

mentierten. Die Anzeige von Tau als Nässeereignis wurde getrennt betrachtet. Die angezeigte Blattnasszeit der verschiedenen Blattnässesensoren wurde jeweils mit und ohne eine Überbrückung von Nässeunterbrechungen bis zu 8h untersucht. Aus den erhaltenen Ergebnissen wurde die mögliche Anzeige eines Infektionstermins durch den jeweiligen Sensor bestimmt. Die Ergebnisse wurden anschließend auf die Nässeereignisse reduziert, die zu detektierten Infektionsterminen geführt haben und es wurde untersucht, ob der jeweilige Sensortyp die mögliche Infektion gemeldet hätte. Der Vergleich wurde zwischen Sensoren verschiedener Hersteller und zwischen baugleichen Modellen desselben Herstellers durchgeführt. Die Ergebnisse werden vergleichend dargestellt und diskutiert.

41-4 - Population genetics analysis in putative housekeeping genes in order to investigate genetic diversity of *Ramularia collo-cygni*

*Populationsgenetische Analyse von ausgesuchten Kandidatengenen zu Untersuchung der genetischen Diversität des phytopathogenen Pilzes *Ramularia collo-cygni**

Hind Sghyer, Aurelien Tellier, Ralph Hückelhoven, Michael Heß

Technische Universität München

Ramularia collo-cygni is now recognized as an important pathogen of barley in Northern and Central Europe, New Zealand and South America. It is the cause of Ramularia leaf spot (RLS). It induces necrotic spotting and premature leaf senescence, and can result in substantial yield losses. The fact that the fungus can remain latent in barley plants until flowering, coupled with its very slow growth in vitro, makes it difficult to detect it in crops. As a result, the epidemiology of this pathogen remains poorly understood. To know more about its epidemiology, having the knowledge of its genetic structure and diversity is important. In this study, we tried to have a first look at the population genetics of *Ramularia collo-cygni*. Since *Ramularia* genome sequences were not yet available, a gene fishing strategy was performed to select putative housekeeping genes. We used the sequences of several housekeeping genes in *Cercospora zea-maydis* and *Mycosphaerella graminicola*, reported to be two related species to *Ramularia*. After testing primers for these genes on *Ramularia*, five putative housekeeping genes were selected. To carry out the study, genes fragments had to reach a minimum size of 500 bp. To reach this minimum size, we performed Thermal Asymmetric Interlaced (TAIL) PCRs on these genes. We amplified and sequenced the genes on 20 *Ramularia collo-cygni* isolates. We performed classic population genetics analysis (Theta-W, Theta-Pi, Tajima's D, Fst) to uncover genetic variability and population structure.

41-6 - Verlauf der Blattinfektion bei *Rhododendron* durch *Phytophthora ramorum*

Phytophthora ramorum leaf infection of *Rhododendron*

Corina Junker, Sabine Werres, Katja Richert-Pöggeler

Julius Kühn-Institut, Institut für Pflanzenschutz in Gartenbau und Forst

Rhododendren gelten in Europa als die wichtigste Wirtspflanze für den pilzähnlichen Schaderreger *Phytophthora ramorum*. Mit Hilfe elektronenmikroskopischer Untersuchungen soll der Infektionsverlauf auf Rhododendornblättern bei zwei verschiedenen Rhododendronsorten untersucht werden. Für die Untersuchungen wurde die Technik des *Environmental Scanning Electron Microscope* (ESEM) für die Untersuchung von Rhododendronblättern adaptiert. Mit ESEM kann lebendes Gewebe ohne vorherige Fixierung verwendet werden kann.