

[2] NOTHNAGEL, T., KRÄMER R., SCHREYER L., RABENSTEIN F., 2011: Virosen in Spargel. Gemüse 11, 20 - 23.

[3] NOTHNAGEL, T., KRÄMER R., SCHREYER L., RABENSTEIN F., 2012: Untersuchungen zum Auftreten von Braunverfärbungen bei Spargel (*Asparagus officinalis* L.) unter besonderer Berücksichtigung des Befalls mit *Fusarium* spp. und Viren in Spargelanlagen Sachsen-Anhalts. JKI-Journal für Kulturpflanzen (im Druck)

034-Scholze, I.¹⁾; Krauthausen, H.-J.¹⁾; Moltmann, E.²⁾; Vögele, R.³⁾

¹⁾ Dienstleistungszentrum Rhenipfalz

²⁾ Landwirtschaftliches Technologiezentrum Augustenberg

³⁾ Universität Hohenheim

Entwicklung eines Resistenztests an Radies auf neu auftretende bakterielle Blattfleckenerreger (*Pseudomonas* spp.) als Grundlage für die Züchtung resistenter Sorten

Bacterial leaf spots on red radish – developing a screening method for resistance breeding

Durch das vermehrte Auftreten bakterieller Blattflecken an Radies kam es in den letzten Jahren wiederholt zu wirtschaftlichen Verlusten bei der Vermarktung. Aus befallenen Pflanzen wurden bislang verschiedene Bakterienarten, meist *Pseudomonaden* und *Xanthomonas campestris* isoliert. Präventive Bekämpfungsstrategien, wie Terminierung und Dosierung der Beregnung, Feldhygiene und angepasste Fruchtfolgen, sind meist schwer umsetzbar und oft nicht ausreichend wirksam. Eine sinnvolle Strategie wäre die Nutzung toleranter/ resistenter Sorten, welche bislang jedoch noch nicht auf dem Markt verfügbar sind. Zudem fehlen für deren Entwicklung die notwendigen Kenntnisse über die Biologie der Erreger.

Ziele des BLE-Innovationsprojektes sind zunächst die Identifizierung aller beteiligten Erreger und die Ermittlung der Erregeransprüche. Auf dieser Grundlage soll ein Screeningverfahren auf resistente Pflanzen als Basis für die Züchtung resistenter Sorten entwickelt werden. Das Projekt wird gemeinsam mit Züchtern der Gemeinschaft für Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung e. V. (GFP) durchgeführt. Während der dreijährigen Projektdauer werden Proben von Befallsflächen entnommen, Bakterien isoliert, charakterisiert und auf deren Pathogenität überprüft. Erste Grundlage der Identifikation bilden physiologische Tests in Zusammenarbeit mit dem LTZ Augustenberg nach LOPAT-Kriterien und mit dem BIOLOG-Verfahren. Darauf aufbauend soll ein molekularbiologisches Identifizierungsverfahren entwickelt werden. Zur Klärung des Erregerkreises wurden seit Projektstart Bakterien aus symptomatischen Pflanzenteilen sowie aus Saatgutpartien mit Befallsverdacht isoliert und charakterisiert. Es wurden bislang 70 Bakterienkulturen aus 19 Saatgutpartien und 23 Kulturen aus Pflanzenproben von sechs verschiedenen Standorten untersucht. Dabei verursachten 13 Isolate aus Blattmaterial und 20 Isolate aus Saatgutproben Blattfleckensymptome an Radies. Von diesen Isolaten konnten 24 als *P. viridiflava* und 9 als *P. syringae* identifiziert werden. Bei einem Abgleich der Ergebnisse gemäß LOPAT und BIOLOG mit rep-PCR (repetitive extragenic palindromic sequence polymerase chain reaction) stellte sich heraus, dass die Zuordnung der Bakterien über physiologische Tests auf Pathovar-Ebene nur unzureichend möglich ist. Daher soll überprüft werden, ob eine Charakterisierung der Kulturen über multilocus sequence typing (MLST) zu genaueren Ergebnissen führt.

Ergänzend erfolgen Untersuchungen zu den Erregeransprüchen an Umweltfaktoren, zum Einfluss des Pflanzenalters und zu Virulenzvergleichen an verschiedenen Sorten. Diese Untersuchungen bilden den Ausgangspunkt für die Entwicklung eines Screeningverfahrens. Die entwickelten Resistenztests sollen es den Züchtern ermöglichen, durch eine einfache Methodik ihr Zuchtmaterial auf Resistenzen zu überprüfen und Pflanzen mit den entsprechenden Eigenschaften zu selektieren. Langfristig sollen dadurch Sorten mit verbesserten Qualitätseigenschaften entstehen, die den Anbauern die Möglichkeit bieten, sich effektiv vor Ausfällen durch bakterielle Blattfleckenerreger zu schützen.

035-Kraul, J.; Hau, B.

Leibniz Universität Hannover

Verteilung des Echten Gurkenmehltaus an Kürbisgewächsen in Deutschland

Distribution of Powdery Mildew of Cucurbitaceae in Germany

In Deutschland sind *Podosphaera xanthii* und *Golovinomyces orontii* die endemischen Erreger des Echten Gurkenmehltaus an Kürbisgewächsen. Beide Erreger treten sowohl im Freiland als auch im Gewächshaus auf und führen zu Ernteverlusten durch Verringerung der photosynthetisch aktiven Blattfläche und den Entzug von Assimilaten. Aus anderen Ländern ist bekannt, dass in einigen Regionen nur eine Art verbreitet ist, in anderen

Gebieten aber beide Arten, auch in Mischinfektionen, auftreten (2). Die Verteilung der beiden Arten wurde bislang in Deutschland nicht untersucht.

Für dieses Monitoring wurden in den Jahren 2008 - 2011 Proben von Cucurbitaceen (Gurken, Kürbis, Zucchini) aus dem gesamten Bundesgebiet aus dem Gewächshaus (GH) und vom Freiland (FL) gesammelt. Die eingeschickten Proben kamen von Mehltau anfälligen und resistenten Sorten, wobei die Blätter mit Fungiziden behandelt als auch unbehandelt waren.

Von 80 untersuchten Proben stammten 33 von Gurken, 24 von Kürbis und 23 von Zucchini.

Im Labor wurden die Konidien jeder Probe auf die morphologischen Merkmale Fibrosinkörper, Form der Konidien, Konidienkeimtypus sowie Länge und Breite untersucht. Anhand dieser Kriterien konnten die Proben einer der beiden Gattungen zugeordnet werden (1). Wie angenommen, war *P. xanthii* der dominierende Erreger im Gewächshaus, *G. orontii* trat vorwiegend im Freiland auf. Auffällig war die geographische Verteilung von *P. xanthii* und *G. orontii* in Deutschland. Im Südwesten (Baden-Württemberg, Rheinland-Pfalz) war ausschließlich *G. orontii* zu finden, und zwar im Freiland und im Gewächshaus. Nur eine Probe wurde als *P. xanthii* identifiziert. Im Norden und Osten Deutschlands (Brandenburg, Niedersachsen, Thüringen) trat *P. xanthii* sowohl im GH als auch im FL genauso häufig bzw. häufiger auf als *G. orontii*. Obwohl ein höherer Anteil der Proben aus Niedersachsen aus dem Freiland kam, war *P. xanthii* häufiger vertreten. In Brandenburg wurden nahezu alle Proben im Gewächshaus entnommen, beide Gattungen wurden jedoch gleich häufig nachgewiesen.

Literatur

(1) BRAUN, U., 1995: The Powdery Mildews (Erysiphales) of Europe. Verlag Gustav Fischer, Jena

(2) MIAZZI, M., C. LAGUARDIA, F. FARETRA, 2011: Variation in *Podosphaera xanthii* on cucurbits in Southern Italy. Journal of Phytopathology 159: 538 - 545

036-Heitmann, B.¹⁾; Neubauer, C.¹⁾; Müller, C.²⁾; Schlathöler, M.³⁾

¹⁾ Hochschule Osnabrück

²⁾ Universität Bielefeld

³⁾ P. H. Petersen Saatzzucht

Biofumigationspotential verschiedener Brassica-Genotypen gegenüber Verticillium

Biofumigation potential of brassicas against Verticillium

Bei der Bekämpfung bodenbürtiger Schaderreger, insbesondere *Verticillium*, wird die Biofumigation als eine mögliche Alternative zu chemischen Bodenentseuchungsmaßnahmen diskutiert. Hierbei handelt es sich um den Anbau Glucosinolat-haltiger *Brassica*-Arten, deren Biomasse zerkleinert und in den Boden eingearbeitet wird. In der Folge werden die Glucosinolate (GSL) im Rahmen einer enzymatischen Hydrolyse in Isothiocyanate (ITCs) umgewandelt, die eine toxische Wirkung gegenüber Mikroorganismen aufweisen können. Im Rahmen eines dreijährigen BMBF-Projektes wird ein systematischer Ansatz gewählt, um das Verfahren im Hinblick auf eine Anwendung in der Praxis zu beurteilen bzw. zu optimieren. Hierbei ergibt sich das theoretische Biofumigationspotential einer Pflanzenart aus ihrem Glucosinolat-Profil, d. h. der Art der Glucosinolate und ihrer Konzentration, der spezifischen toxischen Wirkung der gebildeten Isothiocyanate gegenüber einem Zielorganismus, sowie der erzeugten Biomasse. Die aktuelle Wirkung im Boden unter Praxisbedingungen ist aber eine deutlich geringere, da verschiedene Faktoren (Temperatur, Feuchtigkeit, Zerkleinerungsgrad der Biomasse) die Freisetzungsraten der Isothiocyanate sowie ihre Verweildauer im Boden (C-Gehalt, mikrobielle Aktivität) beeinflussen bzw. verringern. In einem ersten Schritt wurde zunächst das Biofumigationspotential, d. h. die maximale Wirkung verschiedener *Brassica*-Genotypen gegenüber *Verticillium* erfasst. Dies ist in Freilandversuchen nicht möglich, da zahlreiche Faktoren die Wirkung beeinflussen bzw. verringern und heterogene Versuchsbedingungen keine reproduzierbaren Resultate liefern. Deshalb wurde ein standardisierter Laborbiotest in Glasgefäßen mit sterilisiertem Sand sowie optimierten Bedingungen und Anwendung eines *Verticillium*-Bodentestes entwickelt. Die Biomasse der zu prüfenden *Brassica*-Genotypen wurde zuvor im Feldanbau produziert. Auf diese Weise gelang es erstmalig das Biofumigationspotential verschiedener Sorten von *Sinapis alba*, *Brassica juncea* und *Raphanus sativus* gegenüber *Verticillium* reproduzierbar zu erfassen. Gleichzeitig wurde über HPLC-Analysen das Glucosinolat-Profil der Biomasse der Genotypen ermittelt und in Beziehung zur Wirkung gestellt. Die höchsten Wirkungsgrade wurden mit den Sorten von *B. juncea* erzielt. Sie stimmen mit den Sinigrin-Gehalten überein, was auf eine weitgehende Umsetzung von Sinigrin in allyl-ITC schließen lässt. Die Wirkungsgrade der Sorten von *S. alba* und *R. sativus* waren wesentlich geringer, als die aufgrund der GSL-Analysen errechneten maximalen ITC-Freisetzungsraten erwarten ließen. Hier muss davon ausgegangen werden, dass die Hydrolyse trotz optimaler Bedingungen nicht erfolgte. Die Ergebnisse liefern die Grundlage für eine gezielte Auswahl aussichtreicher Genotypen für nachfolgende Feldversuche.