

Literatur

- [1] Ftayeh, R., Mavridis, A., Rudolph, K. 2004. Überleben des Erregers der bakteriellen Tomatenwelke, *Clavibacter michiganensis* subsp. *michiganensis*, im Boden bei unterschiedlichen Bedingungen. Mitteilung. Biolog. Bundesanst. Land- und Forstwirtsch. 54. Deutsche Pflanzenschutztagung, 47-7.
- [2] Griesbach, E., Kisbein, K., Krämer, I., Müller, J. and Völksch, B. 2000a. Induction of resistance to bacterial pathogens in the pathosystem tomato/*Clavibacter michiganensis* subsp. *michiganensis* I. Characterization of the resistance induction, J. Plant Diseases and Protection. 107, 449-463.
- [3] Griesbach, E., Kisbein, K., Krämer, I., Ramm, M., Müller, B. and Völksch, B. 2000b. Induction of resistance to bacterial pathogens in the pathosystem tomato/*Clavibacter michiganensis* subsp. *michiganensis* II. Characterization of the resistance inductor. J. Plant Diseases and Protection. 107, 464-483.

196 – AbdelRehim, K.; Mavridis, A.; Rudolph, K.

Institut für Pflanzenpathologie und Pflanzenschutz, Grisebachstr. 6, 37077 Göttingen

Das Plasmid-Muster verschiedener Rassen des phytopathogenen Bakteriums *Xanthomonas axonopodis* pv. *malvacearum*, Erreger des Bakterienbrandes der Baumwolle

The plasmid pattern of different races of the phytopathogenic bacterium Xanthomonas axonopodis pv. *malvacearum* causing bacterial blight of cotton

Bacterial blight of cotton caused by *Xanthomonas axonopodis* pv. *malvacearum* (*Xam*) is an economically important disease worldwide, resulting in yield losses of 10-30% of seed cotton [1, 2]. Nineteen races of the pathogen have been identified by inoculating a set of cotton differentials [3]. It was proposed by Verma [1] that some of the highly virulent races, infecting many cotton genotypes, contained more plasmids than races which infected only few cotton genotypes. In order to evaluate this hypothesis, 8 different races of *Xam* were screened for their plasmid content {races 4, 6, 7, 10, 11, 12, 18 and HVS (highly virulent strains)}. Plasmid screening was done in order to determine if these different races of pathovar *malvacearum* are harboring these autonomous genetic elements (plasmids), and if these plasmids are correlated with virulence, antibiotic resistance and/or heavy metal resistance. For plasmid isolation, we developed a method from combinations between different methods to isolate the plasmid in short time with low cost. Thus, the isolation from 24 samples could be performed in less than 60 min, only a table microcentrifuge was needed.

Our results showed that plasmid profiles of the races tested varied even within members of the same race. Also, we found no correlation between the plasmid profile and the date and place of isolation of the strains tested, virulence, or sensitivity to antibiotics or heavy metal ions.

Literature

- [1] Verma, J. P. 1986. Bacterial Blight of Cotton, CRC Press, Inc., Boca Raton, Florida., USA, 278 pp.
- [2] Zachowski, A., and Rudolph, K. 1988. Characterization of isolates of bacterial blight of cotton (*Xanthomonas campestris* pv. *malvacearum*) from Nicaragua. J. Phytopathology. 123, 344-52.
- [3] Bird, L. S. 1985. Personal communic., publ. in: Zachowski, M. A., 1989. Zur Pathophysiologie von *Xanthomonas campestris* pv. *malvacearum* (Smith) Dye, dem Erreger der eckigen Blattfleckenkrankheit, und zur Resistenz verschiedener Baumwollsorten (*Gossypium hirsutum* L.). Ph. D. Thesis, University of Göttingen.

197 – Lembke, A.; Adesina, M.; Smalla, K.

Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Institut für Pflanzenvirologie, Mikrobiologie und biologische Sicherheit, Messeweg 11/12, 38104 Braunschweig

Charakterisierung von Bakterien-Gemeinschaften in suppressiven Böden

Das Ziel dieser Studie ist die Charakterisierung von bakteriellen Gemeinschaften in Böden aus Frankreich, Grossbritannien, Schweden und der Niederlande, die Suppressivität gegen fungische Pflanzenpathogene zeigen. Plattieren auf R2A und King's B Medium und anschließendes Screening auf in vitro Antagonismus gegen *Pythium ultimum*, *Rhizoctonia solani* und *Ralstonia solanacearum* ergaben die höchste Anzahl von Antagonisten in den niederländischen Böden (30,3%), die geringste in Grossbritannien (17,2%). Tests für Zellwand-abbauende Enzyme zeigten eine Protease-Aktivität von 59% der Antagonisten. Aus King's B Medium isolierte Antagonisten wurden durch FAME-Analyse

identifiziert. PCR-DGGE Analyse mit eubakteriellen und Gruppen- spezifischen Primern zeigten deutliche Struktur- Unterschiede in den verschiedenen mikrobiellen Gruppen in den vier Bodentypen. Die Bestimmung der Abundanz von funktionellen Genen in der gesamten Boden-DNA ergab in allen Böden ein hohes Vorkommen von Pyrrolnitrin tragenden Bakterien, wobei 2,4-Diacetylphloroglucinol und Phenazin weniger oder nicht detektiert wurden.

Von den 40 aktivsten Antagonisten wurden eine BAC- und eine Fosmid-Klonbibliothek erstellt, die auf Antagonismus gegen *R. solani* und verschiedene Enzym- oder Antibiotika-Produktion untersucht wurde. Die weitere Untersuchung der Klone erfolgt derzeit.