

# Die Verbreitung der bakteriellen Vergilbung an Ulme

Ein deutschlandweites Monitoring zur Verbreitung des Erregers der Ulmenvergilbung, *Candidatus Phytoplasma ulmi*, konnte in 28 % der Proben den Erreger nachweisen. Die Infektionsrate bei den Ulmenarten sowie die regionale Verteilung infizierter Individuen unterschieden sich. Infektionsschwerpunkte lagen im Osten und Süden Deutschlands. Krankheitsspezifische Symptome wurden nur an wenigen Standorten an Berg- und Feldulmen beobachtet.

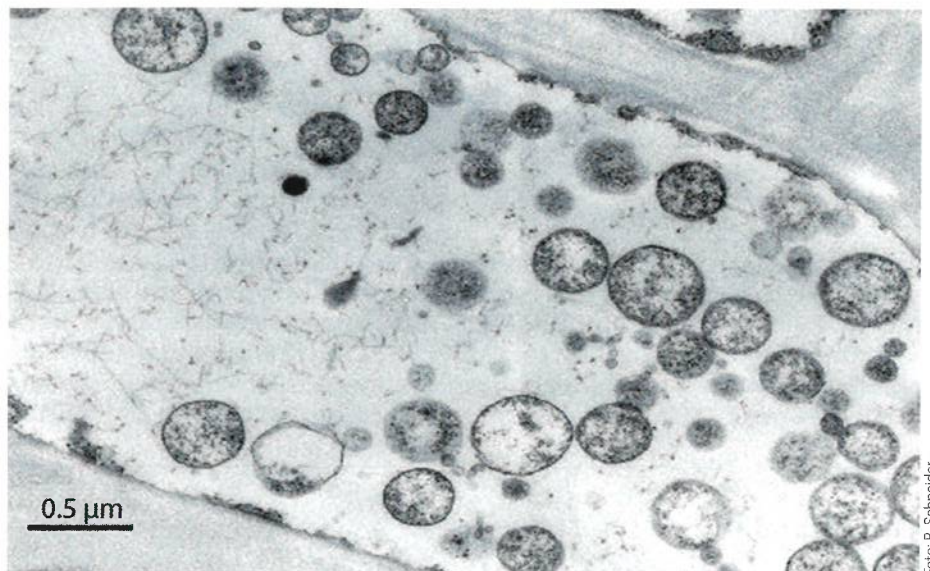
TEXT: BERND SCHNEIDER, RALF KÄTZEL, MICHAEL KUBE

**P**hytoplasmen sind bakterielle Pathogene, die weltweit verbreitet sind und eine Vielzahl bedeutender Pflanzenkrankheiten verursachen (Abb. 1) [10]. Wirtschaftliche Schäden entstehen insbesondere im Obst- und Gemüsebau, aber auch Forstpflanzen sind betroffen, wobei die Schäden hier schwer abzuschätzen sind.

Zu den Phytoplasmosen der Forstgehölze zählt die Ulmenvergilbung, eine Erkrankung, die durch *Candidatus Phytoplasma ulmi* verursacht wird. Der Erreger gehört zu einer Gruppe von Pathogenen, in der sich weitere bedeutende Krankheitserreger befinden, die Krankheiten wie die *flavescence dorée* im Wein, die Rubusverzerrung an Rubus-Arten, den *jujube witches' broom* an Chinesischer Dattel und die Erlenvergilbung bei Erlen verursachen. Aufgrund der Sequenzhomologie eines ribosomalen Gens werden diese Phytoplasmen taxonomisch in der sogenannten Ulmenvergilbungs-Gruppe oder 16SrV-Gruppe zusammengefasst. Der Nachweis der Pathogene erfolgt heutzutage fast ausschließlich über molekularebiologische Verfahren (PCR, real-time-PCR u. a.). Immunologische Diagnostik sowie mikroskopische Verfahren werden nur in Einzelfällen verwendet.

## Verbreitung der Ulmenvergilbung

Die Ulmenvergilbung wurde im letzten Jahrhundert in den USA unter der Bezeichnung „elm yellows“ oder „elm phloem necrosis“, erstmalig beschrieben [19] und hat seitdem zu sehr gro-



**Abb. 1:** Elektronenmikroskopische Aufnahme von Phytoplasmen in der Siebröhre einer infizierten Pflanze. Die zellwandlosen runden bis ovalen Bakterien der Gattung *Candidatus Phytoplasma* sind morphologisch einheitlich.

ßen Verlusten bei den amerikanischen Ulmenbeständen geführt [18]. Die Krankheit ist auch in vielen Ländern Europas verbreitet, wobei die Auswirkung weniger dramatisch ist [3, 6, 11, 12, 14, 17]. Der Erreger parasitiert in den Siebröhren des Leitgefäßsystems und kann Symptome wie Hexenbesen, Triebstauche und Kleinblättrigkeit verursachen. Die namensgebende Vergilbung ist ein eher unspezifisches Merkmal von geringem diagnostischem Wert. Phloemnekrosen, die bei amerikanischen Ulmenarten auftreten und zu einem raschen Absterben der Pflanze führen, werden bei europäischen Arten nicht beobachtet.

Ca. *P. ulmi* wird durch phloemsaugende Insekten übertragen und konnte

in mehreren Zikadenarten nachgewiesen werden. Eine experimentelle Bestätigung, dass sie tatsächlich als Vektoren fungieren, liegt jedoch nur für vier Arten vor, wozu auch die aus Italien beschriebene Zikade *Macropsis glandacea* gehört [1, 2, 15]. Diese sowie weitere als Vektoren genannte Zikaden kommen auch in Deutschland vor, wobei der experimentelle Nachweis, dass sie auch hierzulande Phytoplasmen übertragen, noch nicht erbracht wurde.

In Deutschland wurde die Verbreitung der Ulmenvergilbung bisher nur unzureichend untersucht. Neben der Erstbeschreibung des Erregers bei einer Bergulme mit Hexenbesenssymptomen in Süddeutschland [17] wurde eine regional begrenzte Studie in Berlin

## „Die Toleranz der hiesigen Ulmenpopulationen könnte genetisch bedingt sein und auf eine lange Koevolution mit dem Bakterium hinweisen.“

BERND SCHNEIDER

und Brandenburg durchgeführt [4]. Dabei konnte in der Hälfte aller untersuchten Flatterulmen (N = 59) der Erreger nachgewiesen werden. Krankheitsspezifische Symptome waren nicht zu beobachten und aufgrund dieser Tatsache wurde vermutet, dass der Erreger wesentlich weiter verbreitet ist. Um diese Wissenslücke zu schließen, wurde ein deutschlandweites Monitoring durchgeführt und Ulmenproben von natürlichen Standorten, Parkanlagen und Straßenrändern untersucht. Eine Publikation, in der die Thematik detaillierter dargestellt wird, wurde vorab veröffentlicht [16].

### Vorgehensweise

Sprossproben von Berg-, Flatter- und Feldulmen wurden von Oktober 2017 bis Mai 2019 gesammelt. Je Standort wurden durchschnittlich 20 Individuen beprobt und deren Koordinaten dokumentiert. Der Nachweis von *Ca. P. ulmi* erfolgte durch zwei molekularbiologische Verfahren (quantitative real-time-PCR), die auf einer Vervielfältigung der Erreger-DNA aus pflanzlichen DNA-Extrakten basiert.

### Ergebnisse

Im Rahmen des Vorhabens wurden 6.486 Ulmen auf eine Infektion durch *Ca. P. ulmi* untersucht. Die Proben wurden an 339 Standorten gesammelt, die über 15 Bundesländer verteilt waren (Abb. 2). Die Hälfte der Probenname-Orte befand sich in Tieflagen unter 100 m (NHN). Die verbleibenden verteilten sich zu gleichen Teilen auf Lagen zwischen 100 bis 300 m sowie 301 bis

Ulmenproben der Jahre 2017 bis 2019

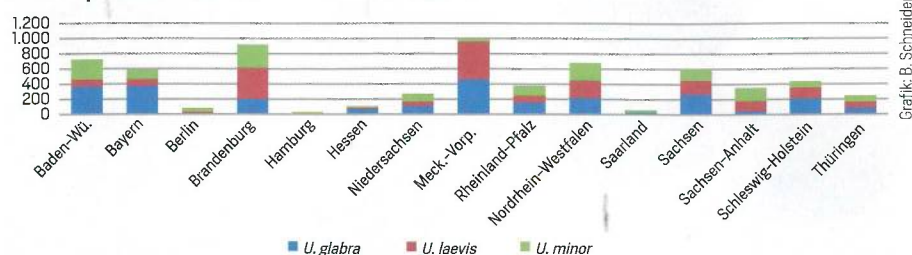


Abb. 2: Ulmenproben, gegliedert nach Art und Bundesland

1.100 m. Die Altersstruktur der beprobten Individuen unterschied sich deutlich zwischen den einzelnen Ulmenarten. 90 % der beprobten Berg- und Feldulmen waren jünger als 40 Jahre, von den untersuchten Flatterulmen nur 53 %. Nur 0,8 bis 1 % der Proben von Berg- und Feldulmen stammten von Bäumen, die älter als 100 Jahre waren; bei Flatterulmen waren es 13 %. Die Untersuchung schloss auch Proben ein, die aufgrund einer Infektion durch *Ophiostoma novo-ulmi* eine lokale oder vollständige Verfärbung des Holzzylinders aufwies.

### Ulmenvergilbungstypische Krankheitssymptome

Typische Krankheitssymptome wie Hexenbesen, Triebstauung und Kleinblättrigkeit wurden nur bei Berg- und Feldulmen beobachtet und das auch nur an wenigen Standorten. So zeigten

Feldulmen in der Nähe von Ingelheim am Rhein (Rheinland-Pfalz) Kleinblättrigkeit und Blattchlorosen und weitere Feldulmen bei Haßfurt (Bayern) eine typische Triebstauung (Abb. 3). In der Umgebung von Müncheberg und Waldsiedersdorf in Brandenburg wurden Bergulmen gefunden, die deutliche Hexenbesen aufwies, die aber im Bestand oft nur schwer zu erkennen waren (Abb. 4(A)). Deutlicher traten neue Hexenbesen in Erscheinung, die beim zweiten Jahresaustrieb im Juli und August gebildet wurden und sich durch eine dichte Verzweigung sowie kleinere und hellere Blätter hervorhoben (Abb. 4(B)). Auch im Winterzustand waren die Hexenbesen leicht zu erkennen. Bei natürlich infizierten Flatterulmen konnten keine krankheitsspezifischen Symptome beobachtet werden. Im Sommer 2018 wurden in vielen Ulmenbeständen Blattvergilbungen und absterbende Triebbereiche beobachtet, was jedoch zum größten Teil auf die Trockenheit zurückzuführen war.

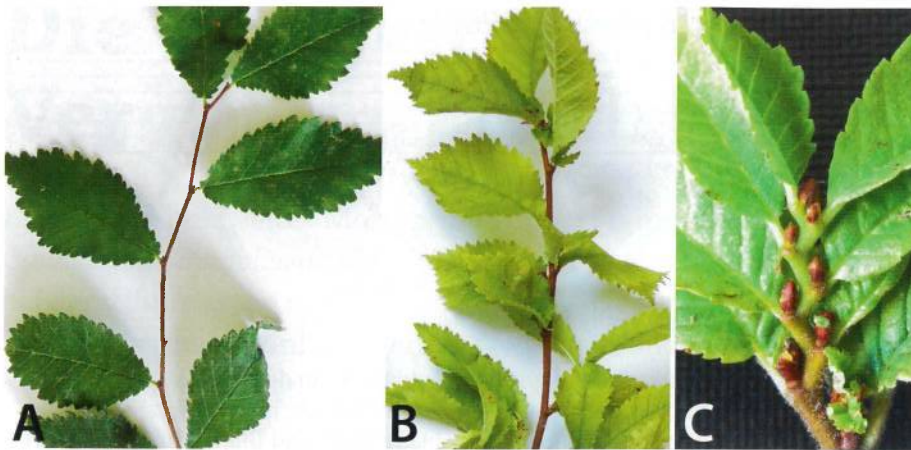
### Molekularer Nachweis von *Ca. P. ulmi*

Zwei PCR-Tests (Taqman-PCR) wurden zum Nachweis des Ulmenvergilbungserregers verwendet. Der erste Test wurde eingesetzt, um die Proben auf eine generelle Infektion durch Phytoplasmen zu untersuchen. Der zweite Test war pathogen-spezifisch und bestätigte eine *Ca.-P.-ulmi*-Infektion. Beide Tests ergaben ein fast übereinstimmendes Ergebnis. Während der spezifische Test in 1.801 von 6.486 Proben *Ca.-P.-ulmi*-DNA nachwies, wurden beim ersten Test zwei zusätzliche Proben als Phytoplasma-positiv erkannt. Eine genauere Analyse der zwei Proben ergab, dass es sich um nahe verwandte Phytoplasmen handelte.

Die Ulmenarten wiesen unterschiedliche Infektionsraten auf. Während bei

## Schneller ÜBERBLICK

- » In einem deutschlandweiten Monitoring wurde die Verbreitung der bakteriellen Ulmenvergilbung erstmalig in den Hauptverbreitungsgebieten der drei heimischen Ulmenarten untersucht
- » Der Erreger konnte in 28 % der Proben nachgewiesen werden, u. a. erstmals auch in Feldulmen
- » Krankheitsspezifische Symptome wurden nur an wenigen Standorten an Berg- und Feldulmen beobachtet, was auf eine weitgehende Toleranz heimischer Ulmenpopulationen oder auf avirulente Erregerstämme schließen lässt



**Abb. 3:** Trieb einer gesunden Feldulme mit typischer Blattfärbung (A); Trieb einer Feldulme mit Blattchlorosen in Ingelheim am Rhein, Rheinland-Pfalz (B); Feldulme mit terminaler Triebstauche in Haßfurt, Bayern (C)



**Abb. 4:** Vorjährige (A) und neu gebildete (B) Hexenbesen an Bergulme (Müncheberg, Brandenburg)

Flatterulmen 32,5 % der Proben infiziert waren, waren bei Bergulmen 28,6 % und bei Feldulmen 21,4 % der Individuen Phytoplasma-positiv. Auch die Infektionsrate an den Standorten variierte erheblich. Von 339 Standorten waren 189 Standorte Phytoplasma-frei. An 28 Standorten wurde eine Infektionsrate bis 33 %, an 47 Standorten eine Infektionsrate von 33,1 % bis 66 % und an 75 Standorten eine Infektionsrate von 66,1 % bis 100 % festgestellt. Weiterhin waren deutliche regionale Unterschiede zu verzeichnen. Dabei lagen Infektionsschwerpunkte in Brandenburg, Sachsen-Anhalt, Sachsen, Baden-Württemberg und Bayern, während in Nordrhein-Westfalen, Schleswig-Holstein, dem westlichen Niedersachsen und im westlichen Mecklenburg-Vorpommern die Infektionsraten gering waren.

Deutliche Unterschiede bei der Infektionsrate waren in den verschiede-

nen Altersklassen der drei Ulmenarten festzustellen. Während bei Bergulmen die Infektionsrate in der Gruppe der bis zu 10-jährigen Individuen bei 22 % lag und kontinuierlich auf 58 % bei den über 90-jährigen Individuen anstieg, verlief die Kurve bei den Flatterulmen flacher und stieg von 20 % bei den bis zu 10-jährigen Individuen auf 36 % bei den über 90-jährigen an. Keine Veränderung der Infektionsrate wurde bei den Feldulmen festgestellt, die bei al-

Das Projekt „Aufreten und Verbreitung des Quarantäneerregers *Candidatus Phytoplasma ulmi* in den Ulmenarten Deutschlands“ (Projekt-Nr. 22026316) wurde vom Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft aufgrund eines Beschlusses des Bundestags über die Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e. V. (FNR) gefördert.

len Altersgruppen zwischen 20 % und 25 % lag.

Nur geringe Unterschiede in den Infektionsraten von Populationen wurden mit ansteigender Meereshöhe beobachtet. So waren – unabhängig von der Ulmenart – in den Höhenbereichen unter 100 m, über 100 m bis 300 m und über 300 m bis 1.100 m durchschnittlich 56 % der Standorte Phytoplasma-frei, 8 % der Standorte wiesen eine Infektionsrate bis 33 % auf, bei 14 % der Standorte waren >33 % bis 66 % der Individuen infiziert und bei 22 % der Standorte lag die Infektionsrate >66 % bis 100 %.

### Fazit

In einem deutschlandweiten Monitoring wurde die Verbreitung des Ulmenvergilbungserregers *Ca. P. ulmi* erstmalig in den Hauptverbreitungsgebieten der drei heimischen Ulmenarten untersucht. Dabei konnte in 28 % der Proben DNA des Erregers nachgewiesen werden, u. a. auch in Feldulme und damit erstmalig für diese Art in Deutschland. Die hohe Infektionsrate war unerwartet, ist aber durchaus mit Infektionsraten vergleichbar, die aus südeuropäischen Ländern wie Serbien und Kroatien berichtet wurden, wobei die Fallzahlen in diesen Studien, um ein Vielfaches geringer waren [7, 8]. Im Unterschied zu den hiesigen Verhältnissen zeigten die infizierten südeuropäischen Individuen jedoch häufig krankheitsspezifische Symptome. Das weitgehende Fehlen von Symptomen bei *Ca.-P.-ulmi*-infizierten Ulmen in Deutschland, die Auswirkungen des Ulmensterbens und die geringe forstwirtschaftliche Bedeutung der Ulme, haben sicher dazu beigetragen, dass einer *Ca.-P.-ulmi*-Infektion in der Vergangenheit wenig Beachtung beigemessen wurde.

Warum einheimische Ulmen unter natürlichen Bedingungen nur gelegentlich krankheitsspezifische Symptome ausbilden, ist noch nicht geklärt, aber eine unterschiedliche Anzahl von Bakterien in den Siebröhren infizierter Pflanzen ist dafür nicht verantwortlich. Molekulare Analysen, die im Rahmen des Projekts durchgeführt wurden, zeigten eindeutig, dass die Bakterienanzahl in asymptomatischen und symptomatischen Ulmen vergleichbar ist. Folglich müssen andere Faktoren für

eine Symptominduktion maßgeblich sein. Die weitgehende Toleranz der hiesigen Ulmenpopulationen könnte genetisch bedingt sein und auf eine lange Koevolution mit dem Bakterium hinweisen. Aber auch die Rolle des Pathogens bei der Krankheitsinduktion ist weitgehend unerforscht. So könnten avirulente Stämme des Erregers wesentlich weiter verbreitet sein als virulente Stämme. Im Rahmen des Projekts wurde die molekulare Diversität von Isolaten untersucht. Dabei wurden erhebliche Unterschiede festgestellt. Allerdings konnten die Unterschiede noch nicht mit der Virulenz von Isolaten korreliert werden. Das Bakterium ist nicht kultivierbar und experimentelle Infektionen sind nur durch die arbeitsintensive und zeitaufwändige Pfropfung mit infizierten Reisern möglich – ein Verfahren, mit dem in zukünftigen Studien die Virulenzunterschiede der Stämme verglichen werden müssen.

Die Ergebnisse des Monitorings zeigen eine ungleiche Verteilung des Pathogens im Bundesgebiet, wobei eine gedachte Linie zwischen Trier und Rostock die Infektionsschwerpunkte im Osten, im Zentrum und im Süden der Republik von den weitgehend befallsfreien Gebieten im Norden und Westen abgrenzt. Die aktuelle Verbreitung des Erregers erlaubt jedoch wegen der kurzen Beobachtungszeit weder eine Aussage zu seiner möglichen Herkunft noch zu einer zukünftigen Ausbreitung. Eine Verbreitung der Krankheit über die Verbringung infizierter Jungpflanzen wäre möglich, ist jedoch wegen der geringen forstwirtschaftlichen Bedeutung der Ulmen unwahrscheinlich. Sehr viel wahrscheinlicher ist, dass die Epidemiologie des Erregers in direktem Zusammenhang mit dem Vorkommen eines Vektors oder mehrerer Vektoren steht. Der bisher einzige für Europa experimentell bestätigte *Ca.-P.-ulmi*-Vektor ist die Ulmenmaskenzikade *Macropsis glandacea* [2]. Diese Art ist auch in Deutschland heimisch, wobei ihr Hauptwirt die Feldulme und möglicherweise auch die Flatterulme ist, während sie an Bergulmen noch nicht beobach-

tet wurde. Ihr Lebensraum reicht bis zu einer Meereshöhe von 450 m, aber in dieser Studie wurden mit der Ulmenvergilbung infizierte Bergulmen bis zu einer Meereshöhe von 730 m gefunden. Dieses Befallsgeschehen lässt daher auf weitere, bisher unbekannte Vektoren schließen. Hier besteht weiterer Forschungsbedarf.

Zu Beginn der Studie war *Ca. P. ulmi* in der EU als Quarantäneschadenerreger eingestuft (Liste A1), mit allen damit verbundenen gesetzlichen Maßnahmen zur Kontrolle und Verhinderung seiner Etablierung und seiner Verbreitung. Mit Inkrafttreten der Verordnung 2016/2031/EC im Dezember 2019 wurde *Ca. P. ulmi* auf Grundlage der aktuellen Informationen zur Verbreitung zum Qualitätsschädling abgestuft [5]. Ungeachtet der gesetzlichen Änderung bleibt *Ca. P. ulmi* jedoch ein ernst zu nehmender Erreger, dessen Auswirkung auf die hiesigen Ulmenpopulati-

onen noch weitgehend unverstanden ist und daher weiter beobachtet werden muss.



**Bernd Schneider**

**bernd.schneider@thuenen.de,**

ist wissenschaftlicher Mitarbeiter am Thünen-Institut für Forstgenetik in Waldsiedersdorf. **Ralf Kätzel** ist Leiter des Fachbereichs „Waldökologie und Monitoring“ am Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde [LFE]. **Michael Kube** ist Leiter des Fachgebiets „Integrative Infektionsbiologie Nutzpflanze – Nutztier“ an der Universität Hohenheim.

**HAVA**   
KASSEL.DE

## RUND UM DEN BAUM ABGESICHERT

- ☛ Betriebshaftpflichtversicherung:
  - ☛ Baumpflege & -kontrolle
  - ☛ Forstwirtschaftliche & gärtnerische Dienstleistungen
  - ☛ Baum- & Artenschutzgutachten
  - ☛ Ökologische Baubegleitung
  - ☛ Garten- & Landschaftsbau

- ☛ Privat- & Amtshaftpflicht

- ☎ 0561 50656 - 800
- ➔ [www.hava-kassel.de](http://www.hava-kassel.de)
- ✉ [angebot@hava-kassel.de](mailto:angebot@hava-kassel.de)

Wir freuen  
uns auf Ihre  
Anfrage!

### Literaturhinweise:

Download des Literaturverzeichnisses unter [www.forstpraxis.de/downloads](http://www.forstpraxis.de/downloads)