

Der Stichprobenumfang pro Sorte und Termin umfasste 10 Ähren. Folgende Sorten wurden untersucht: 'Tommi', 'Türkis', 'Anthus', 'Hermann', 'Leiffer', 'Welford', 'Brompton', 'Robigus', 'Glasgow', 'Potential', 'Dekan', 'Skalmeje', 'Dozent', 'Boomer', 'Carenius', 'Esket' sowie 3 Zuchtstämme.

Erste Ergebnisse zeigen, dass zwischen den Varietäten zu den Untersuchungsterminen frühe Milchreife und Teigreife beträchtliche Befallsunterschiede auftraten. Die Sorte Glasgow war am 1. Kontrolltermin mit 90,0 Thripsen/Ähre am stärksten befallen (18,2 Imagines, 71,8 Larven). Das Verhältnis Imagines zu Larven betrug zu diesem Zeitpunkt 1: 3,9.

Die geringsten Werte wies die Sorte 'Brompton' mit 5,8 Imagines und 3,6 Larven auf. Hier war ein deutlich schwächer ausgeprägter Unterschied zwischen Imagines- und Larvenbefall festzustellen (1 : 1,6). Die häufig in Mitteldeutschland angebaute Sorte 'Tommi' zeigte ein mittleres Befallsniveau mit 39,3 Thripsen/Ähre (Verhältnis Imagines : Larven = 1: 3,5).

Zur Teigreife (BBCH 83) war generell eine Abnahme der Anzahl der Larven und Imagines pro Ähre festzustellen. An diesem Kontrolltermin (Teigreife) bestätigte sich das hohe Befallsniveau für die Sorte Glasgow, wobei das enger werdende Verhältnis zwischen Larven und Imagines (1 : 1,3) das Auftreten der nächsten Thripsgeneration signalisiert.

Die geringsten Befallswerte zeigte die Sorte Türkis mit 5,9 Larven/Ähre und 7,4 adulten Thripsen. Die Daten liefern erste Hinweise, mittels Sortenwahl einen effizienten ressourcenschonenden Pflanzenschutz zu entwickeln. Für eine weiterführende Diskussion der Ergebnisse sind Resultate der Freilanstudie aus 2008 abzuwarten.

Literatur

Moritz, G. 2006: Thripse. Die neue Brehm-Bücherei, Bd. 663.

42-6-Johannesen, J.¹⁾; Maixner, M.²⁾; Michel, K.¹⁾; Lux, B.¹⁾; Seitz, A.¹⁾

¹⁾ Johannes Gutenberg-Universität Mainz, Institut für Zoologie, Abteilung Ökologie

²⁾ Julius Kühn-Institut, Institut für Pflanzenschutz in Obst- und Weinbau

Populationsgenetische Aspekte der Ausbreitung des Stolbur-Vektors *Hyalesthes obsoletus*

Aspects of population genetics in the range-expansion of the stolbur vector *Hyalesthes obsoletus*

Stolbur-Phytoplasmen verursachen wichtige Krankheiten in verschiedenen landwirtschaftlichen Kulturen. In Südeuropa sind Solanaceen wie Kartoffeln, Tomate und Paprika besonders betroffen, aber auch Mais wird befallen. In Mitteleuropa ist besonders die Schwarzholzkrankheit der Rebe von großer wirtschaftlicher Bedeutung. Stolbur-Phytoplasmen sind in Europa endemisch und nutzen eine Reihe krautiger Wildpflanzen als Reservoir. Hauptvektor ist die Zikade *Hyalesthes obsoletus*. Die Habitatansprüche dieser südeuropäischen Art sowie ihre Wirtspflanzenbindung sind ausschlaggebende Faktoren für die Epidemiologie der Schwarzholzkrankheit und anderer Stolbur-Phytoplasmosen. Daher kam es als Folge der jüngsten Ausweitung des Wirtsspektrums dieser Zikade in Deutschland, von vorwiegend Ackerwinde zu Brennessel, zu neuen Ausbrüchen der Schwarzholzkrankheit in bisher nicht befallenen Regionen und es wurde erstmals auch Stolbur an Kartoffeln beobachtet. Ziel der vorliegenden Untersuchung ist es, mögliche Ursachen für die diesen Problemen zugrunde liegende geographische Ausbreitung des Vektors und die Ausweitung seines Wirtspflanzenspektrums zu identifizieren.

Die Prävalenz der verschiedenen Stolbur-Typen an den wichtigsten Wirtspflanzenarten vorkommenden Vektorpopulationen wurde ermittelt. In Vektoren an Brennessel wurde Stolbur-Typ I und an Ackerwinde Typ II in jeweils mehr als 95 % der infizierten Zikaden festgestellt. Parallel zur Ausbreitung des „Brennessel-Typs“ im Weinbau nahm die durchschnittliche Infektionshäufigkeit in den Brennesselpopulationen zwischen 2000 und 2006 von < 10 % auf 25 – 30 % zu. Schon im dritten, dem überwinterten Larvenstadium können sich die an den Wurzeln der Brennesseln saugenden Entwicklungsstadien des Vektors infizieren. Die Infektionshäufigkeit nimmt jedoch bis zum Erreichen des Adultstadiums weiter zu. Um zu prüfen, ob eine geographische Expansion brennesseladaptierter *H. obsoletus* nach Mitteleuropa für die neue epidemiologische Situation in Deutschland verantwortlich sein könnte, wurden Vektoren aus deutschen und südeuropäischen Weinbauregionen sowie aus Israel anhand ihrer mitochondrialen DNA charakterisiert, wobei insgesamt 12 Haplotypen festgestellt wurden. Die höchste Diversität wurde in Italien, die geringste in Deutschland registriert. Die Ergebnisse deuten auf eine circumalpine Immigration zweier verschiedener Haplotypen der Zikade nach Mitteleuropa aus dem nördlichen Balkan bzw. aus Italien hin, die sich in Süddeutschland wieder treffen. Ein Bezug des in Deutschland dominierenden Haplotyps zu einer

spezifischen Wirtspflanzenart wurde mit den verwendeten mitochondrialen Markern nicht festgestellt. Daher wurden Wirtspopulationen von *H. obsoletus* mit der RAPD-Methode verglichen. Die Analyse ergab keine diagnostischen Fragmente für die jeweiligen Wirtspflanzenpopulationen. Allerdings konnte eine PCO-Analyse gemeinsam vorkommende Populationen am Mittelrhein nach Wirtspflanzen trennen. Diese Populationen unterschieden sich auch morphometrisch, denn die Flügel der Brennesselpopulationen waren signifikant länger als die der Zikaden an Ackerwinden. Unklar ist, ob dies auf genetische Unterschiede zurückzuführen ist. Adulte Tiere erscheinen an Brennessel erst zwei bis drei Wochen später als an Ackerwinde, da sie höhere Temperatursummen bis zum Ende der Larvalentwicklung benötigen. Daher könnten die Größenunterschiede auch durch die unterschiedliche Entwicklungsdauer bedingt sein.

Eine abschließende Erklärung für die Nutzung der Brennessel als neuer Wirtspflanze in Deutschland durch *H. obsoletus* und die damit verbunden geographische Ausbreitung des Vektors und der Schwarzholzkrankheit steht noch aus. Die vorliegende Untersuchung weist zwar auf eine Immigration der Zikade nach Mitteleuropa hin, diese erklärt jedoch nicht die Wirtsadaptation. Zu klären ist, ob die beobachteten Unterschiede zwischen den Wirtspopulationen Ursache oder Folge der Wirtspflanzenadaptation sind. Zur umfassenden Beschreibung der epidemiologischen Situation sind weitere Aspekte wie die Interaktion zwischen Phytoplasmen und Vektoren und die eventuelle Rolle weiterer Vektoren für die Verbreitung der verschiedenen Pathogentypen in wilden Reservoirpflanzen zu untersuchen.

42-7-Zeuner, T.; Kleinhenz, B.

Zentralstelle der Länder für EDV-gestützte Entscheidungshilfen und Programme im Pflanzenschutz

Optimierte Schaderregerprognose durch die Nutzung von Geographischen Informationssystemen (GIS)

Durch den Einsatz von Geographischen Informationssystemen (GIS) in landwirtschaftliche Schaderregerprognosen ist es möglich für jeden beliebigen Schlag in Deutschland eine Prognose zu erstellen. Am Beispiel der Kraut- und Knollenfäule an Kartoffeln *Phytophthora infestans* wird gezeigt, wie optimierte Schaderregerprognosen mit GIS berechnet werden können. Um dieses Ziel zu erreichen, wurden die Eingangsparameter (Temperatur und relative Luftfeuchte) der Prognosemodelle für die beiden Schaderreger (SIMPHYT1, SIMPHYT3 und SIMBLIGHT1) so aufbereitet, dass Wetterdaten flächendeckend für Deutschland zur Verfügung standen. Für die Interpolation der Wetterdaten wurde das Verfahren der multiplen Regression gewählt, weil dieses im Vergleich zu anderen Verfahren die geringsten Abweichungen zwischen interpolierten und gemessenen Daten aufwies und den technischen Anforderungen am besten entsprach. Für 99 % aller Werte konnten bei der Temperaturberechnung Abweichungen in einem Bereich zwischen maximal -2,5 und 2,5 °C bei stündlichen Werten erzielt werden. Bei der Berechnung der relativen Luftfeuchte wurden Abweichungen zwischen max. -12 und 10 % relativer Luftfeuchte erreicht. Die Mittelwerte der Abweichungen lagen bei der Temperatur bei 0,1 °C und bei der relativen Luftfeuchte bei -1,8 %.

Zur Überprüfung der Trefferquoten der Modelle beim Betrieb mit interpolierten Wetterdaten wurden Felderhebungsdaten aus den Jahren 2000 bis 2007 zum Erstauftreten der Kraut- und Knollenfäule sowie des Kartoffelkäfers verwendet. Dabei konnten mit interpolierten Wetterdaten die gleichen und auch höhere Trefferquoten erreicht werden, als mit der gemessenen Daten der nächstgelegenen Wetterstation, die bis zu 60 km entfernt sein kann. Beispielsweise erzielte die Berechnung des Erstauftretens von *P. infestans* durch das Modell SIMBLIGHT1 mit interpolierten Wetterdaten im Schnitt drei Tage geringere Abweichungen im Vergleich zu den Berechnungen ohne GIS.

Um die Auswirkungen interpretieren zu können, die durch Abweichungen der Temperatur und der relativen Luftfeuchte entstanden, wurde zusätzlich eine Sensitivitätsanalyse zur Temperatur und relativen Luftfeuchte der verwendeten Prognosemodelle durchgeführt. Die Temperatur hatte bei den Krautfäulemodellen einen geringeren Einfluss auf das Prognoseergebnis als die rel. Luftfeuchte. So lag bei SIMBLIGHT1 die Abweichung durch eine stündliche Veränderung der relativen Luftfeuchte ($\pm 6\%$) bei maximal 27 Tagen, wogegen stündliche Veränderungen der Temperatur ($\pm 2\text{ °C}$) eine Abweichung von maximal 10 Tagen ausmachten.

Die Ergebnisse dieser Arbeiten zeigen, dass durch die Verwendung von GIS mindestens die gleichen und auch höhere Trefferquoten bei Schaderregerprognosen erzielt werden als mit der bisherigen Verwendung von Daten einer nahegelegenen Wetterstation. Die Ergebnisse stellen einen wesentlichen Fortschritt für die landwirtschaftlichen Schaderregerprognosen dar. Erstmals ist es möglich, bundesweite Prognosen für beliebige Schlage zur Bekämpfung von Schädlingen in der Landwirtschaft bereit zu stellen.