

**09-5 - Arntjen, A.<sup>1)</sup>; Maiss, E.<sup>2)</sup>; Jelkmann, W.<sup>1)</sup>**

<sup>1)</sup> Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen

<sup>2)</sup> Leibniz Universität Hannover

**Generation of in vitro RNA transcripts and infectious full-length cDNA clones of ASPV and ASGV**

*Generation of in vitro RNA transcripts and infectious full-length cDNA clones of ASPV and ASGV*

*Apple stem pitting virus* (ASPV), *Apple stem grooving virus* (ASGV), and *Apple chlorotic leaf spot virus* (ACLSV) are the three most common latent viruses in apple worldwide. These viruses are highly variable and infect several woody host plants with different symptoms. Infectious cDNA clones provide the opportunity to study pathogenicity and symptomatology of a determined variant of a virus. Two strategies for the generation of an infectious full-length cDNA clone of ASPV were attempted. Initially a ligation strategy was attempted by subdividing the genome of ASPV isolate PB 66 into three fragments. These were ligated into the plasmid p1657 containing the 35S promoter. Due to an incomplete 5'-end of the sequence the resulting cDNA clones showed no infectivity on different host plants. The second strategy was based on PCR of the full length of ASPV and ASGV. Comparison of the 5'- and 3'-end of different ASPV isolates showed highly conserved domains which were used as primers for PCR. Generation of infectious in vitro RNA transcripts of ASPV and ASGV were obtained by the addition of the T7 promoter sequence to the forward primers of full-length PCR fragments. *In vitro* RNA transcripts of ASGV infected 5 out of 6 mechanically inoculated *Nicotiana occidentalis* 37B plants, whereas transcripts of ASPV infected only 4 out of 42 tobacco plants. The Circular Polymerase Extension Cloning method (CPEC) was used to generate an infectious full-length cDNA clone of ASPV and ASGV in pBin V297. *N. occidentalis* 37B plants were infected by inoculation with *Agrobacterium tumefaciens* containing the pBin vector with the full-length cDNA clone for both viruses. The infection rates were 3% for ASPV and 22% for ASGV.

**09-6 - Eltlbany, N.<sup>1)</sup>; Prokscha, Z.-Z.<sup>1)</sup>; Castaneda-Ojeda, M. P. <sup>2)</sup>; Heuer, H. <sup>1)</sup>; Wohanka, W. <sup>3)</sup>; Ramos, C. <sup>2)</sup>; Smalla, K. <sup>1)</sup>**

<sup>1)</sup> Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen

<sup>2)</sup> Universidad de Malaga, Spanien

<sup>3)</sup> Forschungsanstalt Geisenheim

**Rolle von Plasmiden für die Diversifizierung und Anpassung des Phytopathogens *Pseudomonas savastanoi***

*Mandevilla sanderii* erfreut sich seit einigen Jahren großer Beliebtheit als üppig blühende Balkon- und Gartenpflanze. Seit 2008 haben jedoch Blattflecken und tumorartige Veränderungen des Stamms, verursacht durch *Pseudomonas savastanoi*, Züchtern erhebliche wirtschaftliche Schäden verursacht. Basierend auf BOX-Fingerprints konnte gezeigt werden, dass Isolate von *Mandevilla sanderii* eine große Ähnlichkeit mit Isolaten von Oliven, Oleander, Jasmin und Liguster haben. Alle untersuchten *Pseudomonas savastanoi* Isolate enthalten Plasmide, deren Diversität in dieser Studie durch Restriktionsverdau, Hybridisierungen charakterisiert wurden. Die Sequenzierung verschiedener Plasmid-lokalisierter Gene (*iaaM*, *iaaL*, *repA*, *hopA01*) des Isolats Ph4 von *Mandevilla sanderii* gab Hinweise auf einen gemeinsamen Ursprung der für die Interaktion mit Wirtspflanzen wichtigen Plasmide. Ein spezifisches und sensitives Verfahren zum Nachweis des Erregers in Pflanzenmaterial wurde basierend auf PCR- und Hybridisierung mit einer Digoxigenin-markierten Sonde etabliert.

**09-7 - Dircks, C.<sup>1)</sup>; Franke, L.<sup>2)</sup>; Bürcky, K.<sup>3)</sup>; Zellner, M.<sup>4)</sup>; Varrelmann, M. <sup>1)</sup>**

<sup>1)</sup> Institut für Zuckerrübenforschung

<sup>2)</sup> Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn

<sup>3)</sup> Kuratorium für Versuchswesen und Beratung im Zuckerrübenanbau

<sup>4)</sup> Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft

**Usage of bait plants as indicators for the *Rhizoctonia solani* infection inoculum in a crop rotation field trial**

*Einsatz von Fangpflanzen als Indikatoren für das Rhizoctonia solani Infektionspotential in einem Fruchtfolgeversuch*

*Rhizoctonia solani* AG2-2IIIB is an endemic soilborne fungus and known as the causal agent of crown and root rot of sugar beet. Cultivation of *R. solani* resistant sugar beet cultivars and an appropriate crop rotation are the actual measures against *R. solani*. However, the *R. solani* resistant cultivars display about 10 % lower yield under