. The experiment was performed at 20.0 ± 1 °C at 70–80% relative humidity under a 16:8 (L:D) h photoperiod. The development times of the first, second, third, fourth and fifth nymphal stages (n = 9) was 6 (± 0), 4 (± 0), 5.6 (± 0.7), 7.2 (± 0.83) and 11.1 (± 0.78) days, respectively. The total developmental time was 34 ± 1.73 days. The number of larvae eaten by the second to the fifth nymphal stage was 2.2 (± 0.97), 12.4 (± 1.87), 11.2 (± 2.04) and 26.4 (± 3.16), respectively. The findings indicate high predation rates by *A. custos* and suggest that the species may be a valuable part of a biological control program targeting *C. populi*. Future studies will focus on *Pinthaeus sanguinipes*, the most frequent predatory bug in SRC.

### The occurrence of *Drosophila suzukii* in communities of native Drosophilidae in South-Hessia and potential native parasitoids

Stefan Alexander Christ<sup>1,2</sup> & Annette Herz<sup>1</sup>

- 1 Julius Kühn-Institut, Federal Research Centre for Cultivated Plants, Darmstadt, Germany
- 2 Technische Universität Darmstadt, Plant Membrane Biophysics, Institute of Botany, Germany  
Contact: stefan\_a\_christ@freenet.de

The spotted wing drosophila, *Drosophila suzukii*, is a vinegar fly that is closely related to *D. melanogaster* with its origins in the Far-East. It has been accidentally introduced in North America and recently in Europe. Thereby, this species was reported first from Mediterranean countries of Europe, is rapidly spreading towards north and east and was found in southwestern parts of Germany in 2012. Female *D. suzukii* possess a distinctive serrated ovipositor that allows them to lay eggs successfully into healthy and ripening fruits as opposed to most of drosophilids that only infest overripe, fallen or rotting fruits. Therefore this species is able to infest small and stone fruits which are grown for harvest. After oviposition the larval stages cause a high risk to various marketable crops, especially soft or thin-skinned fruits which are rapidly collapsing through larval feeding. In this study the composition and seasonal occurrence of native Drosophilidae species was explored by adult trapping in habitats which may be suitable for *D. suzukii* as a potential new invader. After detection of *D. suzukii* at nearly all trap locations in South-Hessia, the infestation of berries and the development of deposited eggs were also explored. The results revealed differences in species composition between rural and urban areas and also effects of surrounding habitat conditions. *D. suzukii* invaded most of the locations, but only late in the season from mid of August. It seems that the invasive fruit pest *D. suzukii* could occupy several ecological niches and build stable populations in South-Hessia. After successful baiting trials in the field, laboratory rearings of *D. melanogaster* and *D. subobscura* were established for future investigations. Furthermore, the occurrence and phenology of native parasitoids of Drosophilidae were monitored to estimate their potential association with *D. suzukii*. Individuals of the superfamilies Chalcidoidea, Ichneumonoidea and Cynipoidea were trapped. They included specimens of *Leptopilina heterotoma* and *Asobara* (Braconidae: Alysiinae), which are known to use *Drosophilida* larvae as hosts. The knowledge of the species composition of native Drosophilidae communities and their associated parasitoids could be used for an estimation of the potential environmental and economic risk caused by *D. suzukii* and for outlining prospective biological control strategies.



## Test method of biocontrol agents on fungus gnats (Sciaridae)

Stefan Kühne<sup>1</sup>, Maik Holfert<sup>2</sup> & Jakob Eckert<sup>2</sup>

- <sup>1</sup> Julius Kühn-Institut, Stahnsdorfer Damm 81, 14532 Kleinmachnow
- <sup>2</sup> Hochschule für Nachhaltige Entwicklung Eberswalde, Schicklerstraße 5, 16225 Eberswalde  
Contact: stefan.kuehne@jki.bund.de

The test method is based on the rearing of the fungus gnat *Bradysia difformis* in a moist coconut fiber substrate with the compost fungus *Alternaria alternata*, which is cultivated on oat flakes. *B. difformis* is an ideal test organism for growing media due to myco- and phytophagous behaviour. The robust test method is suitable for studies: (1) general biological soil activity, (2) for assessing growing media on fungus gnat infestation, (3) on the effects of pesticides on fungus gnats, (4) the effect of biocontrol organisms on fungus gnats. The advantage is the homogeneous age structure of fungus gnats in the substrate. By shifting of experimental parameters over time, the different developmental stages of fungus gnats can be tested. To demonstrate the efficacy of *Bacillus thuringiensis* var. *israelensis* (*B.t.i.*) two independent tests in a climate chamber (22°C, 60% rel. humidity, 12 h day/night) were conducted. The rearing substrate consisted of 500 g of dry coconut fiber substrate, inoculated with 3000 ml of a conidia suspension of the fungus (2 million conidia 500 ml<sup>-1</sup> of water). For the *B.t.i.* variant, 1 g BioMükk® (*B.t.i.*) was added to the substrate. The substrate was mixed with 100 g of oat flakes as food source for the compost fungus. Plastic vessels of 500 ml were filled with 360 ml of the rearing substrate and closed with a perforated plastic cover. After 7 days, six plastic vessels with *B.t.i.* and six plastic vessels without *B.t.i.* (untreated control – uc) were randomized placed within a flight cage with fungus gnats and offered for egg depositing for 24 h. Thereafter, in the covered vessels yellow sticky traps were placed to trap the remaining fungus gnats. After 7 days, the sticky traps were replaced by new yellow sticky traps to catch the new fungus gnats after hatching. To estimate the efficacy of the *B.t.i.* treatment in comparison to the control and to validate the test procedure, the emergence of fungus gnats in the two variants of *B.t.i.* and untreated control was compared. Seven days after application of *B.t.i.* an efficacy of 71% (test 1) and 92% (test 2) was recorded measured as reduction of the number of hatched fungus gnats.

## Is it a hard world – progress in commercial application of *H. bacteriophora* against the invasive corn rootworm?

Ralf-Udo Ehlers

e-nema GmbH, Schwentinental, Germany  
Contact: ehlers@e-nema.de

The maize pest insect western corn rootworm (WCR), *Diabrotica v. virgifera* causes severe damage in the Balkan countries, as well as in Austria and Italy. It has also entered into Germany, but root damage has not yet been reported. Due to its status as quarantine pest, however, maize grown in monoculture needs to be treated to avoid further spread of this invasive pest. WCR larvae and pupae are highly susceptible to entomopathogenic nematodes. The biotechnology company E-nema GmbH has launched the product dianem®, based on the nematode *Heterorhabditis bacteriophora* for control of larvae and pupae of the corn rootworm in 2012. Results of eight years of field trials in Hungary, Italy and Austria have provided evidence for the high efficacy of dianem®. The development of the nematode inside the insect larva is documented on the company's webpage under the link "services". Nematodes are applied in liquid suspension with the drilling machines. Adapted application technology helps to position the nematodes in direct vicinity of the seeds. Field trials in Hungary, Austria and Germany revealed that the dauer juveniles of the nematodes well persist in the soil until the pest larvae hatch and attack the roots. No significant differences were recorded in pest control (reduction of adults per plant) and prevention of root damage between applications at seeding or at occurrence of the larvae in June. dianem® was tested at dauer juvenile density of 1–5 × 10<sup>9</sup> ha<sup>-1</sup>. No major differences were recorded, why dianem® is recommended at 2 × 10<sup>9</sup> nematodes ha<sup>-1</sup>. In comparison with pyrethroid granules or neonicotinoid seed treatment, nematodes reach comparable or better control of larvae and pupae. Often control of adult emergence surpassed results recorded for chemical treatments. Although the control results are satisfying and the application technology is easily implemented, the product has not yet been used commercially, as in many countries chemical compounds have been made available through temporary emergency authorisations, despite the fact that Article 53 of the EC Regulation 1107/2009 indicates that authorisation should only be given if other reasonable means to contain the danger are not available.

## Investigations on residues of *Bacillus thuringiensis* on tomato

Dietrich Stephan<sup>1</sup>, Heike Scholz-Döbelin<sup>2</sup>, Hans Keßler<sup>3</sup> & Theo Reintges<sup>2</sup>

- <sup>1</sup> Julius Kühn Institut (JKI) – Federal Research Centre for Cultivated Plants, Institute for Biological Control, Heinrichstraße 243, 64287 Darmstadt, Germany
- <sup>2</sup> Landwirtschaftskammer Nordrhein-Westfalen, Sachbereich 62.8 – Pflanzenschutzdienst Gemüsebau Biologischer Pflanzenschutz, Hans-Tenhaeff-Str. 40–42, 47638 Straelen, Germany
- <sup>3</sup> Landwirtschaftskammer Nordrhein-Westfalen – Pflanzenschutzdienst, Siebengebirgsstraße 200, 53229 Bonn-Rohleber, Germany  
Contact: Dietrich.Stephan@jki.bund.de

After an incidence of diarrhoea in 2012, high concentrations of presumptive *Bacillus cereus* (including *B. thuringiensis* (Bt)) were found in German lettuce samples. Because of this incidence, in Germany a discussion about the risk of Bt residues started and is still ongoing. Because of limited data on the expected residues of Bt spores after application, experiments on persistence were conducted on tomatoes in glasshouse. Because Bt spores are highly sensitive to UV light (half-life of 16 hours) spores will be killed under field conditions within a short time. In glasshouses, only limited UV light is passing the glass and it is unlikely that Bt spores will be inactivated as quickly as under field conditions. To proof the degradation of Bt spores in glasshouses, experiments were conducted on tomato under laboratory, experimental field station and professional grower conditions. For all experiments the Bt product XenTari® was used. In the glasshouse experiment with five applications of XenTari® applied in a weekly interval the concentration of Bt spores on tomato fruits ranged in all experiments between  $4.9 \times 10^4$  und  $8.5 \times 10^4$  cfu g<sup>-1</sup> fresh weight. Within these experiments maximum application rates of five applications within four weeks were used and therefore, these experiments represent a kind of “worst case” scenario. For single application of Bt a max. spore concentration of  $4.7 \times 10^4$  cfu g<sup>-1</sup> fresh weight was measured corresponding to the laboratory experiments and the experiments at a commercial farm. To proof the degradation of Bt spores over time under protected glasshouse conditions, samples were taken after the last application over one week. Over all experiments the concentration of Bt spores was reduced up to only 46 to 77% of the initial spore concentration within one week. Therefore, degradation of Bt spores did play a minor role under glasshouse conditions. A distinct reduction of Bt spores on fruits was achieved by modifying the application strategy. When only the upper parts of the tomato plant were treated with XenTari, a maximum concentration of Bt spores of  $3.3 \times 10^3$  cfu g<sup>-1</sup> fresh weight was recorded. Thus, a reduction of up to 90% of Bt spores on the marketable tomatoes was achieved.

### Increasing the acceptance of beneficials in conventional agriculture

Wilhelm Beitzen-Heineke

BIOCARE GmbH, Einbeck, Germany  
Contact: w.beitzen-heineke@biocare.de

The wasp *Trichogramma brassicae* is one of the most widely used beneficials in agriculture. The egg parasite has been

used commercially to control the European corn borer (*Ostrinia nubilalis*) since the 1970s. Since the foundation of BIOCARE in 1995, the acreage treated with *T. brassicae* has increased continuously. In 2013, BIOCARE produced *T. brassicae* for approx. 70 000 ha corn and sold it in 8 different European countries. Almost 100% were used in conventional farming where biological plant protection competes with chemical plant protection in terms of (1) efficiency, (2) price and (3) user friendliness. (1) When applied correctly, *T. brassicae* results in efficiencies comparable to chemical plant protection. (2) Prices for *T. brassicae* in France and Italy are comparable to the chemical alternative. In Baden-Wuerttemberg in Germany, however, it is more expensive than chemical products. This is very likely a result of the state funding of biological plant protection, which increases trade margins and inflates consumer prices. Thirty years ago, the funding was necessary to establish the wasp on the market – but is it still up to date? In our neighboring country France, the extensive application of *T. brassicae* is increasing without funding. In other federal states in Germany, the high consumer price results in a decreased demand for the beneficials. Even worse, it leads to an increased demand for transgenic varieties as machines for the application of chemical alternatives are rarely available. (3) User friendliness: The main reason for the attractiveness of the use of *T. brassicae* is its safety for users, consumers and the environment. However, the traditional application method (hanging cards in the plants) is very time-consuming. Especially large farms need a solution for mechanical application. BIOCARE is offering this method: Starting in 2014, BIOCARE provides machines for the mechanical application of *Trichogramma brassicae* capsules. When covering about 20 ha per hour, a machine can apply about 1 500 ha per year. This means, that with a ten-year-amortization, the machine costs would be less than 2 € per ha. In conclusion: To be able to increase the acceptance of biological plant protection it is essential to provide suitable mechanical application technology. Additionally, as soon as users can purchase *T. brassicae* at prices comparable to the prices of chemical products, the area treated with *T. brassicae* against the proliferating European corn borer will increase significantly.

### Acknowledgements

We would like to thank the public consulting services in Baden-Wuerttemberg, namely Mr K. Dannemann and F.-J. Kansy, for their encouraging efforts to establish the use of *Trichogramma brassicae* in the field.