

Gründen erforderlich, das Produkt nicht sofort in den Boden einzuarbeiten, ohne dass es zu einer Wirkungs-minderung kommt. Dies kann vielmehr geschehen, wenn ohnehin eine Bodenbearbeitung vorgesehen ist.

**011-Zeun, R.<sup>1)</sup>; Brändle, F.<sup>2)</sup>**

<sup>1)</sup> Syngenta Crop Protection AG, Schweiz

<sup>2)</sup> IDENTXX GmbH, Stuttgart

**Saatgutübertragbarkeit von *Ramularia collo-cygni***

*Seed transmission of Ramularia collo-cygni*

Die durch den Pilz *Ramularia collo-cygni* ausgelöste Blattflecken-Krankheit der Gerste gewinnt durch ihre dynamische Verbreitung zunehmend an Bedeutung. Wichtige Quellen für das Primärinokulum sind windverbreitete Sporen und kontaminiertes Saatgut. Ziel der vorliegenden Untersuchung war es, die Bedeutung des samenbürtigen Befalls, sowie die Kontrollmöglichkeit mit Hilfe von Saatgutbeizung zu ermitteln. Zunächst wurden sechs verschiedene Gersten Saatgutherkünfte auf samenbürtigen Befall mit *Ramularia collo-cygni* analysiert. Hierfür wurden 10 Korn je Partie zu einer Sammelprobe vereinigt, aufgearbeitet und mit Hilfe der PCR-Methode untersucht. In allen sechs Proben konnte *R. collo-cygni* erfolgreich nachgewiesen werden. Die zwei am stärksten befallenen Saatgutpartien wurden für Folgeversuche zur Saatgutübertragbarkeit des Erregers ausgewählt. Dazu wurde Sommergerste cv. Oxbridge (Herkunft: UK, Erntejahr 2010) und Wintergerste cv. Reni (Herkunft: Deutschland; Erntejahr 2009) unter kontrollierten Bedingungen im Gewächshaus angezogen und die Pflanzen wurden im Dreiblattstadium beerntet. Die Analyse von jeweils 48 Proben des ersten und zweiten Blattes mittels PCR ergab maximale Befallswerte mit *R. collo-cygni* von 37 % (cv. Reni) bzw. 48 % (cv. Oxbridge). Diese Ergebnisse bestätigen die Samenübertragbarkeit des Erregers. Es konnte zudem gezeigt werden, dass der Erreger auch nach dreijähriger Saatgutlagerung noch infektiös ist. Folgeversuche sollten die Frage klären, ob eine Beizung von Gerstensaatgut den samenbürtigen Befall mit *R. collo-cygni* kontrollieren kann. In einem weiteren Versuch wurden drei verschiedenen Fungizidbeizen auf ihre Wirkung gegenüber *R. collo-cygni* geprüft. Für alle geprüften Beizmittel zeigte sich eine Reduktion des Befalls in den Jungpflanzen, jedoch konnte keine der Behandlungen einen ausreichenden Wirkungsgrad erzielen.

Um eine bessere Differenzierung der Wirkung von Beizmitteln zu erzielen, wurde eine quantitative PCR (TaqMan<sup>®</sup>) für einen Folgeversuch entwickelt und angewendet. Als Beizbehandlungen wurde ein Einzelwirkstoff mit einem Kombinationsprodukt verglichen.

Die grosse Streuung der nachweisbaren Menge an *R. collo-cygni* zwischen einzelnen Pflanzenproben erschwert eine eindeutige Interpretation der Daten und konnte auch durch das Poolen von zehn Einzelpflanzen zu einer Sammelprobe nicht befriedigend gelöst werden. Weitere Versuche zur Optimierung der Methodik and zur Wirkung von Beizbehandlungen auf den samenbürtigen Befall von *R. collo-cygni* sind geplant.

Die Untersuchungen zeigen die Bedeutung der Saatgutübertragbarkeit des Erregers deutlich auf. Gezielte Saatgutprüfungen auf *R. collo-cygni* Befall sowie eine Beizung befallener Chargen können dazu beitragen, die samenbürtige Ausbreitung des Erregers zu unterbinden.

**012-Kiesner, F.; Klink, H.; Verreet, J.-A.**

Christian-Albrechts-Universität Kiel

**Variabilität der Fungizidsensitivität von *Septoria tritici* innerhalb eines Haplotypen**

*Variability of fungicide sensitivity of Septoria tritici within the haplotype*

In Europa liegt keine uniforme *S. tritici* Population vor, sondern es kommen verschiedene Haplotypen vor. Die Haplotypen lassen sich anhand ihres genetischen Musters im CYP51-Gen unterscheiden. Das genetische Muster im CYP51 Gen ist eine mögliche Erklärung für die unterschiedliche Wirksamkeit verschiedener Fungizide gegenüber *S. tritici* in *in vitro* Versuchen. Innerhalb eines Haplotypen können jedoch Unterschiede in den Sensitivitätsprofilen beobachtet werden. Es ist somit nicht möglich allein anhand des Genmusters im mgCYP51-Gen auf die Sensitivität gegenüber einem Demethylierungsinhibitor (DMI) zu schließen. Veränderungen in der Promotorregion des CYP51-Gen sind ebenfalls eine mögliche Erklärung für die unterschiedliche Wirksamkeit verschiedener DMIs. Darüber hinaus scheinen aber weitere Einflussfaktoren eine Rolle zu spielen.