

non-*R. solani* conditions. The infection potential of *R. solani* in the soil is the basis for the occurrence of crown and root rot. Therefore, for sugar beet growers it would be desirable getting a prediction about the *R. solani* infection potential before sowing.

Growth of bait-plants was performed in the third year of a four-year crop rotation trial with sugar beet-maize/winter wheat-maize/winter wheat-sugar beet. The bait plants *Vicia faba* and 4-week old sugar beet plants were sown/planted in 4 week period into maize (host plant) and wheat (non host plant) plots. After 4 or 8 weeks the bait plants were harvested and disease symptoms evaluated. Additionally in July and September soil samples were taken, verifying the results of the bait plants in the field under controlled greenhouse conditions. *V. faba* and the sugar beets both showed higher disease severity in maize than in wheat plots in the field as well as in the greenhouse assay. The severe symptoms of the bait plant roots in the maize plots indicate a higher *R. solani* infection potential. The usage of these bait plants for estimation and prediction of the *R. solani* infection potential is discussed.

09-8 - Wensing, A.; Müller, I.; Geider, K.

Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen

Bakteriozin Bildung im Feuerbrand-Antagonisten *Erwinia tasmaniensis*

Bacteriocin production of the fire blight antagonist Erwinia tasmaniensis

Unter Stressbedingungen produzieren viele Bakterien Toxine mit einem engen Wirkungsspektrum, das vorrangig gegen eng verwandte Arten oder sogar Stämme der eigenen Art gerichtet ist. Die Klasse der Bakteriozine zeichnet sich durch eine hohe Spezifität aus. Der Feuerbrand-Antagonist *Erwinia tasmaniensis* unterscheidet sich von anderen Epiphyten durch eine hohe Anpassung an das Blütenhabitat. In Freilandversuchen zur Feuerbrandbekämpfung zeigt er eine gute Wirkung gegen den eng verwandten Erreger *Erwinia amylovora*. In der Sequenzanalyse des australischen Typstamms Et1/99 wurde ein Operon mit hoher Ähnlichkeit zu zwei Bakteriozin-Clustern aus *Klebsiella oxytoca* identifiziert. Die entsprechenden Bereiche zu Klebicin C, D und Tasmancin zeigen einen ähnlichen Aufbau und enthalten neben Genen für ein Aktivitäts- und ein Immunprotein noch einen zusätzlichen open-reading-frame mit Ähnlichkeiten zu Phagen-bezogenen Genen unbekannter Funktion.

Das Wirkungsspektrum sowie die Verbreitung der Tasmancin Biosynthese wurden untersucht. Über Mutagenese und Plasmidtransfer wurde die Funktion des Tasmancin-Clusters genauer analysiert.