

Die Ergebnisse zeigen, dass *A. cochliformis* mit hoher Wahrscheinlichkeit Auslöser des Symptoms „Gürtelschorf“ ist. Das massive Auftreten der Krankheit und die feuchte Witterung 2010 machen eine Beteiligung dieses feuchte-assoziierten Oomyceten plausibel. Die parallel durchgeführten bakteriologischen Untersuchungen zeigten darüber hinaus, dass die gefundenen Vertreter der Gattung *Streptomyces* sehr wahrscheinlich nicht-pathogene Arten sind und somit nicht am Krankheitsgeschehen beteiligt waren. Über die Rolle verschiedener *Pythium*-Arten, die mit hoher Abundanz vorkamen, kann derzeit noch keine Aussage getroffen werden. Einige Arten scheinen jedoch ähnliche Symptome auslösen zu können wie *Aphanomyces*.

153-Schmidt, C. S.¹⁾; Gösting, J.²⁾; Leclerque, A.¹⁾; Orlik, M.¹⁾; Jamshidi, B.³⁾; Koch, E.¹⁾

¹⁾ Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen

²⁾ Justus-Liebig-Universität Gießen

³⁾ Fachhochschule Bingen

Charakterisierung von *Pythium*-Isolaten und Entwicklung von Biotests für Umfallkrankheit und Wurzelfäule

Characterisation of Pythium isolates and development of bioassays for damping off and root rot

Pythium-Spezies können Sämlinge vor und nach dem Auflauf (Umfallkrankheit) abtöten und durch Wurzelfäule das Wachstum der Pflanze auch noch in späterem Stadium hemmen. Allgemein wird ein breites Wirtsspektrum dieser fakultativen Pflanzenpathogene angenommen. Es wurde eine breite Palette von *Pythium*-Isolaten aus Kompost, Feld- und Waldboden isoliert; weitere Isolate wurden aus Stammkulturen-Sammlungen und von Kooperationspartnern bezogen. Die Pathogenität der Isolate an verschiedenen dikotyledonen Pflanzenarten (Erbse, Salat, Quinoa) und an der monokotyledonen Pflanze Mais getestet. Die Pathogenität der *Pythium*-Isolate variierte sehr stark. Unerwarteterweise zeigten sich Ansätze von Wirtsspezifität; Erbse war der anfälligste Wirt, jedoch waren nicht alle Mais-pathogenen Isolate notwendigerweise pathogen an Erbse. Isolate aus Feldboden (Mais) und Kompost hatten tendenziell ein höheres Temperaturoptimum als Isolate aus Grasboden und Kompost.

Derzeit werden die Isolate molekularbiologisch charakterisiert (ITS1, 5.8 s-rRNA-Region, ITS2) um zu überprüfen, ob die beobachteten Ansätze von Wirtsspezifität mit der Phylogenie der Isolate korrelieren.

154-Abou Ammar, G.; Deising, H. B.; Wirsal, S.

Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg

The role of ABC transporters in fungicide resistance and virulence in *Fusarium graminearum*

ATP-binding cassette (ABC) transporters belong to a large protein superfamily, which exists in both pro- and eukaryotes. Studies in pathogenic fungi have revealed the involvement of these transporters in resistance against a wide range of xenobiotics. This phenomenon, which is known as multidrug resistance (MDR), is a serious problem in medicine and agriculture. Natural substrates of ABC transporters in pathogenic fungi are plant-defense compounds and fungal virulence factors such as mycotoxins. In this work, we characterise four genes encoding ABC transporters in *Fusarium graminearum*, which showed transcriptional activation after treatment with tebuconazole. We describe the generation of deletion mutants for these genes and their characterisation with respect to vegetative growth, resistance levels to azole fungicides, and cross resistance to other fungicide classes. We provide evidence for their contribution to fungicide resistance.

155-Liebe, S.; Dircks, C.; Schneider, H.; Varrelmann, M.

Institut für Zuckerrübenforschung

Molekulare Klassifizierung von *Rhizoctonia solani* (Kühn) Anastomosegruppen basierend auf dem Translations-Elongations-Faktor (*tef-1 alpha*) Gen

Molecular classification of Rhizoctonia solani (Kühn) anastomosis groups based on the translation elongation factor 1 (tef-1 alpha) gene.

The soilborne fungus *R. solani* is known as a genetic diverse species complex, comprising at least 13 different anastomosis groups (AG) with many subgroups. The current classification of the complex is based on morphology and hyphal anastomosis reaction supported by phylogenetic studies using the internal transcribed spacer