

115-Thiele, K.¹⁾; Leisering, L.²⁾; Rabenstein, F.¹⁾; Cordes, C.²⁾; Smalla, K.¹⁾

¹⁾ Julius Kühn Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen

²⁾ Hochschule Anhalt

Untersuchungen zur Diversität von *Acidovorax valerianellae*, dem Erreger bakterieller Blattflecken an Feldsalat

Seit 1999 treten in Deutschland schwarze Blattflecken an Feldsalat [*Valerianella locusta* (L.) Laterr.] auf, die auf einen Befall durch das Bakterium *Acidovorax valerianellae* (Av) zurückzuführen sind [1] und im Erwerbsanbau hohe Verluste verursachen. Die Symptome sind vor allem nach feuchten Witterungsperioden sichtbar und können eine Vermarktung beeinträchtigen oder unmöglich machen. Als Übertragungswege wurden der Boden und eine Kontamination des Saatgutes diskutiert [2]. Zur Lösung der offenen epidemiologischen Fragen wurden serologische und molekularbiologische Diagnosemethoden entwickelt. So wurde mit Hilfe monoklonaler Antikörper und Elektronenmikroskopie erstmals das Vorhandensein des Erregers im und am Feldsalat-Samen nach natürlicher Infektion nachgewiesen [3]. Ein TAS-ELISA ermöglicht die Diagnose von Saatgutbefall und durch eine PCR mit anschließender Hybridisierung mit markierter Sonde kann der Erreger in kontaminierten Böden nachgewiesen werden.

Zur Validierung dieser Methoden wurde eine Sammlung von ca. 50 Av-Isolaten verwendet und hinsichtlich ihrer Diversität charakterisiert. Dabei wurden mit Amplified Ribosomal Dna-Restriction Analysis (Ardra) [4] und nachfolgender Sequenzierung zwei 16S-rDNA-Varianten gefunden, die sich durch einen Basenpaaraustausch unterscheiden. Dieser Befund konnte durch BOX-PCR [5] bestätigt werden, zwei der drei so gefundenen Cluster korrelieren mit der einen 16S-Variante, der dritte BOX-Cluster mit der anderen 16S-Variante.

Westernblot-Analysen und die in den letzten Jahren zur Identifizierung und Klassifizierung von Bakterien etablierte Methode der Massenspektrometrie (MALDI-TOF) [6] sollte diese Diversität auch auf Proteinebene bestätigen.

Literatur

- [1] MOLTSMANN, E., BLUM, E., DETZEL, P., RIESTERER, K., KRAUSS, J., SCHRAMEYER, K., 2000: Blattflecken an Feldsalat durch das Bakterium *Acidovorax valerianellae*. Gemüse 36[12], 10 - 12.
- [2] GRONDEAU, C. SAMSON, R., 2009: Detection of *Acidovorax valerianellae* in corn-salad seeds, seed transmission of the pathogen and disease development in the field. Plant Pathology 58, 846 - 852.
- [3] THIELE, K., SMALLA, K., KROPP, S. RABENSTEIN, F.: Detection of *Acidovorax valerianellae*, the causing agent of bacterial leaf spots in corn salad [*Valerianella locusta* (L.) Laterr.], in corn salad seeds. Letters in Applied Microbiology 54[2], 112 - 118
- [4] VANECHOUTTE, M., ROSSAU, R., DEVOS, P., GILLIS, M., JANSSENS, D., PAEPE, N., DEROUCK, A., FIERS, T., CLAEYS, G., KERSTERS, K., 1992: Rapid Identification of Bacteria of the Comamonadaceae with Amplified Ribosomal Dna-Restriction Analysis (Ardra). Fems Microbiology Letters 93, 227 - 234
- [5] MARTIN, B., HUMBERT, O., CAMARA, M., GUENZI, E., WALKER, J., MITCHELL, T., ANDREW, P., PRUDHOMME, M., ALLOING, G., HAKENBECK, R., MORRISON, D. A., BOULNOIS, G. J., CLAVERYS, J. P., 1992: A Highly Conserved Repeated Dna Element Located in the Chromosome of *Streptococcus-Pneumoniae*. Nucleic Acids Research 20, 3479 - 3483
- [6] SAUER, S., FREIWALD, A., MAIER, T., KUBE, M., REINHARDT, R., KOSTRZEWA, M. GEIDER, K.: Classification and Identification of Bacteria by Mass Spectrometry and Computational Analysis. PLOS ONE 3 [7] .

116-Bimerew, M.¹⁾; Yacouba, S.²⁾; Nabhan, S.¹⁾; Wydra, K.³⁾

¹⁾ Leibniz Universität Hannover

²⁾ Afica Rice Centre, Benin

³⁾ Georg-August-Universität Göttingen

Multilocus Sequence Analysis-Based Genotypic and Metabolic Characterization of Strains of the Rice Pathogen *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* from West Africa

Bacterial leaf blight of rice (BLB) is one of the most important diseases of rice causing a substantial yield loss of 50 - 90 % in severe epidemics in Africa (Sere et al., 2005). *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*, causal agent of BLB, is known to exhibit a high degree of pathogen variability. Multi Locus Sequence Analysis (MLSA) was carried out to analyze the population structure of pathogen strains from West Africa and of some reference strains from Asia using four housekeeping genes. Ten sequence types were identified. Neighbor joining nucleotide sequence analyses with the best fit model of Tamura-Nei Gamma distribution revealed a distinct aggregation of African strains of *X. oryzae* pv. *oryzae* apart from Asian ones and *X. oryzae* pv. *oryzicola*. The result demonstrated that African strains of the pathogen are genetically distant from Asian strains. Metabolic fingerprinting using the BIOLOG GN microplate assay revealed variations among strains in utilization of 95 carbon sources, where eleven substrates were used by all the strains, 17 only by some and 67 not by any strain, allowing a grouping of strains