

In dieser Arbeit wurde die Ausbreitung des Echten Mehltaus an Gurken von einer linienförmigen Inokulumquelle aus im Gewächshaus untersucht. Die Entfernung der ersten Pflanzenreihe zur Inokulumquelle betrug immer 0,7 m, die Entfernung zwischen den Reihen lag zwischen 0,7 m und 1 m. Es wurden Versuche über unterschiedlich große Distanzen (bis zu 5,4 m) und mit verschiedenen Bestandesdichten (1,25 bis 1,8 Pflanzen/m<sup>2</sup>) durchgeführt. Die Befallshäufigkeit (BH) der Pflanzen und Blätter wurde täglich erfasst, die Befallsstärke (BS) alle 3 - 4 Tage geschätzt.

Erwartungsgemäß waren insbesondere zu Versuchsbeginn deutliche Befallsunterschiede zwischen den Pflanzen nahe der Inokulumquelle und denen in größeren Entfernungen zu erkennen. Die Befallsstärke der Pflanzen (als Proportion) erreichte an den ersten Boniturterminen Werte zwischen 0.15 (0,7 m) und 0.03 (5,4 m) und stieg 35 Tage nach Beginn des Versuchs auf 0.76 bzw. 0.59. Auf den unteren Blättern (bis 50 cm über Boden), die zu Versuchsbeginn bereits vollständig entwickelt waren, lagen die BS nach 12 Versuchstagen zwischen 0.34 (0,7 m) und 0.06 (5,4 m) und nach 35 Versuchstagen zwischen 1.0 bzw. 0.97.

Zur Analyse wurden die Gradienten, die über die Zeit erfasst wurden, linearisiert, indem die BS logit-transformiert wurde, die Entfernung  $x$  aber untransformiert blieb. Die linearisierten Gradienten waren nicht parallel, sondern flachten mit der Zeit ab, wobei ein gemeinsamer Schnittpunkt für  $x < 0$  angenommen werden konnte. Die Achsenabschnitte der linearisierten Gradienten stiegen einer monomolekularen Funktion entsprechend an, während die Steigungen hyperbolisch fielen.

Aus den Daten und dem angepassten Modell wurde deutlich, dass sich niedrige BS im Bestand deutlich schneller ausbreiten als höhere BS, so dass die Ausbreitung ähnlich wie bei einer dispersiven epidemischen Welle erfolgt. Die Isopfadgeschwindigkeit fiel von 1,83 m/Tag bei BS = 0,05, über 1,57 m/Tag (BS = 0,1), 1,19 m/Tag (BS = 0,25) bis auf 0,81 m/Tag (BS = 0,5). Im Versuch mit der höheren Bestandesdichte von 1,8 Pflanzen/m<sup>2</sup> lag die Ausbreitungsgeschwindigkeit des Echten Mehltaus niedriger: 0,85 m/Tag (BS = 0,05), 0,38 m/Tag (BS = 0,1), 0,65 m/Tag (BS = 0,25) und 0,53 m/Tag (BS = 0,5). Die Ergebnisse zeigen, dass sich der Echte Gurkenmehltau innerhalb weniger Tage in einem Gewächshausbestand ausbreiten kann, und zwar in der Art einer dispersiven Welle.

#### **174-Racca, P.; Tschöpe, B.; Kleinhenz, B.**

Zentralstelle der Länder für EDV-gestützte Entscheidungshilfen und Programme im Pflanzenschutz (ZEPP)

#### **SIMGRAY – Ein neues Prognosemodell für *Botrytis***

*SIMGRAY – A new simulation model for Botrytis*

Im Rahmen des Interreg-Projekts „Gezonde Kas“ wurde ein Simulationsmodell für den Grauschimmel (*Botrytis cinerea*) an Cyclamen entwickelt. *Botrytis* ist eine der am häufigsten auftretenden Krankheiten von Gewächshauskulturen, nicht wirtsspezifisch und befällt bevorzugt seneszierende oder verletzte Pflanzenteile. Der Pilz bevorzugt niedrige Temperaturen (15 - 20 °C) und eine hohe relative Luftfeuchte (93 - 100 %) oder Blattnässe. Das Modell SIMGRAY berechnet basierend auf stündlichen Daten von Temperatur, Luftfeuchte und Blattnässe die Sporulations- und Latenzrate sowie die Infektionswahrscheinlichkeit von *Botrytis* und zeigt Phasen mit hohem Infektionsrisiko an. Optimale Bedingungen für die Infektion des Pilzes herrschen bei einer Temperatur von 21 °C und einer Blattnässedauer von mindestens 7 Stunden. Ein Stagnieren des Infektionsrisikos wird vom Modell bei Temperaturen unter 3 °C und über 30,6 °C prognostiziert. SIMGRAY kann für andere Kulturen, an denen *Botrytis* auftritt, adaptiert werden. Eine Anpassung an die stadienabhängige Anfälligkeit der Kultur gegenüber *Botrytis* ist möglich, indem die Entwicklung von kulturspezifischen Ontogenesemodellen durchgeführt wird. Prognosemodell und Ontogenesemodell werden dann zu einem Entscheidungshilfesystem (EHS) zusammengefasst.

Für die Anpassung des Modells SIMGRAY an die Gewächshauskultur Cyclamen, wurden 2012 Versuche an der LWK Niedersachsen in Bad Zwischenahn durchgeführt. Als Befallsparameter wurden Befallshäufigkeit und Befallsstärke an Blütenstielen und Blüten in regelmäßigen Intervallen erhoben. Des Weiteren wurden die Entwicklungsstadien der Cyclamen dokumentiert. Zur Erfassung des Gewächshausklimas wurden Messensoren zur Messung der Lufttemperatur, der relativen Luftfeuchte und der Blattnässe sowohl im Bestand als auch 1m über dem Bestand installiert. Des Weiteren wurden Klimadaten des Gewächshauses mittels Klimacomputer erfasst.

Die Daten des Klimacomputers sowie die Daten der zusätzlichen Messensoren dienen als Eingabeparameter zur Berechnung des EHS. Diese Software überprüft die Daten auf Plausibilität und stellt sie auf einem Server bereit. Des Weiteren soll die Software mit dem Gewächshauscomputer kommunizieren und das Gewächshausklima überwachen. Mit dem EHS werden die zur Verfügung gestellten Informationen analysiert, um bei hohem Infektionsdruck eine Warnung zu generieren sowie eine Empfehlung für den Gärtner auszugeben. Diese Empfehlung kann z. B. eine Regulation des Gewächshausklimas durch Lüftung oder auch der Einsatz kurativer Maßnahmen mittels Fungiziden sein.

Zukünftig sollen Daten aus weiteren Gewächshausversuchen an Cyclamen für die Modellanpassung und Validierung von SIMGRAY genutzt werden. Außerdem soll als zusätzlicher Eingabeparameter der „vapor pressure deficit“ (VPD) dienen. Dieser VPD entspricht dem Wasserdampf-Sättigungsdefizit der Luft und wird aus der gemessenen Temperatur und der relativen Luftfeuchte berechnet. Dieser Wert kann alternativ zur Blattnässe als Eingabeparameter zur Berechnung des Infektionsrisikos genutzt werden. Dies stellt den Vorteil dar, dass die Installation von zusätzlichen Blattnässesensoren nicht erforderlich ist.

Dieses Projekt wird gefördert von INTERREG - Grenzregionen gestalten Europa  
Europäischer Fonds für regionale Entwicklung der Europäischen Union.

**175-Johannesen, J.<sup>1)</sup>; Maixner, M.<sup>2)</sup>**

<sup>1)</sup> Universität Mainz

<sup>2)</sup> Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen

**Ausbreitung des Brennesseltyps der Erreger der Schwarzholzkrankheit, Stolbur Typ-a**

*Dissemination of the bois noir pathogen stolbur type-a*

Die Schwarzholzkrankheit der Rebe wird durch Phytoplasmen der Stolburgruppe 16Sr-XIIA verursacht und von der Winden-Glasflügelzikade, *Hyaalsthes obsoletus*, übertragen. Die Hauptwirtspflanzen des Vektors und die Reservoirpflanzen des Erregers sind in Deutschland die Ackerwinde (*Convolvulus arvensis*) und die Brennessel (*Urtica dioica*). Da beide Pflanzen genetisch differenzierte Stolburstämme beherbergen und sich zugleich der Vektor in Deutschland in zwei pflanzenspezifische Wirtspopulationen unterscheiden lässt, wird die Epidemiologie der Schwarzholzkrankheit von zwei Infektionszyklen, dem Ackerwindezyklus (Typ-b) und dem Brennesselzyklus (Typ-a) bestimmt. Die Zunahme der Schwarzholzkrankheit geht in vielen Gegenden des westlichen Mitteleuropa vor allem auf eine Ausweitung des neueren Typ-a-Zyklus (seit etwa 20 Jahre) zurück und ist mit einem Wirtswechsel des Vektors von Ackerwinde zu Brennessel verbunden.

In einer Untersuchung zur genetischen Diversität des Typ-a wurden dessen Ursprung und die Ausbreitung in Deutschland und in Westeuropa untersucht und mit Daten einer Paralleluntersuchung des Vektors verglichen. Stimmen die Paralleluntersuchungen überein bzw. lassen sie sich gegenseitig erklären, geben sie einen starken Hinweis auf die Ursprünge der Krankheit. Die Studie beruhte auf eine kombinierte populationsgenetische und phylogenetische Analyse mittels der vier Stolbur-Gene Stol-11, VMP1, Stamp und SecY. Die Vektorpopulationen wurden mit Mikrosatelliten und mtDNA genetisch quantifiziert. Deutsche Populationen beider Organismen wurden mit Populationen aus Italien, Frankreich, der Schweiz, Slowenien und Kroatien verglichen. Die deutsche (N = 27) und die schweizerische (N = 21) Typ-a-Population von Stolbur zeigte, abgesehen von einer Mutation in einem Isolat, keine Variabilität. Im Gegensatz dazu war jedes italienische Isolat genetisch unterschiedlich am Gen VMP1 (N = 11). Die Variabilität war auch in Slowenien/Kroatien gegenüber Italien stark reduziert (N = 12). Phylogenetisch waren die italienischen Isolate ancestral und die deutschen und schweizerischen Isolate mit den französischen am meisten verwandt. Deutsche und slowenische Isolate teilten keine Multilokus-Genotypen. Unsere Ergebnisse deuten darauf hin, dass der Typ-a-Erreger in Deutschland Hybridursprungs sein könnte. Die erhöhte Variabilität und die phylogenetisch basalen Genotypen in Italien weisen auf einen „italienischen“ Ursprung des Typ-a hin. Gleichzeitig sprechen die fehlende Variabilität in Deutschland und die phylogenetischen Verwandtschaftsverhältnisse für eine rezente Einwanderung des Erregers über Frankreich. Die Paralleluntersuchung des Vektors bestätigen diese Vermutungen. Der Vektor ist am polymorphsten und phylogenetisch basal in Italien. Eine demographische Analyse des Vektors, beruhend auf den genetischen Daten, zeigte eine Populationsexpansion sowohl in Italien als auch in Frankreich. Die beiden Paralleluntersuchungen plausibilisieren eine neue Einführung des Typ-a in Deutschland und in der Schweiz, die auf eine sekundäre Populationsexpansion des Vektors aus Italien zurückgeht. Die Ergebnisse widersprechen der Annahme einer Neuausbreitung, die auf eine Übertragung von Ackerwinde zu Brennessel im Laufe eines Wirtswechsels heimischer Vektoren basiert. Zusammengefasst implizieren unsere Ergebnisse, dass der Typ-a Stolburerreger über nicht-pflanzenspezialisierte Vektoren während einer sekundären Populationsexpansion aus dem Süden nach Deutschland und in die Schweiz gebracht wurde. Infolgedessen wurden sie in Deutschland an deutsche Brennessel-spezialisierte Vektorpopulationen übertragen. Somit sind zwei Infektionszyklen in Deutschland entstanden.

Diese Untersuchung wurde von „Stiftung Rheinland-Pfalz für Innovation, 0861“ finanziert.