

09-5 - Arntjen, A.¹⁾; Maiss, E.²⁾; Jelkmann, W.¹⁾

¹⁾ Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen

²⁾ Leibniz Universität Hannover

Generation of in vitro RNA transcripts and infectious full-length cDNA clones of ASPV and ASGV

Generation of in vitro RNA transcripts and infectious full-length cDNA clones of ASPV and ASGV

Apple stem pitting virus (ASPV), *Apple stem grooving virus* (ASGV), and *Apple chlorotic leaf spot virus* (ACLSV) are the three most common latent viruses in apple worldwide. These viruses are highly variable and infect several woody host plants with different symptoms. Infectious cDNA clones provide the opportunity to study pathogenicity and symptomatology of a determined variant of a virus. Two strategies for the generation of an infectious full-length cDNA clone of ASPV were attempted. Initially a ligation strategy was attempted by subdividing the genome of ASPV isolate PB 66 into three fragments. These were ligated into the plasmid p1657 containing the 35S promoter. Due to an incomplete 5'-end of the sequence the resulting cDNA clones showed no infectivity on different host plants. The second strategy was based on PCR of the full length of ASPV and ASGV. Comparison of the 5'- and 3'-end of different ASPV isolates showed highly conserved domains which were used as primers for PCR. Generation of infectious in vitro RNA transcripts of ASPV and ASGV were obtained by the addition of the T7 promoter sequence to the forward primers of full-length PCR fragments. *In vitro* RNA transcripts of ASGV infected 5 out of 6 mechanically inoculated *Nicotiana occidentalis* 37B plants, whereas transcripts of ASPV infected only 4 out of 42 tobacco plants. The Circular Polymerase Extension Cloning method (CPEC) was used to generate an infectious full-length cDNA clone of ASPV and ASGV in pBin V297. *N. occidentalis* 37B plants were infected by inoculation with *Agrobacterium tumefaciens* containing the pBin vector with the full-length cDNA clone for both viruses. The infection rates were 3% for ASPV and 22% for ASGV.

09-6 - Eltlbany, N.¹⁾; Prokscha, Z.-Z.¹⁾; Castaneda-Ojeda, M. P. ²⁾; Heuer, H. ¹⁾; Wohanka, W. ³⁾; Ramos, C. ²⁾; Smalla, K. ¹⁾

¹⁾ Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen

²⁾ Universidad de Malaga, Spanien

³⁾ Forschungsanstalt Geisenheim

Rolle von Plasmiden für die Diversifizierung und Anpassung des Phytopathogens *Pseudomonas savastanoi*

Mandevilla sanderii erfreut sich seit einigen Jahren großer Beliebtheit als üppig blühende Balkon- und Gartenpflanze. Seit 2008 haben jedoch Blattflecken und tumorartige Veränderungen des Stamms, verursacht durch *Pseudomonas savastanoi*, Züchtern erhebliche wirtschaftliche Schäden verursacht. Basierend auf BOX-Fingerprints konnte gezeigt werden, dass Isolate von *Mandevilla sanderii* eine große Ähnlichkeit mit Isolaten von Oliven, Oleander, Jasmin und Liguster haben. Alle untersuchten *Pseudomonas savastanoi* Isolate enthalten Plasmide, deren Diversität in dieser Studie durch Restriktionsverdau, Hybridisierungen charakterisiert wurden. Die Sequenzierung verschiedener Plasmid-lokalisierter Gene (*iaaM*, *iaaL*, *repA*, *hopAO1*) des Isolats Ph4 von *Mandevilla sanderii* gab Hinweise auf einen gemeinsamen Ursprung der für die Interaktion mit Wirtspflanzen wichtigen Plasmide. Ein spezifisches und sensitives Verfahren zum Nachweis des Erregers in Pflanzenmaterial wurde basierend auf PCR- und Hybridisierung mit einer Digoxigenin-markierten Sonde etabliert.

09-7 - Dircks, C.¹⁾; Franke, L.²⁾; Bürcky, K.³⁾; Zellner, M.⁴⁾; Varrelmann, M. ¹⁾

¹⁾ Institut für Zuckerrübenforschung

²⁾ Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn

³⁾ Kuratorium für Versuchswesen und Beratung im Zuckerrübenanbau

⁴⁾ Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft

Usage of bait plants as indicators for the *Rhizoctonia solani* infection inoculum in a crop rotation field trial

Einsatz von Fangpflanzen als Indikatoren für das Rhizoctonia solani Infektionspotential in einem Fruchtfolgeversuch

Rhizoctonia solani AG2-2IIIB is an endemic soilborne fungus and known as the causal agent of crown and root rot of sugar beet. Cultivation of *R. solani* resistant sugar beet cultivars and an appropriate crop rotation are the actual measures against *R. solani*. However, the *R. solani* resistant cultivars display about 10 % lower yield under

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.