auf. Zur Untersuchung des Auftretens von EACMV-UG2 in verschiedenen Cassava Zuchtlinien und nicht näher charakterisierten Cassava Landrassen wurde ein sensitives Real Time PCR Verfahren entwickelt, das zudem eine Quantifizierung des Virustiters erlaubt. Nach der erfolgreichen Erprobung in *Nicotiana benthamiana* Pflanzen konnte das Verfahren auch in Cassava angewendet werden. Die Kopienzahlen waren bezogen auf die Gesamt-DNA in *N. benthamiana* wesentlich höher als im Vergleich zu Cassava. Das Verfahren wurde auch für den Nachweis von ACMV modifiziert, um beide Viren in Mischinfektionen zu untersuchen. Bei einer Quantifizierung von EACMV-UG2 in Mischinfektionen mit ACMV in Cassava wurden deutlich höhere Kopienzahlen im Vergleich zu Einzelinfektionen bestimmt. Das hier vorgestellte System erlaubt einen zuverlässigen Nachweis und eine Quantifizierung von EACMV-UG2 und ACMV in Einzel- und Mischinfektionen.

058-Zimmermann, N.; Felgentreu, D.
Julius Kühn-Institut, Institut für ökologische Chemie, Pflanzenanalytik und Vorratsschutz

Einsatz von Fettsäure-Profilen zur Diagnostik von Bodenmikroorganismen
Diagnostic of soil microorganisms by fatty acid profiles

Der Nutzung von Gesamtfettsäure-Profilen zur Identifizierung von Mikroorganismen liegt zu Grunde, dass sowohl die qualitative als auch die quantitative Fettsäurezusammensetzung in ihren Genen festgelegt ist. Somit ist es möglich, Bakterien und Pilze aus zuvor angezogenen Reinkulturen taxonomisch durch die Verwendung von verifizierten Vergleichsbibliotheken zu bestimmen. Um den Einfluss des Nährmediums und der Temperatur auf die Fettsäurezusammensetzung zu minimieren, findet die Anzucht von Mikroorganismenreinkulturen unter den Bedingungen statt, die auch für die Erstellung der Vergleichsbibliothek verwendet wurden. Des Weiteren können anhand von aus Böden gewonnenen Fettsäuremarkern Aussagen über die Zusammensetzung der mikrobiellen Gemeinschaft in Böden (Biodiversität) und somit auch über die Bodenqualität, getroffen werden. Bei diesen Fettsäuremarkern handelt es sich um signifikante Phospholipidfettsäuren von Bakterien bzw. Pilzen. Für die vorliegende Arbeit wurde weitestgehend das Mikrobielle Identifizierungssytem Sherlock der Firma MIDI Inc. verwendet. Die Probenaufarbeitung erfolgte entsprechend dem MIDI-Protokoll. Für die gaschromatographische Messung wurde die MIS Aerobe Methode des MIDI Systems verwendet. Die Bodenproben wurden zusätzlich nach ISO NWIP (2007) "Soil quality - Determination of soil microbial diversity by phopholipids fatty acid analysis (PLFA)" aufgearbeitet. Sie stammten aus einem neu konzipierten Dauerversuch bei dem u. a. die Auswirkungen von Pflanzenschutzmaßnahmen und Bodenbearbeitung (pflügen und pfluglos) auf Bodenmikroorganismen untersucht werden. In diesem Poster werden beispielhaft die beiden oben genannten Methoden zur Gewinnung von Phopholipidfettsäure-Profilen anhand dieses neu konzipierten Dauerversuchs verglichen. Außerdem wird die Verwendung von Phopholipidfettsäure-Profilen zur Charakterisierung der Bodenqualität anhand des genannten Versuches exemplarisch dargestellt.

059-Ayana, G.[1]; Fininsa, C.[2]; Seid, A.[3]; Lemessa, F.[4]; Wydra, K.[5]
[1] Ethiopian Institute of Agricultural Research, Melkassa Research Center, Adama, Ethiopia
[2] Haramaya University, Department of Plant Sciences, Dire Dawa, Ethiopia
[3] International Center for Agricultural Research in the Dry Areas (ICARDA), Aleppo, Syria
[4] Jimma University, College of Agriculture and Veterinary Medicine, Jimma, Ethiopia
[5] Leibniz Universität Hannover, Institut für Pflanzenkrankheiten und Pflanzenschutz

Characterization, identification of phylotypes and assessment of genetic diversity of *Ralstonia solanacearum* strains from Ethiopia

Ralstonia solanacearum strains constitute a species complex and are known for their high variability and adaptability to various environmental conditions and geographical regions of the world, affecting a large and expanding host range. Traditionally, the strains are grouped using the biovar and race classification system, which is considered unsatisfactory, encompassing the diversity within the *R. solanacaerum* species. Therefore, a new scheme for classifying and characterizing *R. solanacearum* strains has been introduced (Prior and Fegan 2004). This scheme is based on phylotype specific multiplex PCR based on the Internal Transcribed Spacer (ITS) region and endoglucanse gene sequencing. Although bacterial wilt is important in Ethiopia, detailed studies on characteristic features of *R. solanacerum* strains were not conducted to date. Therefore, *R. solanacearum* strains from Ethiopia and reference strains from other regions were characterized by conventional methods for pathological, phenotypic, biochemical and physiological features and by molecular meth-