

dokumentiert ist, fehlen entsprechende Studien zu pflanzenpathogenen Pilzen wie *Colletotrichum graminicola*. Die pilzliche Zellwand spielt jedoch eine wichtige Rolle bei der Etablierung kompatibler Interaktionen mit Wirtspflanzen. Das Genom von *Colletotrichum graminicola* enthält je ein single-copy-Gen, nämlich UGE1 und UGM1, für die Enzyme UDP-Glucose-4-Epimerase und UDP-Galactopyranose-Mutase. Wir unternahmen Studien zur funktionellen Charakterisierung und zeitlichen Expression dieser Gene durch gezielte Deletionen mittels homologer Rekombination bzw. Promotor-eGFP-Fusionen. Wir berichten über die funktionelle Charakterisierung dieser Gene hinsichtlich vegetativer und pathogener Entwicklung von *Colletotrichum graminicola*.

20-5 - Differenzierung der Interaktion von *Verticillium longisporum* Lineage A1/D1 (aggressiv) und Lineage A1/D2 (apathogen) an Wurzeln und im Gefäßsystem von *B. napus*

Differentiation of the interaction of the Verticillium longisporum Lineage A1/D1 (aggressive) and Lineage A1/D2 (apathogenic) at the root and vascular system of B. napus

Marta Vega Marín, Leonard Sundermann, Andreas von Tiedemann

Georg-August-Universität Göttingen, Department für Nutzpflanzenwissenschaften, Abteilung für Pflanzenpathologie und Pflanzenschutz, Grisebachstr. 6, 37077 Göttingen

Verticillium longisporum ist ein amphidiploider pilzlicher Schaderreger an Raps (*Brassica napus* L.), der sich aus drei genetisch verschiedenen Lineages zusammensetzt. Die Lineages entstanden vermutlich durch drei voneinander unabhängigen Hybridisierungsereignissen, an denen mindestens zwei unterschiedliche Lineages von *V. dahliae* (D2 und D3) und zwei weitere, bisher unbekannte Spezies (A1 und D1) beteiligt waren. Die daraus hervorgegangenen Lineages von *V. longisporum* werden als A1/D1, A1/D2 und A1/D3 bezeichnet. Sie verfügen über unterschiedliche geographische Verteilungsmuster und Wirtspflanzenpräferenzen (Inderbitzin et al. 2011). Lineage A1/D2 wurde ausschließlich aus Meerrettich in den USA isoliert und ist apathogen an den meisten Nutzpflanzen aus der Familie der Brassicaceen (Novakazi et al. 2015). Lineage A1/D1 ist hingegen die dominante und auch aggressivste Lineage an *B. napus*. Um zu verstehen, ob sich die unterschiedliche Pathogenität durch abweichende Interaktionen beim Beginn einer Infektion an *B. napus* begründen lässt, wurde die Besiedlung der Wurzeloberfläche durch diese beiden Lineages mittels konfokaler Mikroskopie untersucht. Beide Lineages können die Wurzeloberfläche besiedeln, bei Lineage A1/D2 kann jedoch außerdem eine stärkere Sporulation beobachtet werden, ein Hinweis darauf, dass A1/D2 die Rhizosphäre als Lebensraum bevorzugen könnte. Da die Lineage A1/D2 zu keinen Krankheitssymptomen an *B. napus* führt, kann vermutet werden, dass die Ausbreitung des Pilzes auf den peripheren Wurzelbereich beschränkt ist. Diese Vermutung wird durch qPCR Analysen an Proben von oberirdischen Teilen der Pflanze bestätigt. Im weiteren Verlauf des Projektes werden zusätzliche mikroskopische und biochemische Analyseverfahren angewendet, um zu untersuchen, ob die Lineage A1/D2 über die Wurzeloberfläche in die Pflanze eindringt und welche Reaktionen dadurch in der Pflanze ausgelöst werden.

Literatur

INDERBITZIN, P.; BOSTOCK, R. M.; DAVIS, R. M.; USAMI, T.; PLATT, H. W.; SUBBARAO, K. V. (2011): Phylogenetics and taxonomy of the fungal vascular wilt pathogen *Verticillium*, with the descriptions of five new species. *PLoS One*. 6 (12), e28341.

Novakazi, F.; Inderbitzin, P.; Sandoya, G.; Hayes, R. J.; Tiedemann, A. von; Subbarao, K. V. (2015): The three lineages of the diploid hybrid *Verticillium longisporum* differ in virulence and pathogenicity. *Phytopathology*. 105 (5), 662–673.

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.