

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.¹⁾; Maixner, M.²⁾

¹⁾ Universität Mainz

²⁾ 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, *Hyalesthes 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.