
Sektion 40 - Fungizide / Bakterizide II

40-1 - Plesken, C.¹⁾; Leroch, M.¹⁾; Weber, R.²⁾; Naoshin, Z.¹⁾; Hahn, M.¹⁾

¹⁾ Technische Universität Kaiserslautern

²⁾ Landwirtschaftskammer Niedersachsen

Multiple Fungizidresistenz des Graufäuleerregers und Ausbreitung eines bisher unbekanntes, zu *Botrytis cinerea* und *B. fabae* verwandten Genotyps in Erdbeerefeldern

Multiple fungicide resistance of the grey mould fungus and spread of a hitherto unknown genotype close to Botrytis cinerea and B. fabae in strawberry fields

Die durch *Botrytis cinerea* verursachte Graufäule ist ein massives Problem im Obst- und Gemüsebau weltweit. Für die Kontrolle von *Botrytis* in Erdbeerefeldern werden jährlich mehrfache Spritzungen durchgeführt.

Graufäulepopulationen aus verschiedenen deutschen Anbaugebieten wurden bzgl. ihrer Fungizidsensitivität und genetischen Strukturierung überprüft. Resistenzen waren weit verbreitet, einschließlich multipler Resistenzen einzelner Isolate gegen die meisten verwendeten Botrytizide. Es wurde eine stärkere Variante des Multidrugresistenz-Phänotyps MDR1 entdeckt, die zu erhöhter Teilresistenz gegen Cyprodinil und Fludioxonil führt (MDR1h). Die für MDR1h verantwortliche Mutation wurde vorläufig identifiziert. Die Mehrzahl der Erdbeerisolate, darunter alle Isolate mit MDR1h, war genetisch verschieden von den bekannten *B. cinerea*-Genotypen. Sequenzuntersuchungen deuten auf eine taxonomische Stellung des neuen „Erdbeer-Genotyps“ zwischen *B. cinerea sensu stricto* und *B. fabae* hin. Mit Hilfe einer diagnostischen PCR wurde gezeigt, dass der neue Genotyp in allen Erdbeer-Anbaugebieten verbreitet und oft dominierend ist, in Weinbergen dagegen nur sehr selten vorkommt. Wir überprüfen die Hypothese, dass sich "Erdbeer-Genotypen" u. a. aufgrund ihrer Fähigkeit zur schnelleren Anhäufung von Resistenzmutationen gegen die eingesetzten Fungizide in kommerziellen Erdbeerefeldern ausgebreitet haben.

40-2 - Derpmann, J.¹⁾; Steiner, U.¹⁾; Oerke, E.-C.¹⁾; Altınççek, B.¹⁾; Buschhaus, H.²⁾; Dehne, H.-W.¹⁾

¹⁾ Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn

²⁾ Nisso Chemical Europe GmbH

Entwicklung einer allel-spezifischen real-time PCR zur quantitativen Erfassung der E198A-Mutation in Populationen von *Botrytis cinerea*

Development of an allele-specific real-time PCR for quantitative assessment of E198A mutation in populations of Botrytis cinerea

Der Erreger des Grauschimmels *Botrytis cinerea* verursacht hohen wirtschaftlichen Schaden durch Qualitätseinbußen und Ertragsverluste im Weinbau. Neben kulturtechnischen Maßnahmen und Sortenwahl ist die chemische Bekämpfung die wichtigste Methode zur Reduktion des *Botrytis*-Befalls. Nach wenigen Jahren intensiven Einsatzes der Benzimidazole (MBC) traten verbreitet resistente Stämme auf. Daher wurde 1975 die Zulassung dieser Wirkstoffgruppe für den Weinbau in Deutschland zurückgezogen.

Bei einem Monitoring wurden 2007 in fünf Weinanbaugebieten ca. 10 % MBC-resistente Isolate detektiert. Die Resistenz dieser Feldisolate beruhte auf dem Single-Nukleotid-Polymorphismus (SNP) E198A des Beta-Tubulin-Gens. Dieser SNP wurde mittels Allelspezifischer Polymerase-Kettenreaktion (as-PCR) nachgewiesen. Jedoch ist die as-PCR nicht für High-Throughput-Systeme geeignet. Deshalb wurde eine real-time as-PCR (as-qPCR) entwickelt. Dazu wurden Primer für eine allelspezifische Amplifikation mit einer Amplikonlänge von < 150 bp getestet und die PCR-Bedingungen für die ausgewählten Primerpaare optimiert. Das Beta-Tubulin-Gen wurde mit einem artspezifischen Primerpaar nach SUAREZ et al. (2005) quantifiziert. Zur experimentellen Überprüfung wurden E198A- und Wildtyp-DNA in verschiedenen Verhältnissen gemischt und in zwei getrennten Reaktionen die Allel- und die Beta-Tubulin-Kopienzahl bestimmt. Dabei zeigte sich eine gute Korrelation der erwarteten mit den aus Ct-Werten errechneten Allel-Häufigkeiten. Zusätzlich wurden in gepoolten DNA-Proben von Feldisolaten die Allel-Häufigkeiten bestimmt und mit den Ergebnissen von Fungizidsensitivitäts-Prüfungen verglichen. Dabei zeigten beide Methoden ähnliche Ergebnisse. Daher ist die as-qPCR eine zuverlässige Methode zur Überwachung von Benzimidazol-Resistenz innerhalb von Feld-Populationen von *B. cinerea* und geeignet für High-Throughput-Systeme.

Literatur