

[3] Turrà, D., M. El Ghalid, F. Rossi, A. Di Pietro, 2015: Fungal pathogen uses sex pheromone receptor for chemotropic sensing of host plant signals. *Nature* 527 (7579), 521-524.

05-2 - Handelt es sich bei CgSre1 und CgHap10 um eisenabhängige Regulatoren des hemibiotrophen Lebenszyklus von *Colletotrichum graminicola*?

From biotrophy to necrotrophy – Are CgSre1 and CgHap10 iron dependent regulators of lifestyle transition in Colletotrichum graminicola?

Anja Raschke, Jessica Heilmann, Holger B. Deising

Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg

In all kingdoms of life iron is an essential microelement. Due to poor solubility of iron in the aerobic biogeosphere, all organisms evolved strategies for an efficient iron uptake. However, the iron-dependent Fenton-Haber-Weiß reactions can produce highly reactive oxygen. Thus, a tight regulation of iron homeostasis is essential. Pathogenic fungi employ different strategies for high-affinity iron uptake from the host tissue, e.g. (I) reductive iron assimilation (RIA) and (II) siderophore-mediated Fe³⁺ acquisition (SIA). In saprophytic hyphae of the hemibiotrophic maize pathogen *Colletotrichum graminicola*, growth under iron starvation leads to an up-regulation of both pathways, RIA and SIA. However, during the biotrophic stage of the infection RIA is highly active, while SIA is specifically suppressed. In other fungal species (e.g. *Aspergillus* spp.) the tight regulation of the SIA and RIA pathways occurs on the transcriptional level and is mediated via the two contradictive transcription factors SreA and HapX, respectively. Homologues of these genes were identified in *C. graminicola* and exhibit an iron-dependent transcriptional regulation as described in other fungi. Mutant analyses revealed that these putative transcription factors are required for vegetative growth under conditions of iron-limitation and high excess as well as for ROS tolerance. In-detail functional characterization of these putative transcription factors during biotrophic and necrotrophic stages will allow understanding iron acquisition and regulation of iron homeostasis during fungal plant infection.

05-3 - DNA-basierte Detektion und Quantifizierung des Sporenflugs von *Cercospora beticola* in Zuckerrüben im Zusammenhang mit dem Auftreten von Cercospora-Blattflecken

DNA-based detection and quantification of Cercospora beticola spore flight in sugar beet in relation to symptom appearance as well as disease development

Frederike Imbusch¹, Tobias Erven², Mark Varrelmann¹

¹Institut für Zuckerrübenforschung, Göttingen

²BASF SE, Limburgerhof

Cercospora beticola ist der Erreger der bedeutendsten Blattfleckenkrankheit an Zuckerrüben in Deutschland. Die Ausbreitung der Krankheit erfolgt über dessen Sporen hauptsächlich durch Spritzwasser und Wind. Das Auftreten und die Intensität des Sporenflugs werden bei Bekämpfungsentscheidungen oder in Prognosemodellen nicht berücksichtigt. Vor dem Hintergrund der sich verschärfenden Problematik verringerter Wirksamkeit einiger fungizider Wirkstoffklassen gegen die *Cercospora*-Blattflecken bedarf es zukünftig einer nachhaltigeren Behandlungsstrategie. Ein schneller und kostengünstiger Nachweis von *C. beticola*-Sporen in der Luft könnte eine zeitspezifische und gezieltere Bekämpfung der Blattflecken ermöglichen. Zur Detektion und

Quantifizierung von *C. beticola*-Sporen aus Rotorod-Sporenfallen wurden eine DNA-Extraktion und TaqMan-qPCR entwickelt. Jeweils ein Freilandversuch wurde in 2016 und 2017 von Juni bis August bei Göttingen durchgeführt. Der Sporenflug von *C. beticola* sowie der Krankheitsverlauf wurden innerhalb einer inokulierten Fläche und in verschiedenen Distanzen windabwärts gerichtet zu dieser erfasst. In den Versuchsflächen erfolgten keine Fungizidapplikationen. Die erste Detektion von *C. beticola*-DNA erfolgte zwischen Anfang und Mitte Juli, nachdem die Behandlungsschwelle der Befallshäufigkeit bereits überschritten war. In der inokulierten Fläche und an deren Grenze konnte *C. beticola*-DNA in ähnlicher Konzentration nachgewiesen werden. Mit zunehmender Entfernung zur inokulierten Fläche zeigte sich eine Verzögerung des Befallsverlaufs. *C. beticola*-DNA wurde später und in geringerer Abundanz in 45 m Entfernung zur inokulierten Fläche als direkt in dieser oder an deren Grenze detektiert. Insgesamt variierte die Konzentration der nachgewiesenen DNA in beiden Umwelten über den Versuchszeitraum und erreichte hohe Werte im August.

Literatur

- CALDERON, C., E. WARD, J. FREEMAN, A. MCCARTNEY, 2002: Detection of airborne fungal spores sampled by rotating-arm and Hirst-type spore traps using polymerase chain reaction assays. *J Aerosol Sci.* **33** (2), 283-296.
- ERVEN, T., G. STAMMLER, F. IMBUSCH, M. VARRELMANN, 2017: Wirksamkeit der Fungizide zur Bekämpfung von *Cercospora beticola*. *Zuckerrübe.* **26** (3), 26-29.
- KLOSTERMAN, S. J., A. ANCHIETA, N. MCROBERTS, S. T. KOIKE, K. V. SUBBARAO, H. VOGLMAYR, Y.-J. CHOI, M. THINES, F. N. MARTIN, 2014: Coupling spore traps and quantitative PCR assays for detection of the downy mildew pathogens of spinach (*Peronospora effusa*) and beet (*P. schachtii*). *Phytopathol.* **104** (12), 1349-1359.
- TEDFORD, S. L., R. R. BURLAKOTI, A. W. SCHAAFSA, C. L. TRUEMAN, 2018: Relationships among airborne *Cercospora beticola* conidia concentration, weather variables and cercospora leaf spot severity in sugar beet (*Beta vulgaris* L.). *Can J Plant Pathol.* **40** (1), 1-10.
- WIECZOREK, T. M., L. N. JØRGENSEN, A. L. HANSEN, L. MUNK, A. F. JUSTESEN, 2014: Early detection of sugar beet pathogen *Ramularia beticola* in leaf and air samples using qPCR. *Eur J Plant Pathol.* **138** (4), 775-785.

05-4 - Populationsgenetische Studien des Gerstenpathogens *Ramularia collo-cygni* als Grundlage für das Verständnis der weltweiten Epidemie und Ausblick auf alternative Kontrollmöglichkeiten

A population genetic study of the barley pathogen Ramularia collo cygni explains the worldwide epidemic and gives an outlook on alternative control

Michael Heß, Remco Stam, Ralph Hückelhoven

Technische Universität München, Lehrstuhl für Phytopathologie

Die wachsende Bedeutung des weltweit verbreiteten, pilzlichen Pathogens *Ramularia collo cygni*, biotische Ursache der *Ramularia* Blattfleckenkrankheit, spiegelt sich unter anderem in dem hohen Anteil zur Kontrolle zugelassener Fungizide wieder. Zulassungsbeschränkungen, aber vor allem dramatische Resistenzbildung durch den Pilz in den letzten Jahren schränken die Bekämpfungsmöglichkeiten empfindlich ein, ohne dass die biologischen Grundlagen der Entwicklung bisher geklärt werden konnten. Bei den Untersuchungen setzen die unsichere visuelle Diagnostik, mangelnde Sporulation in vitro, langsames Wachstum in Kultur und das Fehlen von gut etablierten Systemen zu künstlichen Inokulation der Aufklärung mit klassischen Methoden der Epidemiologie Grenzen.

Durch die Erstellung eines Referenzgenoms und der Sequenzierung von 19 Isolaten aus einer Sammlung weltweiter Herkünfte und von verschiedenen Wirten wurde ein neuer Ansatz verfolgt. Die populationsgenetische Studie gibt Hinweise auf die Verbreitung über Wind, aber auch mit dem Saatgut über große Distanzen. Die errechnete, hohe effektive Populationsgröße kann das schnelle Auftreten von Phänotypen mit verminderter Fungizidsensitivität erklären.

4 6 1

Julius-Kühn-Archiv

61. Deutsche Pflanzenschutztagung

Herausforderung Pflanzenschutz –
Wege in die Zukunft

11. - 14. September 2018
Universität Hohenheim

- Kurzfassungen der Vorträge und Poster -



Julius Kühn-Institut
Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen

4 6 1

Julius-Kühn-Archiv

61. Deutsche Pflanzenschutztagung

Herausforderung Pflanzenschutz –
Wege in die Zukunft

11. - 14. September 2018
Universität Hohenheim

- Kurzfassungen der Vorträge und Poster -



Programmkomitee der 61. Deutschen Pflanzenschutztagung:

- **Präs. und Prof. Dr. Georg F. Backhaus** (Vorsitzender)
Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen
- **Prof. Dr. Carmen Büttner**
Humboldt-Universität zu Berlin
- **Friedel Cramer**
Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft
- **Prof. Dr. Holger B. Deising**
Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg
- **Dr. Michael Glas**
Pflanzenschutzdienst Baden-Württemberg, Landwirtschaftliches Technologiezentrum Augustenberg
- **Prof. Dr. Johannes Hallmann**
Deutsche Phytomedizinische Gesellschaft
- **Prof. Dr. Bernward Märländer**
Gesellschaft für Pflanzenbauwissenschaften
- **Dr. Jens Marr**
Industrieverband Agrar e. V.
- **Prof. Dr. Frank Ordon**
Gesellschaft für Pflanzenzüchtung
- **Dr. Karola Schorn**
Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft
- **Prof. Dr. Ralf Thomas Vögele**
Universität Hohenheim, Institut für Phytomedizin

Geschäftsstelle:

- **Cordula Gattermann, Pamela Lemke, Ann-Christin Madaus,
Dr. Holger Beer, Christine Sander**
Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen

Foto Titelseite:

Arno Littmann, JKI

Deutsche Pflanzenschutztagung
Messeweg 11/12
38104 Braunschweig
Tel.: 0531 299-3202 und -3201
Fax: 0531 299-3001
E-Mail: info@pflanzenschutztagung.de
www.pflanzenschutztagung.de

Bibliografische Information der Deutschen Nationalbibliothek

Die Deutsche Nationalbibliothek verzeichnet diese Publikation
In der Deutschen Nationalbibliografie: detaillierte bibliografische
Daten sind im Internet über <http://dnb.d-nb.de> abrufbar.

ISSN 1868-9892

ISBN 978-3-95547-061-6

DOI 10.5073/jka.2018.461.000



Alle Beiträge im Julius-Kühn-Archiv sind unter einer
Creative Commons - Namensnennung - Weitergabe unter gleichen Bedingungen -
4.0 Lizenz veröffentlicht.

Printed in Germany by Arno Brynda GmbH, Berlin.