

Substrate bzw. Zellwandkomponenten, wie beispielsweise Cellulose, Hemicellulose und Pektin, analysiert. Die bisher untersuchten Isolate des Schwarzfäule-Erregers unterscheiden sich zum Teil deutlich in ihrem Wachstum, in ihrem Vermögen Sporen zu produzieren und verschiedene Substrate zu verwerten, und möglicherweise in ihrer Virulenz. Daher wurden Infektionsversuche mit drei Isolaten, die ausreichende Mengen an Sporen produzieren, durchgeführt. Die bisherigen Untersuchungen zeigten deutliche Unterschiede zwischen den verwendeten Isolaten bei der Symptomausprägung, aber keinen eindeutigen Zusammenhang zwischen der Substratverwertung und der Symptombildung. Offensichtlich korrelieren jedoch die Sporenproduktion und das Wachstum positiv mit der Virulenz auf einer anfälligen Sorte.

In widerstandsfähigen Akzessionen (Wildreben) und resistenten Vergleichssorten wurde nach einer Infektion mit *Phylosticta ampellicida* ein reduziertes Hyphenwachstum und eine geringere Hyphenverzweigung nachgewiesen. Im Vergleich zu anfälligen Ertragssorten wurden die entsprechenden Symptome nach einer Infektion bei widerstandsfähigen Genotypen nur an den Blättern der Triebspitzen beobachtet. Somit weisen resistente Sorten bzw. Wildreben-Akzessionen offensichtlich eine deutlich ausgeprägtere Altersresistenz auf. Einige Genotypen zeigten eine Papillenbildung und Zellwandveränderungen sowie eine frühe Autofluoreszenz bzw. Verbräunung durch die Ablagerung phenolischer Komponenten nach einer künstlichen Infektion mit dem Schwarzfäule-Erreger. Bei widerstandsfähigen Genotypen wurde eine erhöhte Expression Abwehr-assoziiierter Gene nachgewiesen. Weitere zelluläre Abwehrreaktionen, wie beispielsweise die Bildung reaktiver Sauerstoffverbindungen oder eine veränderte Enzymaktivität sind Gegenstand derzeitiger Untersuchungen.

Die Arbeiten wurden in einem vom Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) über die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) geförderten BÖL-Projekt am DLR Rheinpfalz in Neustadt an der Weinstraße (Förderkennzeichen 2810OE113) durchgeführt.

049 - Esca-Krankheit der Weinrebe: Die Ausbreitung von *Phaeomoniella chlamydospora* im Weinberg

The Esca disease: the spreading of Phaeomoniella chlamydospora in vineyards

Melanie Molnar, Ralf Vögele², Michael Fischer

Julius Kühn Institut, Institut für Pflanzenschutz in Obst und Weinbau

²Institut für Phytomedizin, Universität Hohenheim

Der Ascomycet *Phaeomoniella chlamydospora* (*Pch*) ist ein Pilz des Rebholz-befallenden Esca-Komplexes. Ursprünglich in der Mittelmeerregion beheimatet, breitete sich Esca in den letzten Jahrzehnten weltweit aus und führt durch die Zerstörung des Holzes zu erheblichen Ertragseinbußen.

Die Reben können sich bereits in jungen Jahren mit *Pch* infizieren. Zusammen mit dem Pilz *Phaeoacremonium aleophilum* führt die Infektion zu einer „jungen“ Form von Esca, der sogenannten „Petri disease“. Die spätere Infektion mit dem Mitteleerfeuerschwamm *Fomitiporia mediterranea* führt dann zu der vollständigen Esca-Symptomatik. Als Infektionspforten für die holzbewohnenden Pilze werden Wunden im Rebholz angesehen.

Da es keine effektiven Kontrollmechanismen gegen die oben angeführten Pilze gibt, müssen die Infektionswege und die Ausbreitung der Pilze genauer untersucht werden. Das Hauptaugenmerk liegt in dieser Arbeit auf *Pch*, da der Pilz die frühe Form von Esca verursacht und zudem einer der am häufigsten nachgewiesenen Pilze im Zusammenhang mit Esca in deutschen Weinbergen ist. Um das Vorkommen und die Ausbreitung von *Pch* im Jahresverlauf zu untersuchen, werden Sporenfallen im Weinberg ausgebracht. Gleichzeitig wird das Holz von infizierten Reben untersucht.

Die Untersuchung der Pilzisolat wird mittels einer PCR mit ISSR (Intersimple Sequence repeat)-Primern durchgeführt. Mit dieser Art von Primern wird ein spezifisches Bandenmuster erzeugt, dass einzelne Polymorphismen zwischen verschiedenen Stämmen aufzeigen kann. Anhand dieser Polymorphismen sollen Marker entwickelt werden, die z.B. regionale Unterschiede der Stämme aufzeigen können.

Im weiteren Verlauf werden die einzelnen Stämme mit Isolaten aus infiziertem Holz und der DNA aus den Sporenfallen abgeglichen, um mögliche Infektionswege, wie die Infektion mit Sporen aus der Luft oder durch Kulturmaßnahmen wie den Rebschnitt, nachzuvollziehen.

050 - Der Esca-Erreger *Phaeomoniella chlamydospora* in der Rebschule: Erarbeitung und Überprüfung von Nachweismethoden aus verschiedenen Substraten

The Esca pathogen Phaeomoniella chlamydospora in grapevine nurseries: development and verification of detection methods from various substrates

Nicolai Haag, Ralf Vögele², Michael Fischer

Julius Kühn-Institut, Institut für Pflanzenschutz in Obst- und Weinbau

²Universität Hohenheim, Institut für Phytomedizin

Esca ist eine weltweit verbreitete Holzkrankheit der Weinrebe. Es handelt sich dabei um einen Krankheitskomplex an dessen Entwicklung verschiedene Pilze beteiligt sind. Bis heute werden sowohl die beiden Deuteromyceten *Phaeomoniella chlamydospora* (*Pch*) und *Phaeoacremonium aleophilum* (*Pal*), als auch der Basidiomycet *Fomitiporia mediterranea* (*Fmed*) als Hauptverursacher dieser Krankheit in Europa betrachtet. Junganlagen und bereits Pflanzmaterial der Weinrebe können von Erregern der Esca-Krankheit befallen sein. Dies führt zu beträchtlichen und in den letzten Jahren weiter zunehmenden ökonomischen Schäden weltweit. Eine direkte Bekämpfung der an dieser Krankheit beteiligten Pilze ist bis heute auch aufgrund unzureichender Kenntnisse über Biologie, Vorkommen, sowie Infektionswege und Ausbreitungsverhalten der Erreger nicht möglich. Im laufenden Projekt ist die Erfassung epidemiologischer Aspekte für *Pch*, den wohl wichtigsten Erreger im Bereich Pflanzgut, angestrebt. In Verbindung mit den innerbetrieblichen Abläufen sind dabei Untersuchungen im Freilandbereich verschiedener Rebschulen von besonderer Bedeutung. Die Erfassung und Bewertung der oben genannten Faktoren, d.h. Vorkommen, Infektionswege/-quellen und Ausbreitungsverhalten von *Pch* erfordern die Verfügbarkeit zuverlässiger und nach Möglichkeit quantifizierender Nachweismethoden dieses Erregers aus den für das Vorkommen des Erregers relevanten Bereichen Holz, Boden, Luft und Wasser. Daher sollen Nachweisverfahren für Edelreiser-/Unterlagenholz, Vortriebssubstrate wie z. B. Torf oder Sägespäne, Bodenproben im Freiland, Pilzsporen aus der Luft, Wasserproben aus dem Freiland sowie aus Wassertanks und Wasserleitungen entwickelt und in der Praxis erprobt werden.

In der Vergangenheit konnte *Pch* bereits im Holz befallener Reben, in der Luft, sowie in Erde und Wasser nachgewiesen werden (z.B. Larignon & Dubos 2000; Rooney et al. 2001). Desweiteren sind erfolgreiche Nachweise innerhalb von Pflanzgut-Erzeugungsbetrieben aus Vortriebssubstraten, Tauchbädern und verschiedenen Rückständen an Bearbeitungswerkzeugen bekannt (z.B. Retief et al. 2006; Fischer 2009).

Aktuell geprüfte Nachweisverfahren umfassen die konventionelle Isolierung des Erregers auf Nährmedien, molekulare Nachweismethoden wie PCR von extrahierter DNA aus den Bereichen Holz und Boden, sowie unkonventionelle Nachweismethoden aus Holz und Boden. Dabei hat sich eine Nachweismethode aus Rebholz mittels direkter PCR nach Inkubation des Holzes in Flüssignährmedium (Martín et al. 2012) als aussichtsreich und im Hinblick auf Zeitaufwand und Wirtschaftlichkeit als besonders attraktiv herausgestellt.

Literatur

LARIGNON, P. & B. DUBOS 2000: Preliminary studies on the biology of *Phaeoacremonium*. *Phytopathol. Mediterr.* **39**, 184-189.