

Symptome wie Gelbfärbung auf den Blättern, sogenannte Panaschüren, Kümmerwuchs, Triebmissbildungen und schließlich Verrieselung der Trauben hervorrufen, was zu Ertrags- und Qualitätseinbußen führt. Derzeit gibt es keine Bekämpfungsmöglichkeiten, denn eine direkte Bekämpfung der Nepoviren ist nicht möglich. Im Rahmen dieses Forschungsprojekts wurden mehrere Unterlagen und Wildreben aus einem am Staatlichen Weinbauinstitut Freiburg vorhandenen Rebsortiment in Sterilkultur genommen und auf ihr Resistenzpotential gegenüber *Xiphinema index* untersucht. Diese Resistenzuntersuchungen umfassen zusätzlich auch Versuche zur Virusübertragung und gegebenenfalls auch zur Interaktion zwischen Wurzel und Nematode.

51-3 – Berger, C.

Institut für Gemüse- und Zierpflanzenbau Großbeeren/Erfurt e.V.

Molekulare Charakterisierung des Typ III-Sekretionssystems von *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria*

Molecular Characterization of the type III secretion system of *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria*

Das Gram-negative Bakterium *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria* ist der Erreger der bakteriellen Fleckenkrankheit bei Paprika und Tomate und einer der Modellorganismen zum Studium bakterieller Pflanzenpathogene. Das hrp („hypersensitive response and pathogenicity“)-Gencluster von *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria* kodiert ein Typ III-Sekretionssystem, das die Proteinsekretion in das extrazelluläre Medium sowie die Translokation von Effektorproteinen in die pflanzliche Wirtszelle ermöglicht. Unter den annähernd 20 Proteinen, die in die Typ III-Sekretion involviert sind, sind neun von ihnen zwischen pflanzenpathogenen Bakterien konserviert und bilden wahrscheinlich die Kernkomponente eines funktionellen Sekretionsapparates. Unter Zuhilfenahme eines lexA-basierenden bakteriellen Dihybridsystems wurden die Interaktionen der konservierten Proteine des Sekretionsapparates näher charakterisiert. Der Proteinkomplex des Typ III-Sekretionssystems in der inneren bakteriellen Membran wird sehr wahrscheinlich von sechs integralen Membranproteinen aufgebaut, die bis auf HrpD5 homolog zu Komponenten des Flagellumbasalkörpers sind. Mittels des mini-Tn5-Derivates Tn pholac 1 wurde die Topologie (also die Anzahl transmembraner Segmente und ihrer Orientierung in der Membran) bestimmt und zu allen sechs Proteinen ein Topologiemodell erstellt. Auch konnte gezeigt werden, dass *Xanthomonas* unter hrp-Gen-induzierenden Bedingungen an der Zelloberfläche filamentöse Strukturen bildet, die Hrp-Pili.

51-4 – Seibold, A.¹⁾; Giesen, N.¹⁾; Jelkmann, W.²⁾

¹⁾ Universität Heidelberg

²⁾ Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft,
Institut für Pflanzenschutz im Obstbau

Antagonismus verschiedener Hefestämme gegen *Erwinia amylovora*

Antagonism of different yeast spp. against *Erwinia amylovora*

Sechzehn Hefestämme wurden auf ihr antagonistisches Potential gegen das Feuerbrandpathogen *Erwinia amylovora* untersucht. Davon sind sieben Stämme bereits als Antagonisten gegen Lagerfäulekrankheiten beschrieben. Fünf Isolate wurden aus der Apfel Phyllosphäre von Apfelbäumen im Freiland isoliert. Die Stämme wurden in Kokulturrexperimenten, Blütenversuchen mit abgeschnittenen Blüten und Populationsstudien an Apfelbäumen auf ihre hemmende Wirkung gegen *Erwinia amylovora* getestet. Die Ergebnisse zeigen, dass die Stämme *Aureobasidium pullulans* CF10, *Candida sake* DSM 70763 und *Metschnikowia pulcherrima* Stamm 4 die stärkste Wachstumshemmung gegen *Erwinia amylovora* zeigten. In Freilandversuchen, die im Jahr 2006 durchgeführt wurden, konnte ebenfalls eine Wirkung der Hefestämme gegen Feuerbrand nachgewiesen werden. Welche Wirkungsmechanismen im einzelnen beteiligt sind, ist noch nicht geklärt.