

encoded initiator protein Rep. Rep proteins are multifunctional enzymes whose role is not limited to catalysis of essential steps in viral genome replication. In the case of geminiviruses they also interact with a checkpoint regulator of the host' cell cycle, the retinoblastoma protein pRB. In nanoviruses, a separate protein, Clink, mediates such a link between cell cycle modulation and viral DNA replication. As first demonstrated for Faba bean necrotic yellows virus, a nanovirus, this unique type of virus-encoded protein binds to two key cellular regulators, pRB and pSkp1, a component of the ubiquitin-dependent protein turnover pathway.

Data will be presented on genome organization and replication, the molecular and biochemical details of protein function, as well as host cell interaction of nano- and geminiviruses. Examples of the latter comprise Chickpea chlorotic dwarf virus, Tomato yellow leaf curl virus, and Watermelon chlorotic stunt virus. The significance of the results for the biology of ssDNA viruses in general will be discussed.

Influence of vector resistance in *Capsicum* on the spread of tomato spotted wilt virus

Maris, P.C., Joosten, N.N., Kindt, F., Tjallingii, F., Goldbach, R.W. Peters, D.; Laboratory of Virology, Wageningen University and Research Centre, Binnenhaven 11, NL-6709 PD Wageningen.

Tomato spotted wilt virus (TSWV), the type species of the Tospovirus genus of the family Bunyaviridae, causes serious diseases world-wide in various crops. More than 1000 plant species in at least 70 families have been reported as susceptible to this virus. Tospoviruses are transmitted by several thrips species (Thysanoptera: Thripidae) of which *Frankliniella occidentalis* is the most efficient. Strategies to control the spread of the virus by chemical control agents against the vector often fail due to the increasing resistance in thrips to pesticides, the hidden way of life and the transmission of the virus before incoming viruliferous thrips are killed.

In our project we aim to analyse the factors involved in the spread of this virus in thrips-susceptible and -(partial) resistant crops. We selected a number of *Capsicum* accessions for susceptibility to TSWV and *F. occidentalis*. Inoculation studies showed that thrips transmitted the virus at equal rates to leaf disks of a thrips resistant and a thrips susceptible accession. The spread of TSWV in a greenhouse experiment was considerably reduced on thrips resistant plants compared to susceptible plants. This difference could be explained by the development of a large thrips population on the susceptible plants whereas only small numbers were found on the resistant plants.

Tomato spotted wilt virus genome transcription: single base complementarity and length requirements of leaders for transcription initiation *in vivo*

Kormelink, R., Duijsings, D., Goldbach, R.; Laboratory of Virology, Wageningen University, Binnenhaven 11, NL-6709 PD Wageningen.

Tomato spotted wilt virus (TSWV) shares the mechanism of "cap-snatching" with all segmented, negative strand RNA viruses to initiate transcription of the viral genome. During this process, a ^{7m}G-capped host mRNA is recruited by the viral transcriptase complex and cleaved, generally at a distance of 10-20 nt from the cap. The capped leader sequence obtained is subsequently being used to prime initiation of transcription. In order to determine the requirements of a capped RNA molecule to act as cap-donor, RNA3 and RNA4 of the alfalfa mosaic virus (AMV) and site-directed mutants of these were provided *in planta* by a mixed infection with TSWV. Sequence

analysis of cloned TSWV mRNAs obtained from this mixed infection showed that basepairing between cap-donor RNA and the viral RNA template is required for transcription initiation. This basepairing occurs at a distance of 12-18 nt from the cap structure of the leader, with a preference for position 16 nt. Furthermore, basepairing was found to occur on the 3' ultimate residue of the viral template RNA and, although less optimal, also on the penultimate or ante-penultimate residue.

Myosin-Kinesin- and DnaJ-like Proteins Interact with NSm, the Tomato Spotted Wilt Virus Movement Protein

Von Bargen, S.¹, Paape, M.¹, Soellick, T.-R.², Salchert, K.³, Piechulla, B.¹, Kellmann, J.-W.¹; ¹Universität Rostock, FB Biowissenschaften, Abtlg. Biochemie, Gertrudenstrasse 11a, D-18057 Rostock; ²Max-Planck-Institut für Züchtungsforschung, Dept. Prof. F. Salamini, Carl-von-Linne-Weg 10, D-50829 Köln; ³Risoe National Laboratory, Afdeling for Plantebiologi og Biogeochemistry, DK-4000 Roskilde, Denmark.

The TSWV encoded NSm protein belongs to a group of movement proteins which, in leaf mesophyll cells, induces tubular structures proposed to be involved in transport of nucleocapsids across plasmodesmata. It is not clear i.) how such tubules are attached to plasmodesmata, ii.) how movement of nucleocapsids is forced through such tubuli and iii.) in which way macromolecular transport facilities of the plant are seduced by TSWV for systemic spread. To gain insight into the molecular movement mechanisms of TSWV we applied NSm as a bait in yeast two hybrid interaction trap experiments. DnaJ like chaperones from tobacco and *Arabidopsis* could be identified which were shown to interact with NSm *in vivo* and *in vitro* (Soellick *et al.*, 2000). Screening of a GAL4 activation domain tagged cDNA library from tomato also lead to the isolation of a DnaJ like protein, and sequence alignments revealed that the tomato DnaJ gene is an ortholog of the NSm-interacting tobacco and *Arabidopsis* DnaJ like chaperones. In an improved two-hybrid screen, a C-terminal deletion mutant of NSm was employed as a bait. From these experiments, a cDNA clone, denominated At-4/1, was obtained encoding a 242 amino acid long polypeptide which was shown to specifically interact with NSm. Protein-blot overlay assays exhibited interaction of both proteins *in vitro*. At-4/1 shows similarity to myosin-kinesin like proteins from different organisms, suggesting that cytoskeleton associated acto-myosin or microtubuli-kinesin related transport mechanisms are involved in TSWV movement. We discuss our findings according to results accomplished in the last years showing that the cytoskeleton and molecular chaperones are involved in cellular trafficking of plant viruses (Reichel *et al.*, 1999; Jackson, 2000).

Ref.: Jackson D (2000) *Curr Op Plant Biol* 3: 394-399. Reichel C, Mas P, Beachy RN (1999) *Trends Plant Sci* 4: 458-462. Soellick T-R, Uhrig JF, Bucher GL, Kellmann J-W, Schreier PH (2000) *PNAS* 97: 2373-2378.

Pepino mosaic virus

Van der Vlugt, R.¹, Stijger, I.², Verhoeven, K.³, Lesemann, D.-E.⁴; ¹Plant Research International B.V., BU Biointeractions and Plant Health, P.O. Box 16, 6700 AA Wageningen; ²Research Station for Floriculture and Glasshouse Vegetables, P.O. Box 8, NL-2670 AA Naaldwijk; ³Plant Protection Service, P.O. Box 9102, NL-6700 HC Wageningen; ⁴Biologische Bundesanstalt, Institut für Pflanzenvirologie, Mikrobiologie und biologische Sicherheit, Messeweg 11/12, D-38104 Braunschweig.

Early 1999 a new virus disease occurred in protected tomato (*Lycopersicon esculentum*) crops in the Netherlands. Infected plants showed yellow spots, mosaic and sometimes fruit symptoms. In the electron microscope typical potexvirus particles were observed in leaf homogenate preparations.

Inoculation of test plants and DAS-ELISA tests showed that the virus clearly differed from Potato aucuba mosaic virus (PAMV) and Potato virus X (PVX), two other potexviruses both known to naturally infect Solanaceous crops. In extended immunoelectronmicroscopical tests the virus reacted strongly with an antiserum against Pepino mosaic virus (PepMV) a third virus reported to infect Solanaceae.

Inoculations on 17 different indicator plants showed that the symptoms of the virus of tomato resembled most those of PepMV. A newly produced antiserum to the tomato isolate strongly reacted with the type isolate of PepMV from pepino (*Solanum muricatum*) and three new tomato isolates from Dutch, German and English infections. In addition, sequence data obtained using a broad potexvirus specific RT-PCR primer set, showed high levels of homology with the original PepMV isolate.

These results identified the potexvirus causing the disease in tomato crops in 1999 as a tomato strain of Pepino mosaic virus.

Since the problem of PepMV in tomato culture persisted in 2000 and infection from other European countries were reported, further research with respect to modes of transmission, longevity, susceptibility to disinfectants and spread of virus infections was done and will be discussed.

Viruses associated with the lettuce big-vein syndrome

Verbeek, M.¹, van der Wilk, F.¹, Vetten, H.J.², van den Heuvel, J.F.J.M.¹; ¹Plant Research International B.V., P.O. Box 16, NL-6700 AA Wageningen; ²Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft (BBA), | Institut für Pflanzenvirologie, Mikrobiologie und biologische Sicherheit (PS), | Messeweg 11-12, | D-38104 Braunschweig.

Lettuce big-vein is an important soil-borne viral disease, which causes great losses in lettuce and other leafy vegetables world-wide. Direct economic losses in lettuce production alone run in excess of €50 million per year in Europe. Lettuce big-vein virus (LBVV, genus Varicosavirus) is assumed to be the causal agent of this disease. This virus has rod-shaped particles and is transmitted through soil supposedly by the fungal vector *Oplidium brassicae*. In addition, a second virus has been isolated from lettuce plants with big-vein symptoms. This virus has been assigned to the genus Ophiovirus, whose virions appear to be circularised supercoiled threads of 3 nm in diameter, which can also form linear structures of about 10 nm in diameter of different lengths.

We have developed purification methods to isolate both the varicosavirus-like particles and the ophiovirus-like particles from lettuce and from the experimental hosts *Chenopodium quinoa* and *Nicotiana occidentalis*. Using antisera to these viruses we were able to distinguish between them in ELISA and on Western blots. SDS-PAGE analysis indicated that each of the two viruses has a capsid protein of about 48 kDa. Nucleic acid of the ophiovirus was isolated and four RNA segments of approximately 8.5, 2.0, 1.5 and 0.2 kb were found.

Double stranded RNA based cloning and partial characterization of a yet unknown virus in mountain ash (*Sorbus aucuparia* L.)

Benthack, W.¹, Mielke, N.¹, Büttner, C.², Mühlbach, H.-P.¹; ¹Universität Hamburg, Institut für Allgemeine Botanik und Botanischer Garten, Ohnhorststr. 18, D-22609 Hamburg; ²Humboldt-Universität zu Berlin, Institut für Gartenbauwissenschaften, Fachgebiet Phytomedizin, Lentzeallee 55/57, D-14195 Berlin-Dahlem.

Chlorotic ringspots and mottling of leaves followed by gradual decay of whole trees are frequently observed symptoms of a graft-transmissible disease of mountain ash (*Sorbus aucuparia* L.). The putative agent is believed to be a virus, although up to now neither virus particles could be isolated nor demonstrated by electron microscopy. We therefore studied the presence of double-stranded (ds) RNA in symptomatic and asymptomatic mountain ash trees from various stands in Germany. We found a highly reproducible pattern of dsRNA bands in all tested symptomatic trees, but no dsRNA in asymptomatic trees. The high correlation of dsRNA with disease symptoms prompted us to initiate the cDNA cloning and sequencing of the putative agent from the dsRNA fraction. We were able to obtain and sequence a cDNA clone, representing 3800 nucleotides, with high sequence homology to viral RNA dependent RNA polymerases (RdRP) at its 5'-end. This finding provides substantial evidence in favor of the hypothesis that a plant virus with an RNA genome is the causative agent of the mountain ash disease. However, the presently available sequence data did not yet allow to identify the virus. On the other hand, the sequence information allowed us to develop a reliable RT-PCR based diagnostic screening technique, using minimum amounts of leaf material.

Molecular characterisation of Raspberry Ringspot Nepovirus isolates infecting grapevine

Ebel, R., Wetzel, T., Krczal, G., Reustle, G.; Centrum Gruene Gentechnik, SLFA Neustadt, Breitenweg 71, D-67435 Neustadt; Email: rebel.slfa-nw@agrarinforlp.de

The Raspberry Ringspot Nepovirus (RRV) is one of the viruses responsible for the fanleaf disease of grapevine. The other viruses in this complex are the Grapevine Fanleaf Virus (GFLV) and the Arabis Mosaic Virus (ArMV). Together they represent the main virus problems in the vineyards of Rhineland Palatinate, the biggest vine producing area in Germany. Two different serological strains of RRV exist: the cherry strain (RRV-ch) and the grapevine strain (RRV-g) which occur in Germany and Switzerland. RRV has two RNAs (RNA1 and RNA2). Both have a genome-linked protein (VPg) at the 5' ends and are polyadenylated at the 3' ends. RNA1 and RNA2 have one open reading frame (ORF) flanked by a 5' and 3' non coding regions (NCR). The ORFs encode for one large polyprotein which is proteolytically cleaved in smaller functional proteins. The only RRV sequence data available are the sequence of RNA2 of an English isolate (RRV-s) and a few sequences of movement and coat proteins of several English and Scottish isolates.

The RRV strains were propagated in *Chenopodium quinoa*. The viral RNAs were purified, cDNA synthesized, cloned and sequenced. The sequences were compared and multiple alignments were performed using DNASTAR (DNASTAR, Inc.). An online search for homologies using BLAST search has also been carried out.

The RNA1 of RRV-g is 7896 nucleotides (nt) and the RNA2 is 3912 nt long (excluding the poly(A) tails). RNA1 contains one ORF which encodes a polyprotein of M_r 245693, RNA2 contains one ORF which encodes a polyprotein of M_r 123782. The length of the RNA1 5' NCR is 629 nt and of the 3' NCR 649 nt. The 5' NCR of RNA2 is 196 nt and the 3' NCR is 392 nt long.

The homology between RNA2 of RRV-g and RRV-s is 78,2 % at the nucleotide level and 80,7 % at the amino acid level. The online sequence comparison of RNA1 revealed only minor homologies to other nepoviruses infecting grapevine (GFLV, ArMV, Grapevine Chrome Mosaic Virus (GCMV)). The construction of full length clones of RNA1 and RNA2 of RRV-g is currently in progress and will be tested for infectivity.

Unraveling cowpea mosaic virus movement mechanisms using GFP recombinant virus

Santos Silva, M.¹, Wellink, J.², Goldbach, R.¹, van Lent, J.¹; ¹Laboratory of Virology; ²Laboratory of Molecular Biology, Wageningen University, The Netherlands.

For successful infection of host plants, a virus must be able to spread from the initially infected cell to neighbouring cells (cell-to-cell movement) and subsequently, through the vascular tissue to infect the plant systemically (vascular movement). Cowpea mosaic virus (CPMV) particles move from cell-to-cell through tubular structures made up of the viral movement protein (MP) in modified plasmodesmata. CPMV vascular movement is assumed to occur through phloem and in order to be transported along the phloem stream, CPMV must enter the phloem sieve element in the inoculated leaf (loading) and exit it in the upper leaf (unloading). Although the cell-to-cell movement of CPMV has been largely investigated, viral and plant factors involved in the vascular movement of this virus are unknown. To facilitate the investigation of vascular movement of CPMV in cowpea plants (*Vigna unguiculata*) the jelly fish green fluorescent protein (GFP) gene was inserted into CPMV genome to act as reporter of virus infection and movement.

The GFP gene was inserted between the MP (48 kDa) and the VP37 coat protein (37 kDa) coding regions in an *in vitro* transcription vector to generate the recombinant M19GFP2A virus. Upon infection with this recombinant, GFP is cleaved from the MP, but inefficiently cleaved from the VP37, what leads to the production of free MP, VP37 and GFP as well as GFP fused to the VP37, the latter resulting in fluorescent virus particles. M19GFP2A is able to replicate and form tubules containing virus particles in protoplasts. *In planta* MP19GFP2A is able to move locally and systemically, like wild type CPMV. Since M19GFP2A is suitable to report virus movement, it was used in all experiments performed.

To determine CPMV preferred unloading sites in systemically infected leaves, cowpea plants were mechanically inoculated with M19GFP2A and detached leaves were immersed in Texas Red dextran to visualise the cowpea vein network in the Laser Scanning Microscope. In these plants, CPMV was unloaded from class I (midvein), class II (branching from midvein) and mostly from class III veins (branching from the class II vein). The minor veins class IV and V apparently do not play any role in virus unloading. The CPMV unloading pattern observed (from class I-III veins) was confirmed by DTI (differential-temperature-inoculation) treatment, which synchronizes virus infection and unloading. The CPMV unloading exclusively from major veins in cowpea plants is in accordance with observations of solute and other virus unloading in *Nicotiana benthamiana* sink leaves. Aiming to map cell types involved in the virus early unloading, M19GFP2A infected leaf material was fixed for *in situ* immunogold localisation of virus proteins. CPMV was detected in epidermal and mesophyll cells, rarely in phloem parenchyma and companion cells and never in sieve elements. Although sieve elements are putatively used for transport of CPMV throughout the plant, sieve elements are not adequate for CPMV replication and

accumulation. Results support that CPMV is unloaded from sieve elements and moves through companion cells and phloem parenchyma cells, possibly without replicating, to mesophyll and epidermis cells.

Subcellular Targeting Of Triple Gene Block Proteins Of Poa Semilatifolius Hordeivirus

Zamyatnin Jr., A.A.¹, Solovyev, A.G.¹, Morozov, S.Yu.¹, Schiemann, J.², Atabekov, J.G.¹; ¹Department of Virology and Belozersky Institute, Moscow State University, Russia; ²Institute for Plant Virology, Microbiology and Biosafety, BBA Braunschweig, Germany.

Transport of viruses in plants requires virus-coded movement proteins (MPs) which enable directed translocation of viral genomes to and through plasmodesmata. Intracellular transport of viruses involves interaction of the MPs with cytoskeleton and membrane systems of host cells. We are studying molecular mechanisms of these interactions using the MPs of poa semilatifolius hordeivirus (PSLV) as a model. Cell-to-cell movement of PSLV is mediated by three MPs encoded by triple gene block and called TGBp1, TGBp2, and TGBp3. TGBp1 protein contains a NTPase/helicase domain and binds RNA to form movement-competent ribonucleoproteins (RNPs). TGBp2 and TGBp3 proteins contain hydrophobic segments and are able to interact with cell membranes. To study subcellular localization of the TGBp2 and TGBp3 proteins of poa semilatifolius hordeivirus, their fusions with GFP and DsRed were constructed. TGBp2 transiently expressed in leaf epidermal cells was localized to endoplasmic reticulum and Golgi complex, whereas TGBp3 was found in the membrane punctate bodies close to the cell wall. Coexpression of TGBp2 with TGBp3 protein induced drastic changes in the TGBp2 localization: TGBp2 appeared in the peripheral bodies similar to those in the cells expressing TGBp3 alone. Specific staining of the ER membranes showed that the punctate TGBp3-induced bodies on the cell periphery were represented by the ER-derived structures. Also the TGBp3-specific bodies were colocalized with callose. Confocal microscopy of epidermal cells in transgenic plants expressing TGBp3 revealed that these bodies formed disconnected pairs on each side of the cell wall. Our data indicate that TGBp3-induced inclusion bodies are derived from the ER-membranes and associated with plasmodesmata-rich regions such as pit fields and that TGBp2 is directed by TGBp3 to plasmodesmata. As localization of TGBp1 to plasmodesmata requires the presence of both TGBp2 and TGBp3, the role of interaction of the TGBp2 and TGBp3 proteins with cell structures in transport of viral movement RNPs to plasmodesmata will be discussed.

Mutational analysis of the methyltransferase domain of alfalfa mosaic virus and its role in replication

Vlot, A.C., Menard, A., Neeleman, L., Linthorst, H.J.M., Bol, J.F.; Institute of Molecular Plant Sciences, Department of Plant Virology, Leiden University, Leiden, The Netherlands; e-mail: c.vlot@chem.leidenuniv.nl

Alfalfa Mosaic Virus (AMV) is a tri-partite positive stranded RNA virus that belongs to the family Bromoviridae. RNAs 1 and 2 encode the replicase proteins P1 and P2, respectively, whereas RNA 3 encodes the movement protein and the capsid protein (CP), which is translated from a subgenomic messenger RNA 4. P1 and P2 are part of the viral RNA-dependent RNA polymerase (RdRp) complex, with P1 containing putative methyltransferase (MT) and helicase domains and P2 containing the putative

polymerase domain. In this study the replicase proteins P1 and P2 were transiently expressed in *Nicotiana benthamiana* leaves using agroinfiltration. Upon infection of the infiltrated leaves with RNA 3 the RdRp-complex supported replication of RNAs 1, 2 and 3 and of the subgenomic RNA 4. To identify *cis*-acting sequences that are important for the assembly of the RdRp, the 3'-UTRs of RNAs 1 and 2 were deleted. This resulted in the formation of an RdRp-complex that supported replication of RNAs 3 and 4, but not of the mutant RNAs 1 and 2. In addition, *in vitro* active RdRp could only be isolated from infiltrated leaves if at least one 3'-UTR was present in the construct, showing that the 3'-UTR of AMV is required for the assembly of the RdRp-complex.

Next, several mutations were introduced in the MT domain of P1 and agroinfiltration was employed to express the mutated RNA 1 constructs in *N. benthamiana* together with RNAs 2 and 3. On the one hand, mutation of highly conserved residues in the MT domain resulted in formation of an RdRp-complex that was able to support both negative and positive strand synthesis *in vivo* and *in vitro* (though to a lesser extent than RdRp containing wildtype P1). In addition, CP was translated from presumably uncapped RNA 4. On the other hand, mutation of other highly conserved residues interfered with replication, blocking it before minus strand synthesis had occurred. The capping function of P1 and the role of this function in AMV replication is currently under further investigation and will be presented.

Similarities and differences between subgenomic and minus strand promoters from a tripartite plant virus

Olthoorn, R.C.L., Bol, J.F.; Institute of Molecular Plant Science, Leiden University, Einsteinweg 55, 2333 CC, Leiden, The Netherlands.

Many plus strand RNA viruses synthesize one or more subgenomic (sg) mRNAs to express downstream open reading frames. Minimal promoter regions required for sg RNA synthesis have been mapped for several viruses. In general, the sequence and/or structure of the sg promoter does not resemble that of the promoter required for minus strand (ms) synthesis. We study replication of Alfalfa mosaic virus, a tripartite plant virus belonging to the family of Bromoviridae. We have shown that ms synthesis requires the 3' terminal 145 nt which fold into a tRNA-like structure (TLS), whereas for synthesis of sg RNA4 a single tri-loop hairpin suffices. Detailed analysis of the ms promoter now shows that a similar tri-loop hairpin is crucial for ms synthesis. In the absence of the TLS, this hairpin (hpE) redirects initiation to internal positions similar to the action of the sg promoter (sgp) hairpin. We demonstrate that hpE and the sgp hairpin can substitute each others functions with almost equal efficiency. Thus, the AMV sgp and ms promoters are basically the same, but the msp is linked to a 3' TLS to force the polymerase to initiate at the very 3' end. Preliminary data suggest that additional contacts between hpE and TLS are required for ms synthesis.

Functionality of the STNV translational enhancer domain correlates with affinity for two wheat germ factors

Van Lipzig, R.¹, Van Montagu, M.¹, Cornelissen, M.², Meulewaeter, F.²; ¹Department of Molecular Genetics, Laboratory of Plant Genetics, University of Ghent, K.L. Ledeganckstraat 35, B-9000, Ghent, Belgium; ²Aventis CropScience NV, J. Plateaustraat 22, B-9000, Ghent, Belgium.

The uncapped satellite tobacco necrosis virus (STNV) RNA requires for translation the translational enhancer domain (TED) in its 3' UTR. TED function is autonomous, as it stimulates *in cis* translation of heterologous uncapped RNA both in wheat germ and in tobacco protoplasts. In this study we show, using a translation competition assay, that TED requires binding of wheat germ factors in order to function. From about 8 wheat germ proteins that directly interact with TED, binding of either a 28 kDa protein (p28) or of a 30 kDa protein (p30) correlates with functionality of TED. These results suggest that TED is able to recruit the translational machinery in two ways, either via binding to p28 or via binding to p30. These two ways may be required for an efficient competition of the viral RNA with endogenous RNAs for the translational machinery in the plant cell.

RNA recombination and host adaptation of cucumber mosaic virus in *Alstroemeria*

Chen, Y.-K., Goldbach, R., Prins, M.; Laboratory of Virology, Wageningen University, Binnenhaven 11, 6709 PD Wageningen, The Netherlands.

The 3' non-translated regions (NTR) of RNAs 2 and 3 of five *Alstroemeria*-infecting cucumber mosaic virus isolates were cloned and their nucleotide sequences determined. Strikingly, additional sequences were found in the central region of the NTRs of four of these isolates. The additional sequence appeared to have arisen by duplication within RNA 2. Subsequent events introduced a part of the duplicated RNA 2 sequence in the NTR of RNA 3. Competition experiments proved that the isolates containing the extra sequences were less fit than wt on tobacco, but fitter on *Alstroemeria*, indicating the biological significance of this recombination event.

Attempts to Detect Recombinations between A and B Type *Beet necrotic yellow vein virus* Genome Sequences in Doubly-Infected and in Transgenic Plants

Koenig, R.¹, Büttner, G.²; ¹c/o Biologische Bundesanstalt, Institut für Pflanzenvirologie, Mikrobiologie und biologische Sicherheit, Messeweg 11/12, D-38104 Braunschweig; ²Institut für Zuckerrübenforschung, Holtenser Landstraße 77, D-37079 Göttingen.

In Europe three variants of Beet necrotic yellow vein virus (BNYVV) have been detected which are remarkably stable in their genome nucleotide sequences. The B type is prevalent in Germany and France and is also found in some parts of the UK, Austria, Poland and Sweden whereas the A type is found predominantly in Southern Europe (Spain, Italy, Yugoslavia), but also in the Netherlands and in parts of Poland, Sweden, Austria and the UK. The P type occurs in a small area around the French town of Pithiviers and surprisingly also in Kazakhstan several 1000 km away. Sugarbeet expressing the coat protein gene of A type BNYVV have been found to be highly resistant against infections with all three types of BNYVV. With some untypical transgenic lines which are still slightly susceptible towards infection we are presently checking whether recombinations between the A type sequences of the transgene and B type sequences of the infecting virus are detectable. For comparison

we are also searching for such events in non-transgenic plants which are doubly-infected with A and B type BNYVV. To improve the sensitivity of the detection of viruses with a recombined genome we have used sense primers which preferentially bind to the A type sequence in the coat protein gene and antisense primers which preferentially bind to a region downstream of the coat protein gene which is not present in the transgene. Originally, many recombinations were found in the doubly-infected though not in the transgenic plants. These recombinations, however, proved to be PCR-mediated artifacts. With modified methods we have so far obtained no evidence for genome recombinations in transgenic or doubly-infected plants.

Tandem array of integrated petunia vein clearing virus (PVCV) sequences as potential inducer of viral infection in petunia

Richert-Poeggeler, K., Hohn, T.; Friedrich Miescher Institute, Maulbeerstrasse 66, CH-4058 Basel, Switzerland.

PVCV is a plant pararetrovirus that infects petunia. The isometric virions encapsidate ds DNA and form inclusion bodies in infected cells similar to those described for caulimoviruses. PVCV is grouped as a separate genus within the family of caulimoviridae because of its divergent genome organization and the phylogenetic analysis of conserved domains within the putative reverse transcriptase gene. In contrast to other caulimoviridae, PVCV is seed transmissible in the natural host *Petunia hybrida* and can be transmitted to other petunia species or *Nicotiana glutinosa* by grafting. Certain host plants do not show any symptoms of virus infection, but PVCV sequences are an integral component of the chromosomal DNA. In order to study the episomal and chromosomal forms of PVCV, full-length clones of these sequences were generated using PCR. Extracted DNA from infected *N. glutinosa* plants that do not contain integrated virus sequences in the genome was used as a template to produce an infectious clone (p72-2) of episomal PVCV. Extracted DNA from healthy *P. hybrida* plants which had no signs of virus infection was used as template to produce a full-length clone (p76) of integrated PVCV DNA. Complementary PCR primers that overlap a single site within the virus genome, were designed so that a complete PVCV genome could be synthesized either from a circularized DNA molecule (episomal minichromosome) or from a tandem array of linearized PVCV DNA in the plant genome.

Evidence that integrated PVCV sequences exist in tandem arrays has been obtained by screening a *P. hybrida* genomic library. Preliminary sequence analysis of three lambda-clones, has revealed that PVCV sequences of various length and orientation are integrated. In one of the constructs it seems that the virus sequences are arranged head to tail. This redundancy of PVCV sequences could provide a template to synthesize full-length pregenomic RNA of the virus and thereby initiate infection by creating episomal virus. Indeed, it is possible to induce a virus infection by activating chromosomal PVCV sequences through stress. When healthy *P. hybrida* plants were mechanically inoculated or bombarded with a particle gun using water, buffer or vector DNA they showed vein clearing symptoms and virions could be detected using electron microscopy 2-7 weeks post treatment .

A novel internal ribosomal entry site with a sequence-specific motif of inverted symmetry directs the *in vitro* and *in vivo* translation initiation at an upstream located AUG codon of potato leafroll virus RNA

Jaag, H.M.¹, Rohde, W.¹, Prüfer, D.²; ¹Max-Planck-Institut für Züchtungsforschung, Carl-von-Linné Weg 10, D-50829 Köln; ²Fraunhofer-Institut für Umweltchemie und Ökotoxikologie, Abt. Applied Genomics, Auf dem Aberg 1, D-57392 Schmallenberg.

Potato leafroll virus (PLRV) genomic RNA acts as a polycistronic mRNA for the production of the three large proteins P0, P1 and P2 encoded by the 5' proximal half of the PLRV genome. Within the P1 coding region, three small open reading frames (sORF) sORF1, 2 and 3 code for polypeptides with molecular weights in the range of 5-7 kDa. For sORF2, the expression mechanism was examined *in vitro* and *in vivo*. A single base substitution within the sORF2 reading frame altering a UGG codon to a UAG stop codon resulted in the complete loss of PLRV replication in protoplasts. *In vitro* translation experiments identified the second AUG codon which - in conjunction with the inverted sequence motif GGAGAGAGAGG located 22 nucleotides downstream - served as an internal ribosome entry site (IRES) for efficient sORF2 translation. Changes in the spacing region between this AUG and the downstream motif as well as changing the GGAGAGAGAGG motif to its complementary sequence resulted in a dramatic reduction of sORF2 expression.

In contrast to described IRES signals, the PLRV IRES is located within a reading frame. Furthermore, the GGAGAGAGAGG motif as part of the IRES signal shows inverted symmetry and is located downstream of the translational start that is governed by internal ribosome entry.

Encapsidation Initiation In Turnip Yellow Mosaic Virus Is Dependent On Protonation Of C-C And C-A Mismatches: A Novel RNA-Protein Interaction

Bink, H.H.J., Hellendoorn, K., Pleij, C.W.A.; Leiden Institute of Chemistry, Leiden University, The Netherlands.

Turnip yellow mosaic virus (TYMV), the type member of the Tymovirus family is characterized by an elevated cytosine content (38%) and a lowered guanine content (18%) of the RNA genome. Structure probing and sequence comparison have shown that the 5' -untranslated region (5' -UTR) consists of conserved hairpins with internal loops containing C-C and C-A mismatches. UV-melting studies on these hairpins showed an increased stability upon lowering the pH from 7 to 4.5 (an environment generated in the chloroplasts where the replication of the virus takes place). A site-specific mutagenesis study revealed the necessity of these protonatable mismatches since sequencing of the virus progeny led to the recovery of reversions re-introducing C-C and C-A mismatches. The preference for these protonatable mismatches was shown in terms of encapsidation efficiency during plant infection. Mutants gave rise to altered ratios of filled virions to empty protein shells (NTC) shifting from 80% for wild type to 25% of filled particles in some mutants. Binding studies of the protonatable (5' -UTR) hairpin with the artificial top component (ATC) will be reported. The presence and need of protonatable C-C and/or C-A mismatches involved in encapsidation (of TYMV RNA) has led us to propose a novel kind of RNA-protein interaction.

Expression of native and modified genes in plants from infectious viral cDNA clones

Harr, U.¹, Koenig, R.¹, Lesemann, D.-E.¹, Santa Cruz, S.²; ¹Biologische Bundesanstalt, Institut für Pflanzenvirologie, Mikrobiologie und biologische Sicherheit, Messeweg

11/12, D-38104 Braunschweig; ²Horticulture Research International East Malling, West Malling, Kent, ME 19 6BJ, UK.

Infectious viral cDNA clones are an attractive tool for the expression of native and modified genes in plants. We have compared the efficacy of cDNA clones of several plant viruses, i.e. Cymbidium mosaic virus, Clover yellow vein virus, Tobacco etch virus, Beet necrotic yellow vein virus RNA 3 and Potato virus X for the expression of the green fluorescent protein gene as a model gene. The best results were obtained with a potato virus X (pTXS)-based construct in which the coding sequences to be expressed are cloned upstream of the coding sequences for the foot and mouth disease 2A peptide and the Potato virus X (PVX) coat protein (Santa Cruz *et al.*, Proc. Natl. Acad. Sci. USA93, 6286, 1996). By means of this vector system the coat protein genes of several plant viruses were expressed. The coat proteins of Tobacco rattle and Tobacco etch viruses assembled into virus-like particles. The influence of various deletions and modifications of these proteins on the assembly process was studied. In addition, we have followed the influence of an overexpression of portions of the triple gene block genes on the multiplication of PVX. Genome areas were identified which are especially effective in slowing down or preventing systemic infections. The efficacy of such areas in inducing resistance in transgenic plants will be studied.

Foreign epitopes presented on PVX particles as synthetic antigens

Uhde, K.¹, Lesemann, D.-L.², Fischer, R.^{1,3}, Commandeur, U.¹; ¹RWTH-Aachen, Institut für Molekulare Biotechnologie, Worringerweg 1, D-52072 Aachen; ²BBA, Institut für Pflanzenvirologie, Mikrobiologie und biologische Sicherheit, D-38104 Braunschweig; ³FhG-IUCT, Abteilung Molekulare Biotechnologie, D-57377 Schmallenberg.

Virus infections of crop plants diminish yields and high health status is an essential requirement for the export of planting material. Therefore the control of virus diseases is very important and in all member states of the EU many serologically tests are done annually to control virus diseases. However, there is no reference material available EU-wide to validate the results.

The aim of our project is to obtain preparations of antigens, in a stable, purified form that will specifically react with the corresponding antibodies. The synthetic antigens consist of peptide epitopes fused to the coat protein of potato virus X (PVX), thus facilitating the epitope presentation on the surface of virus particles. Large amounts of foreign epitope-presenting PVX particles were obtained after inoculation of *Nicotiana benthamiana* plants. The presence and accessibility of foreign epitopes was verified by ELISA and Western blotting and could be visualised by immunogold-labeling in electron microscopy. The antigen preparations will be optimized for practical applicability and their utility in commercial diagnostic kits will be assessed.

Poster

Topographical Studies of TSWV Nucleocapsids by Atomic Force Microscopy (AFM)

Kellmann, J.-W.¹, Liebisch, P.², Paape, M.¹, von Bargen, S.¹, Schmitz, K.-P.², Piechulla, B.¹; ¹Universität Rostock, FB Biowissenschaften, Abtlg. Biochemie, Gertrudenstrasse 11a, D-18057 Rostock; ²Universität Rostock, Institut für

Biomedizinische Technik, Medizinische Fakultät, Ernst-Heydemann-Str. 6, D-18057 Rostock.

The genome of tomato spotted wilt virus (TSWV) consists of three ssRNA species, each bearing partially complementary terminal sequences allowing a pseudocircular or panhandle conformation. The genomic segments are separately encapsidated by multiple copies of the viral N protein forming structures called nucleocapsids (for review: Adkins, 2000), and N-protein interactions have been found to occur between the amino-terminus of one N molecule and the carboxy-terminus of a second (Uhrig *et al.*, 1999).

Studies regarding the TSWV NSm movement protein implied that TSWV can be translocated between plant cells as non-enveloped nucleocapsids via NSm-induced tubular structures, because the diameter of enveloped virus particles (80-110 nm) exceeds the diameter the tubuli (40-45 nm; Storms *et al.*, 1995). In order to proceed studies on nucleocapsid formation and TSWV transport mechanisms, we set up techniques which allow the observation of TSWV nucleocapsids without artefacts associated with imaging methods. Using atomic force microscopy (AFM), topographical structures of nucleocapsids purified from TSWV infected leaves of *Nicotiana rustica* plants have been examined in air using a Topometrix Explorer system in contact mode. Images were obtained showing defined regular rings with diameters between 500 and 1000 nm which are constricted at one position, resembling the proposed panhandle structure of encapsidated genomic RNA. The length of the nucleocapsids extends between 2000 and 2500 nm. Measurements of nucleocapsid cross-sections vary between 2,5 and 25 nm, presumably depending on the ionic strength of respective storage buffers. These results strengthen the hypothesis that TSWV is guided through plasmodesmata as (linearized?) nucleocapsids.

Ref.: Adkins, S.: (2000) Mol. Plant Pathol. 1: 151-157. Storms M.M.H., Kormelink R., Peters D., van Lent J.W.M., Goldbach R.W.:(1995) Virology 214: 485-493. Uhrig J.F., Soellick T.-R., Minke C.J., Philipp C., Kellmann J.-W., Schreier P.H.:(1999) PNAS 96: 55-60.

Ultrastructural Localisation of Beet Yellows Closterovirus Methyltransferase-like and Helicase-like Proteins

Erokhina, T.N.¹, Lesemann, D.-E.², Jelkmann, W.³, Koonin, E.V.⁴, Zinovkin, R.A.⁵, Agranovsky, A.A.⁵; ¹Shemyakin & Ovchinnikov Institute of Bioorganic Chemistry, 117871 Moscow, Russia; ²Federal Biological Research Centre for Agriculture and Forestry, Messeweg 11-12, D-38104 Braunschweig; ³Institute for Plant Protection in Fruit Crops, Schwabenheimer Str. 101, D-69221 Dossenheim; ⁴National Center for Biotechnology Information, NIH, 8600 Rockville Pike, Bethesda, MD 20894, USA; ⁵Department of Virology, Moscow State University, 119899 Moscow, Russia.

Monoclonal antibodies (MAbs) specific to the methyltransferase (MT) and helicase (HEL) domains of beet yellows closterovirus (BYV) were used for immunogold labelling of ultrathin sections of the virus-infected *Tetragonia expansa* plants. The MAbs 4A2 and 4A5 from the MT panel, and 1C4 from the HEL panel specifically labelled distinct closterovirus-induced membranous structures, the 'BYV-type vesicles' thus suggesting that the closterovirus methyltransferase-like and helicase-like proteins co-localise in these structures. Probing of the MT and HEL MAbs with synthetic octapeptides spanning the sequences of the recombinant MT and HEL fragments that had been used as immunogens, showed that 4A5 and 4A2 recognised

a single epitope, SRLLENET (aa 686-692 in the BYV 1a protein) and 1C4 reacted with the DDPF epitope (aa 2493-2496). These epitopes apparently reside on the exposed parts of the membrane-associated molecules of the closterovirus methyltransferase-like and helicase-like proteins. Two other epitopes determined for the MT MABs that were nonreactive in the immunogold labelling, namely TMVTPGEL (aa 750-757; MABs 3C5, 4B4, and 4C5) and SREQLVEA (aa 806-813; MAb 2A4), are possibly buried in the MT domain fold or shielded by membranes or other proteins involved in the viral replicative complex.

Biologically active transcripts from cloned cDNA of Barley mild mosaic bymovirus RNAs

Fomitcheva, V.W., Kuehne, T.; Federal Centre of Breeding Research on Cultivated Plants, Institute for Resistance Research and Pathogen Diagnostics, Theodor-Roemer-Weg, D-06449 Aschersleben.

Barley mild mosaic bymovirus (BaMMV) as one of the agents causing the yellow mosaic disease of winter barley is widespread in Europe and several East Asian countries. It is transmitted by the soil-borne plasmodiophoromycete fungus *Polymyxa graminis*. Although the virus is very sensitive as purified particles, it is able to keep the infectivity in fungal resting spores for more than decade. Up to now very little is known about the specific relation between bymoviruses and *P. graminis*. To create experimental tools for the elucidation of their interaction in more detail full-length cDNA clones of RNA1 and RNA2 of BaMMV were synthesised and their transcripts were produced *in vitro* by run-off transcription under the control of a bacteriophage RNA polymerase promoter. RNA transcripts were used to infect barley plants by mechanical inoculation. Data obtained indicate, that co-inoculated synthetic RNA1 and RNA2 were able to replicate and spread in plants in accordance with the results of RT-PCR applying various sequence specific primers. The different amplicons were cloned and identified finally by sequencing.

Infection of *Nicotiana benthamiana* with Poleroviruses by agrotransformed and agroinfected PLRV full-length clone

Stephan, D.¹, Götz, R.¹, Commandeur, U.², Maiss, E.¹; ¹University of Hanover, Institute of Plant Diseases and Plant Protection, Molecular Phytopathology, Herrenhaeuser Str. 2, D-30419 Hanover; ²Aachen University of Technology, Institute of Biology I, Worringerweg 2, D-52074 Aachen.

Poleroviruses like Potato leafroll virus (PLRV) are limited to phloem tissues of their hosts and a mechanical inoculation is hard to achieve. Therefore infections of plants by PLRV full-length clone recombinant agrobacteria were done. The technique of agroinfection is of special interest in the work with phloem-limited Poleroviruses because it allows to avoid the use of aphid vectors.

For agroinfection a cDNA copy of the PLRV genome was inserted into the T-DNA of pBIN19. After incubation of PLRV full-length clone recombinant agrobacteria together with phenolic compounds and wounded plant cells mobilization of T-DNA occurs. As the viral genome containing T-DNA enters the plant cell an infectious molecule must escape and lead to successful PLRV-agroinfection. This can happen either by transformation of a single plant cell with the full-length clone or by formation of a replicative intermediate.

For agroinfection leaves of *N. benthamiana* were cut right angled to the mid rib and the whole wounded tissue was dipped into a suspension containing the PLRV full-length clone recombinant *A. tumefaciens* cells. In our experiments more than 70% of treated tobacco plants became PLRV-infected. The verification of successful PLRV-agroinfection was done by RT-PCR using specific primers and DAS-ELISA. Development of leaf symptoms could be detected after 4-5 weeks post inoculation.

Using the red fluorescent protein DsRed from *Discosoma* sp. as a reporter protein in higher plants

Dietrich, C., Maiss, E.; University of Hannover, Institute of Plant Diseases and Plant Protection, Molecular Phytopathology, Herrenhaeuser Str. 2, D-30419 Hannover.

The green fluorescent protein (GFP) from *Aequoria victoria* has become a standard genetic marker to visualize cellular events. There have been considerable efforts to create different wave-length mutations of GFP to enable double-labeling experiments. The now offered palette of GFP-mutants has been enriched by the isolation of the GFP-homologue red fluorescent protein DsRed from the non-bioluminescent coral *Discosoma* sp. This new marker differs in its spectral properties dramatically from other fluorescent proteins providing investigations that will use DsRed and other GFP-variants simultaneously. DsRed has been successfully expressed in prokaryotic cells, *Xenopus laevis* and human embryonic kidney cells. In this report we show that DsRed is also an excellent marker in higher plants even if it is co-expressed with the soluble-modified red-shifted GFP-variant smRS-GFP. We used a human codon-optimized variant of DsRed (DsRed1-C1). The transient expression of DsRed 1-C1 and smRS-GFP has been carried out both single and in combination in epidermal cells of *Nicotiana benthamiana* and *Nicotiana tabaccum*. Further on the reporter genes were expressed by using a labeled viral vector derived from an infectious full-length clone of the Potato virus X (PVX).

Phosphorylation of the PLRV 17 kDa movement protein *in vitro* and *in planta*

Paap, K.B.¹, Rohde, W.¹, Prüfer, D.²; ¹Max-Planck-Institut für Züchtungsforschung, Carl-von-Linné Weg 10, D-50829 Köln; ²Fraunhofer Institut für Molekulare Biotechnologie, RWTH Aachen, Institut für Botanik, Worringerweg 1, D-52074 Aachen.

Cell-to-cell movement of the polerovirus potato leafroll virus (PLRV) is restricted to the phloem and mediated by the movement protein pr17 (ORF 4) which binds to genomic RNA via its basic C-terminus and forms multimers via an N-terminally located acidic domain. It is envisioned that such RNPs may move from cell to cell through plasmodesmata. In fact, in PLRV-infected as well as in pr17-transgenic potato plants, pr17 is predominantly located at plasmodesmata connecting companion cells to sieve elements. The pr17 C-terminus contains several putative phosphorylation sites for serine/threonine protein kinases. *In vitro* the bacterially expressed pr17 C-terminus (in form of the GST fusion protein) is phosphorylated by a protein kinase C(PKC)-like activity present in crude membrane fractions from potato (Sokolova et al., 1997).

Exchanges of all serine and 2 threonine residues within the phosphorylation motives as well as pr17 deletion mutants showed that S⁷¹ is the only *in vitro* target of this membrane-associated PKC activity. However, in transgenic potato plants expressing the S⁷¹-mutated pr17 protein, phosphorylation occurs also at other sites. *In planta* this

S⁷¹ mutant protein shows membrane association like wildtype pr17, and also the RNA-binding capacity was not affected by phosphorylation at S⁷¹. Preliminary evidence suggests that phosphorylation of pr17 may alter its specificity of protein-protein interactions.

Sokolova, M., Prüfer, D., Tacke, E., Rohde, W. (1997): The potato leafroll virus 17K movement protein is phosphorylated by a membrane-associated protein kinase from potato with biochemical features of protein kinase C. *FEBS Lett.* **400**: 201-205.

Interaction of Wheat Spindle Streak Mosaic Bymovirus encoded RNA-dependent RNA polymerase with host proteins

Sohn, A., Leclair, S., H. Steinbiß, H.-H.; Max-Planck-Institut für Züchtungsforschung, Carl-von-Linné-Weg 10, D-50829 Köln.

Bymoviruses contain a bipartite single-stranded, plus-sense polyadenylated RNA-genome. Replication initiates at the viral 3' poly(A)terminus. The yeast two hybrid system was used to identify host plant proteins interacting with the RdRp of wheat spindle streak mosaic virus (WSSMV). The RdRp-encoding region of the WSSMV RNA1 was cloned into an appropriate yeast vector. Protein expression in yeast was confirmed by Western blot analysis. Two million clones of a wheat cDNA library (provided by Dr. C. Gutierrez, Madrid) were screened using WSSMV-RdRp as bait. After 14 days 80 growing colonies were further investigated. 21 interactions with the RdRp could be confirmed after isolation and retransformation of the plasmids encoding the putative interactors. Each interacting clone failed to induce reporter genes alone or in combination with the controls, human p53 or with the WSSMV 28kD protein. This indicates a specific interaction with the WSSMV RdRp. Sequence analysis of the clones revealed that 18 clones were true positives and could be divided into 5 classes. 6 of the clones encode the N-terminal part of a protein of 281 amino acids. These clones show homology (ca. 35% amino acid identity) to the N-terminal part of poly(A) binding proteins (PABP) of wheat, *Arabidopsis thaliana*, and cucumber. A similar interaction between zucchini mosaic potyvirus RdRp and a cucumber PABP has been recently published (Wang et al., 2000, *Virology* 275, 433-443). The observed interactions may indicate a role for a host PABP in the viral infection process.

Dissection and functional analysis of the subgenomic promoter of turnip yellow mosaic tymovirus

Schirawski, J.^{1,2}, Voyatzakis, A.¹, Haenni A.-L.¹; ¹Institut Jacques Monod, 2 Place Jussieu, 75251 Paris, France; ²Department of Microbiology, University College Cork, Western Rd, Cork, Ireland. E-mail: schirawski@ucc.ie

Turnip yellow mosaic virus (TYMV) is the type member of the Tymoviridae and infects Cruciferae. It has one single-stranded, positive sense genomic (g) RNA of 6318 nucleotides, that is capped at its 5' end, folds into a tRNA-like structure at its 3' end, and carries three open reading frames (ORFs). The third ORF codes for the viral coat protein (CP) and is expressed via the production of a subgenomic (sg) RNA. The sg RNA is a 5' truncated version of the g RNA containing only the CP ORF. It is presumably produced by the action of the viral RNA dependent RNA polymerase (RdRp), using the g minus strand as template.

We have investigated which elements characterize the sg promoter of TYMV and are thus required for the *in vivo* production of the sg RNA by mutational modification of

the RNA genome and subsequent northern blot analysis of RNA production in *Arabidopsis thaliana* protoplasts. We show that the sg promoter of TYMV contains highly conserved sequence elements, in which single nt exchanges abolish promoter function. A stretch of 500 nt surrounding the conserved sequences contains all the elements necessary for sg RNA production. The sg promoter sequence can be displaced from its natural environment without loss of function. The potential use of the sg promoter of TYMV for the construction of a plant viral vector for *A. thaliana* is proposed.

The tRNA-like 3' end of functional probing of structural elements in TYMV genomic RNA

De Smit, M.H., Zuurmond, A.M., Gulyaev, A.P., Pleij, C.W.A.; Leiden Institute of Chemistry, Leiden University, Leiden, The Netherlands.

The genomic RNA of turnip yellow mosaic virus (TYMV, a tymovirus) is characterized by a structure at its 3' end that strongly resembles tRNA. Viability of the virus *in vivo* requires that the 3' end can be aminoacylated by the plant valyl-tRNA synthetase. Earlier studies on the structural requirements for aminoacylation have yielded ambiguous results. We now present a more systematic analysis, in which the aminoacylatability of various 3' terminal fragments of TYMV RNA was tested *in vitro*, using valyl-tRNA synthetase from yeast. Efficient valylation still occurs with a 79 nt fragment, which corresponds to the tRNA-like structure lacking the 5' strand of the "D-stem". Further trimming to 71 nt completely inactivates the RNA.

In canonical tRNAs, the D-loop and the T-loop form a tertiary interaction that contains a G-Ψ pair (Ψ = pseudouridine). In the known tymoviral and furoviral tRNA-like structures, this G-Ψ pair is replaced exclusively by G-U or A-G, which thus constitute a non-Watson-Crick covariation. We have mutated the corresponding two nucleotides in TYMV cDNA and inoculated Chinese cabbage plants with the mutant transcripts. Initially, only the A-G (wild type) and G-U ("tRNA-like") variants produced symptoms. Later symptoms from other variants were due to "reversion" to either A-G or G-U. Thus, A-G and G-U appear functionally equivalent within the context of TYMV, confirming the proposed loop-loop interaction. Surprisingly, all mutant RNAs were aminoacylated *in vitro* with equal efficiency.

Time Course of DnaJ and NSm Steady-State Protein Levels in Plants After Infection with Tomato Spotted Wilt Virus (TSWV)

Paape, M.¹, von Bargaen, S.¹, Winter, S.², Piechulla, B.¹, Kellmann, J.-W.¹; ¹Universität Rostock, FB Biowissenschaften, Abtlg. Biochemie, Gertrudenstrasse 11a, D-18057 Rostock. ²DSMZ Plant Virus Division c/o Biologische Bundesanstalt, Messeweg 11/12, D-38104 Braunschweig, Germany.

We started to elucidate the molecular transport mechanisms of TSWV by screening for plant proteins that interact with NSm, the TSWV movement protein. DnaJ like chaperones from *Nicotiana tabacum* (tobacco), *Arabidopsis thaliana* and *Lycopersicon esculentum* (tomato) were identified showing an interaction with NSm

in vivo and *in vitro* (Soellick *et al.*, 2000; von Bargen *et al.*, this meeting). To support the notion that NSm and DnaJ like proteins interact *in planta*, one would expect a simultaneous presence of both proteins after infection. Therefore we performed time course experiments for the determination of steady-state levels of NSm and DnaJ like proteins.

Using an uniform population of *Nicotiana rustica* plants, we applied the tissue-print technique for the visualization of native proteins. With polyclonal antibodies against NSm and NSm-interacting DnaJ like proteins we detected NSm 6 dpi in systemically infected leaves, according to Kormelink *et al.* (1994). DnaJ like proteins appeared in systemically infected leaves 7 dpi. In plants which were exposed to a temperature shifted from 21° C to 37° C, the DnaJ like proteins could also be observed, whereas in non-treated leaves DnaJ like proteins have not been inspected. Together these results show that protein levels of NSm-interacting DnaJ like chaperones are increased in response to heat-shock (abiotic stress) or upon virus infection (biotic stress). Remarkably, the DnaJ like proteins are detectable concurrently with the appearance of NSm in systemically infected leaves, implying an interference of both proteins *in planta*. Further experiments will now concentrate on detailed expression studies of the NSm-interacting DnaJ like proteins to elucidate their role during the infection cycle and systemic movement of TSWV in plants.

Ref.: Kormelink R, Storms M, van Lent J, Peters D, Goldbach R (1994): *Virology* 200: 56-65.
Soellick T.-R., Uhrig J.F., Bucher G.L., Kellmann J.-W., Schreier P.H. (2000) *PNAS* 97: 2373-2378.

The Brome mosaic virus subgenomic promoter hairpin is structurally similar to the Iron Responsive Element (IRE)

Haasnoot, P.C.J., Olsthoorn, R.C.L., Bol, J.F.; Institute of Molecular Plant sciences, Leiden University, Einsteinweg 55 2333 CC, Leiden, The Netherlands.

In the family of Bromoviridae the CP gene in RNA 3 is translated from the subgenomic (sg) RNA 4. Analysis of the sg promoters of Alfalfa mosaic virus (AMV) and Brome mosaic virus (BMV) showed that conserved hairpin structures are essential for sg transcription *in vitro*. In this study we show that all basepairs within the stem of the BMV sg hairpin can be reversed without loss of transcriptional activity. We show that the BMV sg hairpin with the six nucleotide loop and the essential transloop G-C base pair has striking structural similarities with the cellular translation regulation Iron Responsive Element (IRE). In addition, structure probing, native gel electroforeses and NMR studies confirm that the transloop G-C base pair is

formed. Furthermore, we speculate that in function the BMV sg hairpin resembles the minus strand core promoter stemloop C (SLC). This has recently also been shown for the AMV sg hairpin and the AMV RdRp recognition site in the minus strand promoter, hairpin E. Mutants in which the BMV sg hairpin was replaced by the SLC were able to direct subgenomic transcription. Preliminary results indicate that the BMV sg promoter hairpin can also substitute for the SLC.

Overcoming of transgenic resistance to PVY^N by PVY^N-Wi enabled a following co-infection with a PVY^N-strain

Mattern, D.¹, Matousek, J.², Schubert, J.¹; ¹Bundesanstalt für Züchtungsforschung, Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik, Theodor-Roemer-Weg 4, D-06449 Aschersleben; ²Institute of Plant Molecular Biology, Branišovská 31, 370 05 České Budejovice.

We investigated the PDR of different clones of transgenic potatoes, transformed with an truncated Nib, fused with EBFP, against distinct PVY^N strains. Resistance has been obtained through transformation of an altered PVY Nib fragment. Resistance stretched from immunity to recovery.

Under field conditions the immunity of Linda Nb58 to PVY^N was overcome in some cases. In contrast, all plants with recovery resistance were infected. One isolate, #5 from Linda Nb58, reacted with anti-PVY^{O/C}-specific MAb's but not with anti PVY^N/PVY^C-specific MAb's. The other 3 isolates reacted with PVY^N as well as O specific MAb's.. Isolate #5 evoked necrosis typical for PVY^N on tobacco. Consequently, it behaved like a PVY^N-Wi isolate and could be a new isolate of the PVY^N-Wi subgroup. Mixed isolates did not cause necrosis on tobacco.

The amino acid and nucleotide sequences of the Nib of the resistance breaking isolate #5 were analysed. In all phylogenetic analysis it was more related to WILGA isolate than an O strain, thus confirming serological data. Apparently, infection with #5 promoted a subsequent co-infection by a N strain. Presence of different strains was also confirmed by constant denatured gel electrophoresis (CDGE). Transcript heteroduplexes of the PVY^N-Wi and the N strains exhibited different rates of migration in gel which enabled their following PCR reamplification and sequencing. Sequence similarity between the transgenic Nib construct and infecting PVY^N-Wi strain was 84%, similarity of the amino acid level 94%. In contrast, the similarity to other NTN-isolates was over 98%. May be one reason for overcoming the resistance was the low level of sequence homology between both isolates.

Studies of the nuclear transport of African cassava mosaic virus coat protein

Unsel, S., Höhnle, M., Ringel, M., Frischmuth, T.; Universität Stuttgart, Biologisches Institut, Abt. Molekularbiologie und Virologie der Pflanzen, Pfaffenwaldring 57, D-70550 Stuttgart.

Geminiviruses are small phytopathogenic viruses with mono- or bipartite circular single stranded genomes encapsidated in twinned (geminate) particles. The coat protein (CP) of geminiviruses is involved in a number of processes during the life cycle of the virus. The predominant function is encapsidation of single stranded DNA and formation of the particle to protect viral DNA during transmission. The CP of monopartite geminiviruses is absolutely essential for viral movement whereas CP mutants of bipartite geminiviruses are able to infect some host plants systemically, indicating an involvement of the CP in host specificity.

During the life cycle of geminiviruses, the viral DNA enters the nucleus of the infected cell where virus replication, transcription and encapsidation occur. For systemic infection, the virus moves cell-to-cell from the site of inoculation to vascular tissue and via phloem to other plant tissues. To move viral DNA has to shuttle in and out of the nucleus and through plasmodesmata.

Parts of the bipartite African cassava mosaic virus (ACMV) CP were fused with green fluorescent protein (GFP). CP domains were identified which mediate both nuclear import and export, as well as targeting of CP-fusion proteins to the cell periphery. These results indicate that domains of the CP facilitate several aspects of geminiviral movement including nuclear import and export, and transport of the viral genome to the cell periphery.

Viroid pathogenesis: Interference with transcriptional regulation?

Timmermann, C.¹, Werner, R.¹, Hartung, F.², Mühlbach, H.-P.¹; ¹Institut für Allgemeine Botanik und Botanischer Garten, Universität Hamburg, Ohnhorststrasse 18, D-22609 Hamburg; ²Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK), Corrensstrasse 3, D-06466 Gatersleben.

Viroids are the smallest known plant pathogens, which consist of a circular, single stranded and unencapsidated RNA. As they do not code for any proteins it is proven that viroids are dependent on host factors., e.g. in the replication process and for their intra- and intercellular transport. The nature of such factors and their putative function in viroid pathogenesis is completely unknown. There is accumulating evidence that viroids exert their biological function in many ways. For instance, in viroid infection stress-hormones like ethylene are induced as a result of plant pathogen interaction. In addition, the pattern of protein phosphorylation is altered in viroid infected plants probably due to transcriptional activation of protein kinases. Viroid induced RNA directed DNA methylation in gene silencing, as it is known from viruses, has also been discussed frequently. In all these cases the direct interaction of the viroid RNA with host components (i.e. proteins) leads to an interference with gene transcription. Recently, we have identified by viroid-binding-studies a myb-related transcription factor which may help to understand the process of viroid pathogenesis.

Detection of four apple viruses by one-tube multiplex RT-PCR assays with coamplification of plant mRNA as internal control

Menzel, W.¹, Jelkmann, W.², Maiss, E.¹; ¹Universität Hannover, Institut für Pflanzenkrankheiten und Pflanzenschutz, Herrenhäuser Strasse 2, D-30459 Hannover;

²Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Institut für Pflanzenschutz im Obstbau, Schwabenheimer Str. 101, D-69221 Dossenheim.

Two multiplex RT-PCR assays with specific coamplification of plant mRNA as internal control out of total nucleic acids (TNA) are described for the parallel detection of Apple chlorotic leaf spot virus (ACLSV), Apple stem pitting virus (ASPV), Apple mosaic virus (ApMV) and Apple stem grooving virus (ASGV), which are economically important and common pathogens in commercial apple cultivars. Four virus specific primer pairs and one primer pair which allows the specific amplification of mRNA of the mitochondrial *nad5* gene are described. Specificity of all primer pairs was confirmed by sequencing of RT-PCR products. A range of different virus isolates of various geographic origins could be detected by these multiplex RT-PCR assays all the year. Viruses were reliably detected in composite extracts at a ratio of one part total nucleic acid extract from an infected sample mixed with 39 parts of extract from healthy samples. The use of this internal control would minimize the risk of obtaining false negative RT-PCR results, which is desirable for routine testing. To our knowledge, this is the first report on a specific internal RNA control out of TNA, avoiding the elimination of contaminating DNA in extracts. The described multiplex RT-PCR assays are reliable, fast and sensitive methods for the detection of these viruses and may replace commonly used techniques like indexing by woody indicators or ELISA.

Detection of Soil-borne rye mosaic virus (SBRMV) and its transmission by *Polymyxa graminis* Led. under controlled conditions

Kastirr, U., Rabenstein, F., Kühne, T.; Federal Centre of Breeding Research on Cultivated Plants, Institute for Resistance Research and Pathogen Diagnostics, Theodor-Roemer-Weg 4, D-06449 Aschersleben.

The increase of the spread of *Polymyxa* transmitted viruses in rye and wheat in Germany was clearly observed at the beginning of 1980 th years. Especially the furovirus Soil-borne rye virus (SBRMV) causes efficient loss of yield in rye. In the area of cultivation of rye in Sachsen-Anhalt (Saxony-Anhalt) and Niedersachsen (Lower Saxony) SBRMV isolates were obtained from 8 different locations, detected using DAS-ELISA and IC-RT-PCR and analysed according to their sequences in the short fragment of RNA 1. Among these isolates the C- and G-types of different virus strains based on their nucleotide sequences were established.

The susceptibility of several cereal varieties to the SBRMV was tested. These investigations prove that this virus is not specialised to rye only.

For the virus transmission by *Polymyxa graminis* under controlled conditions the infection method including *P. graminis* isolates from different locations was established. This method make possible the assessment of virus infection in proofed genotypes 8 weeks after inoculation. Consequently this method is suitable for the preliminary screening of selection material under controlled conditions independently of vegetation.

Lettuce necrotic stunt virus - a new tomosvirus causing diseases of lettuce and tomato in the western United States

Obermeier, C.¹, Sears, J.L.², Wisler, G.C.², Liu, H.-Y.², Schlueter, K.O.², Duffus, J.E.², Koike, S.T.³; ¹Humboldt-Universität zu Berlin, Institut für Gartenbauwissenschaften, Fachgebiet Phytomedizin, Lentzeallee 55-57, 14195 D-Berlin; ²USDA-ARS, 1636 E.

An isometric virus that is distinct from but serologically related to tomato bushy stunt tombusvirus (TBSV) and Petunia asteroid mosaic tombusvirus (PAMV) was shown to be responsible for a disease of lettuce in California and Arizona and for a disease of tomatoes in Colorado and New Mexico. Characteristic symptoms include severe stunting, necrosis and dieback of lettuce plants. The disease was mainly associated with fields that had been flooded by the Salinas river in California in recent years. A tombusvirus was frequently isolated from tomatoes grown under hydroponic greenhouse conditions in Colorado and New Mexico. Characteristic symptoms include stunting, yellowing of the leaves, fruit and flower abortion and internal fruit necrosis. Clones derived from a portion of the 3' -end of the viral genomic RNAs recovered from lettuce and tomato revealed identical sequences, but 12-17% divergence to previously described TBSV and PAMV strain sequences. In addition, viruses were recovered from lettuce and tomato plants in the western United States that were closely related to previously described TBSV isolates and to cucumber necrosis tombusvirus (CNV). Nucleic acid sequence and Western blot analyses revealed that some of the virus isolates recovered from diseased lettuce and tomato plants in the western United States are distinct from previously described tombusviruses and should be considered as a new tombusvirus species we propose to name lettuce necrotic stunt virus (LNSV).

Identification of parsley virus Y on dill

Kusterer, A., Rabenstein, F., Ehrig, F., Gabler, J., Kühne, T.; Federal Centre for Breeding Research on Cultivated Plants, Institute of Resistance Research and Pathogen Diagnostics, Theodor-Roemer-Weg 4, D-06449 Aschersleben.

Field grown dill plants are often stunted and have yellowish or reddish leaves what indicates for a disease. To identify possible infecting agents more than 100 isolates of *Fusarium* and *Alternaria* spp. originating from symptom bearing plants were investigated in a first approach for their pathogenicity to dill under greenhouse conditions. None of the isolates turned to be pathogenic. In a next step isometric and flexuous elongated virus particles were visualised in the electron microscope in crude sap samples of apparently infected plants. Test plant species inoculated mechanically with the sap reacted with the following symptoms: *Gomphrena globosa* and *Chenopodium quinoa* - local necroses, *Nicotiana clevelandii* - ring spot lesions, *N. occidentalis* - vein anching. Only elongated but no isometric particles were found in *C. quinoa* leaves with symptoms. They were decorated by antisera against both Celery mosaic potyvirus (CeMV) and Parsley virus Y (ParVY). In DAS-ELISA the extinction values obtained with the ParVY specific antibodies were higher than those for the CeMV system. Using a pair of primers specific for ParVY a 420 bp fragment corresponding to a region of the viral coat protein gene was amplified by RT-PCR starting with RNA preparations of both naturally infected dill and mechanically inoculated *C. quinoa* plants, respectively. The nucleotide sequence of the cloned PCR product clearly confirmed the presence of ParVY in field grown dill plants.

Characterization of little cherry virus 2

Rott, M. E., Jelkmann, W.; Federal Biological Research Center for Agriculture and Forestry, Institute for Plant Protection in Fruit Crops, Schwabenheimer Straße 101, D-69221 Dossenheim.

Little cherry is a complex viral disease with at least 2 causal agents. The genomic sequence of little cherry closterovirus (LChV), obtained from a German isolate of little cherry disease LCD, has been determined (Jelkmann *et. al.*, 1997). This virus could be detected in some, but not all trees infected with (LCD) by RT-PCR. Work by others (Eastwell, 1996) identified a second closterovirus associated with LCD in Canada. To better understand the etiology of LCD and investigate the relation between LCD in North America and Europe, we have determined the second complete genomic sequence of a closterovirus associated with LCD. Based on limited sequence comparisons, this closterovirus would appear to the same virus identified by Eastwell and very different from LChV identified by Jelkmann *et. al.* To differentiate these viruses, we have renamed LChV little cherry virus -1 (LChV-1) and the second closterovirus little cherry virus -2 (LChV-2). The LChV-2 genomic organization is very unusual compared to other closterovirus with several gene rearrangements. Furthermore, the presence of a 5' negative sense ORF of unknown function, would make LChV-2 the first closterovirus with a putative ambisense genome. PCR primers designed to the LChV-2 sequence were able to amplify the expected product from LCD trees which tested negative for LChV-1. Samples from both North America and Europe tested positive to either virus. Several samples tested positive to both LChV-1

and -2 suggesting a mixed infection. From one LCD sample, a specific product could not be amplified with either the LChV-1 or LChV-1 primers by PCR.

The genome organisation of Strawberry mottle virus, a member of the Comoviridae

Thompson, J.R.¹, Schoen, C.D.², Lindner J.L.², Jelkmann, W.¹; ¹Biologische Bundesanstalt, Institut für Pflanzenschutz im Obstbau, Schwabenheimer Straße 101, D-69221 Dossenheim; ²Plant Research International, Business Unit Biointeractions and Plant Health, P.O. Box 16, 6700 AA Wageningen, Netherlands.

Strawberry mottle virus (SMoV) was transmitted from *Fragaria vesca* to *Chenopodium quinoa* and *Nicotiana occidentalis* 37B. Attempts to obtain a viral template of SMoV by virion purification proved unsatisfactory, either due to low virus titre in the plant or particle instability. After transmission of SMoV from *Fragaria vesca* to *N. occidentalis* 37B two infection-associated dsRNA bands of 7.8 and 6.3 kbp could be readily detected. These double-stranded RNA's were used for the development of a cDNA library in *Escherichia coli*. After sequencing the available clones, lacking sequence areas were filled by generating PCR clones derived from primers based on the known sequence. The 5' and 3' ends were determined likewise by Rapid Amplification of cDNA Ends (RACE). RNA1 of SMoV is ca.7,000nt in length, and encodes for one polyprotein of 206kD which includes a putative protease cofactor, membrane binding protein, VPg protein, protease and a RNA dependent RNA polymerase. Sequence similarity of RNA1 was found with, Satsuma dwarf virus (30%), Broad bean wilt virus (26%) and Apple latent spherical virus (24%). RNA2 is ca. 5,600nt in length and encodes for one polyprotein of 205kD which includes a hypothetical movement protein and a coat protein with a 20% sequence similarity to Citrus mosaic virus (20%) and Navel orange infectious mottling virus (18%). Any similarity in the coding region upstream from the coat protein with movement protein viral sequences in the database was not found. Both RNA1 and 2 have long non-coding regions of 1,232 and 1,158nt respectively, with a sequence homology of 93%. Given the unique features of the virus it is suggested that SMoV may represent a new genus within the family Comoviridae.

A hitherto undescribed potyvirus that is serologically closely related to Leek yellow stripe virus but infects onion and shallot

Barg, E.¹, Mavric, I.², Lesemann, D.-E.¹, Vetten, H.-J.¹; ¹Biologische Bundesanstalt, Institut für Pflanzenvirologie, Mikrobiologie und biologische Sicherheit, Messeweg 11/12, D-38104 Braunschweig; ²National Institute of Biology, Ljubljana, Slovenia .

Although there is considerable intra-species variability in the 3'-terminal sequences of strains of *Allium*-infecting potyviruses, such as Leek yellow stripe virus (LYSV) and Onion yellow dwarf virus, their natural host ranges are largely very restricted. Whereas OYDV strains chiefly infect either onion and shallot (two subspecies of *A. cepa*) or garlic (*A. sativum*), the principal natural hosts of LYSV strains are leek (*A.*

ampeloprasum) and/or garlic. When large numbers of shallot and onion samples were analysed by ELISA using a range of mono- and polyclonal antibodies to *Allium* viruses, some onion and shallot samples gave clearly positive reactions with a LYSV antiserum. This was unexpected as recognised LYSV strains have been known to infect garlic and/or leek but not shallot and onion. This prompted us to study an onion isolate from Slovenia (O-115) and a shallot isolate from Russia (Sh-451) in greater detail.

Similar to most leek isolates of LYSV, O-115 and Sh-451 could not be maintained in *Chenopodium quinoa*. Decoration titre experiments revealed that these two isolates also deviated serologically from typical LYSV strains. Molecular analysis of the 3'-terminal sequences of O-115 and Sh-451 showed that they shared an identity of about 97% to each other and were genetically related to, but clearly distinct from, LYSV strains. When the coat protein (CP) amino acid (aa) sequences of O-115 and Sh-451 were aligned with those of LYSV strains, only the DAG motif and five further randomly distributed aa of the 48 N-terminal aa residues of O-115 and Sh-451 resulted in perfect matches with the 51 N-terminal aa residues of all known LYSV isolates from garlic and leek. The aa sequences of the CP cores of O-115 and Sh-451 had a similarity ranging from 79 to 84% with those of LYSV strains, whereas the similarity among the CP core sequences of LYSV isolates from garlic and leek ranged from 86 to 99%. Most importantly, however, the 3' -nontranslated region (3' -NTR) of O-115 and Sh-451 was 752 and 750 nucleotides, respectively, and was, thus, about 155 nucleotides larger than that of the LYSV isolates. This resulted primarily from an insert of 156 nucleotides which comprised several iterative elements. Moreover, the 3'-NTR sequences (excluding the insert) of O-115 and Sh-451 shared identities of 67 to 71% with those of the garlic and leek strains of LYSV which were <90% identical in their 3' NTRs. Based on biological properties, the low similarity levels in CP aa and 3'-NTR sequences with garlic and leek strains of LYSV and the unusually large size of the 3'-NTR, we propose to regard the onion and shallot isolates O-115 and Sh-451 as isolates of a new potyvirus species infecting *Allium*.

A new rhabdovirus found in *Alstroemeria caryophyllea*

Bouwen, I.; Plant Research International B.V., P.O. Box 16, 6700 AA Wageningen, The Netherlands.

Alstroemeria is an important cut flower in Dutch horticulture. Several viruses have been described, among which are *Alstroemeria* flower banding virus, *Alstroemeria* mosaic virus, Cucumber mosaic virus, *Impatiens* necrotic spot virus, Lily mottle virus, Lily symptomless virus, *Ornithogalum* mosaic virus (OrMV), Tobacco rattle virus and Tomato spotted wilt virus.

During a survey for an European Commission-funded project on viruses of *Alstroemeria*, an *A. caryophyllea* plant was found expressing virus-like symptoms, including dark green vein banding, necrotic spots, and flower color breaking. In enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA), a positive reaction was obtained with antiserum to OrMV. After mechanical transmission virus-like symptoms were obtained on several test plants, among which were *Chenopodium quinoa*, *Nicotiana benthamiana* and *N. occidentalis* subsp. *obliqua* P1. However, *Nicotiana* species are no hosts for OrMV. In the electron microscope crude sap preparations of infected *N. occidentalis* subsp. *obliqua* P1 showed the presence of typical rhabdovirus-like particles, indicating that the *A. caryophyllea* plant was infected both by OrMV and a rhabdovirus. In ultra-thin sections of leaf material of infected *N. benthamiana* these

particles were found in the cytoplasm, indicating that the virus was most likely a cytorhabdovirus. An antiserum produced to this virus readily detected it in ELISA in samples of *A. caryophylllea* and infected test plants. Testing several other rhabdoviruses in ELISA did not reveal a serological relationship. The results of the characterisation of this new rhabdovirus will be presented.

Characterisation of a New Tomato Mosaic Virus Strain Breaking the Resistance Genes *Tm-1* and *Tm-2* in Tomato (*Lycopersicon esculentum*)

Strasser, M., Weber, H., Pfitzner, A.J.P.; Department of General Virology, Institute of Genetics, University of Hohenheim, D-70599 Stuttgart.

ToMV1-2 is a new strain of tomato mosaic virus, which spreads systemically on ToMV resistant *Lycopersicon esculentum* var. Craigella lines, homozygous for the *Tm-1* resistance gene (GCR237), for the *Tm-2* resistance gene (GCR236) or for the *Tm-1* and the *Tm-2* resistance gene (GCR254). Sequence analysis of the 6384bp cDNA of ToMV1-2 revealed 30 nucleotide exchanges compared to the genomic ToMV RNA, two of which lead to amino acid exchanges in the helicase domain of the replication proteins. Four additional amino acid exchanges were found, two in the C-terminal part of the movement protein and two at the N-terminus of the coat protein. To analyse, which of these amino acid exchanges in the ToMV1-2 gene products are responsible for the specific resistance breaking phenotype, we used recombinant viruses. Two recombinant viruses were constructed in the background of wildtype ToMV: ToMVmutRep contains the base substitutions which lead to the amino acid exchanges in the coding sequences of the replication proteins, whereas ToMVmutMP contains the base substitutions which alter two amino acids of the movement protein. It could be shown, that ToMVmutRep breaks the *Tm-1* resistance, whereas ToMVmutMP is able to overcome the *Tm-2* resistance. These data indicate, that there are specific interactions between the viral replication complex and the *Tm-1* resistance gene and between the viral movement protein and the *Tm-2* resistance gene. Furthermore it is implicated, that viruses which overcome both resistance genes are arranged in a modular manner.

Characterisation of sunflower necrosis virus, an ilarvirus related to tobacco streak virus

Winter, S.¹, Butgereit, A.¹, Ravi, K.S.²; ¹Abteilung Pflanzenviren, c/o BBA Braunschweig; ²Mahyco Life Sciences Research Centre, Aurangabad, India.

A serious disease of sunflower with putative virus aetiology was found occurring in all major sunflower growing regions in India. Symptoms of the disease vary with genotype and range from leaf curling and general necrosis to chlorotic and necrotic ring spots and stem necrosis. Infection rates up to 90% in affected fields result in a largely suppressed seed formation in sunflower which often means the complete loss of the crop. Despite reports of tospoviruses present in diseased plants, viruses of this genus were not verified by ELISA against all known virus species, mechanical inoculations to a series of tospovirus indicator plants and, electron microscopy. In sunflower necrosis inoculated and systemically infected *Chenopodium foliosum* plants spherical, ilarvirus-like particles were observed. Back transmission tests to different sunflower genotypes confirmed the infectivity of the ilarvirus and indicated for this virus being the causative agent of sunflower necrosis disease. The virus was purified using an ilarvirus isolation protocol and an antiserum was subsequently raised. In

infected plants and purified protein preparations a putative coat protein of approx. 30 kDa in size was demonstrated and confirmed by western blot analysis. Reciprocal decoration tests in EM with SNV and TSV antiserum confirmed the close relationship of SNV with TSV. Primers deduced from conserved sequences within the TSV RNA 3 and covering the coat protein region amplified a 900 bp dsDNA fragment. Sequence analysis of RNA 3 is underway to elucidate the relationship of sunflower necrosis virus to tobacco streak virus.

Johnsongrass chlorotic stripe mosaic virus, a new member of the genus *Aureusvirus*

Koohi Habibi, M.¹, Winter, S.², Koerbler, M.², Arbabi Ghahroudi, M.¹, Izadpanah, K.³; ¹National Research Center for Genetic Engineering and Biotechnology, P.O.Box 14155-6343, Tehran, Iran; ²DSMZ, Abteilung Pflanzenviren, c/o BBA Braunschweig; ³Department of Plant Protection, Agricultural College, Shiraz University, Shiraz, Iran.

The complete nucleotide sequence of Johnsongrass chlorotic stripe mosaic virus (JCSMV) was determined and the sizes and locations of the predicted viral proteins deduced. The ssRNA genome consists of 4421 nt and comprises 5 ORF. The structural organisation of the genome is almost identical to members of the genera of the Tombusviridae however the genome is smaller than the genome other members of this virus family and there are no sequence homologies indicating for a close relatedness of JCSMV to other tombusviruses. ORF 1 terminates with a leaky amber codon resulting in a readthrough protein of approx. 90 kDa and containing the conserved RdRp motifs. The 39-40 kDa ORF 3 encodes the coat protein (CP), whereas ORF 4 (24 kDa) codes for the putative movement protein and overlaps with ORF 5 (16kDa) a protein which is probably involved in symptom expression. Upon alignment of the polymerase domains of several tombusviruses, JCSMV formed a cluster with cucumber leaf spot (CLSV) and pothos latent virus (PoLV) which was distinct from all other tombusvirus RdRp included in the analysis. This was substantiated with the alignment of putative movement proteins (ORF 4). However, when CP amino acid sequences were aligned, JCSMV CP, although only related with PoLV CP to 35%, formed a cluster with the virus from pothos, whereas CLSV aligned with melon necrotic spot virus CP. Our results with JCSMV suggests that this virus isolated from Johnsongrass qualifies as a new member of the recently established genus *Aureusvirus*, in the family Tombusviridae.

Characterization and identification of a potyvirus from *Poa pratensis*

Rabenstein, F.¹, Mühlheim, H.¹, Wesemann, M.¹, Ehrig, F.¹, Stenger, D.², French, R.²; ¹Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen, Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik, Postfach 1505 D-06435 Aschersleben; ²USDA-ARS and Department of Plant Pathology, Lincoln, USA.

Filamentous particles were observed by electron microscopy in leaves of *Poa pratensis* plants found in gene bank material with mild mosaic symptoms. The virus was easily transmissible by mechanical inoculation to oat, maize (SDP2) and *P. pratensis* but not to wheat, rye or barley. The symptoms on oat appeared at first as chlorotic lines on emerging leaves and developed later in irregularly shaped necrotic areas. The virus was propagated on oat cv. 'Bruno' and purified by ultracentrifugation for antiserum production in rabbits. Based on immunological methods,

electron microscopy and host range studies the virus isolated from *P. pratensis* was identified as an isolate of Oat necrotic mottle virus (ONMV-Pp). The cytoplasm of mesophyll and phloem cells of *P. pratensis* contained, in addition to filamentous virus-like particles, cylindrical inclusions (pinwheels). The virus did not react with antisera to Agropyron mosaic, Brome streak mosaic (BrSMV), Hordeum mosaic, Maize dwarf mosaic, Ryegrass mosaic, Spartina mottle or Sugarcane mosaic viruses. In contrast, a very close serological relationship of ONMV-Pp was found to the type strain of ONMV deposited in the ATCC. A relatively close serological relationship was also found to several isolates of Wheat streak mosaic virus (WSMV) in DAS-ELISA and in Western blots (CP-ONMV-Pp app. 42 kD). The virus was detected in oat plants by IC-RT-PCR using the potyvirus universal primers RCF1 and poty U. That ONMV is the most closely related virus species to WSMV was also confirmed by sequencing of the 2 kb 3' -terminaend of the ONMV-Pp genome which showed between 83.8 and 84.6 % sequence identity to different WSMV isolates however only 56.4 % amino acid sequence identity to BrSMV. On the basis of its close relationship to WSMV it was concluded that ONMV is a member of the new genus Tritimovirus and should not more included in the genus Rymovirus. The virus, previously only known from Canada, was identified for the first time in Germany.

Naktuinbouw (Netherlands Inspection Service for Horticulture)

Huttinga, H., van Zaayen, A.; Naktuinbouw, Sotaweg 25; P.O. Box 135, 2370 AC Roelofarendsveen, the Netherlands; e-mail: h.huttinga@naktuinbouw.nl, Fax: + 31 71 331 30 30

Naktuinbouw is a new organisation that was founded January 1, 2000, following a merger between NAKB (Inspection Service for Floriculture and Arboriculture) and NAKG (Inspection Service for Vegetable and Flower Seeds).

Naktuinbouw implements the Dutch Seeds and Planting Materials Act and the European legislation relating to propagative material in arboricultural, floricultural and vegetable sectors.

The activities of Naktuinbouw cover the entire Dutch horticultural sector. The Dutch Ministry of Agriculture, Nature Management and Fisheries has charged Naktuinbouw with the duty of inspecting propagating material and supervising nurseries and companies that produce and/or trade in propagating material. As required under Dutch law, Naktuinbouw has organisationally and financially separated its public tasks (the statutory inspections) from its private tasks (services).

The specialised test laboratories of Naktuinbouw support the public and private tasks of the organisation. Over 1.000.000 samples a year of ornamental crops, vegetables and tree-nursery plants are tested for a wide range of viruses (c. 80) using ELISA. If necessary indicator plants are used and PCR and other molecular-biological methods are available for detecting viruses on the basis of their nucleic acid characteristics. E.g. PCR is used to detect incomplete strains of TRV and bi-directional electrophoresis for detecting viroids.

Tests for bacteria, fungi and phytoplasmas vary from growing on (selective) media, microscopical examination, immunofluorescence (IF), immunofluorescence colony-staining (IFC), electrophoresis, and pathogenicity tests, to PCR. The latter is often applied to confirm the identity of isolated bacteria. *Agrobacterium tumefaciens* can be detected in various crops with a bio-PCR within a week. For *Verticillium dahliae* the presence of sclerotia in soil can be tested.

Meristem culture is applied on a small scale to obtain disease-free material of certain crops, e.g. alstroemeria, cymbidium, hydrangea, kalanchoë, etc. On request, the obtained disease-free plantlets can be stored *in vitro* (e.g. chrysanthemum varieties). Tests for resistance not only cover resistance to virus and fungal diseases, but also resistance to insect damage (trips, whitefly, aphids). In recent years Naktuinbouw has widened its market to other European countries, as well.

The tomato gene *Sw5* is a member of the coiled coil, nucleotide binding, leucine-rich repeat class of plant resistance genes and confers resistance to TSWV in tobacco

Prins, Th.W.¹, Spassova, M.I.², Hille, J.², Goldbach, R.W.¹, Prins, M.¹; ¹Laboratory of Virology, Wageningen University, Binnenhaven 11, 6709 PD Wageningen, The Netherlands; ²Department Molecular Biology of Plants, Groningen University, Kerklaan 30, 9751 NN Haren, The Netherlands.

Tomato spotted wilt virus is an important threat to tomato production worldwide. A single dominant resistance gene locus, *Sw5*, originating from *Lycopersicon peruvianum*, has been identified and introgressed in cultivated tomato plants.

Here we present the genomic organisation of a 35,250 bp fragment of a BAC clone overlapping the *Sw5* locus. Two highly homologous (95%) resistance gene candidates were identified within 40 kb of the CT220 marker. The genes, tentatively named *Sw5-a* and *Sw5-b* encode proteins of 1245 and 1246 amino acids, respectively, and are members of the coiled coil, nucleotide binding-ARC, leucine-rich repeat group of resistance gene candidates. Promoter and terminator regions of the genes are also highly homologous. Both genes significantly resemble the tomato nematode and aphid resistance gene *Mi* and, to a lesser extent, *Pseudomonas syringae* resistance gene *Prf*. Transformation of *Nicotiana tabacum* var. SR1 plants revealed that the *Sw5-b* gene, but not the *Sw5-a* gene, is necessary and sufficient for conferring resistance against tomato spotted wilt virus.

Arbeitskreis Integrierter Pflanzenschutz

Arbeitsgruppe Kartoffel

Tagung am 07.03. - 08.03. 2001 in Braunschweig

Studies on biocontrol of soft rot *Erwinia* on potatoes with bacterial antagonists

Abdel-Alim, A.I.¹, Mikhail, M.S.¹, Barakat, F.M.¹, Laux, P.², Zeller, W.²

¹ Faculty of Agriculture, Department of Plant Pathology, Cairo University, Egypt;

² Biologische Bundesanstalt für Land und Forstwirtschaft, Institut für biologischen Pflanzenschutz, Heinrichstr. 243, 64287 Darmstadt.

Soft rot bacteria are the main cause of post-harvest decays in many vegetables all over the world. They induce serious losses on several vegetables at transit or in markets where the products are sold. Biocontrol by antagonistic agents has been investigated recently as a potential method to control soft rot bacteria in most vegetables especially potatoes. Antagonists were selected according to the production of inhibition zones on different media by using chloroform vapour method against *Erwinia carotovora* subsp. *carotovora* 429 and *Erwinia chrysanthemi* 1229. From 69 antagonistic bacteria, we found that 12 bacteria achieved inhibition zones on King's B medium against *E.c.c.429* and 11 bacteria against *E.chry.1229*. Four bacterial antagonists against *E.c.c.429*, *Bacillus subtilis* 24 and three other isolates were tested also on the experimental field of the BBA, Darmstadt. As potato variety was used "Agria".

Figures followed by the same sign do not differ significantly (ANOVA, T-test = 0,05%)

*C = Potatoes treated with *E.c.c.429* and formulation (xanthan gum / talc) without antagonistic bacteria.

148 , 160 , B.s.24 , E 12 = Potatoes treated with *E.c.c.429* and formulation (xanthan gum / talc) and antagonistic bacterial isolates.

The two bacterial isolates, 160 and E12 performed best in the laboratory as well as in field against *E.c.c.429*. Field trials indicated that 160 and E12 are potentially useful in suppressing *E.c.c.429* and/ or promoting potato growth and yield. Finally, we compared between *Erwinia* species and also antagonistic bacteria based on 16S rRNA.

Untersuchungen zur Epidemiologie von *Ralstonia solanacearum* und *Clavibacter michiganensis* ssp. *sepedonicus* an Kartoffeln

Zellner, M., Abdel Kader, D., Seigner, L. ; BLBP, 85354 Freising.

Die beiden Quarantänekrankheiten Bakterielle Ringfäule (Erreger: *Clavibacter michiganensis* ssp. *sepedonicus*, *Cms*) und Schleimkrankheit (Erreger: *Ralstonia solanacearum*, *Rs*) sind für die Kartoffelproduktion von besonderer wirtschaftlicher Bedeutung.

Mit dem Ziel, Erkenntnisse über die Epidemiologie der Erreger zu erhalten und eine realistische Abschätzung des von beiden Krankheiten unter hiesigen Anbaubedingungen ausgehenden Risikopotentials zu ermöglichen, wurde in den letzten 3 Jahren ein Freilandversuch durchgeführt. Dabei wurde an der landesweit häufig angebauten Kartoffelsorte „Agria“ die Befallsentwicklung der Bakterienringfäule und Schleimkrankheit nach künstlicher Inokulation der Pflanzen in die Stängel oder in die Knollen festgestellt. Im Folgejahr wurden die erkrankten Tochterknollen ausgepflanzt und der weitere Befallsverlauf verfolgt. Alle Kraut- und Knollenproben wurden mit der Polymerase-Kettenreaktion (PCR) oder dem Immunfluoreszenz (IF)-Test untersucht.

Obwohl sich in beiden Jahren nur an wenigen Pflanzen Befallssymptome ergaben, traten bei den künstlich inokulierten Pflanzen zum Teil hohe latente Infektionen der Knollen und des Krautes auf. Die Befallshäufigkeit betrug bei *Rs* bis zu 100 %. Dabei spielte es keine Rolle, ob die künstliche Infektion in die Stängel oder in die Knollen erfolgte. Bei *Cms* fielen die Infektionen in Abhängigkeit vom verwendeten Erregerstamm geringer aus. Beim Anbau der mit *Rs* infizierten Nachkommenschaft nahm die Befallshäufigkeit stark ab. Dieser Rückgang zeigte sich dabei nicht nur in einer geringeren Anzahl infizierter Pflanzen, sondern auch in einem niedrigeren Prozentsatz befallener Tochterknollen.

Hygiene im Kartoffellager

Rave, M.; Nordkartoffel Zuchtgesellschaft mbH, Zuchtstation Agathenburg, Hauptstraße 45, 21684 Agathenburg.

Dem Einfluß der Lagerung auf die Qualität der Kartoffel wurde bisher relativ wenig Bedeutung beigemessen. So werden Kartoffelläger zwar i.d.R. gesäubert, eine anschließende Desinfektion kommt aber eher selten vor.

Die wichtigsten Krankheitserreger der hiesigen Anbauregionen, die Kartoffeln im Lager infizieren können, sind zum einen die Naßfäule (*Erwinia carotovora*), zum anderen die Trockenfäule (verschiedene Fusarienarten) und der Silberschorf (*Helminthosporium solani*). Deren Überdauerungsorgane sind sehr klein und finden auf den rauen Oberflächen der Knollen, in Holz- und Zementwänden etc., viele Möglichkeiten sich zu verbergen. Silberschorf ist sogar in der Lage auf der Knolle zu sporulieren und seine Sporen über die Lüftung zu verbreiten.

Um die Hygiene im Lager zu verbessern, sind sowohl mittelfristige (z.B. bauliche Veränderungen) als auch kurzfristige Maßnahmen (Reinigung zwischen Aufbereitung und Einlagerung und während der Saison) möglich.

Da der Staub im Kartoffellager mit Pilzsporen belastet ist, sind Lagerung und Aufbereitung grundsätzlich zu trennen. Folienwände oder Streifenvorhänge reduzieren die Staubausbreitung ebenso wie die unnötige Erwärmung im Lager.

Zwischen den Ernten ist ein Kartoffellager gründlich zu reinigen. Am effektivsten ist der Einsatz eines Staubsaugers (frühestens 8 Stunden nach einer Besenreinigung). Dabei sollte ein Kartoffellager als Ganzes gereinigt werden. Die Sortieranlagen, Bänder und Verleseeinrichtungen sind nach einer Entfernung des angetrockneten Drecks per Hochdruckreiniger zu reinigen. Zum Schluß ist eine Desinfektion der

Flächen und Maschinen empfehlenswert, um das restliche Infektionspotential zu minimieren. Vollkommen entleerte Kartoffelbehältnisse können dem Wetter ausgesetzt werden, da dadurch eine starke Reduktion der Krankheitserreger stattfindet. Kein Kompromiß ist bei Kisten eingehen, in denen naß- oder trockenfaule Partien gelagert wurden. Diese müssen extra gestellt, gereinigt und desinfiziert werden.

Mit Hilfe eines Planes für regelmäßiger Reinigungsaufgaben kann auch während der Saison die Belastung deutlich gesenkt werden. So mindert die tägliche Reinigung der Hauptarbeitswege, möglichst morgens vor Sortierbeginn durchgeführt, ebenso wie die Reinigung und Desinfektion der Verleseeinrichtungen in den Zeiten, wo keine Kartoffeln aufbereitet werden, die pilzliche und bakterielle Belastung. Direkt nach der Befüllung der Annahmeverrichtung sollte die Möglichkeit bestehen, einen Verletstisch in die Sortierstrecke einzubauen, um bei kritischen Partien faule Knollen frühzeitig heraus zu nehmen. Werden Partien mit einem höheren Fäulnisbesatz sortiert, ist eine anschließende Reinigung und Desinfektion der Anlage unbedingt anzuraten. Da eine anschließende Austrocknung der Infektionsdruck stark reduziert, sollten problematischere Partien immer abends bzw. vor einem Wochenende aufbereitet werden. Verschmutzte Lagerbehältnisse sind nicht wieder zur Befüllung zu nutzen, sondern sollten aus dem Kreislauf herausgenommen und separat gestellt und später gereinigt werden.

Grundsätzlich bleibt festzuhalten, daß die Kartoffeln in dem Zeitraum von der Einlagerung bis hin zum Verkaufs-, Verarbeitungs- oder Pflanztermin verschiedenste Krankheitserreger an die Knollen gelangen. Diese sind insbesondere unter feuchten und warmen Bedingungen in der Lage, die Kartoffeln zu infizieren und die Qualität der Kartoffeln in kurzer Zeit stark zu beeinträchtigen. Aus diesem Grund ist die Sauberkeit im Kartoffellager ein wichtiges Instrument zur Qualitätssicherung, welches in Zukunft mehr beachtet werden muß.

Desinfektion mit MENNO-Florades

Wohanka, W.; Forschungsanstalt Geisenheim, Von-Lade-Str. 1, 65366 Geisenheim.

MENNO-Florades ist ein Desinfektionsmittel auf der Basis von Benzoesäure (90 g/l), das bislang über eine Zulassung im Zierpflanzenbau verfügt und per Ausnahmegenehmigung (§18 PSG) auch beim Anbau von Speisepilzen eingesetzt werden kann. Es verfügt über bakterizide, fungizide und viruzide Eigenschaften. Während organische Schmutzbelastung (z.B. Torf) die Wirkung kaum beeinträchtigt, besteht eine starke Abhängigkeit vom pH-Wert der Gebrauchslösung, der nicht über pH 4 ansteigen sollte. In diesem Zusammenhang ist auch die Säurekapazität (Karbonathärte) des Wassers zu beachten.

In zahlreichen Untersuchungen (meist Prüfungen nach BBA-Richtlinie 16-4) zeigte das Produkt ein sehr breites Wirkungsspektrum gegen Bakterien und Pilze auch unter schwierigen Anwendungsbedingungen. Bakterien der Gattungen *Agrobacterium*, *Clavibacter*, *Erwinia*, *Ralstonia* und *Xanthomonas* wurden bei der Normalkonzentration von 1 % und einer Einwirkungszeit von 5 Minuten mit und ohne Schmutzbelastung sicher abgetötet. Untersuchungen mit ausgewählten Bakterienarten bei kürzeren Einwirkungszeiten sowie geringerer Dosierung zeigten, daß selbst bei 1 Minute oder 0,25 % noch eine gute Wirkung zu erwarten ist. Von den 14 geprüften phytopathogenen Pilzarten erwiesen sich *Phytophthora* sp., *Verticillium* sp., *Helminthosporium solani* und *Fusarium solani* als sehr sensibel (Abtötung bei 1 % und 1 h). Relativ widerstandsfähig zeigten sich *Fusarium oxysporum*, *Alternaria* sp.,

Colletotrichum sp., *Rhizoctonia* sp. und *Thielaviopsis basicola*. Durch Erhöhung der Konzentration auf 2 % oder Verlängerung der Einwirkungszeit auf 4 bzw. 16 Stunden wurden jedoch auch diese Pilze sicher erfaßt.

Mögliche Verbreitungswege von Quarantäne-Schaderregern

Heinicke, D.; Pflanzenschutzamt der Landwirtschaftskammer Hannover, Wunsdorfer Landstr.9, 30453 Hannover.

Die DPG ist die bedeutendste Organisation der Phytomedizin des deutschsprachigen Raumes. Damit sollte sie die gesellschaftliche Pflicht und auch die Verantwortung besitzen, auf Fehlentwicklungen hinzuweisen. Werden Forschungsdefizite angesprochen, dürfte sich kein Widerspruch ergeben. Wie sieht das aber bei Fehlentwicklungen in anderen Sachgebieten aus?

Die politisch gewollte Kreislaufwirtschaft wird im erheblichen Umfang auch im landwirtschaftlichen Bereich umgesetzt. In der lanbaulichen Abfallverwertung besteht jedoch bezüglich der Phytohygiene seit Jahrzehnten eine Fehlentwicklung. Sie ist sowohl in der Bioabfallverordnung – BioAwfV vom 21.09.1998 –, als auch in der Kartoffelschutzverordnung – KSVO vom 31.10.1997 festgeschrieben. Abfälle von Kartoffelaufbereitenden- und verarbeitenden Industriebetrieben werden weitgehend auf ackerbaulich genutzten Flächen landwirtschaftlich verwertet. Hierzu sind weder Kontrollen bezüglich der phytohygienischen Unbedenklichkeit noch Maßnahmen zu einer möglichen Bekämpfung von Quarantäneschaderregern vorgesehen.

Im Rahmen des vorbeugenden Pflanzenschutzes, aber auch um die massiven wirtschaftlichen Eingriffe in landwirtschaftliche Betriebe nach Auftreten von Quarantäneschädlingen der Kartoffel zu rechtfertigen, ist über Korrekturen nachzudenken.

Neben möglichen gesetzlichen Maßnahmen ist über sichere Wege der Abfallverwertung und sich auftuende Forschungsdefizite zu diskutieren.

***Phytophthora infestans*: Problem Nr. 1 im Stärkekartoffelanbau 2000 in Weser-Ems**

Osmers, K.; LWK Weser-Ems, LA Emsland, Mühlenstr. 41, 49716 Meppen.

Das Jahr 2000 wird als sogenannte „Krautfäulejahr“ in die Geschichte des emsländischen Kartoffelanbaues eingehen.

In erster Linie bedingt durch

- infektionsbegünstigte Witterungsbedingungen und
- zusätzliche Risikofaktoren wie z.B. massiver Kartoffelaufwuchs auf Mais-, Getreide- und sonstigen Flächen sowie an Abfall- und Lagerstätten

ist es zu einem extrem frühen Erstauftreten (Ende Mai) mit entsprechenden Warndienstinweisen am 25.05.; 06.06. und 16.06.2000 und einer nachfolgend ungewohnt langanhaltenden Periode mit hoher Infektionswahrscheinlichkeit gekommen. Entsprechend aussagekräftig sind die Versuchsergebnisse des Jahres 2000.

Diese werden im einzelnen kurz vorgestellt und im Hinblick auf die Wirkung einzelner Fungizide bzw. Spritzfolgen diskutiert. Ein besonderes Problem stellte dabei die auf zahlreichen Flächen nachgewiesene Resistenz gegen den Wirkstoff „Metalaxyl“ mit den Konsequenzen für die Bekämpfungsstrategie im Folgejahr dar.

Kritisch gesehen wird auch die termingerechte

Prognose durch Simphyt I für die Region Emsland in 2000. Die Termine lagen entweder unmittelbar vor Epidemie-beginn und damit punktgenau oder eben zu spät. Dieses wird insbesondere vor dem Hintergrund der in 2000 begonnenen Internetpräsentation intensiv diskutiert werden müssen mit dem Ziel, noch etwas mehr Zuverlässigkeit für das Anbaujahr 2001 zu erreichen. Die 10 emsländischen Monitoringflächen werden als Grundlage für die regional ausgerichtete Internetdarstellung auch im Jahr 2001 eingerichtet.

Einsatz verschiedener Fungizide gegen *Phytophthora infestans* nach Befallsbeginn ("Stopspritzung")

Brendler, F.; Pflanzenschutzdienst der Landwirtschaftskammer Rheinland.

In den Jahren von 1998 bis 2000 wurden auf den Standorten Viersen (Waldniel) und Buir im Rheinland Versuche zur Stopspritzung gegen Krautfäule durchgeführt.

Im Vergleich zu den Varianten "Shirlan" und "Wirkstoffwechsel" - Spritzbeginn nach Phyprog - kamen 1998 Shirlan (Fluazinam) 0,4 l/ha, Acrobat plus (Dimethomorph+Mancozeb) 2,0 kg/ha und Tattoo C (Propamocarb+Mancozeb+Chlorthalonil) 2,7 l/ha bei einem Befall von 1 bis 3% bzw. 3 bis 4% jeweils im Abstand von drei bzw. vier Tagen als Doppelbehandlung zum Einsatz.

Am Standort Viersen wurden in zwei weiteren Varianten die Tankmischungen Ridomil MZ (Methalaxyl+Mancozeb) 2,0 kg/ha plus Brestan fl. (Fentin-hydroxid) 0,4 l/ha sowie Ciluan (Cymoxanil+Mancozeb) 2,0 kg/ha plus Shirlan (Fluazinam) 0,4 l/ha bei einem Befallsgrad von 11 bis 14% zur Stopspritzung eingesetzt.

In den Jahren 1999 und 2000 wurden an beiden Standorten jeweils die Präparate Acrobat plus, Ridomil (Gold) und Curzate M (2,5 kg/ha adäquat zu Ciluan) jeweils in Mischung mit Shirlan 0,3 l/ha zur Stopspritzung bei bereits etabliertem Befall eingesetzt. Die Befallsgrade bei Spritzbeginn betragen 1999 in Viersen 3 bis 4%, in Buir < 1%, in 2000 in Viersen 2 bis 3%, in Buir 6 bis 10%.

In allen Fällen konnte der Befallsverlauf durch die zweimalige Applikation der Fungizide im zeitlichen Abstand von ca. drei Tagen deutlich beeinflusst werden. Hierbei zeigte sich, daß Fluazinam aufgrund fehlender Kurativwirkung einerseits keine ausreichenden "Stopeffekt" hervorruft, andererseits jedoch als sporizider Mischpartner den weiteren Befallsverlauf positiv beeinflusst. Metalaxyl weist unter Befall sehr gute, bei späterem Einsatz weniger gute Stopeffekte auf, was eine zunehmende Wirkungsunsicherheit besonders bei späteren Einsätzen in der Vegetation andeutet. Acrobat plus zeigt in den durchgeführten Versuchen ebenfalls eine deutliche Stopwirkung auf, die jedoch von den Cymoxanil-haltigen Fungiziden deutlich übertroffen wird.

Befallsverläufe und Bruttoerträge korrelierten in allen Varianten recht gut miteinander.

Versuchsergebnis zur Stoppspritzung gegen *Phytophthora infestans* aus dem Jahr 2000

Ketterer, N. , Söhner, S.; DuPont de Nemours (Deutschland) GmbH, DuPont Str.1, 61343 Bad Homburg.

TANOS® von DuPont, ein neues, leistungstarkes Fungizid zur Bekämpfung der Kraut- und Knollenfäule (*Phytophthora infestans*) an Kartoffeln, setzt sich zusammen aus dem bewährten systemischen Wirkstoff Cymoxanil und dem neuen Wirkstoff Famoxadon. Durch seine Granulatformulierung und die geringe Aufwandmenge von 700 g/ha setzt TANOS® im Segment der (teil-) systemischen Fungizide neue Maßstäbe.

Die ideale Kombination aus vorbeugender, heilender (1-2 Tage) und sporentötender Wirkung bei gleichzeitig hervorragender Regenfestigkeit scheint geradezu prädestiniert für den Einsatz unter kritischen Infektionsbedingungen. In der Mischung mit einem weiteren sporenabtötenden Präparat eignet sich TANOS® ideal für einen Einsatz als Stoppspritzung. Der folgende Praxisversuch bestätigt dieses eindrucksvoll. In Weser-Ems wurde auf einem Praxis Schlag der Sorte Agria, bei einem Blattbefall durch *Phytophthora infestans* von 5 %, verschiedene Stoppspritzvarianten am 16.06.00 und 19.06.00 durchgeführt. Am 25.06.00 wurde der ganze Schlag im normalen Spritzrhythmus mit 0,4 l Shirlan weiterbehandelt. Bei der ersten Bonitur am 26.06.00 lag der Blattbefall in den Varianten Tanos (0,5 kg) + 0,2 l Shirlan und Ridomil Gold MZ (2kg) + 0,2 l Shirlan bei 7,5 % während die Variante Ciluan (2 kg) + 0,2 Shirlan einen Befall von durchschnittlich 10% aufwies. Die Kombination von Acrobat Plus (2kg) + 0,2 l Shirlan wies mit 15 % Blattbefall den stärksten Befall auf. Bei der letzten Bonitur am 12.07.01 zeigten sich in etwa die gleiche Relation der Varianten zueinander, bei einer allerdings etwas höheren Befallsstärke von 15-25%, auf. Durch den Einsatz aller Stoppspritzungen konnte der Kartoffelbestand gehalten werden.

Das vorliegende Versuchsergebnis lässt den Schluß zu, daß die Anwendung von TANOS® in Kombination mit Shirlan bei bereits vorhandenem Befall eine sichere Möglichkeit ist, *Phytophthora* zu stoppen.

® Marke von DuPont

Ansätze zur sortenspezifischen Krautfäulebekämpfung

Pickny, J., Scheid, L.; Landwirtschaftskammer Hannover, Bezirksstelle Uelzen, Wilhelm-Seedorf-Str. 3, D-29525 Uelzen.

In einem Versuchsprogramm sollten die Sortenunterschiede bei Krautfäule veranschaulicht werden. Aus diesem Grunde wurde an einem Standort in zwei verschiedenen Sorten (Agria = stark anfällig und Kardal = gering anfällig) ein identisches Versuchsprogramm durchgeführt, das aus folgenden Varianten bestand:

- Unbehandelt
- Manex alle 7 Tage
- Manex alle 10 Tage
- Manex alle 13 Tage
- Shirlan alle 7 Tage
- Shirlan alle 13 Tage
- Shirlan alle 18 Tage

Der Spritzstart erfolgte Mitte Juni, als die GBZ einen Wert von 150 erreicht hatte. Während in der Sorte Agria Erstbefall Anfang Juli auftrat, waren in der Sorte Kardal erste Krautfäulesymptome erst Ende Juli festzustellen. Am Ende der Krautfäulesaison stellte sich in der Sorte Agria lediglich bei der Variante 5 ein relativ guter Bekämpfungserfolg ein. Dagegen zeigten in der Sorte Kardal alle Fungizidvarianten eine gute Wirkung. So führte z.B. Manex alle 13 Tage in der Kardal zu einem ähnlichen Befallsniveau, wie in der Agria die Anwendung von Shirlan alle 7 Tage. Insgesamt gesehen war im Dienstgebiet der Bezirksstelle Uelzen das Auftreten der Krautfäule bis Mitte Juli sehr gering, allerdings gab es einige Sorten (Lady Claire, Lady Rosetta, Karlana, Premiere oder Linda), die bereits zu diesem Zeitpunkt auch im Jahr 2000 große Probleme mit der Krautfäule hatten, ein deutlicher Sorteneffekt. Ausgehend von diesen Praxisbeobachtungen wurden Kartoffelsorten mit einer größeren Anbaubedeutung in die Gruppen

1. sehr stark anfällig
2. stark anfällig
3. mittel anfällig
4. gering anfällig

eingestuft und daraus sortenspezifische Empfehlungen abgeleitet.

Electis® - ein neues Kartoffelfungizid

Glattkowski, H.; Spiess-Urania Chemicals GmbH, Hamburg.

Das neue *Phytophthora*-Fungizid Electis® ist eine Mischung aus dem neuen, protektiven Wirkstoff Zoxium (RH-7281) und Mancozeb im Verhältnis 1:8 (83 + 667 g a.i./kg) . Zoxium, das von der Firma Rohm and Haas, Philadelphia entwickelt wurde, gehört - chemisch gesehen - zu der Gruppe der Benzamide und zeichnet sich durch überaus günstige toxikologische Eigenschaften und ein günstiges Umweltverhalten aus.

Zoxium bindet kovalent an β -Tubulin, verklebt die Kernspindeln und verhindert dadurch eine Mitose. Zoxium wirkt nicht auf die Keimung der Zoosporen, sondern verhindert die Ausbildung funktionstüchtiger Keimschläuche und Appressorien. Dieser neue Wirkungsmechanismus ist weder mit den Mechanismen herkömmlicher, noch neuer *Phytophthora*-Fungizide identisch. Zoxium zeigt keine Kreuzresistenz zu Phenylamid- oder Dimethomorph-resistenten Isolaten.

Die lipophilen Eigenschaften von Zoxium bedingen eine hohe Affinität zur Kutikula. Der Wirkstoff dringt jedoch bis in die Epidermis ein und baut ein Wirkstoffdepot auf, aus dem Wirkstoffverluste an der Blattoberfläche ausgeglichen werden können. Zoxium zeichnet sich daher durch eine überaus hohe Regenfestigkeit aus.

Zoxium hat keine direkte Wirkung auf ausgereifte Sporangien (kein „Sporenkiller“). Die Sporangienbildung wird jedoch unter Zoxium-Einfluß vermindert, weiterhin werden weniger und unbewegliche Zoosporen entlassen. Daher wirkt Zoxium befallsreduzierend auf die Braunfäule der Kartoffel.

Die Kombination von Zoxium und Mancozeb führt nachweislich zu Synergien, da Mancozeb auf die Sporenkeimung, Zoxium auf die Keimschlauch- und Appressorien-Bildung wirkt. In Labor- und Freiland-Versuchen konnte eine sehr gute Wirkung gegen Krautfäule und Braunfäule nachgewiesen werden. Die empfohlene Aufwandmenge des als wasserlösliches Granulat formulierte Electis® beträgt 1,8 kg/ha mit max. 8 Anwendungen pro Vegetationszeit.

Untersuchungen zur Epidemiologie von *Phytophthora infestans* an Kartoffeln

Zellner, M.¹, Adler, N.²; ¹Bayerische Landesanstalt f. Bodenkultur u. Pflanzenbau, Menzinger Str. 54, 80638 München; ²Lehrstuhl f. Phytopathologie, TU München, Am Hochanger 2, 85350 Freising-Weihenstephan.

Im Mittelpunkt der zusammen mit dem Lehrstuhl für Phytopathologie durchgeführten Untersuchungen stand der Infektionsverlauf von der latent infizierten Pflanzknolle bis zum Befallsausbruch am oberirdischen Pflanzenmaterial. Dazu wurden in Frühbeetkästen, die mit drei verschiedenen Bodenarten befüllt waren, Kartoffelknollen gepflanzt. Um einen kontrollierten Befall von *Phytophthora infestans* zu erhalten, wurden in jedes Beet gesunde und künstlich inokulierte Knollen gelegt. Die Variation der Bodenfeuchte erfolgte durch mehrmalige Zusatzbewässerung in verschiedenen Mengen unmittelbar auf die Bodenoberfläche.

Unter der Annahme, dass der Pilz von infizierten Knollen ausgehend die Stängel besiedelt, wurden vor dem Auftreten erster *Phytophthora*-Symptome Stängelproben entnommen und mit Hilfe der Polymerase-Kettenreaktion (PCR) auf latenten Befall untersucht. In diesen Analysen hat sich gezeigt, dass in den Varianten mit steigendem Wassergehalt im Boden der Anteil latent infizierter Stängel zunimmt. Außerdem hat sich gezeigt, dass Sporen die sich auf einer infizierten Pflanzknolle bilden, auf eine benachbarte Pflanze übertragen werden können. Die Anzahl der Primärherde kann dadurch erheblich zunehmen.

Es ist davon auszugehen, dass früher die latent infizierten Knollen in den Feldmieten oder in den schlecht klimatisierten Kartoffelkellern verfault sind und im Frühjahr bei der Pflanzgutaufbereitung ausgelesen wurden. In modernen Kartoffellägern mit Temperatursteuerung überstehen diese Knollen den Winter größten Teil unbeschadet und werden im Frühjahr ausgepflanzt. Die Folge ist, dass wir heutzutage bei feuchter Frühjahrswitterung einen weit höheren Primärbefallsdruck haben als in den Zeiten, in denen die Feldmiete Standart bei der Kartoffellagerung war. Auch das im Vergleich zu früher häufigere Auftreten von Stängelsymptomen ist damit zu erklären.

www.phytophthora.de- der erste Phytophthora-Warndienst im Internet

Jörg, E., Kleinhenz, B.; LPP und ZEPP, Mainz.

Im Jahr 2000 beschlossen die in der ZEPP mitarbeitenden Pflanzenschutzdienste einen Internet-basierenden Warndienst für Kraut- und Knollenfäule aufzubauen. Innerhalb von drei Monaten wurde das Konzept erstellt, die Abläufe koordiniert und das Internetangebot programmiert. Letzteres wurde von dänischen Kollegen des DIAS realisiert. www.phytophthora.de ist ein Teil eines europaweit konzipierten Internetangebotes zu *P. infestans*, das bisher von allen Ostseeanrainerstaaten umgesetzt wurde. Inhaltlich basiert das Warndienstangebot auf Ergebnissen von Prognose- bzw. Simulationsmodellen, Monitoring-Ergebnissen und Empfehlungen der Pflanzenschutzberater der Offizialberatung. Alle relevanten Kartoffelanbaugebiete werden durch www.phytophthora.de abgedeckt.

Erstauftreten von *P. infestans*

SIMPHYT 1 wird zur Prognose des Erstauftretens genutzt. Die Prognoseergebnisse werden ergänzt und abgesichert durch Felderhebungen. Ein weiterer wesentlicher Bestandteil der Informationen zum Erstauftreten sind die lokal bis regionalen Hinweise zur Notwendigkeit von Fungizideinsätzen und zur Mittelwahl.

Epidemiemonitoring und Fungizidstrategie

SIMPHYT 3 – Ergebnisse zum aktuellen Infektionsdruck sind Hilfsmittel und Folgebehandlungen zu planen. Desweiteren geben die Pflanzenschutzberater

Hinweise zum aufgetretenen Befall, zum Erfolg bestimmter Fungizidbehandlungen und zur Gestaltung der Fungizidstrategie.

Ein interaktiver Teil von www.phytophthora.de ermöglicht die schlagspezifische Berechnung von Spritzintervallen. Außerdem ist der sofortige Kontakt zum Berater via e-mail vorgesehen.

Der operative Ablauf ist folgendermaßen:

- Wetterdaten werden zentral von der ZEPP bereitgestellt (Quelle: DWD und Pflanzenschutzdienste)
- Die Erhebungen und Erstellung der Warndiensthinweise erfolgen lokal/regional; die Ergebnisse und Hinweise werden zur ZEPP gesandt
- Zentral werden auch die Prognosen gerechnet
- ZEPP generiert auch die Internetseiten und transferiert sie zum Server in Dänemark
- DIAS (Dänemark) stellt die Seiten ins Internet.

Insgesamt werden Daten von über 100 Wetterstationen, aus 55 verschiedenen Anbauregionen und von knapp 200 Beobachtungsflächen verarbeitet. Ca. 2.700 Warndienstmeldungen werden bereitgestellt.

Bundesweit nutzten über 3000 User mit ca. 45.000 Anfragen das Angebot, was als großer Erfolg zu werten ist. Schwerpunkt der Nutzung war Juni 2000.

www.phytophthora.de wird auch 2001 fortgeführt.

Silberschorf-Biologie, Auftreten, Schäden und Bekämpfungsmöglichkeiten

v. Kröcher, C.; Pflanzenschutzamt der Landwirtschaftskammer Hannover; Wunsdorfer Landstr. 9, 30453 Hannover.

Der durch den Pilz *Helminthosporium solani* hervorgerufene Silberschorf verursacht abgesehen von Ertragsverlusten Qualitätsmängel in Konsumkartoffeln und lässt in Pflanzkartoffeln z.T. erhebliche Verluste durch eine Verminderung der allgemeinen Vitalität und der Triebkraft entstehen. Auch wenn Silberschorf in der deutschen Pflanzkartoffelverordnung nicht explizit erwähnt ist, so schreibt doch beispielsweise die Begutachtungsordnung für Kartoffeln im intereuropäischen Kartoffelhandel (RUCIP) vor, dass nicht mehr als 5 Gewichtsprozent der Kartoffeln von Silberschorf so befallen sein dürfen, dass sie einen Teil ihrer Turgeszens verloren haben sowie mindestens ein Auge betroffen ist. Übertragungswege sind mittels Pflanzgut und Sporen im Lager möglich. In welchem

Umfang eine Übertragung im Boden stattfindet, ist nicht eindeutig geklärt. Chemische Bekämpfungsmöglichkeiten mittels einer Beizung beim Pflanzen der Kartoffeln zeigen nur Teilwirkungen. Hinzu kommt, dass es zur Zeit kein zugelassenes Pflanzenschutzmittel gibt. Eine sinnvolle Bekämpfung ergibt sich also nur aus einem Komplex von Maßnahmen, die in den Vermehrungskreislauf und die weitere Verbreitung des Pilzes eingreifen. Für den Bereich der Pflanzung heißt das, möglichst Verletzungen des Pflanzgutes vermeiden, gesundes Pflanzgut verwenden und Sortenunterschiede beachten. Dass es Sortenunterschiede gibt, bestätigen mittlerweile Untersuchungen, die von BBA, BSA, KTBL und dem Saatbauamt in Donau Eschingen durchgeführt wurden. Bei der Ernte sollte auf einen nicht zu langen Abstand zwischen Krautbeseitigung und Ernte geachtet werden. Unter Umständen kann ein absetziges Ernteverfahren sinnvoll sein. Der weitaus wichtigste Punkt in der Unterbrechung der Infektionskette ist die Lagerhaushygiene, da die Pilzsporen mit dem Lüftungsstrom verbreitet werden und es bei günstigen Bedingungen ($> 4^{\circ}\text{C}$ und hoher relativer Luftfeuchte) zu einer starken Ausbreitung im Lager kommen kann. Es sollte aus diesem Grund eine schnelle Abtrocknung des Erntegutes und eine Vermeidung von Schwitzschichten durch eine gleichmäßige Temperaturführung gewährleistet sein. Jahres- und standortbedingt kann es zu einem vergesellschafteten Auftreten von Silberschorf mit *Colletotrichum coccodes* kommen, der z.T. ähnliche Schalensymptome hervorruft. Zu klären wäre,

inwieweit der eine Pilz als Wegbereiter für den anderen eine Rolle spielt bzw. ob es zu einer gegenseitigen Beeinflussung kommen kann.

Bekämpfung des Kartoffelschorfs (*Streptomyces scabies*) mit Schwefeldünger

Goebel, G.J.; Spiess-Urania Chemicals GmbH, Versuchsstation Christinenthal, 25593 Christinenthal; E-Mail: goebel@spiess-urania.com

Ausgehend von Veröffentlichungen und Beobachtungen aus vielfältigen Versuchen mit schwefelhaltigem Dünger in den gezeigt wurde, daß Kartoffelknollen vor dem Befall durch den Gemeinen Kartoffelschorf geschützt werden können, wurden im Jahr 2000 mehrere Versuche zu dieser Fragestellung mit Sufran Plus durchgeführt. Sufran Plus enthält neben 4,5% MgO, 1,0% Mn und 0,5% Zn auch 80% elementaren Schwefel. Der Schwefeldünger wurde entweder als Unterfußdüngung beim ersten Häufeln oder mit dem Schleuderstreuer vor dem Häufeln ausgebracht. Im Juli wurde in den für die Probenahme eingeteilten Parzellen der pH-Wert des Bodens gemessen. Auf keinem Standort konnte ein unterschiedlicher pH-Wert zwischen der ungedüngten und gedüngten Variante festgestellt werden.

Bei der Ernte der Kartoffeln wurden mindestens 4 x 100 Knollen je Variante einzeln auf Schorfbefall beurteilt. Von insgesamt 9 Versuchen wurde in 4 Versuchen eine signifikante Abnahme des Schorfbefalls durch den Schwefeldünger festgestellt. Im Durchschnitt war in diesen 4 positiven Versuchen in der ungedüngten Variante die Oberfläche der geernteten Knollen zu 14,5% mit Schorf befallen und in der mit Sufran Plus gedüngten Variante zu 7,8%. Warum in den anderen 5 Versuchen kein Bekämpfungserfolg erzielt wurde, kann aus den Versuchsdaten nicht abgeleitet werden. Es bleibt zu prüfen, ob die mangelnde Wirkung an der möglichen Fixierung von Schwefel an Huminstoffe lag, oder an den evtl. nicht ausreichend vorhandenen Thiobakterien, bzw. an der fehlenden Bodenfeuchtigkeit.

Arbeitsgruppe Getreideschädlinge

Ergebnisprotokoll der Tagung des Arbeitskreises Integrierter Pflanzenschutz, Arbeitsgruppe "Getreideschädlinge"

Nach den Berichten des Pflanzenschutzdienstes der einzelnen Bundesländer zur Situation der Getreideschädlinge 1999 und 2000 wurden auf der 12. Arbeitskreistagung, die am 12. und 13. 2. 2001 in Braunschweig stattfand, folgende Themenbereiche vorgestellt und diskutiert:

- Möglichkeiten und Grenzen der verschiedenen Erfassungsmethoden für die Prognose tierischer Schädlinge
- Getreideblattläuse
- Insektenübertragbare Virose in Getreide und Mais
- Verschiedenes.

In beiden Jahren 1999 und 2000 gab es vermehrt höheren Blattlausbefall im Herbst und teils auch im Frühsommer, im Sommer jedoch war der Befall relativ niedrig. BYDV spielte trotz stärkerem Befall im Herbst keine große Rolle. Dagegen wurde

wieder vermehrt das Zikaden-übertragbare WDV nachgewiesen. Alle anderen Getreideschädlinge waren in den beiden Jahren , mit Ausnahme von örtlichem Auftreten von Getreidelaufkäfer, Schneckenschäden und Schäden durch Feldmäuse, in der Regel ohne Bedeutung. Auch der Maiszünsler trat in einigen Gebiet weiterhin stärker auf und weitete sein Auftreten aus.

Herr Petersen (Univer. Kiel) stellte ein mehrjähriges Forschungsprojekt zu Schwellenwerten in Schleswig-Holstein vor, das zum Ziel hat, einen befallsbezogenen Insektizideinsatz zu ermöglichen. Dabei soll die Höhe und der Zeitpunkt des Befalls sowie das Antagonistenpotential bezogen auf die Situation in Schleswig-Holstein berücksichtigt werden. Nach vollständiger Auswertung sollen die Ergebnisse auch in bestehende Blattlausprognosemodelle eingebracht werden.

Herr Heimbach (BBA Braunschweig) berichtete über den derzeitigen Stand der Methoden (EPPO-Standards und deutsche Methoden) zur Bestimmung der Wirksamkeit von Insektiziden.

Herr Huth (BBA Braunschweig) stellte den Sinn der EPPO-Versuchsmethoden (Felduntersuchungen) zur Erfassung der insektiziden Wirkung auf virusübertragende Blattläuse in Getreide und Kartoffel vor allem wg. der großen Unwägbarkeit des Auftretens der Virose je nach Jahr und Region infrage. Er würde standardisierte Verfahren bevorzugen.

Herr Zahn (PSA Hannover) hat ein PCR-Verfahren entwickelt, mit dem bei Einzelblattläusen aus Gelbschalen (bis zu 96 h tot) nachgewiesen werden kann, ob die Läuse BYDV infiziert waren oder nicht. Auch noch nach einem Einfrieren der Proben war ein Nachweis möglich.

Herr Thieme (BTL Sagerheide) demonstrierte die Bedeutung der Differenzierung von Blattläusen unterhalb des Artniveaus, indem er u.a. zeigte, daß in Deutschland verschiedene Karyotypen von *Rhopalosiphum maidis* auftreten, die sich auch in der Wahl ihrer Wirtspflanzen unterscheiden.

Herr Freier (BBA Kleinmachnow) stellte Auswertungen zur Zählung von Getreideblattläusen an Ähren bzw. an Ähren und Fahnenblatt bzw. an der ganzen Pflanze vor und fand eine bessere Beziehung zwischen dem Schaden durch die Läuse und der Gesamtzahl je Pflanze, wenn sowohl Ähre als auch Fahnenblatt ausgezählt wurden.

Herr Ulber (Univer. Göttingen) berichtete über mehrjährige Ergebnisse aus stationären Saugfallenfängen und parallel dazu durchgeführten direkten Fängen im Bestand. Im Sommer besteht eine schwache Korrelation zwischen den Saugfallenfängen und der Blattlausdichte im Bestand, die aber je nach Blattlausart mehr oder weniger ausgeprägt ist. Stationäre Saugfallen können aber in keinem Fall eine direkte Erfassung im Bestand ersetzen. Der Anteil BYDV infizierter Läuse in den Saugfallen lag etwa ähnlich hoch wie bei den Läusen aus dem Bestand.

Herr Veenker (Univer. Göttingen) stellte Berechnungen vor, bei denen er anhand von Temperatursummen im Frühjahr eine relativ gute Korrelation zum Auftreten der Läuse im Bestand und den Erstfängen von Getreideblattläusen in großen bzw. kleinen stationären Saugfallen für *M. dirhodum* und *R. padi* fand, nicht aber für *S. avenae*. Herr Richter (Univer. Halle) analysierte die Ergebnisse von 25 Jahren Kescherfängen im Getreide in der Region Halle und fand, dass etwa ab 1985 eine Zunahme von Jahren mit hoher Populationsdichte von *S. avenae* stattfand. Die genaue Ursache dafür konnte noch nicht geklärt werden.

Herr Fuchs (Univer. Halle) trug Ergebnisse von Frau Mehner zu WDV vor, das in immer stärkerem Umfang sowohl in Ausfallgetreide (sehr hoch infiziert) als auch

nach Herbstaussaat auftritt. Der Befall steigt vom Herbst bis zum Frühjahr an. Das Virus wird persistent in allen Stadien von Zikaden, die in Sachsen-Anhalt in hohem Maße infektiös sind, übertragen. Die Zikaden behalten ihre Infektiösität über mehrere Monate.

Herr Manurung (Univer. Halle) untersuchte in der Region Halle die Biologie der das WDV übertragenden Zikadenart *Psammotettix alienus* und hat eine Laborzucht dieser Art aufgebaut. Im Feld überwintern die Eier, die ersten Imagines treten ab etwa Ende Mai auf. 2 – 3 Generationen sind möglich. Eier legende Weibchen wurden bis Ende Dezember festgestellt.

Der nächste Termin des nur noch in 2-jährigem Rhythmus tagenden Arbeitskreises für das 13te Treffen wird auf etwa Mitte Februar 2003 festgelegt und wird später genauer mitgeteilt.

(U. Heimbach, Braunschweig)

Arbeitskreise *Mykologie* und *Wirt-Parasit-Beziehungen*

Die Arbeitskreise Mykologie und Wirt-Parasit-Beziehungen hielten ihre alljährliche Arbeitstagung am 15. und 16. März 2001 an der Universität Hohenheim ab. Die lokale Organisation lag in den Händen von Herrn Dr. J. Siegrist vom Institut für Phytomedizin, für die wir uns recht herzlich bedanken möchten.

Wie in den Jahren zuvor fand am Nachmittag des ersten Tages eine gemeinsame Veranstaltung der beiden Arbeitskreise statt, in der beiderseits interessierte Referate und Diskussionen Vorrang hatten. Am Vormittag des zweiten Tages tagten die Arbeitskreise getrennt, jedoch parallel zueinander in benachbarten Hörsälen. 50 Teilnehmer berichteten während der Tagung aus ihren Arbeitsgebieten. An den gemeinsamen und getrennten Sektionen nahmen mehr als 150 Personen teil. Der Teilnehmerkreis setzte sich aus Angehörigen von Universitäten, BBA, Pflanzenschutzdienst, Industrie und anderen Forschungseinrichtungen zusammen.

Als Tagungsort für das nächste Treffen der Arbeitskreise Mykologie und Wirt-Parasit-Beziehungen wurde Göttingen festgelegt. Als Termin ist der 21. und 22. März 2002 vorgesehen.

Arbeitskreis Mykologie
Dr. Saur

Arbeitskreis Wirt-Parasit- Beziehungen
Prof. Dr. Deising

Vorträge AK Mykologie

Biochemische und ultrastrukturelle Studien zur unterschiedlichen Anfälligkeit von Weizensorten gegenüber Ährenfusariosen

Siranidou, E., Kang, Z., Buchenauer, H.; Institut für Phytomedizin, Universität Hohenheim, Otto-Sanderstr. 5, 70593 Stuttgart.

Die Entwicklung von *Fusarium culmorum* in Weizenähren von zwei resistenten Sorten (Frontana und Arina) und einer anfälligen Sorte (Agent) und die Wirtsreaktionen auf die Infektionen wurden mit Hilfe der Elektronenmikroskopie und der Immunogoldmarkierung untersucht. Der Infektionsprozeß in den resistenten und

der anfälligen Sorte verlief ähnlich. Allerdings war die Ausbreitung des Pathogens in den resistenten Sorten wesentlich langsamer als im anfälligen Cultivar.

Die resistenten Sorten reagierten auf die Infektion mit deutlich ausgeprägteren morphologischen Abwehrreaktionen wie Zellwandauflagerungen und Papillenbildungen als die anfällige Sorte. Immunogoldmarkierungen ergaben, daß Lignin und β -1,3-Glucan in den Zellwänden infizierter Ährengewebe resistenter Sorten erheblich stärker angereichert wurden als in denen der anfälligen. In den frühen Stadien der Infektion wurden in den Ährengeweben der resistenten Sorten niedrigere Markierungsdichten für Deoxynivalenol nachgewiesen als in denen des anfälligen Cultivars.

Die Spelzen der Sorte Frontana enthielten bereits vor der Inokulation einen wesentlich höheren Gehalt an freien phenolischen Verbindungen als die übrigen Sorten. Die Untersuchungen zeigen, daß die Resistenz des Weizens gegen Ährenfusariosen sowohl auf präinfektionellen als auch postinfektionellen Abwehrfaktoren beruhen kann.

Wirkung von Fungiziden gegenüber Ährenfusariosen an Weizen

Siranidou, E., Buchenauer, H.; Institut für Phytomedizin, Universität Hohenheim, Otto-Sanderstr.5, 70593 Stuttgart.

In zweijährigen Feldversuchen wurden die Auswirkungen verschiedener chemischer Substanzen auf den Befall und die Mykotoxinproduktion von *Fusarium culmorum* an Winterweizensorten untersucht. Die Behandlung der Sorten 'Kontrast' und 'Agent' mit dem Fungizid Tebuconazol zwei Tage vor bzw. zwei Tage nach Inokulation ergab, verglichen mit der unbehandelten Kontrolle, Reduktionen des Ährenbefalls von 61-89 %, des Toxingehaltes Deoxynivalenol (DON) im Erntegut von 50-70 % und Steigerungen des Ertrags von 9-19 %. Die Applikation von Metconazol zwei Tage vor Inokulation führte bei den Sorten 'Kontrast', 'Agent' und 'Piko' zu Minderungen des Ährenbefalls gegenüber den unbehandelten Pflanzen von 68-71 %, des DON-Gehaltes in den Körnern von 61-69 % und zu Erhöhungen des Ertrags von 6-9 %. Durch die Anwendung der fungiziden Wirkstoffe Chlorthalonil, Prochloraz und Benomyl zwei Tage vor Inokulation konnte keine zufriedenstellende Bekämpfung des Pathogens erzielt werden. Die protektive Applikation von Azoxystrobin verminderte zwar den Ährenbefall, die ermittelten DON-Gehalte im Korngut waren jedoch höher als in der unbehandelten Kontrolle. Die Applikation von Piperonylbutoxid, ein möglicher Inhibitor der Trichothecenbiosynthese, erhöhte bei der Sorte 'Agent' die Wirksamkeit der Fungizide.

Wirkung von Metconazol-Behandlungen auf die Infektion von *Fusarium culmorum* in Weizenähren mittels raster- und transmissionselektronenmikroskopischer Studien

Zange, B., Kang, Z., Buchenauer, H.; Institut f. Phytomedizin, Universität Hohenheim, Otto-Sanderstr. 5, 70593 Stuttgart.

Mit Hilfe von raster- sowie transmissionselektronenmikroskopischen Methoden wurden die Auswirkungen einer Metconazol-Behandlung auf die Ultrastruktur und den Infektionsprozeß von *Fusarium culmorum* untersucht. Dazu wurden Einzelährchen der anfälligen Winterweizensorte Agent im Stadium Mitte Blüte mit 10^5 µl einer Konidiensuspension von 10^5 Konidien/ml inokuliert. Die Ähren wurden im

Spritzverfahren mit 3,75 ml Präparat/l prä- bzw. postinfektionell (2 Tage vor bzw. 2 Tage nach Inokulation) behandelt.

Rasterelektronenmikroskopische Untersuchungen der inokulierten Kontrollährchen ergaben, daß die Konidien von *Fusarium culmorum* 24 h nach Inokulation auskeimen. Die Keimschläuche entwickelten sich zu einem verzweigten Myzel, die Hyphen wiesen ein gerichtetes Wachstum und eine schlanke Struktur auf. In Metconazol behandelten Varianten konnte gezeigt werden, daß weder durch kurative noch durch protektive Behandlung der Ähren eine Keimung der Konidien verhindert wird. Die Keimschläuche zeigten bereits 24 h nach Inokulation morphologisch starke Veränderungen, die sich in deutlichen Anschwellungen sowie starken Verzweigungen an den Hyphenenden äußerten. Die weitere Entwicklung der Hyphen wurde dadurch vollständig gehemmt. In transmissionselektronenmikroskopischen Untersuchungen waren Veränderungen in der Ultrastruktur des Pathogens zu beobachten, wie z. B. unregelmäßig verdickte Zellwände oder eine Zerstörung der Integrität der Zellorganellen. Weiterhin wies das Cytoplasma Einschlusskörper auf und wurde mit zunehmender Fungizidinkubation nekrotisch. Zudem konnte häufig beobachtet werden, daß sich innerhalb einer abgestorbenen ursprünglichen Hyphe eine zweite Hyphe entwickelte. Auch diese Tochterhyphen zeigten die durch Metconazol hervorgerufenen ultrastrukturellen Schädigungen.

Die Studien ergaben, daß sowohl prä- als auch postinfektionelle Behandlungen der Weizenähren mit Metconazol tiefgreifende morphologische und ultrastrukturelle Veränderungen in den Hyphen von *Fusarium culmorum* hervorrufen und somit der Infektionsprozeß des Pathogens wirksam beeinträchtigt wird.

***Fusarium graminearum*: Weizenpathogen und Toxinbildner**

Ludwig, A., Kabsch, U., Verreet, J.-A.; Inst. f. Phytopathologie, Universität Kiel, Ohlshausenstr. 40-60., 24118 Kiel.

Als Weizenpathogen ist der Mykotoxinbildner *Fusarium graminearum* am Komplex der Ährenfusariosen beteiligt. Die wichtigsten gebildeten Mykotoxine sind Zearalenon und vor allem die Trichothecene, wo besonders Deoxynivalenol (DON) und seine Derivate 3-Acetyl-DON und 15-Acetyl-DON (ADON), ferner Nivalenol (NIV) und Derivate zu erwähnen sind.

Bei einer Untersuchung der vitro-Toxinbildung verschiedener *F. graminearum*-Isolate auf geschrotetem Reis zeigten sich qualitative und auch erhebliche quantitative Unterschiede (HPLC, UV-Detektion). Schon nach sechs Tagen Inkubationszeit können die Isolate verschiedenen Chemotypen zugeordnet werden: dem in dieser Untersuchung vorherrschenden DON-Typ und dem NIV-Typ. Beim DON-Typ wird in der ersten Phase der Inkubation deutlich mehr ADON als DON gebildet, später dominiert DON.

In einer Ähreninfektion an Weizen unter kontrollierten Bedingungen mit zwei verschiedenen Isolaten von *F. graminearum* (einem schwachen und einem starken in vitro-Toxin-Bildner) fällt auf, daß der schwache in vitro-Toxinbildner auch in vivo kontinuierlich weniger DON bildet als der starke in vitro-Toxinbildner. Außerdem ist die durch den schwachen Toxinbildner verursachte Befallsstärke (% befallene Ährchen, Sichtbonitur) niedriger, aber nicht in einem so erheblichen Maße wie die Toxinbildung. Der Befall entwickelt sich überdies zu Beginn langsamer. Diese Beobachtung spricht dafür, daß DON einer von mehreren Faktoren sein kann, die die Aggressivität eines *F. graminearum*-Isolats beeinflussen.

Beurteilung der Fusarium-Resistenz aus Weizensortenprüfungen nach natürlichen Infektionen

Wosnitzer, A.^{1,2)}, Zimmermann, G.¹⁾, Habermeyer, J.²⁾, Zinkernagel, V.²⁾, Lepschy, J.¹⁾;

¹⁾ Bayerische Landesanstalt für Bodenkultur und Pflanzenbau;

²⁾ Lehrstuhl f. Phytopathologie, TU München, Am Hochanger 2, 85350 Freising.

Um die Anfälligkeit für Ährenfusariosen zu klassifizieren, werden Winterweizensorten in Deutschland mittels künstlicher Inokulation geprüft, woraus sich eine Sortendifferenzierung ergibt, die in der Beschreibenden Sortenliste dargestellt ist. Ziel dieses Projektes war zu testen, inwieweit ein naturnah provoziertes Befall mit der künstlichen Inokulation übereinstimmt und welche Beziehung sich zum Toxingehalt herstellen lässt. Zu diesem Zweck wurden in den Jahren 1998 - 2000 an sechs Versuchsstandorten in Deutschland insgesamt 167 Winterweizensorten und -stämme auf ihre Fusarium-Anfälligkeit getestet. Als natürliches Inokulum diente oberflächlich verbliebenes Maisstroh.

In den drei Versuchsjahren konnte an jedem Standort ein Befall mit *Fusarium* spp. beobachtet werden. Als Haupterreger konnte *Fusarium graminearum* identifiziert werden. 1998 traten an den Hochbefallsstandorten Befallsstärken bis 65 %, 1999 bis 50 % und 2000 bis zu 39 % an anfälligen Sorten auf. Bei geeigneter Witterung konnte durch die natürlich provozierte Infektion eine gute bis sehr gute und mit der künstlichen Methode hoch korrelierende Sortendifferenzierung erzielt werden ($r = 0,864^{**}$). Sehr anfällige und wenig anfällige Sorten zeigten auch auf wenig befallenen Standorten gleiches Resistenz-Verhalten, wohingegen die Sorten mit mittlerer Anfälligkeit an Niedrigbefallsorten in ihrer Symptomausprägung unterschiedlich reagierten.

Die Untersuchung von vierzig ausgewählten Sorten auf Mykotoxine erbrachte Werte bis zu 16,78 mg/kg Deoxynivalenol (DON) und 1,35 mg/kg Nivalenol. Die Beziehung des DON-Ranges zum Rang des Befallsgrades der Sorten war mit $r = 0,853^{**}$ hoch. Eine Klassifizierung der Sorten nach dem DON-Gehalt lieferte ein konstantes Rang-Verhalten an den verschiedenen Standorten, wobei die Höhe der Befallsstärke nicht auf die quantitative Höhe des DON-Gehaltes schließen ließ.

Epidemiologische und ertragliche Effekte des optimierten Einsatzes moderner Fungizide im Winterweizen

Gruhn, V. J., Verreet, J.-A.; Inst. f. Phytopathologie, Universität Kiel, Hermann-Rodewald-Str. 9, 24118 Kiel.

Am Standort Schwartbuck wurde in der Winterweizensorte Toronto im Jahr 2000 ein Fungizidscreening im Feldversuch durchgeführt. Es erfolgte eine Bewertung der folgenden Fungizide, teilweise auch in Kombination miteinander, in ihrer Wirkung auf den Nekrotisierungsgrad, die Pathogene *Septoria tritici* sowie *Erysiphe graminis*, das Tausendkorngewicht, die Korngrößenverteilung und den Ertrag: Azoxystrobin, Famoxate, Famoxate + Flusilazole, Kresoxim-methyl, Kresoxim-methyl + Epoxiconazole + Fenpropimorph, Trifloxystrobin + Propiconazole, Trifloxystrobin, Cyproconazole, Difenoconazole, Difenoconazole + Propiconazole, Epoxiconazole, Epoxiconazole + Fenpropimorph, Flusilazole, Metconazole, Propiconazole, Spiroxamine + Tebuconazole, Tebuconazole und Tebuconazole + Propiconazole + Fenpropidin. Der Nekrotisierungsgrad sowie der Befall durch *Erysiphe graminis* wurde anhand der nekrotisierten bzw. befallenen Blattfläche bonitiert. Zur Bestimmung des Befalles durch *Septoria tritici* wurden Pyknidien ausgezählt.

Durch den Fungizideinsatz konnten Ertragsverluste bis zu 29 dt/ha aufgefangen werden. In Bezug auf den ertragen Effekt des Wirkstoffeinsatzes zeigten sich auch reduzierte Aufwandmengen als effektiv.

Den deutlichsten Effekt gegen den Hauptpathogen *Septoria tritici* zeigten die Fungizidkombinationen Azoxystrobine + Epoxiconazole + Fenpropimorph, Azoxystrobine + Spiroxamine + Tebuconazole, Azoxystrobine + Tebuconazole + Propiconazole sowie Kresoxim-methyl + Epoxiconazole + Fenpropimorph. In Bezug auf den Begleitpathogen *Erysiphe graminis* bewährten sich vor allem Kresoxim-methyl + Epoxiconazole + Fenpropimorph, Spiroxamine + Tebuconazole als auch Azoxystrobine + Tebuconazole + Propiconazole + Fenpropidin.

Eine Verminderung des nekrotisierten Blattfläche geschah am effektivsten durch Kresoxim-methyl und Kresoxim-methyl + Epoxiconazole + Fenpropimorph.

Auch das Tausendkorngewicht sowie die Korngrößenverteilung änderte sich durch die Fungizidanwendung positiv.

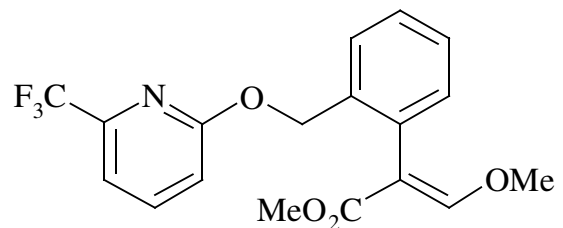
Die gezeigten biologischen Ergebnisse bekräftigen die Notwendigkeit einer klugen Wirkstoffwahl sowie eine Fungizidapplikation in der biologisch sensiblen Phase der Epidemie eines Pathogens. Hier bietet das IPS-Modell Weizen eine unverzichtbare Grundlage.

Picoxystrobin, ein neues Strobilurin im Getreide

Kappes, E.; Syngenta Agro, Liebigstr. 51-53, 60323 Frankfurt am Main

Picoxystrobin ist ein neues modernes Strobilurin-Fungizid von Syngenta, das für der Einsatz im Getreide entwickelt wurde. Es hat günstige toxikologische und ökotoxikologischen Eigenschaften.

Strukturformel:
Picoxystrobin



Picoxystrobin besitzt ein breites Wirkungsspektrum in allen Getreidearten. Unter Feldbedingungen zeigt es eine gute kurative und protektive Wirksamkeit sowie eine ausgezeichnete Dauerwirkung. Besonders hervorzuheben sind die Wirkungsstärken gegen *Pyrenophora tritici-repentis*, *Septoria tritici* und *Pyrenophora teres*. Darüber hinaus ist Picoxystrobin hochwirksam gegen strobilurin-sensiblen Getreidemehltau.

Bezüglich seiner biokinetischer Eigenschaften ist Picoxystrobin ist einzigartig unter den breitwirksamen Getreidefungiziden. Es vereint Xylem-Mobilität mit einer biologisch aktiven Dampfphase. Durch diese optimalen Umverteilungseigenschaften, kann das breite Wirkungsspektrum im Getreidebestand ideal zum Einsatz kommen. Picoxystrobin schützt daher hervorragend die grüne Blattmasse und bildet damit die Basis für hohe Ertrags- und Qualitätssteigerungen.

Monitoring zur Einführung des Integrierten Pflanzenschutzsystems (IPS-Modell Weizen) in Schleswig-Holstein und Niedersachsen - Ergebnisse der Jahre 1999 und 2000 -

Finger, I.; Institut für Phytopathologie, Universität Kiel, Hermann-Rodewald-Str. 9, 24118 Kiel.

Im Rahmen eines 3-jährigen Projekts wird seit 1999 in Schleswig-Holstein (SH) und Niedersachsen (NS) ein Monitoring zur Erfassung von Schadpilzen im Winterweizen durchgeführt. Als Kooperationspartner fungieren die Universität Kiel sowie die amtlichen Pflanzenschutzdienste. In jedem Bundesland werden an 9 Standorten Versuche mit je 2 Sorten angelegt, wobei überregional die Sorte Ritmo vertreten ist. Witterungsdaten werden mittels agrarmeteorologischer Wetterstationen aufgezeichnet. Die Varianten umfassen eine fungizidfreie Kontrolle, eine gemäß des IPS-Systems nach Bekämpfungsschwellen behandelte sowie eine stadienorientiert gespritzte Gesundheitsvariante.

Ein Vergleich der Untersuchungsjahre und Bundesländer zeigt in den unbehandelten Kontrollen der Sorte Ritmo deutliche Unterschiede im Pathogenspektrum. In beiden Regionen war das Jahr 1999 durch relativ geringen Krankheitsdruck gekennzeichnet. Neben der *Septoria*-Blattdürre, die überregional nachgewiesen wurde, blieben in SH die anderen Schadpilze nahezu bedeutungslos, während in NS sowohl ein breiteres Pathogenspektrum als auch stärkerer Befall mit *E. graminis*, *Puccinia striiformis* sowie *D. tritici-repentis* beobachtet wurde. Im Jahr 2000 zeigten alle Standorte erheblich höheren Befallsdruck besonders durch *S. tritici*, daneben ebenfalls durch den Echten Mehltau. Wie im Jahr 1999 verblieben die übrigen Pathogene in SH auf niedrigem Befallsniveau, während in NS regional *P. recondita* und *D. tritici-repentis* in erheblichem Umfang auftraten.

Die Ertrags- und Erlösdaten spiegeln den unterschiedlichen Krankheitsdruck wider. In allen Varianten der Sorte Ritmo wurden im Jahr 1999 höhere Erträge als im Folgejahr erreicht. Die gegenüber den Kontrollen erzielten Mehrerträge in den Gesundheitsvarianten beliefen sich in beiden Bundesländern und Jahren mit 20-21 dt/ha auf gleichem Niveau, während in den IPS-Varianten eine stärkere Differenzierung zu beobachten war. So wurden durch die schwellenorientierten Behandlungen 1999 in NS Mehrerträge von rund 15 dt/ha, im Jahr 2000 dagegen von 19 dt/ha erzielt; in SH lagen diese in beiden Jahren mit 16-17 dt/ha auf einer Höhe. Wirtschaftlichkeitsbetrachtungen ergeben somit in den IPS-Varianten für 1999 Mehrererlöse von DM 218,-/ha (NS) und DM 177,-/ha (SH), für 2000 solche von DM 255,-/ha bzw. DM 180,-/ha.

Verbesserung der Sporulation von *Ramularia collo-cygni* als eine Voraussetzung für die Resistenzprüfung der Gerste unter kontrollierten Bedingungen

Sachs, E.; Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Institut für Pflanzenschutz in Ackerbau und Grünland, Außenstelle Kleinmachnow, Standsdorfer Damm 81, 14532 Kleinmachnow.

Die *Ramularia*-Blattfleckenkrankheit der Gerste, hervorgerufen durch den Pilz *Ramularia collo-cygni*, tritt offensichtlich stärker auf und ist weiter verbreitet als

ursprünglich angenommen wurde. Daher stellt sich die Frage nach Befallsresistenz, Resistenzzüchtung und –prüfung der Gerste. Eine wichtige Voraussetzung für die Resistenzprüfung unter kontrollierten Bedingungen ist die massenhafte Produktion von Inokulum. Bisher ist es gelungen, den Erreger zu isolieren, zu kultivieren und zu konservieren, aber es erwies sich als äußerst schwierig, die Isolate zur bereitwilligen Sporulation zu bringen. Deshalb wurde untersucht, unter welchen Bedingungen der Pilz die meisten Konidien produziert. Folgendes wurden variiert: Nährboden, Temperatur, Lichtquelle, Beleuchtungsdauer und Kulturdauer. Als beste Bedingungen für eine reiche Konidienbildung von *R. collo-cygni* erwies sich die Haltung auf Gemüsesaftagar (Hersteller: albi) 16 h bei 20°C bei Beleuchtung und 8 h bei 12°C während der Dunkelheit. Als Lichtquelle dienten dabei 2 Weißlichtleuchten, kombiniert mit einer Schwarzlichtleuchten (nuv). Der Abstand der Lichtquelle zu den Pilzkulturen betrug 30 cm, die Kulturdauer 17 Tage unter den o.g. Bedingungen. 6 weitere Tage wurden die Kulturen unter Dauerweißlicht und 18°C bebrütet. Zwischen den Isolaten bestanden große Unterschiede in der Sporulation. *R. collo-cygni* sporuliert um so besser, je kürzer der Isolationstermin zurückliegt.

Aggressivität von *Phaeosphaeria nodorum* -Isolaten an Weizen, Triticale und Roggen

Wolf, H.C., Buchenauer, H.: Institut für Phytomedizin (360), Universität Hohenheim, Otto-Sanderstr. 5, D-70593 Stuttgart.

Unter den Wirtspflanzen von *Phaeosphaeria nodorum* sind Weizen und Triticale bekanntlich am anfälligsten. Inwieweit Roggen befallen wird, ist bis heute unklar. Genauere Kenntnisse hierüber wären für epidemiologische Studien und eine effizientere Triticalezüchtung von Interesse. In dieser Hinsicht wurde die Aggressivität von fünf *P.nodorum*-Isolaten an zwei genetisch divergenten Weizen-, Triticale- und Roggensorten in Kreuzinokulationsversuchen unter Klimakammer-, Gewächshaus- und Feldbedingungen geprüft. Neben der klassischen Symptombonitur wurde ein *Phaeosphaeria*-spezifischer ELISA bzw. ein Enzymtest zur Bestimmung der Aktivität pilzbürtiger Xylanasen eingesetzt.

In Jungpflanzenversuchen unter kontrollierten Bedingungen wiesen Triticale und Weizen die stärksten Symptome auf, während Roggen nahezu befallsfrei war. Mit Hilfe des ELISA und Enzymtests konnte der Pilz jedoch in allen Getreidearten eindeutig nachgewiesen werden, wobei Triticale und Weizen im Vergleich zu Roggen stärker besiedelt wurden. Die an Jungpflanzen ermittelte Anfälligkeit der Getreidearten konnte an adulten Pflanzen im Gewächshaus und Feld bestätigt werden. Roggen reagierte jedoch im adulten Stadium auf die Infektion durchwegs mit einer wesentlich stärkeren Symptomausprägung als im Jugendstadium. Die Anfälligkeit der Getreidearten und deren Sorten war in einigen Fällen von Isolat zu Isolat verschieden, wobei die Interaktionen nur schwach ausgeprägt waren, so daß eine Spezialisierung der Isolate nicht angenommen werden kann.

Um genauere Kenntnisse über den Krankheitsverlauf an Weizen, Triticale und Roggen zu gewinnen, wurde in einem weiteren Feldversuch unter naturnahen Infektionsbedingungen der Blattbefall ab dem Entwicklungsstadium Ende Schossen (EC 39) mit Hilfe einer Bonitur und einem ELISA verfolgt. Bei Triticale und Roggen kam es zwischen der Blüte und Milchreife zu einer Epidemie, während Weizen in diesen Entwicklungsstadien bedingt durch starke Trockenheit gering befallen wurde.

Entwicklung von Methoden zur Frühdiagnose von *T. caries*

Eibel, P.¹, Wolf, G.², Koch E.¹; ¹Biologische Bundesanstalt, Institut für biologischen Pflanzenschutz, Heinrichstraße 243, 64287 Darmstadt; ²Universität Göttingen, Institut für Pflanzenpathologie und Pflanzenschutz, Grisebachstraße 6, 37077 Göttingen.

Durch die Verwendung chemischer Beizmittel ist der Weizensteinbrand (*T. caries*) im konventionellen Ackerbau leicht zu kontrollieren. Im organischen Landbau stellt diese Krankheit dagegen ein ernstes Problem dar. Die Suche nach wirksamen Saatgutbehandlungsmitteln wird in der Regel an Winterweizen im Feld durchgeführt. Hierbei liegen zwischen der Applikation der Mittel und dem Sichtbarwerden des Bekämpfungserfolgs ca. 6 Monate. Mit dem Ziel, ein geeignetes Gewächshaus-Screeningverfahren zu entwickeln, haben wir verschiedene Frühdiagnose-Methoden untersucht.

T. caries lässt sich mit Hilfe der PCR detektieren. Nach PCR mit einem *Tilletia*-spezifischen Primer wurde eine einzige Bande im Gel beobachtet. Bei Verwendung von DNA aus *R. solani*, *P. ultimum* oder *U. nuda* wurde kein Amplifikat gefunden. Der PCR-Nachweis von *T. caries* in der Pflanze steht noch aus.

Für die Entwicklung eines DAS-ELISA[®] wurden Myzelhomogenate aus *T. caries* in Kaninchen injiziert und Antikörper gewonnen. Der ELISA zeigte nur geringe Kreuzreaktionen mit anderen phytopathogenen Pilzen. Auf Myzelhomogenate von *T. caries* reagierte der ELISA empfindlicher als gegenüber einem Sporenhomogenat. Mit dem ELISA konnte *T. caries* an 30 Tage alten Keimpflanzen in oberirdischen und unterirdischen Pflanzenteilen nachgewiesen werden.

Mit *T. caries* befallene Weizenpflanzen zeigen charakteristische Symptome an Blatt und Stengel. Anscheinend unterscheiden sich verschiedene Weizensorten in der Geschwindigkeit und Intensität der Ausprägung dieser Frühsymptome. Nach unseren Ergebnissen ist es möglich, ein auf den Frühsymptomen basierendes Verfahren zum Screenen von Saatgutbehandlungsmitteln durchzuführen.

Untersuchungen zur phytosanitären Wirkung der Elektronenbehandlung bei Atmosphärendruck an Getreide

Tigges, J.¹, Lindner, K.²; ¹ Fraunhofer Institut für Elektronenstrahl- und Plasmatechnik; ² Biologische Bundesanstalt Kleinmachnow, Stansdorfer Damm 81, 14532 Kleinmachnow.

Die Saatgutbehandlung mit niederenergetischen Elektronen ist ein in der Praxis erprobtes Verfahren gegen samenbürtige Schaderreger an Getreide, das bisher nur im Vakuum durchführbar war. Da die stationäre Vakuumanlage am Standort Stolpen (Sachsen) zu Problemen in der Saatgutlogistik führte, werden für den Praxiseinsatz mobile bei Atmosphärendruck arbeitende Anlagen entwickelt. Ziel der Entwicklungsarbeiten sind Elektronenbehandlungsanlagen, die eine mit der Vakuumanlage vergleichbare phytosanitäre Wirkung erzielen.

Seit 1998 werden Untersuchungen zur Wirkung und Pflanzenverträglichkeit der Elektronenbehandlung bei Atmosphärendruck im Vergleich zur Vakuumbehandlung durchgeführt. Die Arbeiten erfolgten mit zertifiziertem und infiziertem Saatgut in Form von Labor-, Modell- und Freilandversuchen.

Auf Grund der oberflächlich am Samenkorn lokalisierten *T. caries*-Sporen an Weizen und *U. occulta*-Sporen an Roggen ist das Verfahren gegen diese Erreger sehr gut wirksam. Mit der Elektronenbehandlung bei Atmosphärendruck wurden in Laborversuchen Wirkungsgrade von > 95 % erzielt. Ergebnisse orientierender Vorversuche lassen darauf schließen, dass sowohl der Steinbrand- als auch der Stengelbrandbefall im Freiland nahezu vollständig zu unterbinden ist.

Der Wirkungsgrad der Elektronenbehandlung gegen *S. nodorum* betrug bei Atmosphärendruck mit der Vakuumbehandlung vergleichbare 70 – 80 %. Im Kleinparzellenversuch war der Feldauflauf von *S. nodorum*-infiziertem Saatgut durch Elektronenbehandlung bei Atmosphärendruck um ca. 10 % zu verbessern.

Der Auflauf des *Microdochium nivale* infizierten Winterweizens und Winterroggens war nach Elektronenbehandlung im Freiland erhöht. Ein Einfluss der Elektronenbehandlung auf den Auflauf des *Fusarium* spp. infizierten Winterweizens war nicht nachzuweisen.

Gegen den Erreger der Streifenkrankheit an Gerste lag der Wirkungsgrad bei 66 %.

Die Praxisreife des Verfahrens wurde in kontrollierten Anbauvergleichen für Roggen und Weizen nachgewiesen.

Das PhytophthoraModell Weihenstephan – Umsetzung in die Praxis

Hausladen, H., Habermeyer, J., Zinkernagel, V.; Lehrstuhl f Phytopathologie der TU München-Weihenstephan, Am Hochanger 2, 85350 Freising.

Im Rahmen einer Forschungsarbeit der TUM-Weihenstephan wurde ein länderübergreifendes Pflanzenschutzkonzept erarbeitet, um den Fungizideinsatz im integrierten Kartoffelanbau gegen den Erreger der Kraut- und Knollenfäule (*Phytophthora infestans*) zu optimieren. Ziel ist die flächige, frühzeitige Dokumentation des Befallsauftretens und die daraus resultierende, effektive Ableitung von Gegenmaßnahmen.

Das Konzept wurde ab dem Jahr 2000 mit organisatorischer und finanzieller Unterstützung der Firma ZENECA Agro GmbH Landwirten und Beratern (amtlich und privat) zur Verfügung gestellt. Erste positive Erfahrungen mit dem PhytophthoraModell Weihenstephan konnten in Zusammenarbeit mit der Bayerischen Officialberatung in den Jahren 1997 bis 1999 gesammelt werden.

Die Integration einer geo-epidemiologischen Befallserhebung und einer witterungsbasierten Epidemiebewertung ist die Grundlage dieses modernen Pflanzenschutzkonzepts. Die Basisdaten für die Befallsbewertung sind Boniturergebnisse von mehr als 250 Monitoringflächen.

Die Datengrundlage für die Epidemiebewertung liefern die Wetterdaten von mehr als 70 Wetterstationen des Deutschen Wetterdienstes (DWD).

Die befalls- und witterungsgestützte Epidemiebewertung erfolgt bundesweit nach den gleichen Rahmenkriterien. Somit ist eine Vergleichbarkeit der Bewertungsdaten gegeben. Die Ergebnisse werden regionalisiert und täglich aktualisiert den Landwirten und Beratern über die modernen Kommunikationsmedien (Internet, e-mail, Fax, SMS) zur Verfügung gestellt. Dadurch wird das PhytophthoraModell Weihenstephan als Entscheidungshilfe und Informationsplattform bei den zahlreichen Fungizidentscheidungen im integrierten Kartoffelanbau dienen.

Eine besondere Zielrichtung der Untersuchung wird die Integration aktueller Forschungsergebnisse zum Thema *Phytophthora infestans* in die Epidemiebewertung sein.

Blattinfektionstest mit *Phytophthora infestans* an Kartoffelblättern aus unterschiedlichen Anbausystemen

Schieder, A., Habermeyer, J., Zinkernagel, V.; Lehrstuhl f. Phytopathologie TU München, Am Hochanger 2, 85350 Freising.

Eine erosionsmindernde Alternative zum herkömmlichen Kartoffel-Anbausystem stellt das sogenannte Sommerdamm-Verfahren dar. Hierbei werden nach der Ernte der Getreidevorfrucht grobschollige Sommerdämme gezogen und mit einer Schutzfrucht besät. Im Frühjahr wird dann zum ortsüblichen Termin mittels einer modifizierten Legemaschine in diese vorgeformten, nun mit Mulch bestandenen Dämme gepflanzt. Dieses Verfahren wird in Parzellenversuchen mit verschiedenen Zwischenfrüchten (Senf, Winterrüben, Winterwicken) untersucht und mit der konventionellen Vorgehensweise (Herbstpflugfurche, Kreiselegge im Frühjahr) verglichen.

Aufgrund der geänderten Bodenbearbeitungsmaßnahmen und -zeitpunkte gegenüber dem Normalverfahren sowie der aufliegenden Mulchschicht kommt es zu einer Änderung zentraler physiologischer Einflußgrößen wie Bodentemperatur, Bodenwassergehalt und N-Dynamik. Dies hat einen deutlichen Effekt auf die Bestandesentwicklung: In Sommerdamm-Varianten verschiebt sich der Auflauftermin sowie der Bestandesschluß um einige Tage nach hinten, die Abreife tritt je nach N-Beitrag der verrottenden Zwischenfrucht unterschiedlich stark verzögert ein. Daher ist die Ertragsbildung anfangs zwar verlangsamt, zum Rodezeitpunkt sind aber Erträge festzustellen, die im wesentlichen von der gesamt-N-Versorgung der jeweiligen Variante abhängig sind.

Im Jahr 1998 war in den ungespritzten Versuchspartellen des Sommerdamm-Systems ein deutlich schwächerer Epidemieverlauf zu beobachten als in den konventionellen Vergleichspartellen. Es lag der Schluß nahe, daß dies auf Unterschiede im Abwehrverhalten zurückzuführen sei, da in der Vergangenheit vielfach auf einen Zusammenhang zwischen dem Alter einer Pflanze und ihrer Anfälligkeit gegen die Krautfäule hingewiesen wurde. Als Ursache konnte jedoch der lichtere Bestandesaufbau im Sommerdamm-System und damit ein trockeneres Bestandesklima nicht ausgeschlossen werden. Deshalb folgten in den Jahren 1999 und 2000 Infektionstests an Blättern aus dem Freiland unter kontrollierten Klimabedingungen, bei denen sich herausstellte, daß die Kartoffelblätter aus den Sommerdamm-Systemen deutlich resistenter waren.

Blattscheibentests, eine schnelle und präzise Methode zur Ermittlung der Metalaxyltoleranz des Falschen Mehltaus der Sonnenblume

Spring, O., Rozynek, B., Zipper, R.; Universität Hohenheim, Institut für Botanik, 70593 Stuttgart.

Metalaxyl (APRON®) galt bis vor wenigen Jahren als sicheres Fungizid für die Bekämpfung von *Plasmopara halstedii*, einem der wichtigsten Krankheitserreger im Sonnenblumenanbau. Es wird als Samenbeizung eingesetzt und ist derzeit in seiner Effektivität gegenüber obligat biotrophen Oomyceten durch keinen anderen Wirkstoff ersetzbar. Innerhalb weniger Jahre haben sich neue Stämme des Pathogens flächendeckend über ganze Anbauregionen in Europa und Nordamerika ausgebreitet,

die sich als tolerant gegenüber Metalaxyl erwiesen [1]. Die Erfassung dieser Toleranz in Feldisolaten von *P. halstedii* ist eine wichtige Voraussetzung für Erarbeitung geeigneter Maßnahmen zu Sicherung des Sonnenblumenanbaus.

In herkömmlichen Tests werden Isolate des Pathogens auf ihre Infektionsfähigkeit gegenüber Metalaxyl-gebeizten Keimlingen der Sonnenblume getestet [2]. Dieses Verfahren entspricht weitgehend den Bedingungen im Feldanbau, es ist jedoch aufwendig, langwierig und unpräzise hinsichtlich der Erfassung exakter Wirkkonzentrationen im Wirtsgewebe zum Zeitpunkt der Infektion. Untersuchungen an Blattgewebe haben gezeigt, daß Metalaxyl von Blattscheiben aus einer Inkubationslösung aufgenommen wird und innerhalb von 24 h im Gewebe die Konzentration der Außenlösung erreicht wird. Die HPLC-Analysen zeigten zudem die Stabilität des Wirkstoffes im Außenmedium und im Gewebe über einen Zeitraum von ca. 2 Wochen. Da sich Blattscheiben der Sonnenblume sehr gut für Infektionsversuche mit *P. halstedii* eignen [3], wurde auf der Basis dieser Ergebnisse ein in-vitro Test zum Screening der Metalaxyltoleranz von Feldisolaten des Erregers entwickelt. Dabei werden Blattscheiben in definierten Konzentrationen des Wirkstoffes inkubiert, mit Sporangien des Pathogens inokuliert und über einen Zeitraum von ca. 10 Tagen bonitiert. Erfolgreiche Infektionen zeigen sich durch Sporulation des Falschen Mehltau am Blattgewebe.

Die Untersuchungen an ca. 20 Feldisolaten von *P. halstedii* aus allen wichtigen Anbaugebieten Süddeutschlands ergaben bisher keinen Hinweis auf erhöhte Toleranz gegenüber Metalaxyl. Konzentrationen über 0.02 µg a.i./ml erwiesen sich als durchweg ausreichend zur Kontrolle des Pathogens. Eine völlig andere Situation zeigte sich bei Isolaten aus Frankreich (Region Dijon und Belfort). 8 von 14 Proben erwiesen sich als Tolerant gegenüber Metalaxylkonzentrationen von über 0.1 µg a.i./ml. Einzelne Isolate sporulierten noch bei Konzentrationen von 100 µg a.i./ml, bei denen bereits die Verträglichkeitsgrenze der Wirtspflanzen erreicht war. Infektionsversuche mit den tolerantesten Isolaten an gebeiztem Saatgut unter praxisnahen Bedingungen bestätigten die Ergebnisse der Blattscheibentests und damit die Eignung dieser Methode zur Bestimmung der Fungizidtoleranz von *P. halstedii*.

[1] Rozynek, B., Spring, O. 2001. Leaf disk inoculation, a fast and precise test for the screening of metalaxyl tolerance in sunflower downy mildew. J. Phytopathol., in press.

[2] Gulya, T. 2001. Metalaxyl resistance in sunflower downy mildew and control through genetics and alternative fungicides. Proc. 15th Int. Sunflower Conf., Toulouse, I-79/84.

[3] Spring, O., Rozynek, B., Zipper, R. (1997). Leaf disk inoculation - a useful tool for selecting infections of sunflower downy mildew at low inoculum concentration, but inappropriate to pathotype characterization. J. Phytopathol. 145, 189-191.

Entwicklung molekularer Sonden zum Nachweis von *Plasmopara halstedii*

Intelmann, F., Bachofer, M., Spring, O.; Universität Hohenheim, Institut für Botanik, 70593 Stuttgart .

Der Falsche Mehltau, *Plasmopara halstedii*, zählt zu den wichtigsten Krankheits-erregern der Sonnenblume. Innerhalb weniger Jahrzehnte hat sich das Pathogen weltweit in alle Anbaugebiete seiner Wirtspflanze ausgebreitet. Neue Stämme, die die Resistenz moderner Zuchtsorten überwunden und Toleranz gegenüber dem Fungizid Metalaxyl entwickelt haben, konnten sich in nur 4 bis 5 Jahren flächendeckend über ganze Anbauregionen in Europa und Nordamerika ausbreiten [1]. Vor diesem Hintergrund ist der Nachweis des Erregers in Saatgut und Feldflächen von zunehmender Bedeutung für die Sicherung des Sonnenblumenanbaus.

Molekularbiologische Untersuchungen an Feldisolaten von *P. halstedii* mit Hilfe von PCR-Techniken zeigten, daß Simple Sequence-Repeat (SSR) - Primer im Genom des Pathogens u.a. zur Amplifikation von DNA-Abschnitten führten, die unabhängig vom Pathotyp, der Fungizidtoleranz oder der geographischen Verbreitung in allen getesteten Isolaten gleichermaßen auftraten. Derartige Amplifikate wurden durch wiederholte Trennung aus Agarosegelen gereinigt, mit Digoxigenin markiert und auf ihre Verwendbarkeit als Sonden zum Nachweis des Pathogens über DNA-DNA-Hybridisierung getestet. Für diese Hybridisierung wurde eine Dot-Blot-Methode angewandt, bei der die Ziel-DNA ohne vorherige Auftrennung punktförmig an eine Nylonmembran gebunden, dann mit der Sonden-DNA in Kontakt gebracht und die erfolgreiche Hybridisierung durch eine enzymatische Farbreaktion nachgewiesen wurde. Die Spezifität solcher Sonden wurde anhand von DNA-Präparationen aus Organismen getestet, die selbst als mikrobielle Pathogene oder Kommensalen der Wirtspflanze in Frage kommen und somit zu einer Fehlinterpretation der Hybridisierungsergebnisse beitragen könnten. Einzelne Sonden erwiesen sich als spezifisch für *P. halstedii*. Für diese wurde in Mischexperimenten mit Fremd-DNA die Nachweisgrenze gegenüber der Ziel-DNA ermittelt.

Ziel dieser Untersuchungen ist die Entwicklung eines einfachen Serientests für den Nachweis des Falschen Mehltaus der Sonnenblume im Saatgut bzw. in Bodenproben der Feldflächen, auf denen die Wirtspflanze angebaut werden soll. In beiden Proben kann das Pathogen in Form von Oosporen überdauern und so seinen Lebenszyklus neu beginnen.

[1] Viranyi, F, Walcz, I. 2000. Population studies on *Plasmopara halstedii*: host specificity and fungicide tolerance. Proc. 15th Intern. Sunflower Conf., Toulouse, I-55/60.

Der Challenge-Test – eine Methode zur praxisrelevanten Bewertung des Anthraknose-Befalls an Lupinensamen

Amelung, D. ; von Tiedemann, A. ; Universität Rostock, Agrar- und Umweltwissenschaftliche Fakultät, FB Agrarökologie, FG Phytomedizin, Satower Str. 48, D 18051 Rostock.

Für die Beurteilung des Saatgutbefalls der Lupine mit der Anthraknose (*Colletotrichum* sp.) wurde von Feiler und Nirenberg die SNA-Methode entwickelt. Es handelt sich um eine Labormethode, die nur begrenzt Aussagen über den feldrelevanten Saatgutbefall zuläßt, da der Befall von Saatgutpartien tendenziell überbewertet wird. Der neu entwickelte Challenge-Tests gestattet eine un-komplizierte, praxisrelevante Beurteilung von Saatgutpartien bzw. Saatgutbehandlungsmaßnahmen *in vivo* in ca. 14 Tagen. Dazu werden mit Sand gefüllte Pikierschalen (50 x 33 cm)

jeweils mit 150 Lupinensamen besät und zunächst 4 d im Gewächshaus bei 20° C bis zur Keimung (Koleoptilen erscheinen) aufgestellt. Danach erfolgt die Inkubation in der Klimakammer (28° C, 6 h Licht, alle 15 min Befeuchtung). Bereits nach weiteren 2 d können erste Symptome der Anthraknose an den Krümmungen des Hypokotyls bzw. an Koleoptilflecken beobachtet werden. Um eine Sekundärinfektion zu verhindern werden befallene Pflanzen täglich entfernt und gezählt. In der Regel wird nach 10 – 14 d kein Befall mehr beobachtet und der Versuch kann beendet werden. Die Auswertung ist nach kurzer Einweisung ohne Laborkapazität möglich. Mit diesem Test können z. B. Saatgutbehandlungen zur Bekämpfung der Anthraknose unabhängig von der Vegetationszeit auch hinsichtlich ihrer Phytotoxizität geprüft und damit Parzellenversuche weitgehend minimiert werden. Beim Samenbefalls werden nur die unter Praxisverhältnissen auflaufenden Samen erfaßt, nicht diejenigen, die wegen starken Befalls nicht auflaufen. Die Bewertung einer chemischen Beizung ist bei der SNA-Methode wegen der Diffusion des Wirkstoffs in den Agar nicht sicher möglich.

Zum Einsatz von arbuskulären Mykorrhizapilzen in der Produktion mikrovermehrter Rosen

Pinior, A., Grunewaldt-Stöcker, G., von Alten, H.; Institut für Pflanzenkrankheiten und Pflanzenschutz, Universität Hannover, Herrenhäuser Str.2, D- 30419 Hannover.

Das Ziel des vorgestellten Projektes ist, das biologische Schutzsystem der arbuskulären Mykorrhiza (AM) modellhaft in der Produktion mikrovermehrter Rosen zu etablieren.

Der Mykorrhizaeffekt kann verbesserte Aneignung und Ausnutzung von Nährstoffen und Wasser, verbesserte Bewurzelung, Seitentriebbildung und frühere Blüte, Reduzierung der Schadwirkung abiotischer Stressfaktoren und bodenbürtiger Krankheitserreger umfassen. Es gibt Hinweise, dass die Effizienz der Symbiose von der Kombination Wirtspflanze/Mykorrhizapilz-Isolat abhängig ist.

In zwei Gewächshausexperimenten wurden 17 wirtschaftlich bedeutende Rosensorten und 7 AM-Isolate (*Glomus intraradices*, *G. mosseae*, *G. etunicatum*) auf ihre Kompatibilität geprüft. Die Kombinationen zeigten unterschiedliche Mykorrhizierungsraten und -intensitäten; einige Kombinationen entsprachen dem Versuchsziel, durch Mykorrhizierung eine Leistungssteigerung der Pflanzen zu erreichen. Sie wurden anhand von Daten zum Pflanzenwachstum und zur Entwicklung der Mykorrhizastrukturen ermittelt. In Abhängigkeit von der Jahreszeit konnten isolatspezifische Veränderungen im Pflanzenwachstum beobachtet werden. Nur zu Anfang des Jahres kultivierte Pflanzen zweier Rosensorten wiesen unter dem Einfluss der Mykorrhiza gesteigertes Sprosswachstum auf.

Die unterschiedliche Effizienz der Kombinationen wird besonders unter reduzierten Nährstoffbedingungen deutlich. Von bestimmten Isolaten mykorrhizierte Pflanzen der Rosensorte ‚New Dawn‘ erreichten bei geringerer Düngergabe Sprosslängen wie nicht mykorrhizierte Pflanzen mit besserer Nährstoffversorgung.

Solche günstigen Sorte/Isolat-Kombinationen haben unmittelbar praktische Bedeutung für Versuchsansätze zur Optimierung des Nährstoffangebots in der Jungpflanzenanzucht des kooperierenden Betriebes; die Verwendung ausgewählter AM-Isolate kann hier zur Verkürzung der Kulturzeit besonders im ersten Jahresdrittel beitragen.

Die Auswahl effizienter AM-Isolate ist Voraussetzung für weitere, physiologische Untersuchungen zur Stresstoleranz mykorrhizierter Rosenpflanzen gegenüber abiotischen Stressoren, auch unter Freilandbedingungen.

Das Projekt wird von der Deutschen Bundesstiftung Umwelt gefördert.

Schleimpilze - Systematische Einordnung, Biologie und phytopathologische Bedeutung

Geßner, E.; Ref. Landbau und Pflanzenschutz der LK Westfalen Lippe, Nevinghoff 40, 88147 Münster.

Die Schleimpilze stellen eine phylogenetisch heterogene Gruppe von Organismen dar, die heute fünf Abteilungen in zwei unterschiedlichen Reichen zugeordnet werden. Ein kurzer systematischer Überblick zeigt, dass die verwirrende Vielfalt der früheren Systematiken einem immer stärkerem Konsens weicht, wobei manche frühen Erkenntnisse der Morphologen durch molekulargenetische Untersuchungen untermauert werden. In der Praxis führen diese Pilze oft zu Erstaunen, Irritationen oder sogar zu Ängsten. Zu diesen Organismen zählt auch das größte Protozoon der Welt mit dem morphologischen Wert einer einzigen Zelle. Wegen ihrer Formenvielfalt und ihrer oft grazilen, ausgesprochen hübschen Formen wurden die Myxomycetes vor allem von Laienforschern in den letzten Jahren intensiv erforscht. Dadurch ist die Zahl der bekannten Arten innerhalb kurzer Zeit in die Höhe geschossen, und die Zahl der Veröffentlichungen nur noch schwer zu überschauen. Der Einsatz von Rindenmulch und ähnlichen Substraten führte zu einem verstärkten Auftreten von Myxomyzeten, insbesondere in Kleingärten und Gartenbaubetrieben. Die Fruchtkörper (Myxocarpien) sind, im Gegensatz zu den Plasmodien, oft an exponierter Stelle zu finden, meist auf organischen Substraten, doch mitunter sogar auf Glas-, Metall- oder Kunststoffflächen. Wenn auch die Schleimpilze nicht als Parasiten an Kulturpflanzen anzusehen sind, so können doch bei einer Massenentwicklung an einzelnen Pflanzen Schäden auftreten, die letztlich durch die Behinderung von Photosynthese und Atmung bedingt sind. Aber auch in feucht gewordenen Luftfiltersystemen, Biofilteranlagen von Restmüllkompostierungsanlagen und sogar auf kunststoff-

beschichteten Labor-Einbauschränken können sie ihre Myxocarprien bilden. In der Folge werden die unterschiedlichen Myxocarpientypen der Myxomycetes in Wort und Bild dargestellt, nämlich Sporophoren mit Exosporen, sowie Myxogasterocarprien mit Endosporen. Bei den Myxogasterocarprien können Sporocarprien, Pseudoaethalien, Aethalien und Plasmodiocarprien unterschieden werden.

Verbreitung und Charakterisierung von *Rhizoctonia solani* an Zuckerrüben

Führer-Ithurrart, E.; Institut für Zuckerrübenforschung, Holtenser Landstrasse 77, D-37079 Göttingen.

Der Pilz *Rhizoctonia solani* ist weltweit verbreitet und hat ein breites Spektrum an Wirtspflanzen. Die Biotypen werden in verschiedene Anastomosegruppen (Hyphenfusionsgruppen) eingeteilt. Die Einteilung basiert auf der Kompatibilität von Isolaten und spiegelt bestimmte physiologische Leistungen des Pilzes oder die Pathogenität für einen Wirt oder eine Wirtsgruppe wider. Für Zuckerrüben pathogen sind die Anastomosegruppen AG 4 (Seitenwurzelfäulen an Jungpflanzen) und die AG 2-2, die die Späte Rübenfäule auslöst, eine Krankheit, die in Deutschland an Bedeutung gewinnt.

Detaillierte Kenntnisse über die Verbreitung des Schadpilzes in deutschen Zuckerrübenanbaugebieten und seine molekulargenetische Charakterisierung sind eine Voraussetzung für Erfolg versprechende Bekämpfungsansätze. Für die Züchtung *Rhizoctonia* resistenter Zuckerrüben ist es wichtig zu wissen, ob es Biotypen mit besonderer Aggressivität gibt, ob sich die verschiedenen geographischen Herkünfte des Pilzes hinsichtlich Krankheitsverlauf und Schadausprägung an den Zuckerrüben unterscheiden oder ob es zu Interaktionen zwischen einem bestimmten Erregertyp und einer Resistenzquelle im Sinne einer Pathotypenbildung kommt.

Am Institut für Zuckerrübenforschung wurden in den Vegetationsperioden 1998 bis 2000 bundesweit Fälle von *Rhizoctonia*-Rübenfäule kartiert, der Pilz isoliert und eine Isolatebank mit mehr als 100 Pilzherkünften in Deutschland angelegt. Die Isolate werden derzeit morphologisch und mit physiologischen (Zymographie) und molekulargenetischen Methoden (RAPD-PCR; VNTR-PCR) charakterisiert und verglichen.

Die *Rhizoctonia*-Rübenfäule, eine Krankheit mit zunehmender Bedeutung für den Zuckerrübenanbau in Deutschland

Büttner, G.; Institut für Zuckerrübenforschung, Holtenser Landstrasse 77, D-37079 Göttingen.

Rhizoctonia solani (KÜHN) ist ein weltweit verbreiteter Schadpilz an landwirtschaftlichen und gärtnerischen Kulturen. Bei Zuckerrüben verursacht er neben Seitenwurzelfäulen an Jungpflanzen auch die Späte Rübenfäule (engl. *Rhizoctonia* Root and Crown Rot). Die Krankheit hat in Deutschland in den letzten Jahren deutlich zugenommen. Derzeit dürften in den Hauptbefallsgebieten in Niederbayern, Südbaden, im Rheinland und in Dithmarschen bis zu 10.000 ha Anbaufläche betroffen sein, 10 % davon stark. Schäden durch die Späte Rübenfäule werden erst im fortgeschrittenen Entwicklungsstadium der Rüben nach Reihenschluss sichtbar. Typisch ist ein nesterweiser Befall, Welke und die im oberen Teil des Rübenkörpers einsetzende Fäule. Ertrag, Verarbeitungsqualität und Lagerfähigkeit der Zuckerrüben werden durch die *Rhizoctonia*-Rübenfäule stark beeinträchtigt. Eine direkte Bekämpfung des bodenbürtigen Erregers ist nicht möglich. Fungizide und

Antagonisten zeigen, wenn überhaupt, nur eine geringe befallsmindernde Wirkung. Mit pflanzenbaulichen Maßnahmen lässt sich möglicherweise einem Schaden entgegenwirken. Das verstärkte Auftreten der Späten Rübenfäule in einigen Fruchtfolgen deutet auf eine Infektionskette über mehrere Fruchtfolgeglieder hin. Hinweise auf eine krankheitsfördernde Wirkung von Mais konkretisieren sich. Mittelfristig ist die Züchtung *Rhizoctonia* resistenter Zuckerrübensorten ein den Zuckerrüben-Züchtungsunternehmen *Rhizoctonia* resistente Neuzüchtungen zur erfolgversprechender Weg zur Kontrolle der Krankheit. 1999 wurden erstmals von Wertprüfung beim Bundessortenamt angemeldet. Am Institut für Zuckerrübenforschung wird im Rahmen eines von der Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung e. V. (GFP) finanzierten Forschungsvorhabens Untersuchungen zur Pathogenese der *Rhizoctonia*-Rübenfäule durchgeführt und eine Methode zur Erfassung und Quantifizierung von Resistenz gegenüber *Rhizoctonia solani* bei Zuckerrüben entwickelt.

Histologische Untersuchungen zur Pathogenese der Blattbräune an Süßkirschen (*Gnomonia erythrostoma*)

Hecht, D.; Zinkernagel, V.; Lehrstuhl für Phytopathologie, Technische Universität München-Weihenstephan, Am Hochanger 2, D-85350 Freising.

Der Ascomycet *Gnomonia erythrostoma* ist der Erreger der Blattbräune an Süßkirschen. Da die Krankheit regional begrenzt auftritt und bis 1990 nur einmal über einen längeren Zeitraum in Erscheinung trat, ist der momentane Wissensstand über die Krankheit gering. Die am Lehrstuhl für Obstbau (Technische Universität München) durchgeführten histologische Untersuchungen sollen einen ersten Überblick über die Pathogenese des Erreger geben.

Das erste Anzeichen einer Blattinfektion mit *Gnomonia erythrostoma* ist das Auslaufen von Pectinen oder verwandten Substanzen aus den oberen Epidermiszellen. Die Penetration des Pilzes erfolgt im allgemeinen von der Blattoberseite, wobei der genaue Penetrationsvorgang noch nicht aufgeklärt ist. Nach dem Eindringen wächst der Pilz in das Schwammparenchym und breitet sich dort aus. Auch die mittlere Blattader stellt für ihn keine Barriere dar. Beginnt das Blatt zu nekrotisieren bildet sich die Nebenfruchtform des Pilzes. Hierbei kommt es subepidermal zu einer Zusammenballung der Hyphen, woraus sich später die Pyknidien mit Konidien entwickeln. Durch die Volumenzunahme der Pyknidien wird die Epidemis gesprengt und die Konidien werden bei nassen Bedingungen ausgeschwemmt. Welche Funktion die Konidien haben ist noch nicht eindeutig geklärt. Nach den bisherigen Beobachtungen scheinen die Konidien als Spermatien zu fungieren, die nach Kopulation mit Empfängnisshyphen die Bildung der Perithezien einleiten.

Alternative Behandlungsmethoden zur Bekämpfung des *Septoria*-Befalls an Sellerie- und Petersiliensaatgut

Nega, E.¹, Ulrich, R.², Werner, S.³, Pfefferle, Ch.⁴, Jahn, M.¹; ¹ Biologische Bundesanstalt, Institut für Integrierten Pflanzenschutz, Stahnsdorfer Damm 81, D-14532 Kleinmachnow; ² Regierungspräsidium Gießen, Pflanzenschutzdienst, Schanzenfeldstr. 8, D-35578 Wetzlar; ³ HILD Samen GmbH, D-71672 Marbach; ⁴ SOURCON-PADENA, Wollgrasweg 49, D-70599 Stuttgart.

Der durch Saatgutübertragung verursachte *Septoria*-Befall von Sellerie (*Septoria apiicola* Speg.) und Petersilie (*Septoria petroselini* Desm.) kann zu erheblichen

Ertragsverlusten führen. Derzeit gibt es keine Bekämpfungsmöglichkeiten, so dass Alternativen für eine Befallsreduzierung am Saatgut bzw. zur Erhöhung der Widerstandsfähigkeit der Pflanzen sowohl für den ökologischen als auch den konventionellen Anbau dringend erforderlich sind. In einem vom Bundesministerium für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft geförderten Verbundprojekt werden alternative Methoden der Saatgutbehandlung für den ökologischen Landbau mit dem Ziel untersucht, optimale Varianten zur Praxisreife zu bringen. Die Wirkung der Saatgutbehandlung mit Heißwasser und mit dem Pflanzenstärkungsmittel PRORADIX gegen *S. apiicola* und *S. petroselini* wurde in Labor- und Freilandversuchen geprüft. Die Heißwasserbehandlung mit Temperaturen von 50 bis 53 °C und Behandlungszeiten von 30 bis 10 min bewirkte eine deutliche Reduktion der Sporenzahl am Saatgut (Wirkungsgrade bei 50 °C/30 min 93 % bei Petersilie und 89 % bei Sellerie). Die Keimung wurde in diesem Parameterbereich nicht beeinträchtigt. In Freilandversuchen reduzierte die Heißwasserbehandlung das Krankheitsauftreten bis zum Beginn von Sekundärinfektionen teilweise signifikant. Die Anlagerung von PRORADIX bewirkte eine im Vergleich zur Heißwasserbehandlung schwächere Reduktion des Befalls mit *Septoria* spp.. Die Kombination der Heißwasserbehandlung mit PRORADIX führte nur in wenigen Fällen zu einer Wirkungsverbesserung. Alle Behandlungen bewirkten bei Petersilie einen verbesserten Auflauf im Freiland. Eine tendenzielle Ertragsverbesserung lag sowohl bei Petersilie als auch bei Sellerie in allen behandelten Varianten vor.

Vegetative compatibility and genetic diversity in *Colletotrichum gloeosporioides*, the causal agent of yam anthracnose in Nigeria

Abang, M.M.^{1, 3}, Hoffmann, P.¹, Winter, S.¹, Green, K.R.², Wolf, G.A.³; ¹Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen, Mascheroder Weg 1B, D-38124, Braunschweig; ²International Institute of Tropical Agriculture (IITA) c/o L.W. Lambourn & Co., 26 Dingwall Road, Croydon CR9 3EE, England; ³Institut für Pflanzenpathologie und Pflanzenschutz der Universität Göttingen, Grisebachstrasse 6, D-37077, Göttingen.

Colletotrichum gloeosporioides is the causal agent of anthracnose, the most important pathological constraint to the production of water yam (*Dioscorea alata*) worldwide. Forty-one isolates of *C. gloeosporioides* from yam-based cropping systems in Nigeria, previously characterized on the basis of morphology, virulence, and random amplified polymorphic DNA (RAPD) analysis, were further compared for vegetative compatibility. Chlorate-resistant nitrate-nonutilizing (*nit*) mutants were generated from the isolates and used in complementation (heterokaryon) tests. Tests of vegetative compatibility between complementary mutants from different isolates indicated the presence of many genotypes and suggested that clonal spread was very limited. No compatibility was observed between isolates of the aggressive slow growing grey (SGG), the moderately virulent fast growing salmon (FGS), and the avirulent/weakly virulent fast growing grey (FGG) biotypes. Also, isolates from the same lesion were observed to belong to different vegetative compatibility groups (VCGs). Thirty-nine *C. gloeosporioides* isolates belonged to twenty-six VCGs, giving a genotype diversity estimate of 0.67. VCG diversity confirmed the highly variable nature of the pathogen population as revealed by previous characterization, however, no correlation was found between VCGs and isolate groupings based on morphology, virulence, or RAPD analysis. The finding that an isolate from weed was compatible with yam isolates indicates that transfer of important traits such as virulence, may take

place between weed and yam isolates. The population structure revealed by these studies supports the hypothesis that ascospores play an important role in the epidemiology of anthracnose on yam, in addition to asexual reproduction.

Ursachenkomplex der Esca-Krankheit der Weinrebe

Kassemeyer H.-H., Morgenstern I., Fischer M.; Staatliches Weinbauinstitut Freiburg im Breisgau, Universität Regensburg.

Die Esca-Krankheit der Weinrebe ist schon seit dem Altertum bekannt und sie hat vor allem in südlichen Weinbaugebieten immer wieder schwere Schäden verursacht. In Deutschland wird seit 15 Jahren eine Zunahme dieser Krankheit beobachtet, die in den letzten Jahren teilweise ein bedrohliches Ausmaß angenommen hat. Die Esca-Krankheit manifestiert sich in einem komplexen Syndrom und sie führt zum Absterben der Rebstöcke. Neben Nekrosen an den Blättern fallen ausgedehnte Zonen mit Weißfäule im Stamm der erkrankten Pflanzen auf.

Von der Esca-Krankheit sind die südlichen Weinbaubereiche in Baden, die sich durch hohe mittlere Jahrestemperaturen auszeichnen, besonders betroffen. Im Durchschnitt sind ca. 5% der Rebstöcke einer Rebanlage befallen. Allerdings fanden wir Flächen mit einer Befallshäufigkeit von über 40%.

Aus den Stämmen von Pflanzen mit den typischen Krankheitssymptomen konnten wir eine Reihe von holzerstörenden Basidiomyceten isolieren. Weißfäule trat aber auch in symptomlosen Rebstöcken auf, die aus der Nachbarschaft erkrankter Pflanzen stammten. In den Zonen mit Weißfäule wiesen wir *Fomitiporia punctata* nach. In einigen Fällen trat *Stereum hirsutum* auf. Der Nachweis erfolgte mit PCR, wobei spezifische Primer aus den ITS-Regionen verwendet wurden.

Neben der Weißfäule fanden wir im Stamm und der Unterlage befallener Rebstöcke schwarze, punktförmige Verfärbungen, die teilweise konzentrisch angeordnet waren. Aus dem Bereich dieser Verfärbungen isolierten wir *Phaeoacremonium chlamydosporum* (Taxon wird derzeit revidiert). Der Nachweis erfolgte ebenfalls mit PCR und Primer aus den ITS-Regionen.

Die bisherigen Untersuchungen zeigen, dass *F. punctata* an der Weißfäule Esca-infizierter Rebstöcke beteiligt ist. *Phaeoacremonium chlamydosporum* steht ebenfalls in Beziehung zu dieser Krankheit; möglicherweise erleichtert der Vorbefall durch dieses Pathogen die Infektion des Stammes mit *F. punctata*.

Einfluß von Rapsproduktionssystemen auf das Epidemieverhalten pilzlicher Krankheitserreger

Söchting, H.-P., Verreet, J.-A.; Inst. f. Phytopathologie, Universität Kiel, Hermann-Rodewald-Str. 9, 24118 Kiel.

Im Rahmen des Sonderforschungsbereiches 192 an der CAU Kiel zum Thema „Optimierung pflanzenbaulicher Produktionssysteme im Hinblick auf Leistung und ökologische Effekte“ wurden die Auswirkungen unterschiedlicher Intensitätsstufen in Rapsanbausystemen auf den Epidemieverlauf von Rapspathogenen an zwei Standorten in Schleswig-Holstein untersucht. Die Sorten Joker (Futterkamp) und Falcon (Hohenschulen) wurden im konventionellen Verfahren (Pflugsaat) und in reduzierter Bodenbearbeitung (Grubberdrillsaat) bestellt. Die Anbausysteme unterschieden sich weiter in der Höhe der mineralischen N-Düngungsmaßnahmen (0, 120, 240 kg/ha) und der Terminierung von Fungizidapplikationen (Herbst, Frühjahr, Blüte und Kombinationen daraus). Maßgebliche Pathogene des Versuchszeitraumes

waren *Phoma lingam*, *Verticillium dahliae* und *Peronospora parasitica*. Von geringerer Bedeutung waren *Sclerotinia sclerotiorum*, *Pseudocercospora capsellae*, *Alternaria brassicae* und *Botrytis cinerea*. Im Untersuchungszeitraum von 1997-1999 waren das Pathogenspektrum und die Befallsintensität an beiden Standorten sehr ähnlich.

Die pfluglose Bodenbearbeitung führte vor allem bei *Verticillium dahliae* zu einer Befallszunahme. Durch eine gesteigerte N-Düngung wurden die Blattpathogene *Botrytis cinerea* und *Peronospora parasitica*, sowie die Tracheomykose *Verticillium dahliae* gefördert. Die Erträge stiegen mit gesteigerter Anbauintensität (Pflug, mineralische N-Düngung und Fungizideinsatz) an. Auch die Fraßfähigkeit von *Ceutorhynchus quadridens* und die wertgebenden Inhaltsstoffe der Rapssamen (Öl-, Protein-, Glucosinolatgehalt) wurden durch die Versuchsfaktoren beeinflusst. Ein Anstieg der mineralischen N-Düngung förderte den Befall mit *C. quadridens*, verminderte den Öl- und erhöhte den Proteingehalt. Der Glucosinolatgehalt war in der pfluglosen Bodenbearbeitungsstufe gegenüber der Pflugvariante leicht erhöht.

Vorträge AK Wirt-Parasit-Beziehungen

Koevolution in Wirt-Parasit Systemen am Beispiel des Pathosystems Gerste/Gerstenmehltau

Pons-Kühnemann, J., Löwer C., Braun, P., Köhler W.; Justus-Liebig-Universität Giessen, Biometrie und Populationsgenetik, Heinrich-Buff-Ring 26-32, 35392 Giessen.

Das Verständniss über die Erhaltung von Polymorphismen in Wirt-Parasit Systemen ist wesentlich, um Rückschlüsse auf koevolutive Prozesse in natürlichen Pathosystemen zu erklären. Das Pathosystem *Blumeria* (syn. *Erysiphe*) *graminis* / *Hordeum spontaneum* zeichnet sich durch komplexe Polymorphismen, d.h. einer hohen Anzahl von Resistenzgenen und entsprechende korrespondierende Virulenzen, aus. Aufgrund seiner obligat biotrophen Lebensweise, seiner Wirtsspezifität und Kreuzungsinkompatibilität zu anderen formae speciales ist der Ascomycet *Blumeria graminis* koevolutiv eng an seinen Wirt gebunden. Die Interaktion zwischen rassenspezifischen Resistenzgenen des Wirtes und Avirulenzgenen des Pathogens folgt der Gen-für-Gen Hypothese.

In unseren Untersuchungen zur Koevolution von Wildgerste und Gerstenmehltau in der Westtürkei wurde die genetischen Variabilität des Pathogens und die Mehlauresistenz innerhalb von drei Wildgerste-Populationen der Türkei bestimmt. Die dreijährigen Ergebnisse zeigen geringe Resistenzfrequenzen und -komplexität in den Wildgerstepopulationen. Umgekehrt waren in den entsprechenden Mehлтаupopulationen die Virulenzfrequenzen und die Virulenzkomplexität hoch. Da für 'unnötigen' Virulenzen in der Regel ein Fitnessnachteil angenommen wird und diese sich nicht in der Population anreichern dürften, schien das Resultat zunächst nicht erklärbar.

Hier wird gezeigt, dass Modelle zur Beschreibung von Wirt-Parasit Koevolution in Gen-für-Gen Systemen die Resultate erklären können. Exemplarisch wird das Model von Leonard (1994) vorgestellt. Die Modelle zeigen im Gleichgewichtszustand konsistent niedrige Frequenzen der Resistenz im Wirt und hohe Virulenzfrequenzen der pathogenen Populationen. Damit sind sie geeignet die Resultate aus unseren Untersuchungen sowie aus anderen Pathosystemen zu beschreiben.

Leonard KJ. (1994) Phytopathology 84: 70-77.

Wie der Weizenschwarzrost unsichtbar wird !?

Wiethölter, N., Ortmann, I., Reisinge, K., Beike, U., Moerschbacher, B. M.;
Institut für Biochemie und Biotechnologie der Pflanzen, Hindenburgplatz 55, 48143
Münster.

Pflanzen können Pathogene an Signalmolekülen „erkennen“; die während der Interaktion enzymatisch aus der pflanzlichen oder pilzlichen Zellwand freigesetzt werden. Durch die Erkennung dieser Elicitoren ist die Pflanze in der Lage Abwehrreaktionen einzuleiten und so das Pathogen abzuwehren.

Im Weizen/Weizenschwarzrostsystem wirken die bisher identifizierten Elicitoren (Pgt-Elicitor, Chitosan-Polymere, Chitin-Oligomere) unspezifisch, d.h. sie lösen nach Injektion in die Interzellularräume Abwehrreaktionen, in Form einer hypersensitiven Reaktion, sowohl in resistenten als auch suszeptiblen Weizenkultivaren aus. Der Weizenschwarzrost verrät sich also durch diese Elicitoren. Der Rostpilz ist durch sie für die Pflanze „sichtbar“ und wird abgewehrt.

Für eine erfolgreiche Besiedlung des Weizengewebes muß der Weizenschwarzrost für die Pflanze also unsichtbar werden.

Daher wird die Beteiligung von Suppressoren als Gegenspieler der Elicitoren in Betracht gezogen. In Suppressortests konnte gezeigt werden, daß Pektinoligomere die elicitor-induzierte Nekrotisierung von Weizenblättern verhindern. Auch die elicitor-induzierte Aktivierung der Phenylalaninammoniumlyase (PAL) wird unterdrückt.

Eine Freisetzung dieser endogenen Suppressoren nur bei der Interaktion zwischen dem Weizenschwarzrost und suszeptiblen Weizenpflanzen setzt die Aktivität eines Pektin-abbauenden Enzyms voraus. Dieses Enzym würde zum Zeitpunkt der Zellwandpenetration Pektinfragmente aus der pflanzlichen Zellwand herauslösen und dadurch die Elicitor-induzierten Abwehrreaktionen unterdrücken. Es ist die Etablierung einer Methode gelungen, Haustorienmutterzellen des Schwarzrostes in vitro zu induzieren, und erstmals konnte die Bildung eines Pektin-abbauenden Enzyms beobachtet werden.

Die Rolle des Epikutikularwachses von Weizenblättern in der Besiedlung durch den biotrophen Rostpilz, *Puccinia graminis* f.sp. *tritici*

Reisinge, K., Daniels, U., Horn, S., Beike, U., Moerschbacher, B. M.;

Westfälische Wilhelms-Universität Münster, Institut
der Biochemie und Biotechnologie der Pflanzen,
Hindenburgplatz 55, 48149 Münster.

Biotrophe Pathogene weisen in ihrer

Besiedlungsstrategie vielfältige Adaptionen an ihre Wirtspflanze auf. Die hochgradige Anpassung hilft die Abwehrsysteme der Wirtspflanze möglichst zu umgehen. Die Differenzierung spezialisierter Infektionsstrukturen ist abhängig von einer Reihe Signalsubstanzen, die die Ausbildung dieser Strukturen in bestimmten Phasen der Besiedlung steuern. In *in vitro*-Experimenten, ohne die Applikation induzierender Reize, zeigt der Weizenschwarzrost nur eine sehr geringe Anzahl an Infektionsstrukturen. *In vivo* wird diese Entwicklung von einer Vielzahl an Reizen bestimmt, von denen bis jetzt nur einige bekannt sind. Als mögliche Reize werden bei den verschiedenen Rostarten die Topographie der Blattoberfläche bzw. deren Hydrophobizität, die Form der Stomata, flüchtige Wirts-faktoren, die sich im Interzellularraum ansammeln, und die oberste Wachsschicht, der Epikutikularwachs, diskutiert.

Die Zusammensetzung des Epikutikularwachses unterscheidet sich je nach Pflanzenart, Entwicklungszustand und Umweltbedingungen. Zur Untersuchung des Epikutikularwachses wurden Extrakte der Oberfläche von 14 - Tage - alten Weizenblättern mit verschiedenen Lösungsmitteln, die unterschiedliche Substanzen herauslösen, hergestellt. Durch *in vitro* Induktionstest konnte gezeigt werden, daß die Wachsextrakte die Differenzierungsrate des Weizenschwarzrostes unterschiedlich stark beeinflussen. Diese verschiedenen Extrakte wurden mit Hilfe der Gaschromatographie und der Massenspektrometrie untersucht. Dabei wurde ein langkettiges Aldehyd als Unterscheidungsmerkmal der verschiedenen Extrakte identifiziert. Die induktive Wirkung der verschiedenen Extrakte und des isolierten Aldehyds konnte nach der Entwicklung einer neuen Applikationsmethode eindeutig bewiesen werden.

Entwicklung steriler Schilf-Kulturen zur Untersuchung des Einflusses von *Stagonospora* spp. auf Schilf (*Phragmites australis*)

Ernst, M., Mendgen, K., Wirsel, S.; Lehrstuhl für Phytopathologie, Fakultät für Biologie, Universität Konstanz, D-78434 Konstanz.

In den vergangenen Jahrzehnten wurde an verschiedenen europäischen Seen, u.a. auch am Bodensee, ein Rückgang des Schilfgürtels (*Phragmites australis*) beobachtet. Wir wollen wissen, welche Rolle endophytische Pilze bei der Pflanzengesundheit spielen. Eine Isolierungskampagne aus oberflächen-sterilisierten Pflanzenteilen zeigte große Biodiversität und z.T. Habitatsabhängigkeit.

Um die Frage nach der Rolle der Pilze im Biotop zu untersuchen, haben wir axenische Schilf-Pflanzen mit unterschiedlichen Behandlungen von Saatgut hergestellt und mit molekularen Methoden auf Restpilzbefall getestet. An solchen Pflanzen wollen wir den Einfluß von endo-phytischen Pilzen untersuchen.

Das Vorkommen des Endophyten *Stagonospora* spp. haben wir mit isolatspezifischen PCR-Primern im Schilf an verschiedenen Standorten und Pflanzenorganen untersucht und über mehrere Jahre, sowie verschiedene Jahreszeiten hinweg verfolgt. Es zeigte sich, daß dieses Isolat an allen untersuchten Bodensee-Standorten häufig ist und auf allen Pflanzenorganen außer Rhizomen vorkommt.

Durch Inokulation von Keimlingen in vitro bzw. von jungen Schilfpflanzen im Mikrokosmos wird zur Zeit der Einfluß dieser Isolate untersucht.

Fluorescent pseudomonads in combination with acibenzolar-S-methyl induce synergistic disease resistance in tomato against bacterial and fungal pathogens

Fakhouri, W., Neemann, M., Walker, F., Buchenauer, H.; Institute of Phytomedicine, University of Hohenheim, Otto-Sanderstr. 5, 70593-Stuttgart, Germany. E-mail: fakhouri@uni-hohenheim.de

Application of selected isolates of *Pseudomonas fluorescens* (G309) and *Pseudomonas* sp. (CW2) in combination with acibenzolar-S-methyl (ASM) at 10-200µM showed synergistic effects against tomato diseases caused by *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* and *Pseudomonas syringae* pv. *tomato*. In order to explore these synergistic effects, mechanisms of interaction between fluorescent pseudomonad isolates G309 and CW2 with ASM have been studied in vitro and in vivo. Activation of resistance in tomato and tobacco plants by combinations of fluorescent pseudomonad isolates (G309 and CW2) with ASM (10 and 20µM) was not salicylic acid dependant according to the HPLC analysis and activation of resistance against tobacco mosaic virus (TMV) in transgenic tobacco plants that constitutively express a salicylate hydroxylase gene (*nahG*). On the other hand, the content of shikimic acid among the 23 phenolic

substances analysed was very high especially in the roots of tomato plants 4 and 8 days after treatment of ASM in combination with bacteria. Combinations of ASM (10 and 20 μ M) with fluorescent pseudomonad isolates G309 and CW2 activated the accumulation of the PR-1a protein in the transgenic tobacco plants (PR-1a;GUS) before and after inoculation with TMV. Reisolation of the transformed isolate G309-384 (containing the gfp-gene) from the rhizosphere of tomato plants treated with ASM 10 μ M showed an increase in the fluorescent intensities.

TEMAUXIN, ein Resistenzinduktor auf der Basis von Zellstreckungshormonen
Temmen, K.H.; Temmen GmbH, Ankerstr. 72, 65795 Hattersheim.

Mit Hilfe von Infektionsversuchen und Paraffinschnitten von Blättern wurde nachgewiesen, dass die horizontale bzw. nicht rassenbedingte Resistenz von monokotylen und dikotylen Pflanzen gegenüber Echten Mehltaupilzen vom Vakuolisierungsgrad der Epidermiszellen und damit von der Nährstoffversorgung über das Cytoplasma abhängig ist. Zellen von Pflanzenarten- und sorten, welche die Vakuolisierung rasch durchlaufen, werden vom Pilz wenig oder nicht befallen. Es kann zwar vereinzelt zur Ausbildung von Primär- und Sekundärhaustorien kommen, die Sporulationsphase des Pilzes wird jedoch selten erreicht. Elektronenmikroskopische Untersuchungen bestätigten die Vermutung, dass Primärhaustorien nur in indirektem Kontakt über die extrahaustoriale Membran und der Matrix mit dem Wirtscytoplasma der Zellen gebildet werden können. Trifft die Penetrationshyphe nicht genügend Cytoplasma in der Wirtszelle an, so kommt es meistens zur Ausbildung eines nicht funktionsfähigen Haustoriums oder einer Papille. Papillen wurden in biotrophen horizontalen Wirt-Parasit-Beziehungen überwiegend bei Primärinfektionen in stark bzw. vollkommen vakuolisierten Zellen beobachtet, so dass es sich nicht um eine Abwehrreaktion, sondern wahrscheinlich um eine Reparaturmassnahme der Wirtszelle handelt. In solchen Zellen hingegen, welche dem Pilz eine Ernährungsgrundlage zur Ausbildung von Primär- und Sekundärhaustorien bieten, vollendet dieser seine Entwicklung bis zur Sporulation. Mit einseitiger Stickstoffdüngung wurde die Resistenz von Gurkensorten gegenüber Echten Mehltaupilzen vermindert. Die Blätter blieben kleiner und das Streckungswachstum der Zellen verlangsamte sich. Im Gegensatz dazu konnte mit Zellstreckungshormonen aus der Familie der Auxine die Resistenz von mehreren Gurkensorten bei Applikation einer definierten Wirkstoffmenge erhöht werden. Arbeiten zur Verbesserung der Wirkungssicherheit von TEMAUXIN sind notwendig. Eine Zusammenarbeit mit einem kompetenten Institut wird angestrebt.

Histologische und physiologische Untersuchungen an mit *Phytophthora quercina* infizierten Eichensämlingen

Oßwald, W.¹, Brummer, M.¹, Arend, M.², Fleischmann, F.¹, Matyssek, R.³, Fromm, J.²
: ¹ Technische Universität München, Department für Ökologie, Phytopathologie, Am Hochanger 13, 85354 Freising; ² Technische Universität München, Department Biogene Rohstoffe und Technologie der Landnutzung, Winzererstrasse 45, 80797 München; ³ Technische Universität München, Department für Ökologie, Forstbotanik, Am Hochanger 13, 85354 Freising.

Unser Versuchsansatz sollte die Frage klären, ob und wie schnell sich eine Wurzelinfektion durch *Phytophthora quercina* auf die Physiologie von Eichensämlingen auswirkt und welche histologischen Veränderungen das Pathogen verursacht.

Wenige Tage nach Infektion wurde ein signifikanter Rückgang der Nettophotosynthese- und der Transpirationsrate bei infizierten im Vergleich zu Kontrollpflanzen gemessen. Zu diesem Zeitpunkt zeigten die Pflanzen noch keine Symptome auf den Blättern. Der Einbruch der Photosynthese war wenige Tage nach Infektionsbeginn, noch bevor sichtbare Wurzelschäden zu beobachten waren, signifikant nachweisbar. Die Schädigung des Feinwurzelsystems durch *P. quercina* wurde mit Hilfe verschiedener spezifischer Wurzelparameter quantifiziert. Histologische Aufnahmen verdeutlichten, dass das Pathogen vornehmlich interzellulär im Cortex wächst und nach enzymatischer Lyse der Zellwände Wirtszellen penetriert. Mit Hilfe der ELISA-Technik und spezifischen Antikörpern gelang es das Pathogen und das von ihm gebildete Elicitin, das Quercinin, im infizierten Gewebe zu quantifizieren. Dieses Peptid wurde nach Immunofluoreszenz- und Immunogoldmarkierung in den Zellwänden von *P. quercina* und im Apoplasten nachgewiesen.

Chemisch induzierte Resistenz in Gerste gegenüber Echtem Mehltau: Charakterisierung eines chemisch induzierten Gens

Beßer, K., Langen, G., Kogel K.-H.; Inst. f. Phytopathologie u. Angew. Zoologie, Universität Gießen, Heinrich-Buff-Ring 26-32, 35392 Gießen.

Pflanzeninduktoren wie 2,6-Dichlorisonikotinsäure (DCINA) und Bion®, ein Benzothiadiazol-Derivat (BTH), induzieren in Gerste systemisch Resistenz gegen Echten Mehltau (*Blumeria graminis* f.sp. *hordei*, [1]). Dabei werden u.a. eine Reihe von Genen aktiviert, die z.T. Ähnlichkeit mit Genen haben, deren Produkte an Abwehrreaktionen oder an Signaltransduktionsprozessen beteiligt sein können (BCI-Gene, für barley chemically induced; [2]).

Eines dieser Gene (BCI-4) kodiert ein Protein mit Homologie zu Ca²⁺-bindenden "single EF-hand" Proteinen. Die sequenzhomologen Proteine in *Arabidopsis*, Reis und Sojabohne werden entwicklungspezifisch bzw. nach osmotischem Stress und Abscisinsäureapplikation induziert, die Funktion der Proteine ist bisher jedoch nicht bekannt. Genexpressionsanalysen zeigen, dass BCI-4 Transkripte nur nach Behandlung mit chemischen Resistenzinduktoren, nicht jedoch nach Phytohormon-Applikation, Verwundung oder Pathogen-Inokulation akkumulierten. BCI-4 repräsentiert damit einen geeigneten und verlässlichen Marker für chemische Resistenzinduktion in Gerste. Das rekombinante Protein wurde in *E. coli* hergestellt und für die Produktion von polyclonalen Antikörpern verwendet. Mit Hilfe dieser Antikörper konnte die Akkumulation des Gerstenproteins nach Resistenzinduktion in Western Blots nachgewiesen werden. Erste Funktionsanalysen in transient transformierten Gerstenblättern geben Hinweise auf die Rolle des Proteins in der

Chemisch Induzierten Resistenz von Gerste gegenüber dem Echten Gerstenmehltau Pilz.

[1] Kogel, K.H., Beckhove, U., Dreschers, J., Münch, S. and Rommé, Y. (1994) Acquired resistance in barley. *Plant Physiol.* 106, 1269-1277.

[2] Beßer, K., Jarosch, B., Langen, G., Kogel, K.-H. (2000). Expression analysis of genes induced in barley after chemical activation reveals distinct disease resistance pathways. *Mol. Plant Pathol.* 1(5), 277-286.

Molekulare Analyse der Mlg-vermittelten Resistenz im Gerste/Mehltau-Pathosystem

Jansen, C., Eckey, C., Korell, M., Biedenkopf, D., Micknass, U., Kogel, K.-H.; Institut für Phytopathologie und Angewandte Zoologie, Universität Gießen, Heinrich-Buff-Ring 26-32, 35392 Gießen.

Aufgrund der Phänokopie zwischen der CIR (chemically induced resistance) und der Mlg-vermittelten Resistenz im Gerste/Mehltau-Pathosystem sollen in diesem Projekt mögliche Schnittstellen zwischen beiden Resistenzwegen identifiziert werden. Dies erfolgt durch die Darstellung differentieller Genaktivität mit den folgenden methodischen Ansätzen:

1) RGA (Resistenz-Gen Analoga)

2) cDNA-AFLP (Amplified-Fragment-Length-Polymorphism)

und

3) SSH (Suppression Subtractive Hybridization)

an cDNA von nahezu-isogenen Linienpaaren für das Merkmal der Mlg-Resistenz. Es wurden zahlreiche Genfragmente gefunden, deren Expression bereits vier Stunden nach Inokulation mit *Blumeria graminis* f.sp. *hordei* Rasse A6 in allen untersuchten Linien verstärkt war. Davon stammen ca. 600 aus dem cDNA-AFLP, 14 aus dem RGA-Ansatz und 4 aus den SSH-Experimenten. Zusätzlich lieferte das cDNA-AFLP ca. 30 linienspezifische Marker und einen Polymorphismus in Attraktion zum Mlg-Lokus. Die Charakterisierung der in den drei Ansätzen gefundenen Gene erfolgt zunächst durch die Darstellung der Expressionsmuster nach verschiedenen Behandlungen, wie z.B. Salicylsäure-, Jasmonat- und Etylengabe aber auch nach chemischer Induktion mit BION und DCINA. Parallel dazu wurden durch klassische Mutagenese an Mlg-tragenden Linien anfällige Mutationslinien erzeugt. Nach der Charakterisierung der Mutanten soll mit Hilfe der in den Ansätzen 1) bis 3) isolierten Gene untersucht werden, ob chemische Induktoren in den Mlg-Signalweg eingreifen oder andere Signalwege aktiviert werden.

Analyse des Zelltodmechanismus von Gerste nach Attacke des nekrotrophen Pilzes *Bipolaris sorokiniana* unter Berücksichtigung der Rolle des Mlo Gens

Michel, K., Hückelhoven, R., Kumar, J., Kogel, K.-H.; Inst. f. Phytopathologie u. Angew. Zoologie, Universität Gießen, Heinrich-Buff-Ring 26-32, 35392 Gießen

Auf der Suche nach neuen dauerhaften Resistenzen in Gerste gegen den nekrotrophen Krankheitserreger *Bipolaris sorokiniana* [teleomorph: *Cochliobolus sativus*] haben wir Methoden entwickelt, um Interaktionsphänotypen auf mikroskopischem und makroskopischem Niveau zu beurteilen. In einer mikroskopischen Analyse wurde festgestellt, dass die Infektionsstrategie des Pathogens die Akkumulation von

Wasserstoffperoxid und die Induktion von Wirtszelltod einschließt. Diese Effekte konnten mit toxischem Kulturfiltrat des Pilzes simuliert werden, so dass das pilzliche Toxin im Weiteren als Instrument zur Analyse des Zelltodmechanismus eingesetzt wurde. Bei Inokulation verschiedener Genotypen der Gerste wurde festgestellt, dass Pflanzen mit Mutationen im Mlo-Gen (Genotyp mlo5) insbesondere gegenüber dem Toxin hypersuszeptibel reagierten. Die mlo5-Genotypen zeigten außerdem eine vermehrte Akkumulation von Wasserstoffperoxid. Paradoxe Weise vermitteln Mutationen im Mlo-Locus Resistenz gegenüber dem biotrophen Echten Gerstenmehltaupilz, die auch dort mit einer vermehrten Akkumulation von Wasserstoffperoxid in Papillen einhergeht.

Durch Koinokulation des *Bipolaris*-Toxins mit dem Antioxidans Ascorbat konnte dessen Wirkung teilweise aufgehoben werden. Die Akkumulation von Wasserstoffperoxid könnte somit einen essentiellen Bestandteil in der Pathogenese von *B. sorokinina* darstellen. Zusätzlich zu den biochemischen Untersuchungen wurden außerdem molekulare Untersuchungen zur Expression des Resistenzmarkers PR1 nach Toxininfiltration vorgenommen. Dabei zeigte sich eine Korrelation der Expressionsstärke von PR1 mit der Symptomausprägung. Im Pathosystem Gerste-*B. sorokinina* geht die Expression von PR1 somit eher mit der Akkumulation von Wasserstoffperoxid und Zelltod einher als mit der Ausprägung von Resistenz.

In-planta-Funktionsanalyse von PR1 im Pathosystem Gerste - Echter Gerstenmehltau mittels transientem gene silencing

Schultheiß, H., Hückelhoven, R., Kogel, K.-H. ; Inst. f. Phytopathologie u. Angew. Zoologie, Universität Gießen, Heinrich-Buff-Ring 26-32, 35392 Gießen

Der Echte Mehltaupilz *Blumeria graminis* f.sp. *hordei* (Bgh) ist ein obligat biotropher Ektoparasit. Die Penetration der Epidermiszellwand durch den Pilz ist Voraussetzung zur Etablierung von Haustorien, über die sich der Pilz aus Epidermiszellen der Gerste (*Hordeum vulgare* L.) ernährt. Ein seit langem bekannter Marker des Pathogenbefalls in Pflanzen ist das pathogenesis-related-protein 1. Das 164 Aminosäuren umfassende Gersten-PR1b verfügt außer einem leader-peptid, das einen Transport in den Apoplasten bewirkt, über keine bekannten Funktionsdomänen. Nach Inokulation mit Mehltau reagieren sowohl anfällige als auch resistente Gerstenlinien mit einer starken PR1-Expression. Dabei sind suszeptible Linien in ihrer Expressionsantwort gegenüber penetrationsresistenter mlo-Gerste verzögert. Bei partiell resistenten Linien (z.B. Ror-Mutanten von mlo-Linien) zeigt sich eine intermediäre PR1b-Expression. Die Korrelation der Resistenzeigenschaften mit der PR1b-Expression impliziert eine wichtige Rolle des PR1b-Proteins in der Pathogenabwehr der Pflanze.

Um die Funktion von PR1b im Pathosystem Gerste - Echter Gerstenmehltau zu untersuchen, wurde die Expression von PR1b in den Epidermiszellen von A89 (cv Ingrid-Genotyp: mlo5-ror1) durch RNA Interferenz (RNAi) inhibiert (post-transcriptional gene silencing). Hierbei wurde ein Markergen (z.B. GFP) und PR1b-Doppelstrang-RNA (dsRNA) durch biolistischen Gentransfer in Epidermiszellen von Gerste eingebracht. Durch einen nicht vollständig geklärten Mechanismus wird so die Expression des endogenen PR1b-Proteins verhindert. Bei der folgenden Überprüfung der Penetrationshäufigkeit des Mehltaupilzes in die Epidermiszellen wurde festgestellt, dass PR1b-defiziente Zellen eine um 20 – 25% höhere Anfälligkeit für den Befall mit Bgh zeigen. Es kann somit angenommen werden, dass PR1b ein funktioneller Teil des Abwehr-Mechanismus von Gerste ist.

Die bedeutenden Getreidepathogene des Pilzgenus *Pyrenophora* und ihre Toxine
Maier, F. J., Schäfer, W.; Universität Hamburg, Institut für Allgemeine Botanik, AMP III, Ohnhorststraße 18, D-22609 Hamburg.

Der Pilzgenus *Pyrenophora* beinhaltet bedeutende Getreidepathogene. So erzeugt *P. teres* die Netzfleckenkrankheit bei der Gerste und *P. tritici-repentis* die DTR Blattfleckenkrankheit bei Weizen. Beide Krankheiten nehmen an Bedeutung zu. Neben der systematischen Verwandtschaft gibt es noch weitere Gemeinsamkeiten beider Pilze: i) Blattpathogene von Getreide mit engem Wirkskreis, ii) in beiden Organismen wurden Pathotoxine gefunden.

Bei *P. teres* wurde das vermutete Mykotoxin Aspergillomarasmin isoliert. Eine weitere molekularbiologische Aufklärung ist noch nicht durchgeführt worden. Bei *P. tritici-repentis* wurden das ToxA-Protein als wirtsspezifisches Toxin (HST) und das dazugehörige Gen isoliert. Ein Protein als HST wurde bisher noch in keinem anderen Pilz isoliert. Wird ein nicht pathogenes *P. tritici-repentis* Isolat mit einem Plasmid transformiert, das eine Kopie des ToxA Gens trägt, so wird dieses zu einem pathogenen Isolat.

Vor diesem Hintergrund interessierte uns die Frage, welche Auswirkung die Expression des HST des Weizenpathogens *P. tritici-repentis* im Gerstepathogen *P. teres* hat.

Ist es toxisch für den Empfängerorganismus *P. teres*?

Kann *P. teres* durch die Expression des ToxA-Proteins sein Wirtsspektrum auf Weizen erweitern?

Da ein Wirtswechsel möglich sein könnte, wurde die Expression des Fremdgens in einem UV-sensitiven Albino Isolat von *P. teres* durchgeführt. Die Vektorkonstruktion sowie Pathogenitätstests werden präsentiert und diskutiert.

Insertionsmutagenese und homologe Rekombination des gerstenpathogenen Pilzes *Pyrenophora teres*

Lösch, A. P., Maier, F. J., Schäfer, W.; Universität Hamburg, Institut für Allgemeine Botanik, AMP III, Ohnhorststraße 18, D-22609 Hamburg.

Die weltweit verbreitete Netzfleckenkrankheit ist eine bedeutsame Blattmykose an der Gerste (*Hordeum vulgare* L.). Über die molekulare Interaktion zwischen der Gerste und dem Erreger *Pyrenophora teres* (Anamorph *Drechslera teres*) ist bisher sehr wenig bekannt.

Die Herstellung einer Insertionsmutagenesbibliothek des haploiden Ascomyceten und ein Screeningverfahren zur Identifizierung von apathogenen *Pyrenophora teres* Transformanden bietet die Möglichkeit potentielle Pathogenitäts- und Virulenzgene zu identifizieren. Für die Insertionsmutagenese wurde die "Restriktionsenzym-vermittelte Transformationsmethode" (REMI) an *Pyrenophora teres* etabliert. Der konstruierte Transformationsvektor pAL vermittelt eine Antibiotikaresistenz gegen Hygromycin B und besitzt weiterhin zwei bidirektional angeordnete promotorlose Reportergene (beta-Glucuronidasegen, Luciferasegen), die die Identifikation von endogenen Promotoren in dem System ermöglichen. Der Einfluß von verschiedenen Parametern (z.B. Restriktionsenzym, DNA-Menge, Temperatur) wurde für das Transformationssystem untersucht. Pilzprotoplasten, die vor der Mutagenese einem Hitzeschock ausgesetzt wurden, zeigten eine erhöhte Transformationseffizienz. Die dem Insertionslocus benachbarten Sequenzen wurden mit der ST-PCR (semi-Random two step PCR) kloniert. Die Analyse ergab, daß die Vektorintegration stets in eine Erkennungssequenz des verwendeten Restriktionsenzym erfolgt war.

Für eine homologe Rekombination (HR) wurden verschiedene homologe Sequenzen in unterschiedlichen Vektorkonstrukten zur Transformation verwendet. Eine HR konnte nur mit linearisierter Vektor-DNA nachgewiesen werden. Eine HR-Rate von ca. 20% wurde mit homologen Sequenzen erzielt, deren Gesamtlänge mehr als 600 bp betrug.

Aminosäuretransporter des Bohnenrostpilzes *Uromyces fabae*

Müller, E., Martin, H., Hahn, M., Mendgen, K., Struck, C.; Lehrstuhl für Phytopathologie, Fakultät für Biologie, Universität Konstanz, D-78434 Konstanz.

Die biotrophen Rostpilze sind bei ihrer Ernährung auf die Metabolite ihrer Wirtspflanzen angewiesen. Einerseits kommt als Ort für die Nährstoffaufnahme das weitreichende Hyphengeflecht des Pilzes im Interzellularraum der Pflanze in Frage. Andererseits sind es insbesondere die Haustorien, die mit ihrer Lage im Cytoplasma der Mesophyllzellen ein großes Nährstoffangebot zur Verfügung haben und darüberhinaus mit einer hohen H⁺-ATPase-Aktivität über das nötige energetische Potential verfügen. Im Zusammenhang mit der Frage, ob biotrophe pflanzenparasitische Pilze auf bestimmte Nährstoffe essentiell angewiesen sind, interessiert uns, inwieweit Rostpilze Aminosäuren der Wirtspflanzen aufnehmen können.

Aus einer cDNA-Bank des Bohnenrostpilzes *Uromyces fabae* haben wir drei Gene isoliert, die große Ähnlichkeit zu Aminosäurepermeasen anderer Pilze aufweisen. Wir zeigen eine genetische Charakterisierung dieser Transporter sowie Ergebnisse der biochemischen Charakterisierung, die nach der funktionellen Expression in transportdefekte Hefemutanten bzw. *Xenopus*-Oozyten durchgeführt wurde.

Invertase bei *Uromyces fabae*

Möll, U., Mendgen, K., Voegele, R. T.; Lehrstuhl Phytopathologie, Fachbereich Biologie, Universität Konstanz, 78457 Konstanz.

Unsere Gruppe beschäftigt sich mit der Identifizierung von Wirt-Parasit-Interaktionen am Modellsystem *Uromyces fabae-Vicia faba*. Uns interessiert vor allem die Nährstoffversorgung des Rostpilzes während der biotrophen Wachstumsphase. Von besonderem Interesse sind hierbei speziell differenzierte Hyphen, Haustorien, die in die Pflanzenzelle eingesenkt werden. Vor kurzem konnten wir zeigen, dass HXT1, ein haustorien-spezifisches Gen, für einen Glukose- und Fruktose-spezifischen aktiven Transporter kodiert. Das Genprodukt, HXT1p, wurde ausschließlich in der haustoriellen Zytoplasmamembran nachgewiesen. Diese Arbeit stellt den ersten direkten Beweis für eine Rolle von Rosthaustorien in der Nährstoffversorgung dar.

Mit der Substratspezifität des Transporters ergab sich die Frage auf welche Weise er seine Substrate erhält. Die Hauptkohlenhydrattransportform der Pflanze ist Saccharose. Das wichtigste Saccharose-abbauende Enzym ist die Invertase. Nach Infektion konnte häufig eine gesteigerte Invertase Aktivität in der Pflanze nachgewiesen werden.

Wir haben bei *Uromyces fabae* eine pilzliche Invertase identifiziert (INV1). Das offene Leseraster umfasst 2265 bp und kodiert für ein Protein mit 754 Aminosäuren und einem Molekulargewicht von 84 kDa. Die grösste Ähnlichkeit besteht zu Invertasen von *Aspergillus niger*, *Aspergillus sydowii*, und *Aspergillus foetidus*. Ähnlichkeiten bestehen aber auch, zumindest im N-terminalen Bereich des Proteins, zu verschiedenen pflanzlichen Invertasen. Wir planen die Invertase heterolog zu exprimieren und biochemisch zu charakterisieren. Gleichzeitig wollen wir versuchen über einen immunocytologischen Ansatz die Lokalisierung sowohl pflanzlicher als auch pilzlicher Invertasen zu klären. Hierbei soll untersucht werden, welche Rolle pilzliche und pflanzliche Invertasen für die Wirt-Pathogen-Beziehung spielen.

Cytologische Charakterisierung einer Lipase- und Cutinase- defizienten Mutante am Wirt-Parasit-System *Pisum sativum* und *Nectria haematococca*

Hoffmann, J.¹, NasserEddine, A.², Schäfer, W.², Mendgen, K.¹; ¹Lehrstuhl für Phytopathologie, Universität Konstanz, Universitätsstrasse 10, D-78462 Konstanz;

²Institut für Allgemeine Botanik, AMP III, Universität Hamburg, Ohnhorststrasse 18, D-22609 Hamburg.

Zusammenfassung liegt nicht vor.

GTP-bindende Proteine und Pathogenität bei *Botrytis cinerea*

Schulze Gronover, Ch., Tudzynski, B.; Westfälische Wilhelms-Universität Münster, Institut für Botanik und Allgemeine Mikrobiologie, Schlossgarten 3, D-48149 Münster.

Die Bedeutung von Signal-Transduktions-Wegen

während der Infektion wurde bereits in einigen pflanzenpathogenen Pilzen untersucht. Durch Hybridisierung mit einer heterologen Sonde und mittels eines PCR-Ansatzes konnten die beiden Gene *bcg1* und *bcg2*, die für G-alpha-Untereinheiten heterotrimerer G-Proteine des Grauschimmels *Botrytis cinerea* kodieren, isoliert werden. *Bcg1* zeigt die charakteristischen Merkmale der Gruppe der inhibitorischen G-alpha, während *bcg2* Ähnlichkeiten zum *magC* von *Magnaporthe grisea* und zum *gna-2* von *Neurospora crassa* besitzt. Durch RT-PCR konnte deutlich gezeigt werden, dass beide Gene während der frühen Infektionsphase auf Bohnenblättern exprimiert werden. *Bcg1*-Ausschaltmutanten unterscheiden sich in der Koloniemorphologie vom Wild-Typ, sekretieren keine Proteasen und zeigen deutlich verringerte Pathogenität, wobei weder die Konidienkeimung noch die Penetration in das Wirtsgewebe gestört sind. Nach der Bildung von primären Läsionen stoppt der Infektionsprozess. Im Gegensatz dazu zeigen *bcg2*-Mutanten Wild-Typ-Koloniemorphologie in axenischer Kultur und einen etwas verzögerten Infektionsverlauf. Komplementation der *bcg1*-Mutanten mit einer Kopie des Wild-Typ-Allels führte zur vollständigen Wiederherstellung der Wild-Typ-Koloniemorphologie, der extrazellulären Protease-Aktivität und Pathogenität auf verschiedenen Wirtspflanzen. Ebenso konnte durch Zugabe von exogenem cAMP die Wild-Typ-Morphologie in axenischer Kultur teilweise wiederhergestellt werden, was für eine essentielle Funktion des BCG1 in der cAMP-Signaltransduktion spricht.

Early Elicitor-Induced Events in Chickpea Cells are Functionally Linked to a Rapid Chloride Efflux

Pachten, A., Hein, F., Otte, O., Barz, W.; Institut für Biochemie und Biotechnologie der Pflanzen, WWU Münster.

Elicitation of cultured chickpea (*Cicer arietinum* L.) cells stimulates a signal transduction pathway leading to several rapid responses: (1) oxidative burst, (2) extracellular alkalinisation, (3) subsequent extracellular acidification, (4) transient K⁺ efflux, and (5) activation of defence related genes all within 2 hours [1]. All these elicitor-induced responses are inhibited by the Ser/Thr protein kinase inhibitor staurosporine and anion channel blocker like anthracene-9-carboxylic acid but stimulated by the Ser/Thr protein phosphatase 2A inhibitor cantharidin. Since the oxidative burst also occurs in pure protoplast suspensions [2] the ROS generating enzyme is strongly supposed to be located in the plasma membrane. Recently we could show that the elicitor stimulates a rapid chloride efflux which is sensitive to μ M amounts of anthracene-9-carboxylic acid. Occurring seconds after elicitor application this chloride efflux seems to be one of the earliest steps in signal transduction leading to the aforementioned defence responses. The elicitor-induced chloride efflux is also induced by sole addition of cantharidin but inhibited by staurosporine assuming its regulation by elicitor-triggered phosphorylation event(s). The functional importance of the rapid chloride efflux in the elicitor-induced signal transduction pathway leading to oxidative burst and defence related gene activation are discussed.

[1] Otte O, Pachten A, Hein F, and Barz W (2001) Early Elicitor-Induced Events in Chickpea Cells: Functional Links between Oxidative Burst, Sequential Occurrence of Extracellular Alkalinisation and Acidification, K⁺/H⁺ Exchange and Defence-Related Gene Activation; *Z. Naturforsch.* 55: in press

[2] Pachten A, Barz W (1999) Elicitor-stimulated oxidative burst and extracellular pH changes in protoplast suspensions prepared from cultured chickpea (*Cicer arietinum* L.) cells; *J. Plant Physiol.* 155: 795-797

Die Bedeutung von Chitin Synthasen für Wachstum und Pathogenität von *Colletotrichum graminicola*

Werner, S., Deising, H.B.; Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Landwirtschaftliche Fakultät, Professur für Phytopathologie und Pflanzenschutz, Ludwig-Wucherer-Str. 2, 06099 Halle/Saale.

Das Maispathogen *Colletotrichum graminicola* (Teleomorph: *Glomerella graminicola*) penetriert seine Wirtspflanze mit Hilfe eines melanisierten Appressoriums. Der dabei benötigte hohe Turgordruck verursacht entsprechend hohe Kräfte, die auch auf die Zellwand des Appressoriums einwirken. Die Zellwandstabilität ist somit ein entscheidender Faktor für eine erfolgreiche Penetration, wie Versuche mit

dem Chitin Synthase Inhibitor Nikkomycin Z zeigten. Die mit diesem Inhibitor behandelten Appressorien sind kugelförmig aufgebläht und nicht mehr in der Lage, die Penetration des Wirtsgewebes einzuleiten. Um den Beitrag der einzelnen Chitin Synthesen zur Stabilität der Zellwand beurteilen zu können, wurden an drei von vier bekannten Genen knock-out Experimente durchgeführt. In zwei Fällen (chsA und chsB) zeigte sich im Vergleich zum Wildtyp kein phänotypischer Unterschied, wohingegen sich CHSC als ein essentielles Gen herausstellte. Mutanten in diesem Gen können nur auf osmotisch stabilisierten Nährmedien wachsen und selbst dort weisen die Hyphen auf ihrer ganzen Länge blasenartige Deformationen auf, welche auf starke Störungen in der Zellwandstruktur hinweisen. Die Bildung von Sporenlagern ist stark vermindert und die gebildeten Hyphopodien sind wie die Hyphen selbst meist blasig aufgebläht. Eine Infektion der Wirtspflanze ist nicht mehr möglich.

Interessanterweise besitzt ChsC im N-terminalen Bereich hohe Homologie zu Myosin, was möglicherweise für den Transport und die apikale Lokalisation des Enzyms wichtig ist.

Bedeutung der Chitin Deacetylase für die Pathogenität von *Colletotrichum graminicola*

Rauchhaus, U., Deising, H.B.; Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Landwirtschaftliche Fakultät, Lehrstuhl für Phytopathologie und Pflanzenschutz, Ludwig-Wucherer-Straße 2, 06099 Halle/Saale.

Pilze der Gattung *Colletotrichum* differenzieren ein hochspezialisiertes Appressorium, mit dessen Hilfe sie die intakte pflanzliche Zellwand penetrieren. Nach der Penetration kommen die invasiven Hyphen in Kontakt mit dem Abwehrsystem der Pflanze. Dazu zählen unter

anderem die antifungal wirkenden Chitinasen. Während der Differenzierung von Infektionsstrukturen werden vom Pilz Chitin-Deacetylasen (CDA) sekretiert. Diese vermitteln die Deacetylierung des Chitins zu Chitosan, das durch pflanzliche Chitinasen nicht abbaubar ist. Am Maispathogen *C. graminicola* untersuchen wir die Bedeutung von CDA-Genen. Es konnte ein CDA-Gen aus einer Cosmid-Bank des Pilzes isoliert und charakterisiert werden. Mittels RT-PCR wurde gezeigt, daß die CDA-Expression in frühen Infektionsphasen in infiziertem Blattmaterial erfolgt und CDA-Transkripte in Appressorien und vegetativen Pilzhyphen vorliegen. Um die Bedeutung des Gens beurteilen zu können, wurden knock-out Mutanten erzeugt. Im Substrat-SDS-Gel sind bei diesen Mutanten zwei Isoformen der CDA (25 kDa und 41 kDa) verschwunden, wohingegen eine dritte Bande bei >200 kDa zu erkennen ist. Die knock-outs zeigten bei den bisherigen Untersuchungen im Vergleich zum Wildtyp keinen Unterschied. Sowohl Wachstum als auch Infektionsverhalten der Mutanten scheinen nach den bisherigen Ergebnissen weitgehend unbeeinflusst. Einige Ergebnisse deuten jedoch darauf hin, daß die Mutanten eine leicht gesteigerte Virulenz besitzen. Neben der Messung der CDA Aktivität soll auch das Wirtspflanzenspektrum der knock-out Mutanten untersucht werden.

Bedeutung zellwand-abbauender Enzyme für Penetration und invasives Wachstum bei *Colletotrichum graminicola*

Wernitz, M., Deising, H.B.; Martin Luther Universität Halle, Inst. f. Pflanzenzüchtung und Pflanzenschutz, Ludwig-Wucherer-Str. 2, D-60099 Halle/Saale.

Zur Überwindung der pflanzlichen Zellwand nutzen phytopathogene Pilze hohe Turgordrücke, zellwandabbauende Enzyme (CWDEs) oder eine Kombination beider Mechanismen (Deising et al. 2000). Während die Bedeutung des Druckes bei Pilzen mit melanisierten Appressorien, z.B. *Colletotrichum*- oder *Magnaporthe*-Species, hinreichend belegt ist (Bechinger et al. 1999), ergaben Mutageneseexperimente zur Untersuchungen der Bedeutung von CWDEs ein uneinheitliches Bild, was unzweifelhaft auf ihre Redundanz zurückzuführen ist (Walton 1994).

Ein erfolgversprechenderer Weg, die Bedeutung von CWDEs für die Penetration durch melanisierte Appressorien zu untersuchen, ist die gezielte Inaktivierung eines Gens, das in der Signalkaskade, die zur Expression von CWDEs führt, eine zentrale Rolle spielt. Als ein in Frage kommendes Gen ist die in Hefen gut untersuchte Snf1 Serin/Threonin-Kinase, die durch die Phosphorylierung eines Repressors katabolit-reprimierter Gene dafür sorgt, daß bei Glucosemangel alternative Kohlenstoffquellen erschlossen werden können.

Snf1 wurde bereits in dem Maispathogen *Cochliobolus carbonum* inaktiviert und es wurde gezeigt, daß die Transkripte und die enzymatische Aktivität einer Vielzahl CWDEs deutlich vermindert war (Tonukari et al. 2000).

Wir konnten aus *C. graminicola* ein Snf1 PCR-Fragment klonieren, und das gesamte Gen aus einer Cosmid-Bank isolieren. Da wir zeigen konnten, dass im Genom von *C. graminicola* nur eine Kopie dieses Genes existiert, soll mit Hilfe eine Deletionsmutagenese untersucht werden, ob bei diesem Pilz Druck alleine die Penetration ermöglicht.

Bechinger et al. 1999. Science 285:1896-9; Deising et al. 2000. Microbes and Infection 2:1631-41; Tonukari et al. 2000. Plant Cell 12:237-48; Walton 1994. Plant Physiol 104:1113-8.

Induktion von Krankheitsresistenz bei Gurke durch DL-3-Aminobuttersäure

Walz, A., Mayer, A., Siegrist, J.; Universität Hohenheim, Institut für Phytomedizin, Otto-Sander-Str. 5, D-70593 Stuttgart.

Im Rahmen von vergleichenden Untersuchungen wurden in den Wirt-Pathogen-Beziehungen Gurke-*Pseudoperonospora cubensis* und Gurke-*Colletotrichum lagenarium* die Mechanismen der Abwehr bei der induzierten Krankheitsresistenz

untersucht. Als induzierendes Agens kam das Aminosäurederivat DL-3-Aminobuttersäure (BABA) zum Einsatz, welches nach Boden- bzw. Blattapplikation in einer Reihe von Pflanzenarten zu einer systemischen Aktivierung von Resistenz gegenüber verschiedensten Schaderregern führt.

Bei der Testung des Induktors in einem neu etablierten Blattscheibensystem war eine deutliche Reduktion der Schadsymptome sowie eine stark verminderte Sporulation der beiden pilzlichen Schaderreger in den Varianten festzustellen, die mit BABA vorbehandelt waren. Mikroskopische Untersuchungen zeigten, daß sich die Mechanismen, die zur erfolgreichen Abwehr des Falschen Mehltaus bzw. des Brennfleckererregers in induzierten Blattscheiben führen, grundsätzlich unterscheiden. Während in der Interaktion mit *Pseudoperonospora cubensis* eine schnelle Bildung von Callose um die Haustorien des Erregers, sowie ein frühes Auftreten von reaktiven Sauerstoffspezies und von hypersensitiv reagierenden Zellen zu beobachten war, konnten solche Reaktionen nach einer Inokulation mit *Colletotrichum lagenarium* nicht festgestellt werden. Allerdings war in diesem Fall kurze Zeit nach der erfolgreichen Penetration eine nahezu vollständige Hemmung des Erregerwachstums im Gewebe festzustellen.

Die erzielten Ergebnisse weisen darauf hin, daß die durch BABA vermittelte Resistenz gegenüber den beiden untersuchten pathogenen Pilzen auf einer schnellen Aktivierung von unterschiedlichen Abwehrreaktionen beruht.

Expression des Oxalat-Oxidase-Gens in transgenen Tabakpflanzen vermittelt Resistenz gegen *Sclerotinia sclerotiorum*

Tietze, C., Buchenauer, H.; Universität Hohenheim, Institut für Phytomedizin, Otto-Sander Str. 5, 70599 Stuttgart.

Der Pilz *Sclerotinia sclerotiorum* ist ein fakultativer Krankheitserreger mit einem sehr großen Wirtspflanzenspektrum, gegen den es in der Natur kaum Resistenzen gibt. Eine wichtige Bedeutung im Infektionsprozeß spielt die vom Pilz ausgeschiedene wirtsunspezifische Oxalsäure.

Diese Arbeit hat zum Ziel, das Gen für ein oxalat-abbauendes Enzym in Tabak als Modellpflanze zu übertragen, um damit in der Pflanze eine Inaktivierung des Toxins und so eine Resistenz gegen *S. sclerotiorum* zu erreichen.

Die in dieser Arbeit verwendete Oxalat-Oxidase (EC. 1.2.3.4) aus Weizen katalysiert die aerobe Oxidation von Oxalsäure zu H₂O₂ und CO₂. Das Gen wurde zur Transformation in den Agrobakterien-Vektor pGPTV-KAN unter Kontrolle durch den 35S CaMV Promotor kloniert. Nach Transformation von *Nicotiana tabacum* wurden die transgenen Pflanzen auf molekularer Ebene untersucht und die Expression der Oxalat-Oxidase nachgewiesen. In einem Blattscheibchentest mit verschiedenen

Oxalsäure-Konzentrationen zeigten einige der Regenerate eine bis zur vierfach erhöhte Toleranz gegenüber der exogen applizierten Oxalsäure. Um zu untersuchen, ob die transgenen Pflanzen eine höhere Resistenz gegen den Pilz besitzen, wurden künstliche Blatt-Infektionen durchgeführt. Während Pflanzen des Wildtyps neun Tage nach Infektion deutliche Welkesymptome zeigten, konnten sich in resistenten transgenen Pflanzen nur kleine Läsionen an den Blattspitzen ausbilden, die von einem nekrotischen Rand umgeben waren, der vom Pilz nicht überwunden wurde.

Untersuchungen zur pathogeninduzierten Expression von PR-Genen der Weinrebe (*Vitis spec.*)

Seibicke T., Buchholz G., Rügner A., Kassemeyer, H.-H.; Staatliches Weinbauinstitut, Merzhauser Str. 119, D-79100 Freiburg im Breisgau.

Pflanzen verteidigen sich gegen Schädlinge durch eine Vielzahl von Abwehrmechanismen, die konstitutiv, induzierbar, lokal oder systemisch sein können. Ähnliche Reaktionen können durch verschiedene natürliche oder chemische Substanzen hervorgerufen werden, die als Elicitoren bezeichnet werden. Die Induktion von PR-Proteinen („pathogenesis related,“) nach Behandlung mit einem Elicitor ist eine seit längerem bekannte Reaktion bei einer Vielzahl von Pflanzen (Kessmann *et al.* 1994).

Zur Untersuchung der molekularen Mechanismen der Resistenz wurden als Modellsysteme Zellsuspensionskulturen von *Vitis vinifera* cv. Müller-Thurgau bzw. *Vitis rupestris* hergestellt. Bezüglich des Befalls durch *Plasmopara viticola*, des Erregers des falschen Mehltaus, repräsentiert Müller-Thurgau eine anfällige Sorte, während *Vitis rupestris* dagegen weitgehend resistent ist. Die Zugabe spezifischer Elicitoren zu *V. vinifera*-Zellkulturen führt bei diesen zur Induktion von PR-Proteinen z.B. Chitinasen. Für Chitinasen der Klassen I und III konnten wir 2 Stunden nach Elicitierung eine Erhöhung der entsprechenden Transkriptmengen nachweisen (Busam *et al.*, 1997).

Da *P. viticola* zur Klasse der Oomyceten gehört, die als einen Hauptbestandteil der Zellwand Polyglukane besitzen, ist es interessant zu prüfen, ob die Expression der Glukanasen nach Schädlingsbefall ähnlich reguliert wird. Untersuchungen an *Plasmopara*-infizierten Gewächshauspflanzen zeigten, dass die Expression der 9-1.3 Glucanase sowohl in der resistenten als auch in der suszeptiblen Art deutlich erhöht war.

Um zu untersuchen ob Unterschiede in der Regulation der PR-Proteine für Suszeptibilität bzw. Resistenz gegenüber diesem Schaderreger verantwortlich sind, haben wir eine Glucanase cDNA von *V. vinifera* cv. Müller-Thurgau und die entsprechenden Promotoren beider *Vitis* Spezies kloniert. Das Ziel ist mit Hilfe von Promotor-Reporter-Konstrukten unterschiedliche potentielle Elicitoren bezüglich ihrer Induktion von PR-Proteinen in einem transienten Gen-Expressions-Test schnell prüfen zu können. Elicitoren, die in diesem System als funktionell erkannt werden, würden dann auf Induktion der systemisch induzierten Resistenz (SAR) in intakten Pflanzen getestet.

Busam G, Kassemeyer HH and Matern U 1997. Differential expression of chitinases in *Vitis vinifera* L. responding to systemic acquired resistance activators or fungal challenge. *Plant Physiol* **115**: 1029-38; Kessmann H, Staub T, Hofmann C, Maetzke T and Herzog J 1994.

Monitoring the switch from housekeeping to pathogen defence metabolism in *Arabidopsis thaliana*

Schlauch, N.L.¹, Scheideler, M.², Vingron, M.³, Hoheisel, J.D.², Slusarenko, A.J.¹; Deutsches Krebsforschungszentrum, Im Neuenheimer Feld 280, D-69120 Heidelberg, Germany; ¹Institut Bio III (Pflanzenphysiologie), RWTH Aachen, D-52056 Aachen, Germany; ²Functional Genome Analysis ; ³Theoretical Bioinformatics.

Plants respond to pathogen attack by deploying a series of defence reactions. Some rely on the activation of pre-formed components while others depend on changes in transcriptional activity. Using cDNA-arrays comprising 13,000 unique expressed sequence tags (ESTs), changes in the transcriptome of *Arabidopsis thaliana* were monitored after attempted infection with an avirulent isolate of the bacterial plant pathogen *Pseudomonas syringae* pv. *tomato*. Looking at four different time points during a period of 24 hours, we found a massive shift in gene expression patterns. This shift from housekeeping to defence metabolism indicated an increased energy demand and biosynthetic capacity in plants fighting off a pathogenic attack. Specifically, we observed differential regulation of about a third of the genes encoding enzymes in pathways such as glycolysis, TCA cycle and the pentose phosphate pathway and more than 50% of the genes encoding enzymes in the pathways for biosynthesis of shikimate-aromatic amino acids, phenylpropanoids and ethylene. In addition, potentially important changes were identified in areas of metabolism hitherto not suspected to be components of plant defence.

Arbeitskreis Nematologie

Die 29.Tagung des Arbeitskreises Nematologie fand diesmal bei der Bayer AG in Monheim im Tropicarium vom 14. –15.03.2001 statt. Es trafen sich 53 Teilnehmer; Gäste aus der Schweiz, aus Holland sowie aus Schweden konnten begrüßt werden. Neben 1 Poster wurden 22 Vorträge aus dem gesamten Bereich der Nematologie gehalten.

Für die exzellente Organisation, die angenehme Atmosphäre und die großzügige Gastfreundschaft ist insbesondere den Organisatoren; Herrn Marczok sowie Herrn Dr. Reckmann, beide von der Bayer AG, herzlich zu danken.

Die 30. Arbeitstagung wird organisiert von Frau Dr. U. Ipach und 2002 in Neustadt/Weinstraße zur etwa gleichen Zeit stattfinden.

Dr. D. Heinicke

Toleranz und Resistenz von Maissorten gegenüber Stängel nematoden (*Ditylenchus dipsaci*)

Knuth, P.; Landesanstalt für Pflanzenschutz, Reinsburgstr.107, D-70197 Stuttgart.

Die Lehrbücher der Phytomedizin beschreiben beim Mais das Stängelälchen *Ditylenchus dipsaci* als wichtigen Schädling. Im wesentlichen wird dabei das bekannte Schadsymptom der „Umfallkrankheit“ beschrieben. Obwohl für das Stängelälchen mehrere Wirtsrassen benannt sind, ist eine spezielle Wirtsrasse für den Mais nicht bekannt. In den Jahren 1999 und 2000 wurden jeweils 12 Maissorten auf einem mit Stängelälchen hochverseuchten Feld hinsichtlich deren Reaktionen auf den Nematodenbefall untersucht. Es konnte folgendes festgestellt werden:

1. In beiden Jahren wurden an je vier Sorten die für Stängelälchen typischen Befalls-symptome beobachtet. 8 Maissorten zeigten dagegen keine sichtbaren Schäden.
2. Nur wenige Tiere wanderten in die Maisstängel ein. Eine Vermehrung in der Pflanze fand bei keiner Sorte statt.
3. Der Ertrag aller Maissorten war auf dem verseuchten Versuchsfeld deutlich geringer als auf einem unverseuchten Feld. Auch die Sorten, die keine sichtbaren Schäden zeigen, haben höhere Erträge auf befallsfreien Flächen.

Ähnlich wie bei Kartoffelzystenälchen oder Rübenzystenälchen können auch beim Stängelälchen die beobachteten Phänomene mit den Begriffen Toleranz und Resistenz verdeutlicht werden. Da keine der getesteten Maissorten eine Vermehrung zulässt und zudem auch die Bodenpopulation unter Mais zurückgeht, können alle geprüften Maissorten als resistent eingestuft werden. Die Toleranz dagegen beschreibt die Reaktion der Pflanze (tolerant oder empfindlich) auf das Eindringen der Tiere. In beiden Jahren reagierten jeweils vier Sorten empfindlich mit sichtbaren Schäden. Insbesondere die Sorte „Graf“ hat sich in beiden Versuchsjahren als resistent/emfindliche Sorte herausgestellt. Andere Sorten zeigten zwar keine Symptome, sind also resistent/tolerant in Bezug auf Schadsymptome, reagierten aber dennoch mit Mindererträgen auf den Befall. Die bisherigen Untersuchungen ergaben einen eindeutigen Zusammenhang zwischen den angebauten Sorten und beobachtbare Stängelälchenschäden. Anfällige Maissorten, die eine gute Vermehrung von *Ditylenchus dipsaci* ermöglichen, sind nach bisherigen Untersuchungen nicht bekannt.

In der Regel kann daher davon ausgegangen werden, dass Mais die Stängelälchenpopulation im Boden reduziert.

Stängelälchen (*Ditylenchus dipsaci*) in Sellerie

Knuth, P.; Landesanstalt für Pflanzenschutz, Reinsburgstr. 107, D-70197 Stuttgart

Sellerie wird in der Literatur zwar als Wirtspflanze des Stängelälchens beschrieben, Schäden treten jedoch nur sehr selten auf. Bei einem biologisch wirtschaftenden Betrieb im Landkreis Ludwigsburg kam es im vergangenen Jahr erstmals zu erheblichen Schäden mit Ertragsausfällen. Aufgrund einer Fruchtfolge mit hohem Leguminosenanteil (N-Düngung) konnte sich eine extrem hohe Stängelälchenpopulation aufbauen. Anhand von einigen Dias werden die Befallssymptome an Sellerie vorgestellt.

Stängelälchen – im Feld: Vorsicht vor Fehldiagnosen

Augustin, B., Landespflanzenenschutzamt Rheinland-Pfalz, Essenheimer Str. 144, 55128 Mainz.

Stängelälchen-Befall verursacht in Abhängigkeit von der Wirtspflanzenart keine bis sehr typisch ausgeprägte Symptome. Sehr sensibel reagiert insbesondere die Zwiebel (*Allium cepa*). Während die Jungpflanzen häufig absterben, entwickeln ältere Pflanzen die bekannten Verwachsungen aus.

Mit der zunehmenden Verbreitung der Lauchminiermotte an Zwiebeln im Freiland und der Verwendung neuer Herbizide ist eine Felddiagnose auf Stängelälchenbefall praktisch nicht mehr möglich. Aufgrund der ähnlichen Symptomatik ist eine Untersuchung auf Stängelälchen im Labor daher unerlässlich.

Versuche zur Bekämpfung des Rübenkopfälchens *Ditylenchus dipsaci* an Zuckerrüben

Schlang, J.; Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Institut für Nematologie u. Wirbeltierkunde, Aussenstelle Elsdorf, Dürener Str.71, 50189 Elsdorf; in Zusammenarbeit mit der Zuckerfabrik Jülich AG.

Seit einigen Jahren ist in verschiedenen Zuckerrübenanbaugebieten wieder ein verstärktes Auftreten des Rübenkopfälchens, *Ditylenchus dipsaci*, zu beobachten. Konnte bis Mitte der 90er Jahre nur ein punktueller Befall nachgewiesen werden, so sind heute ausgedehnte Befallsstellen mit vereinzelt Ertragsverlusten von bis zu 40% festzustellen. Als Ursache für das verstärkte Auftreten des Rübenkopfälchens werden neben einer Einschleppung durch infiziertes Leguminosen Saatgut, ein verstärkter Mais- und Futterpflanzenanbau, der Anbau von Futterrüben, eine Verbreitung durch Rinder- und Schweinegülle und das Fehlen geeigneter Nematizide diskutiert. Daneben konnte ein starker Befall auch auf Flächen mit einer dreijährigen Rotation von Zuckerrüben (ZR), Winterweizen (WW) und Wintergerste (WG) bzw. ZR, WW, WW festgestellt werden. Da zur Bekämpfung des Rübenkopfälchens zur Zeit weder chemische noch biologische Maßnahmen zur Verfügung stehen, sollte in ersten Versuchen die nematizide Wirkung (Nebenwirkung) insektizider Granulate untersucht werden.

Die Versuche wurden in einer randomisierten Blockanlage (Lateinisches Quadrat) mit 6 Varianten und je 6-facher Wiederholung angelegt. Die Beprobung zur Ermittlung der Besatzdichten – sowohl von *Ditylenchus dipsaci* als auch von *Heterodera schachtii* – erfolgte mit 12 Einstichen pro Parzelle (25m²). Die Applikation der Granulate wurde mit einem wegeabhängigen Handgranulatstreuer nach der Rübensaat durchgeführt. Bei geringen *H. schachtii*- und mittleren bis höheren *D. dipsaci*-Besatzdichten konnten vom Auflauf bis zum Bestandesschluss keine Auffälligkeiten an den Zuckerrüben festgestellt werden. Die ersten Schadsymptome wurden Ende August bis Anfang September festgestellt. In der ersten Oktoberdekade wurden die Versuche von hand beerntet und die Schadsymptome bonitiert, Die Ermittlung der Rüben Gewichte, die Bestimmung der Zuckergehalte und der Inhaltsstoffe wurden von der Zuckerfabrik Jülich AG durchgeführt.

Die visuelle Befallsschätzung wurde nach zwei Verfahren durchgeführt. Zwischen der Befallsbonitur und dem bereinigten Zuckerertrag (BZE) konnte auf beiden Versuchsflächen eine gesicherte Korrelation nachgewiesen werden. Der BZE erreichte auf den Curater 5G- und Nemathorin 10G behandelten Parzellen ein Niveau von 106% (Kontrolle 100%). Die Versuche zeigen, dass bei verschiedenen Granulaten eine nematizide Wirkung vorhanden ist.

Pflanzenmorphologische und -physiologische Untersuchungen zur Toleranz im System Zuckerrübe / *Heterodera schachtii*

Gierth, K.¹, Hallmann, J.¹, Schlang, J.², Müller, J.², Sikora, R.A.¹; ¹Universität Bonn, Institut für Pflanzenkrankheiten, Nußallee 9, 53115 Bonn; ²Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Institut für Nematologie und Wirbeltierkunde, Toppeideweg 88, 48161 Münster.

Toleranz und Resistenz sind pflanzliche Eigenschaften, die zur Vermeidung wirtschaftlicher Schäden durch Nematodenbefall eingesetzt werden können. Resistenzmechanismen setzen erst nach Eindringung des Nematoden ein und die Pflanze muß den Initialschaden hervorgerufen durch die intrazelluläre Wanderung des Nematoden tolerieren. In der vorliegenden Arbeit wurden Freiland- und Gewächshausversuche zur Ausprägung und Charakterisierung von Toleranzmechanismen im System Zuckerrübe/*H. schachtii* an den Sorten Nematop (tolerant und resistent), Stru.1915 (tolerant und teilresistent) und Penta (empfindlich und anfällig) durchgeführt. Mit mikroskopischen Methoden, physiologischen Messungen zur Photosynthese und zum Wasserhaushalt, mit Stressgasmessungen, sowie Sink-Source-Untersuchungen soll herausgefunden werden, auf welche pflanzenmorphologischen und -physiologischen Grundlagen die Toleranzmechanismen beruhen. Tolerante Pflanzen reagierten auf Wassermangel später und weniger intensiv und zeigten allgemein eine höhere Chlorophyllfluoreszenz. In Gewächshausversuchen erwies sich das Sprossfrischgewicht als zuverlässiger Indikator für Toleranz. Weiterhin zeigten tolerante Zuckerrüben ein besseres Kompensationswachstum als empfindliche Zuckerrüben. Langfristig könnten die Erkenntnisse über Nematodentoleranz zu einem besseren Verständnis der Wirt-Parasit-Wechselbeziehungen beitragen und in der Pflanzenzüchtung entsprechend berücksichtigt werden.

Die resistente Zuckerrübensorte „Paulina“ – Ergebnisse von Praxisschlägen

Augustin, B., Landespflanzenamt Rheinland-Pfalz, Essenheimer Str. 144, 55128 Mainz.

Im Einzugsgebiet der Anbaugemeinschaft für Versuchswesen und Beratung im Zuckerrübenanbau (ARGE-Worms) muss größtenteils mit Rizomania-Präsenz gerechnet werden. Daher werden etwa 97 % der Fläche (insgesamt: 21 000 ha) mit toleranten Sorten bebaut. Im vergangenen Jahr wurden in diesem Gebiet auf insgesamt 6 Praxisparzellen die Sorte „Paulina“ mit Doppelresistenz gegen Rizomania und *H. schachtii* im Vergleich zu einer ortsüblichen Vergleichssorte ausgesät. Es handelte sich dabei um Demonstrationsversuche, die zwar vierfach wiederholt, nicht aber zufallsverteilt angelegt waren. Ertraglich ist die Sorte „Paulina“ unter nicht Befallsbedingungen eher unter dem Durchschnitt anzusiedeln. In den Versuchen reduzierte sie die Nematoden-Endpopulation im Vergleich zu dem anfälligen Standard auf 20-40 %. Dabei wurden Mehrerträge zwischen 4 und über 70 % festgestellt. Diese Ertragszuwächse korrespondieren nicht immer mit dem festgestellten Nematodenbesatz.

Erstes Auftreten resistenzbrechender Populationen von *Heterodera schachtii* an resistenten Zuckerrüben in praxisüblicher Fruchtfolge

Müller, J.; Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Institut für Nematologie und Wirbeltierkunde, Toppeideweg 88, 48161 Münster.

Resistenz gegen *Heterodera schachtii* konnte durch Einkreuzung des Hs1-Gens aus *Beta procumbens* in *B. Vulgaris* erzielt werden. Das Merkmal geht leicht wieder verloren, so dass in den heute verfügbaren Sorten ein kleiner Teil der Pflanzen voll anfällig ist. Solche Pflanzen können teilweise schon bei Stichproben im Feld erkannt werden, und bei einem gehäuftem Auftreten wurde in der Praxis schon vermutet, dass die Resistenz gebrochen worden sei. Dies ist aber sehr unwahrscheinlich, da die erste resistente Sorte erst seit 1998 zugelassen ist.

Seit 1992 ist bekannt, dass in natürlichen *H. schachtii*- Populationen virulente Individuen vorkommen, aus denen sich resistenzbrechende Pathotypen selektieren lassen (Nematologica **38**, S. 50-64). Die Selektion erfolgte allerdings gezielt und unter Gewächshausbedingungen. Ob dies auch im normalen Feldanbau zu erwarten ist, wurde seit 1991 mit acht verschiedenen Feldpopulationen (sechs aus Deutschland, eine aus Italien, eine aus Irland) bei praxisüblicher Fruchtfolge geprüft. Wegen der Problematik einer unvollständigen Transmission der Resistenz in heterozygoten Hybriden wurde in den Jahren mit Zuckerrüben (1991, 1994, 1997 und 2000) ausschließlich eine homozygot resistente Linie angebaut, deren Pflanzen zu 100% resistent waren. Nach den Zuckerrüben folgten jeweils Winterweizen und Wintergerste als Fruchtfolgeglieder. Die Besatzdichten aller acht *H. schachtii*-Herkünfte sanken während der ersten beiden Jahre mit Zuckerrüben drastisch ab, teilweise bis an die Nachweisgrenze. Nach dem dritten Zuckerrübenjahr (1997) war die Verseuchung wieder eindeutig erkennbar, allerdings lag das Niveau immer noch deutlich unterhalb der Pi-Werte von 1991. Erst die Pf-Werte des Jahres 2000 zeigten, dass eine Selektion auf resistenzbrechende Pathotypen eingesetzt hatte, denn vier der acht Populationen überschritten die Besatzdichten von 1991 erheblich. Dabei wurden mit bis zu 21000 Eiern und Larven pro 100g Boden ungewöhnlich hohe Dichten erreicht. Es müssen dringend geeignete Fruchtfolgesysteme entwickelt werden, unter denen die Selektion von Pathotypen zumindest lange hinausgezögert wird.

Wo liegen die Grenzen der Toleranz bei nematodenresistenten Zuckerrüben ?

Heinicke, D.; Pflanzenschutzamt der Landwirtschaftskammer Hannover, Wunstorfer Landstr. 9, 30453 Hannover.

Während die Resistenz mehr die phytopathologische Seite behandelt, beschreibt die Toleranz den wirtschaftlichen Aspekt. Im Sinne der Nematologie wird Toleranz als die Eigenschaft einer Pflanzenart oder – Sorte beschrieben, die auf Nematodenbefall nicht oder weniger empfindlich mit Krankheitssymptomen und/oder Ertragsminderung reagieren (Müller 1989). Die Ertragsbildung ist einmal genetisch fixiert. So besitzen resistente Zuckerrüben unter Nichtbefall in der Regel ein um 10 % geringeres Ertragspotential als die biotischen – (Pilze oder tierische Schaderreger) und die nicht biotischen Faktoren wie Klima- und Bodeneigenschaften. Mit den nicht biotischen Faktoren bestehen aber Wechselwirkungen mit den Nematoden. So können sich die Nematoden insbesondere in lockeren, humosen Böden besonders stark vermehren, und früh einsetzende trockene Witterungsperioden wirken sich auf Ertragsverluste besonders stark aus. Besonders durch die bestehenden Wechselwirkungen wird es nicht einfach sein, die Toleranzgrenzen zu bestimmen.

In Beratungsunterlagen der Züchter und des Pflanzenschutzdienstes wird die wirtschaftliche Grenze, ab der sich der Anbau resistenter Zuckerrüben lohnt, unterschiedlich angegeben. Die Grenzen schwanken von 500 bis 1.200 Eier und Larven je 100 g Boden. Mit Ergebnissen aus Feldversuchen wird, unter Berücksichtigung der Wechselwirkungen versucht, die Grenzen der Toleranz aufzuzeigen.

Heteroderiden in Deutschland

Sturhan, D.; Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Institut für Nematologie und Wirbeltierkunde, Toppheideweg 88, 48161 Münster.

Bis zum Jahr 1960 waren 8 Arten zystenbildender Nematoden in Deutschland nachgewiesen, bis 1976 14 und bis 1984 19 Arten. Bis heute ist die Anzahl auf 27 Heteroderiden gestiegen, darunter mit *Meloidodera alni* auch eine nicht-zystenbildende Art. Hinzu kommen mit *Heterodera fici* und *Cactodera cacti* zwei bei uns nur an Glashauskulturen vorkommende Zysten-nematoden. Unter den im Freiland nachgewiesenen Arten ist die *Heterodera schachtii*-Gruppe mit fünf Arten vertreten (darunter der Gelbe Rübenzysten-nematode, dessen Beschreibung als selbständige Art sich im Druck befindet), die *H. goettingiana*-Gruppe, die *H. humuli*-Gruppe und die Gattung *Globodera* mit je vier Arten, die *H. avenae*-Gruppe mit sieben Arten und die *H. bifenestra*-Gruppe mit einer Art. Von der Gattung *Punctodera* sind bisher zwei Arten aus Deutschland bekannt. Wenigstens acht weitere, noch nicht identifizierte bzw. neue Heteroderiden-Arten sind die Deutschland vertreten, unter anderem eine *Verutus*-Art, die ebenfalls nicht-zystenbildend ist. Die Beschreibung von zwei *Heterodera*-Arten befindet sich in Vorbereitung.

Das Kreuz mit den wissenschaftlichen Namen – Aktuelles zur Nematodensystematik

Sturhan, D.; Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Institut für Nematologie und Wirbeltierkunde, Toppheideweg 88, 48161 Münster.

Die Beschreibung neuer Arten und die Synonymisierung bereits beschriebener und insbesondere neue Erkenntnisse über Verwandtschaftsbeziehungen sowie die Errichtung neuer Gattungen haben auch bei langbekannten pflanzenparasitären Nematoden häufig zu Namensänderungen geführt – für Praktiker und Nicht-Taxonomen oft ein Ärgernis und auch für Spezialisten nicht immer nachvollziehbar. Nach jüngsten taxonomischen Veröffentlichungen sind zur Zeit etwa 2620 als pflanzenparasitär geltende Nematodenarten bekannt, die 222 Gattungen zugeordnet werden, davon 109 Tylenchiden-, 4 Aphelenchiden-, 5 Dorylaimiden- und 4 Triplonchiden-Gattungen. Falls insbesondere alle vorgeschlagenen Tylenchiden-Gattungen allgemein akzeptiert werden, wird sich die Anzahl der aus Deutschland bekannten Gattungen pflanzenparasitärer Nematoden von derzeit 43 auf 53 erhöhen und damit auch viele Namensänderungen zur Folge haben.

Gibt es eine dritte Art beim Kartoffelnematoden?

Rumpfenhorst, H. J., Ayub, M. ; Biologische Bundesanstalt, Institut für Nematologie und Wirbeltierkunde, Toppheideweg 88, D-48161 Münster.

Südamerikanische Herkünfte des Kartoffelnematoden sind bisher nur in geringer Zahl untersucht worden. In molekularbiologischen Analysen haben sie sich stets als abweichend von den in Europa vorhandenen Populationen gezeigt. Es erschien daher sinnvoll, ein breiteres Spektrum von Populationen aus dieser Region zu untersuchen. Da angenommen wird, dass sich die Kartoffelnematoden in Koevolution mit den Solanaceen in Süd- bzw. Mittelamerika entwickelt haben, könnte so die genetische Variabilität dieser Art auf eine breitere Basis gestellt werden, und der taxonomische Status der südamerikanischen Herkünfte geklärt werden. Gleichzeitig könnten sich

dabei auch neue Erkenntnisse für die Beurteilung der europäischen Populationen ergeben.

Es wurden 30 europäische Populationen aus 7 Ländern und 24 Populationen aus Peru, Ecuador und Kolumbien auf Unterschiede in der ITS-Regionen der ribosomalen DNA mittels PCR-RFLP untersucht. Bei insgesamt 16 eingesetzten Restriktions-Enzymen zeigten mit acht Enzymen alle Populationen, europäische sowie südamerikanische Herkünfte, das gleiche Bandenmuster; mit den übrigen acht Enzymen ergaben sich drei verschiedene Muster-Typen. Im ersten Typ finden sich alle europäischen Populationen sowie eine Herkunft aus Peru, im zweiten Typ die Mehrzahl der südamerikanischen Herkünfte. Der dritte Bandentyp zeigt ein Muster, das die Banden von Typ 1 und 2 vereinigt, er wird von einer Population aus Peru und einer aus Ecuador repräsentiert. Auch die Analyse der kompletten Basensequenz der ITS-Region weist südamerikanische Populationen als gesonderte Gruppe aus. RAPD-Muster und Proteinspektren nach IEF erlauben ebenfalls eine Unterscheidung der europäischen von den südamerikanischen Herkünften.

Von den 24 Populationen mit einer geographischen Herkunft vom Süden Perus über Ecuador bis nach Kolumbien entspricht nur eine Population aus Peru dem in Europa und anderen Erdteilen verbreiteten DNA-Typ. Dieser Befund lässt die Annahme einer mehrfachen Einfuhr südamerikanischer *G. pallida*-Populationen nach Europa als wenig wahrscheinlich erscheinen. Alle europäischen Vorkommen könnten demnach aus einem Genpool hervorgegangen sein. Die jetzt feststellbaren Virulenzunterschiede hätten sich erst während des Verbreitungsprozesses herausgebildet. Dass in den schwächer virulenten Populationen häufig auch die bekannten höheren Virulenzen stecken, ist durch Selektionsversuche belegt. Neue Virulenzen, die eine Gefahr für die jetzt gezüchteten resistenten Sorten darstellen würden, wären nur aus Südamerika zu erwarten. Der dort vorwiegend verbreitete Typ ist molekularbiologisch eindeutig zu identifizieren. Die erhaltenen Befunde sprechen darüber hinaus dafür, dass es sich bei der hier untersuchten Gruppe südamerikanischer Herkünfte um eine dritte Art des Kartoffelnematoden handelt.

New data on the *Heterodera avenae* complex

Subbotin, S.A., Sturhan, D.; Rumpfenhorst, H. J.; Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Institut für Nematologie und Wirbeltierkunde, Toppeideweg 88, 48161 Münster.

More than fifty populations of the *Heterodera avenae* complex, including the species *H. arenaria*, *H. avenae*, *H. aucklandica*, *H. pratensis*, *H. filipjevi*, *H. iri* and *H. mani*, obtained from different regions of the world were analysed using morphological and molecular methods. Sequence and phylogenetical analysis of the ITS regions of ribosomal DNA revealed presence of several population groups, which are geographically isolated or are presently considered as valid species. Seven enzymes digested the amplified ITS products and allow to distinguish all species and some isolates of this species complex. Canonical discriminant analysis of some morphometric characters of the juveniles allows to separate several species. Congruence of morphological features and molecular data are discussed. *Heterodera latipons* and *H. hordecalis* form a separate species complex within the *H. avenae* group.

Als resistent gegenüber *Heterodera filipjevi* befundene Getreidesorten und deren Sanierungseffekt beim Anbau.

Große, E.¹, Adam, L.², Fahlenberg, E.²; ¹Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Institut für Nematologie und Wirbeltierkunde, Toppeideweg 88, 48161 Münster; ² Landesamt für Ernährung und Landwirtschaft Frankfurt/O., Abt. Acker- und Pflanzenbau, Berliner Straße 1, 14532 Güterfelde.

Nach unseren Erkenntnissen kommt *Heterodera filipjevi* in verschiedenen Gebieten Deutschlands annähernd so häufig wie *Heterodera avenae* vor.

Bei Biotestuntersuchungen erwies sich eher zufällig, dass die gegenüber *H. avenae* anfällige SG-Sorte 'Baronesse' resistent gegenüber *H. filipjevi* ist. Deshalb prüften wir bisher 27 SG-Sorten und 7 H-Sorten auf Resistenz gegenüber *H. filipjevi*. Im Ergebnis dieser Untersuchungen erwiesen sich die SG-Sorten 'Baronesse', 'Apex', 'Bella', 'Otis' und 'Steffi' sowie die H-Sorte 'Nordstern' als resistent gegenüber *H. filipjevi*.

Um Erkenntnisse zum möglichen Sanierungseffekt mit entsprechend resistenten Sorten unter Feldbedingungen zu gewinnen, führten wir gemeinsam mit dem Landesamt für Ernährung und Landwirtschaft Frankfurt/O. einen Feldparzellenversuch auf zwei mit *H. filipjevi* verseuchten Flächen durch. Neben der als resistent erkannten SG-Sorte 'Baronesse' wurde die WR-Sorte 'Esprit' angebaut. Während als Folge des Anbaus des WR die Population von *H. filipjevi* weiter zunahm, fiel diese im Ergebnis des Anbaus der SG erwartungsgemäß stark ab.

Influence of metabolites of chosen soil fungi on invasion larvae of *Globodera rostochiensis*

Janowicz, K.¹, Mazurkiewicz-Zapalowicz, K.¹, Kuzna- Grygiel, W.²; ¹Academy of Agriculture in Szczecin; ² Pomeranian Academy of Medicine in Szczecin, Poland.

In conditions in vitro, influence metabolites of *Penicillium verrucosum* var. *cyclopium* (OTA) and of *Fusarium oxysporum* (triacyloglycerol) on invasion larvae of *J₂ Globodera rostochiensis* was tested. Extracts of fungi, obtained by the HPLC method (*F. oxysporum*) and crystalline OTA, altogether with the *G. rostochiensis* cysts, were placed in the sterile soil, in the following combinations: **1**-OTA, **2**-triacyloglycerol; **3**-control. After 4 weeks, wholesomeness of artificially freed *J₂* larvae was evaluated. Amounts of healthy larvae, dead ones, and of larvae with pathological changes were determined.

In combination with fungi metabolites, it was stated that the amount of dead *J₂* larvae, as well as of larvae with morphological changes: deformations and damages of the cuticles and losses of turgor, was indeed higher.

Changes were also observed inside of the intestines of larvae, in the form of enlarged lipid granules. Amount of larvae with the above described changes was indeed higher than in the control.

Metabolites were tested: OTA and triacyloglycerol, showed the similar destructive effect on *J₂* larvae. Considering the carried out research, OTA, obtained from *P. verrucosum* var. *cyclopium*, seems to be more toxic than triacyloglycerol, obtained from *F. oxysporum*.

Bursaphelenchus spp. an Nadelgehölzen in Europa: EU-weites Monitoring und taxonomische Bestimmung

Braasch, H.; Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Abteilung für nationale und internationale Angelegenheiten der Pflanzengesundheit, Außenstelle Kleinmachnow, Stansdorfer Damm 81 14532 Kleinmachnow.

Seit im Frühsommer 1999 das Erstauftreten des Kiefernholznematoden (*Bursaphelenchus xylophilus*) in Portugal erkannt wurde, hat die Kommission der Europäischen Gemeinschaften Maßnahmen zur Verhinderung seiner weiteren Ausbreitung festgelegt, die das Vorgehen innerhalb Portugals und die Nadelholzausfuhren aus dem Befallsgebiet einschließlich einer Pufferzone bestimmten Regelungen unterwerfen und die EU-Mitgliedstaaten zu Erhebungen über das mögliche Vorkommen von *B. xylophilus* verpflichten. Im Jahr 2000 wurden 5200 Koniferenholzproben (Mischproben aus 1-5 Bäumen) in den Mitgliedstaaten untersucht, die vorwiegend von Kiefern (*Pinus sylvestris*, *P. nigra*, *P. pinaster*) aus kranken oder beschädigten Waldbeständen gewonnen wurden. 1540 Proben stammten von Risikostellen (Häfen, Sägewerke, Holzlagerplätze, Holzverarbeitende Industrie), die aus der Verbreitungsgeschichte des Kiefernholznematoden als Ausbreitungszentren bekannt sind. *B. xylophilus* wurde außerhalb Portugals nicht festgestellt, verursachte im portugiesischen Befallsgebiet jedoch die Welke weiterer Seestrandkiefern.

Das 2001 fortzusetzende Monitoring bietet eine gute Gelegenheit, die Verbreitung auch anderer, in Europa an Koniferen vorkommender *Bursaphelenchus*-Arten zu erfassen. Von den 28 in Europa an Koniferen zum Teil vor über 40 Jahren beschriebenen Arten sind etwa ein Viertel noch nicht wieder gefunden worden. Mehrere Arten wurden in den letzten Jahren neu beschrieben. Zu den verbreitetsten Arten gehören *B. mucronatus*, *B. sexdentati* und *B. leoni*. Im EU-Monitoring sind nach bisherigen Kenntnissen 12 *Bursaphelenchus* spp. nachgewiesen worden. Für die morphologische Identifikation und die Differenzierung des Kiefernholznematoden von verwandten Arten ist eine Gruppierung innerhalb der Gattung hilfreich. Die in Europa festgestellte Form von *B. xylophilus* kann mikroskopisch bestimmt werden, wenn erwachsene Tiere beiderlei Geschlechts vorliegen. Bestimmung mit molekularen Methoden ist derzeit für 15 Arten möglich.

Nematologische Untersuchungen in Forsten des Landes Brandenburg zum Auftreten von *Bursaphelenchus* spp.

Schönfeld, U.; Landesamt für Ernährung und Landwirtschaft Frankfurt/O., Pflanzenschutzdienst, FD Diagnostik, Steinplatz 1, 15838 Wünsdorf.

Im Rahmen eines EU-weiten Monitorings (RL 2000/58/EG) sind im Jahr 2000 in Brandenburg Untersuchungen in Kiefernforsten zum Auftreten von *Bursaphelenchus*-Arten, insbesondere von *Bursaphelenchus xylophilus* (Kiefernholznematode) durchgeführt worden. Dazu wurden in 60 Forstrevieren aus allen Landesteilen Brandenburgs 144 Einzelbäume von *Pinus sylvestris* gefällt, beprobt und ihr Befall durch holz- und rindenbrütende Insekten sowie durch Nematoden der Gattung *Bursaphelenchus* festgestellt. An 18 Einzelbäumen aus 15 Forstrevieren (= 25 %) sind *Bursaphelenchus*-Arten nachgewiesen worden, die durch Frau Dr. Braasch (BBA) zu 8 verschiedenen Arten zugeordnet wurden. Die häufigste Art war *B. mucronatus* (9x). Die eng verwandte Art *B. xylophilus* wurde nicht festgestellt. Beide Arten werden durch Bockkäfer der Gattung *Monochamus* übertragen, die an 42 % der beprobten Stämme nachweisbar waren. Weitere *Bursaphelenchus*-Arten sind: *B. sexdentati* (5x), *B. tusciae* (3x), *B. leoni* (2x), *B. „borealis“* (2x), *B. fraudulentus*, *B. pinasteri*, *B. paracorneolus* (je 1x). Mehrere dieser Arten sind im südlichen Europa verbreitet und erstmals in Brandenburg nachgewiesen worden.

Aufgrund des hohen Anteils von Kiefernwald in Brandenburg (42 % der Kiefernwaldfläche Deutschlands) und relativ hoher sommerlicher Temperaturen, bei denen seit 1993 ein verstärktes Auftreten von *Monochamus galloprovincialis* registriert wird, ist eine Gefährdung Brandenburgs durch den Kiefernholzneematoden anzunehmen.

Einfluß von Bitterlupinen (*Lupinus albus*) auf die Populationsdynamik von *Xiphinema spec.* im Freiland

Ipach, U.; Staatliche Lehr- und Forschungsanstalt für Landwirtschaft, Weinbau und Gartenbau, Fachbereich Phytomedizin, Breitenweg 71, 67435 Neustadt/W.

Im deutschen Weinbau gibt es seit dem Verbot der Nematizide keine direkte Möglichkeit mehr, virusübertragende Nematoden zu bekämpfen. Alternativen Möglichkeiten, zu denen auch der Anbau von Feindpflanzen gehört, kommt deshalb ein hoher Stellenwert zu.

In Gewächshausuntersuchungen an der SLFA Neustadt/W. wurden Pflanzen mit Feindpflanzeigenschaften gegenüber *Xiphinema index* gefunden und Wirkungsgrade zwischen 88 und 96 % erzielt (Schaaf, C.: 2000, Dissertation Universität Hohenheim). Die begonnenen Untersuchungen zur Praxistauglichkeit von *Lupinus albus* (Bittervariante), der Pflanze mit der besten Wirkung im Gewächshaus, wurden weitergeführt und über die Ergebnisse wird hier berichtet.

Auf der Untersuchungsfläche wurde eine Mischpopulation von *X. vuittenezi* und vereinzelt *X. index* festgestellt. Nach Rodung der Reben und zweijährigem Anbau einer Grasmischung wurden die Auswirkungen der Varianten „Schwarzbrache“ und „Bitterlupine“ im Vergleich zur Grasmischung auf die Gesamtzahl der Xiphinemen untersucht. Außerdem wurde überprüft, ob eine Einsaat von Bitterlupine als Begrünung in eine Ertragsanlage die Population von *Xiphinema spec.* beeinflusst.

Die Versuchsergebnisse auf der Brachfläche waren im Jahr 2000 nicht so eindeutig wie die zuvor ermittelten Ergebnisse (Schaaf 2000). Es wurde aber im Vergleich zur Schwarzbrache tendenziell ein stärkerer Populationsrückgang der Xiphinemen durch die Bitterlupine beobachtet. In der Ertragsanlage konnte trotz einer relativ kurzen Vegetationszeit der Lupine im oberen Bodenhorizont (0-30 cm) ein Wirkungsgrad von 58,9 %, im unteren Bodenhorizont (30-50 cm) von 14 % auf die Gesamtzahl der Xiphinemen erzielt werden. Unter Roggen war im Gegensatz dazu eine leichte Zunahme der Population festzustellen.

Entwicklung eines biologischen Nematizides auf der Basis von *Paecilomyces lilacinus*

Kiewnick, S.; Prophyta Biologischer Pflanzenschutz GmbH, Inselstr. 12, D-23999, Malchow; www.prophyta.com

Die Entwicklung von biologischen Pflanzenschutzmitteln und insbesondere biologischen Nematiziden scheiterte in der Vergangenheit oft am letzten Schritt der Kommerzialisierung, der Produktion und Vermarktung im großen Maßstab. Bereits seit 1990 wird ein Produkt auf der Basis von *Paecilomyces lilacinus* (Stamm 251) kommerziell vertrieben. Zur Zeit bestehen Registrierungen in den Philippinen, Indonesien und Südafrika. Die Zulassung für Australien wird 2002 erwartet. Bisher

konnte sich dieses Produkt, mit einer Zulassung für eine Anwendung in Bananen, Tomaten und Tabak allerdings nicht ausreichend etablieren. Die Gründe dafür lagen jedoch nicht in einer zu geringen Wirkung im Vergleich zu chemischen Nematiziden, sondern eher in einer nicht sehr praktikablen Formulierung, zu geringen Produktionskapazitäten und zu hohen Endverbraucherpreisen. Prophyta Biologischer Pflanzenschutz hat durch seine patentierte Feststoff-Fermentationstechnologie die Möglichkeit, durch eine drastische Senkung der Produktionskosten, gekoppelt mit einer sehr anwenderfreundlichen WG-Formulierung, ein verbessertes Produkt zur Verfügung zu stellen. Dieses verbesserte biologische Nematizid auf der Basis von *Paecilomyces lilacinus* (Stamm 251) kann somit erfolgreicher im Bananen-, Tomaten- und Tabakanbau vermarktet werden.

Translokation von Vydate (a.i. Oxamyl) in der Pflanze und die Wirkung auf Nematoden

Wissing, A.¹, Hallmann, J.², Irving, S.N.¹ ; Sikora, R.A.²; ¹European Research and Development Center, Du Pont de Nemours, Nambshiem, Frankreich (bis 1999); ²Universität Bonn, Institut für Pflanzenkrankheiten, Nußallee 9, 53115 Bonn.

Mit Wegfall von Methylbromid in den nächsten Jahren wird der Nematizidmarkt neu geordnet. Neben der Entwicklung neuer Wirkstoffe könnten „klassische“ Nematizide wieder an Bedeutung gewinnen, wenn aufgrund neu gefundener Wirkprinzipien sowie verbesserter Formulierungs- und Applikationstechniken die Aufwandmenge der toxischen Substanzen deutlich reduziert werden kann. Das Carbamat Vydate (Wirkstoff Oxamyl) zum Beispiel wurde in der Vergangenheit zur Bekämpfung von Nematoden im Boden eingesetzt. In einer neuen Strategie erfolgt die Bekämpfung der Nematoden über die Pflanze. Grundlage hierfür ist die sehr gute systemische Translokation von Oxamyl in der Pflanze. Bereits Blattapplikationen von 0,04 mg Oxamyl führen zu einer signifikanten Reduzierung des Nematodenbefalls in der Wurzel. Da diese Konzentrationen unterhalb der direkten nematiziden Wirkung von Oxamyl liegen, wird eine indirekte Wirkung über die Pflanze vermutet. Dies wird durch Untersuchungen im Split-root System bestätigt. Hierbei zeigten Untersuchungen mit ¹⁴C-markiertem Oxamyl, dass nur 0,37 % radioaktiv-markierten Materials in die unbehandelte Wurzel transportiert wird und somit weder das ¹⁴C-markierte Oxamyl noch dessen radioaktiv-markierte Abbauprodukte als Ursache des reduzierten Nematodenbefalls in Frage kommen. Inwieweit nicht radioaktive Metabolite bisher unbekannter Art oder auch eine Aktivierung pflanzlicher Abwehrmechanismen für die Nematodenunterdrückung verantwortlich sind, wird diskutiert.

Arbeitskreis Phytomedizin im Gartenbau

Projektgruppe Heil-, Duft- und Gewürzpflanzen

Am 8. Februar 2001 trafen sich im Anschluß an das 11. Bernburger Winterseminar zu Fragen der Arznei- und Gewürzpflanzenproduktion der SALUPLANTA e.V. elf Mitglieder zur 3. Sitzung der Projektgruppe Heil-, Duft- und Gewürzpflanzen in Bernburg. Im Mittelpunkt der Zusammenkunft stand die Planung und Vorbereitung einer empirischen Erhebung zum Auftreten von Schadorganismen an Arznei- und Gewürzpflanzen in Deutschland, welche in der Zeit von September 2001 bis zum Februar 2003 durchgeführt werden soll. Ein Antrag auf Förderung dieser Erhebung wurde beim Bundesministerium für Bildung und Forschung eingereicht (Programm: Förderung der anwendungsorientierten Forschung und Entwicklung an Fachhochschulen). Die Erhebung wird der Identifizierung einer Gruppe von übergeordneten Schaderregern dienen (z.B. boden- oder samenbürtige Krankheitserreger, Blattflecken-erreger, saugende Insekten; also Organismen, welche nicht nur an einer Kulturpflanze, sondern an mehreren auftreten). Es ist vorgesehen, die Ergebnisse dieser Erhebung für die Zusammenstellung eines Antrags zu benutzen, mit welchem Mittel für die Bearbeitung wichtiger Fragen zur Biologie und Bekämpfung der wichtigsten Schaderregergruppe von einer geeigneten Institution der Forschungsförderung eingeworben werden sollen. Dieser künftige Antrag wird ein Verbundprojekt von Wissenschaftlern aus mehreren Institutionen beschreiben. Dahinter verbergen sich die Idee und die Einsicht, Ressourcen, Kompetenz und Erfahrung zu bündeln. Es wird sich in erster Linie um einen Personenkreis handeln, welcher bereits in der Projektgruppe organisiert ist. Einzelheiten zu der Erhebung und zur Projektidee werden in Kürze veröffentlicht werden (W. Dercks, U. Gärber und J. Gabler. Empirische Erhebung zum Auftreten von Schadorganismen an Arznei- und Gewürzpflanzen in Deutschland: Aufruf zur Benennung von Problemen. Zeitschrift für Arznei- und Gewürzpflanzen, Heft 2 / 2001; im Druck). Interessierte Kolleginnen und Kollegen werden gebeten, diese Publikation einzusehen oder sich direkt an den Projektgruppenleiter zu wenden (dercks@gart.fh-erfurt.de). Das Manuskript wird dann per email zugeschickt.

W. Dercks, Erfurt

Einladung zur Tagung des Arbeitskreises *Biologische Bekämpfung von Pflanzenkrankheiten*

Termin: 27. – 28. September 2001

Ort: KWS Saat AG, Grimsehlstraße 31, 37555 Einbeck

In diesem Jahr findet die Tagung des Arbeitskreises *Biologische Bekämpfung von Pflanzenkrankheiten* bei der KWS Saat AG in Einbeck statt. Die Organisation vor Ort wird freundlicherweise von Herrn Dr. Ralf Tilcher durchgeführt. Die Tagung steht unter keinem Schwerpunkt, d.h. es können Themen aus allen Bereichen der Bekämpfung von Pflanzenkrankheiten und Nematoden mit Mikroorganismen (Screening, Wirkungsmechanismen, Massenproduktion etc.) als Vortrag (ca. 15 min.) oder Poster vorgestellt werden. Darüber hinaus sind auch Beiträge über Fermentation und Formulierung von Mikroorganismen, die in anderen Bereichen als der Krankheitsbekämpfung Verwendung finden, willkommen.

Die Tagung beginnt am frühen Nachmittag des 27. 9. und endet am 28. 9. gegen Mittag. Im Anschluß besteht die Möglichkeit, an einer Führung durch die KWS teilzunehmen.

Für Zimmerreservierung, Anfahrtbeschreibung etc. wenden Sie sich bitte an Herrn Dr. Tilcher (KWS Saat AG, Grimsehlstraße 31, 37555 Einbeck, Tel: 05561/311-188, Fax: 05561/311-323, e-mail: R.Tilcher@kws.de).

Aus organisatorischen Gründen bitte ich um Anmeldungen bis spätestens 31. August 2001.

Herrn
Dr. E. Koch
Institut für biologischen Pflanzenschutz (BBA)
Heinrichstr. 243, 64287 Darmstadt
(Tel.: 06151/407-227, Fax: 06151/407-290, E-mail: e.koch.biocontrol.bba@t-online.de)

Anmeldung zur Tagung des Arbeitskreises *Biologische Bekämpfung von Pflanzenkrankheiten* vom 27. - 28. September 2001 in Einbeck

Name:.....

Anschrift:.....
.....

Thema des Vortrages / Posters:
.....
.....
.....

Einladung Arbeitskreis Phytomedizin im Gartenbau

Projektgruppe Parasitäre und Nichtparasitäre Schäden an Gehölzen

Sehr geehrte Kolleginnen und Kollegen,

nachdem unser letztes Treffen nach Cottbus nicht zustande kam, möchte ich die diesjährige Bundesgartenschau in Potsdam zum Anlass nehmen, turnusgemäß wieder nach Berlin einzuladen. Der besorgniserregende Qualitätsabfall in der professionellen Pflanzenverwendung verbunden mit zahlreichen phytopathologischen Problemen liefert Stoff für Diskussionen. Daher ist an folgenden Schwerpunkt gedacht

„Gute fachliche Praxis im Garten- und Landschaftsbau“.

Termin: 13.9.2001, 13.00 Uhr wissenschaftlicher Teil mit Vorträgen und Postern
14.9.2001, 9.30 –14.00 Uhr
Fachexkursion zum Schwerpunkt "**Gartenschauen**" auf die Bundesgartenschau nach Potsdamm

Ort: Pflanzenschutzamt Berlin

Anmeldungen, Poster- und Vortragsbeiträge werden bis zum 1.8.2001 an folgende Adresse erbeten:

PD Dr. Hartmut Balder Tel. 030/700006-0/17
Pflanzenschutzamt Berlin Fax. 030/700006-55
Mohriner Allee 137, 12347 Berlin

An der Tagung der Projektgruppe Parasitäre und Nichtparasitäre Schäden an Gehölzen nehme ich teil am:

Adresse: **13.9.2001** **14.9.2001**
.....
.....

Thema des Beitrages:
.....
(R/P)
.....
.....

Unterschrift:

AG Krankheitsbekämpfung und Resistenzzüchtung in Getreide, Hülsenfrüchten und Raps; Gesellschaft für Pflanzenzüchtung (GPZ) – AG Resistenzzüchtung, Deutsche Phytomedizinische Gesellschaft (DPG)

EINLADUNG

zu einer gemeinsamen **V o r t r a g s t a g u n g**

Fortschritte in der Krankheitsbekämpfung und Resistenzzüchtung bei landwirtschaftlichen Kulturpflanzen
vom 10. bis 12. Dezember 2001 im Kolpinghaus in Fulda

Das Tagungsprogramm beginnt mit praxinahen Themen aus dem Bereich der Krankheitsbekämpfung; danach wird der derzeitige Stand der Resistenzforschung und Resistenzzüchtung aus phytomedizinischer und züchterischer Sicht beleuchtet. **Beiträge über eigene Arbeiten** aus allen einschlägigen Gebieten **sind sehr willkommen**. Zusätzlich sollen einige eingeladene Redner/innen einen Überblick zu einzelnen Themengebieten geben.

Wir laden alle Mitglieder und Interessenten herzlich zur Teilnahme und Mitwirkung ein!

gez. F. Klingauf, gez. T. Miedaner , gez. H.H. Geiger, gez. V. Zinkernagel
----- oder E-Mail -----

Rücksendung
bis spätestens 01.06.2001

Herrn
PD Dr. Thomas Miedaner
Universität Hohenheim (720)
Landessaatzuchtsanstalt
70593 Stuttgart

Alle Einsender erhalten das detaillierte
Programm mit den Anmeldungsunterlagen

FAX: 0711/459-3841
E-mail: miedaner@uni-hohenheim.de

Ich möchte an der Tagung in Fulda am 10.-12.12.2001 teilnehmen und folgenden
Beitrag vorzugsweise als Kurzvortrag *, Poster * anmelden:

**Ggf. bitte ankreuzen*

Thema

Name, Vorname, Titel:

Anschrift:

Telefon:

FAX:

E-mail:

Datum:

Unterschrift:

Termine

2001

Juni:

- 03.06.-07.06. 7th Symposium of Biological Control (VII Siconbiol), Po'os de Caldas, MG, Brasilien, Info: e-mail <siconbio@ufla.br>, Website: <www2.ufla.br/~siconbio>
1. 7th International Weed Symposium, Nantes, France; Contact: Patrick Thalouarn, Laboratoire de Cytopathologie Végétale, University of Nantes, 2 Rue de la Houssinière, BP 92208, Faa322 Nantes Cedex 3, France; e-mail patrick.thalouarn@svt.univ-nantes.fr
- 26.06. Treffen der **DPG Arbeitskreisleiter**, Ort: DLG-Gebäude, Eschborner Landstraße 122, 60489 Frankfurt, Raum K3, Info: G.F.Backhaus, BBA, Inst.für Pflanzenschutz im Gartenbau, Braunschweig, Tel.:0531-2994400, E-Mail: g.f.backhaus@bba.de

Juli:

- 08.07.-12.07. 11th International *Sclerotinia* Workshop, Ort: York, UK, Info: Nigel Hartwick, Crop Disease Research, Central Sciences Laboratory, Sand Hutton, York YO41 1LZ, UK, Tel:+44(0)1904/462207, Fax: +44(0)1904/462111, E-mail: nigel.hardwick@csl.gov.uk
- 3rd International Workshop on Whiteflies, Norwich, UK. Info: W.A. Jones, USDA-ARS, 2413 E. Highway 83, Weslaco, TX 78596, USA. e-mail: <w-jones@pop.tamu.edu>. Fax: +1-956-969-4888, Tel.: +1-956-969-4803
- 10.07.-14.07. 10th International Congress on Molecular Plant-Microbe Interactions; University of Wisconsin, Madison; Info: <http://www.plantpath.wisc.edu/mpmi/>
- 21.07.-25.07. 20th Annual American Society for Virology Meetin in Madison, USA; Contact: www.mcw.edu/asv/meetings.html
- August:
- 05.08.-10.08. XIth Latin American Phytopathological Congress in Sao Pedro, State of Sao Paulo, Brazil; Contact: Prof. Sergio F Pascholati, ESALQ/Univ. de Sao Paulo, CP 09, 13418-900 Piracicaba, SP-Brazil; E-Mail: sfpascho@ciagri.carpa.usp.br
- 13.08.-17.08. 6th Intern. Symp. on Adjuvants for Agrochemicals (ISAA 2001); Info: ISAA 2001 Secretariat, P.O.Box 33, NL-6870 AA Renkum, The Netherlands, Fax: +31 317 35 08 12.
- 25.08.-29.08. American Phytopathological Congress in Piracicaba, State of Sao Paulo, Brasilien, Info: Brazilian Phytopathological Society

25.08.-29.08. American Phytopathological Society Annual Meeting, Salt Lake City, UT, USA. Info: APS, 3340 Pilot Knob Road, St. Paul, MN 55121-2097, USA. E-mail: <aps@scisoc.org>. Fax: +1-612-454-0766. Website: <www.scisoc.org>.

25.08.-29.08. Society of Nematologists Annual Meeting, Salt Lake City, UT, USA. Contact: A.P. Nyczepir, USDA-ARS, 21 Dunbar Rd., Byron, GA 31008, USA. E-mail: <anyczepir@byronresearch.net>. Fax: 1-912-956-2929. Phone: 1-912-956-6438

September

13.09.-14.09. **Arbeitskreis Phytomedizin im Gartenbau** ; Projektgruppe: Parasitäre und Nichtparasitäre Schäden an Gehölzen; Tagungsort: Pflanzenschutzamt Berlin, Mohriner Allee 137, D-12347 Berlin, Info: Dr. H. Balder, Tel.: 030/700006-0/17, Fax: 030/700006-55

17.09.-20.09. 3.Symposium Phytomedizin und Pflanzenschutz im Gartenbau; Tagungsort Wien; Info: Univ.Doz. Dr. G. Bedlan, Bundesamt und Forschungszentrum für Landwirtschaft, Institut für Phytomedizin, Spargelfeldstraße 191, A-1226 Wien, Tel.: 01732165160, Fax: 01732165194, E-Mail: gbedlan@bfl.at

18.09. **Arbeitskreis Herbologie**; Treffen der Arbeitsgruppe Herbizidresistente Kulturpflanzen; Tagungsort: BASF AG, Limburgerhof; Info: Prof. Dr. K. Hurle; E-Mail: khurle@uni-hohenheim.de

19.09.-21.09. **DPG- Nachwuchstreffen**; Tagungsort: Agrarzentrum Limburgerhof (BASF); Info: R. Stierl, E-Mail: reinhard.stierl@basf-ag.de oder DPG Geschäftsstelle, E-Mail: geschaeftsstelle@dpg.phytomedizin.org

24.09.-27.09. 13th Biennial Conference of the Australasia Plant Pathology Society in Cairns, Australia; Contact Suzanne Denyer, Centre for Tropical Agriculture, P.O. Box 1054, Mareeba, Queensland 4880, E-Mail: denyers@dpi.qld.gov.au

2. 43. DPG-Mitgliederversammlung; Humboldt-Universität Berlin, Großer Hörsaal, Invalidenstraße 42, Berlin-Mitte.

27.09.-28.09. **Arbeitskreis Biologische Bekämpfung von Pflanzenkrankheiten** ; Tagung bei KWS Saat AG, Grimsehlstr. 31, 37555 Einbeck. Info: Dr. E. Koch, Inst. f. biolog. Pflanzensch. BBA Darmstadt; E-Mail: e.koch.biocontrol.bba@t-online.de

Oktober

01.10.-05.10. IUFRO Meeting-Phytophthora Diseases in Forest Trees and Natural Ecosystems in Western Australia, Info: <http://wwwscience.murdoch.edu.au/phytophthora/index.html>

08.10.-12.10. IX International Workshop on Fire Blight; Napier (New Zealand); Kontakt: Dr. Christopher Hale, Hort Research, Private Bag 92169, Aucland, New Zealand, Tel. + (64)9815200, Fax: +(64)98154201, E-Mail: chale@hort.cri.nz

09.10.-11.10. Deutscher Tropentag 2001, Universität Bonn; Kontakt: Prof. Dr. R.A. Sikora, Inst. f. Pflanzenkrankheiten, Nußallee 9, D-53115; Tel.: 0049/228-732439; E-Mail: rsikora@uni-bonn.de

10.10.-11.10. **DPG Arbeitskreis Pflanzenschutz in den Tropen und Subtropen**; Universität Bonn; Info: Dr.H.Hindorf, Inst.für Pflanzenkrankheiten,

Nussalle 9, D-53115 Bonn; Tel.: 0049/228-732450;
E-Mail: h.hindorf@uni-bonn.de

November:

- 06.11.-07.11. **DPG Arbeitskreis Wirbeltiere**; TU Dresden, Institut für Waldbau und Waldschutz
28.11.-29.11. Österreichische Pflanzenschutztage, Tagungsort: Tulln (Niederösterreich), Stadtsaal, Info: Prof. Dr. R. Szith, E-Mail: szith@lk-stmk.at
Brighton Crop Protection Conference 2001, Brighton, UK. Info: The Event Organization, 8 Cotswold Mews, Battersea Square, London SW11 3RA, UK. E-mail: <eventorg@event-org.com>. Fax: 44-171-924-1790. Website: <www.BCPC.org>.

Dezember:

- 05.12.-07.12. Eighteenth COLUMA Conference, International Meeting on Weed Control, Centre de Congrès, Toulouse, Info: AFPP- 6, boulevard de la Bastille, F.75012 Paris, Fax: (33) 01 43 44 29 19, E-Mail: afpp@afpp.net
09.12.-12.12. Entomological Society of America Annual Meeting, San Diego, CA, USA ; Info: ESA, 9301 Annapolis Rd., Lanham, MD 20706-3115, USA, E-Mail: esa@entsoc.org, Fax: 1-301-731-4538; Website: www.entsoc.org , phone: 1-301-731-4535

1. Tagung der **AG Resistenzzüchtung** 2001 im Kolpinghaus, Fulda.
Info: Dr. Thomas Miedaner, Univ. Hohenheim, Landessaatzuchtanst. Fruwirthstr.21 Tel.: 0711/459-2690

2002

Januar:

3rd International Bacterial Wilt symposium in Sun City, Republic of South Africa,
Contact: Jody Terblanche, E-Mail: jody@nitkl.agric.za

Februar:

Arbeitskreis Phytopharmakologie; Tagungsort: Aventis Crop-Science in Frankfurt/Höchst; Info: Prof. Dr. P. Böger, E-Mail: peter.boeger@uni-konstanz.de

März:

Arbeitskreis Nematologie; Ort: Neustadt/Weinstraße; Info: Frau. Dr. U. Ipach.

21.03-22.03.

Arbeitskreis Mykologie und Wirt-Parasit-Beziehungen; Tagungsort:Göttingen. Info: Dr. R. Saur, E-Mail: reinhold.saur@basf-ag.de

Mai:

12.05.-17.05. 8th General Symposium of the Plant Virus Epidemiology Group of ISPP in Aschersleben, Germany, Contact: Roger Jones, chairman ISP PlantVirus Epidemiology Committee; E-Mail: rjones@agric.wa.gov.au
Local Organising Committee: Dr. Thomas Kuehne, BAZ Inst. f. Resistenzforschung und Pathogendiagnostik, 06435 Aschersleben, Theodor Roemer Weg 4, Te.: 03473 879-0, Fax: 03473 879-200; E-Mail: bafz-rp@bafz.de

Juni:

24.06.-27.06. 12th European Weed Research Society Symposium, Wageningen, The Netherlands; Info: EWRS Symposium 2002; Organ. Bureau ISA, Markweg 17, NL-6871 KW Renkum; E-Mail: Ingrid.Sanders@wxs.nl

August:

American Phytopathological Society Annual Meeting, Milwaukee, WI, USA. Info: APS, 3340 Pilot Knob Road, St. Paul, MN 55121-2097, USA, e-mail: <aps@scisoc.org>, Fax: +1-612-454-0766, Website: <www.scisoc.org>

7th International Mycological Congress; University of Oslo, Norway. Contact: Leif Ryvarden, Botany Department, Biological Institute, Box 1045, N-0316 Blindern, Norway; Tel.: 47 22854623, e-mail: leif.ryvarden@bio.uio.no

September:

09.09.-14.09. 6th Conference of European Foundation for Plant Pathology. Disease resistance in plant pathology. Prag, Tschechien. Info: EFPP website (www.ipow.nl/ipowwww/efpp/index.htm)

16.09.-19.09. **53. Deutsche Pflanzenschutztagung**; Tagungsort: Universität Bonn; Info: Biol. Bundesanstalt, Messeweg 11/12, D-38104 Braunschweig; E-Mail: pressestelle@bba.de

November:

Brighton Crop Protection Conference 2002, Brighton, UK. Info: The Event Organization, 8 Cotswold Mews, Battersea Square, London SW11 3RA, UK, e-mail: <eventorg@event-org.com>, Fax: +44-171-924-1790, Website: <www.BCPC.org>

Dezember:

10.12.-15.12. Entomological Society of America Annual Meeting, Philadelphia, PA, USA, Info: ESA, 9301 Annapolis Rd., Lanham, MD 20706-3115, USA, Fax: +1-301-731-4538, Tel.: +1-301-731-4535, E-Mail: esa@entsoc.org, website: www.entsoc.org

2003

Februar:

02.02.-08.02. 8th International Congress of Plant Pathology in Christchurch Neuseeland, Info: Congress Chairman Dr. Ian Harvey, PLANTwise, P.O.Box 8915, Christchurch, NZ, Fax: +64-3-325-2946, e-mail: <harveyi@plantwise.co.nz>, oder Helen Shrewsbury, ICPP Secretariat, P.O.Box 84, Lincoln University, Canterbury, NZ, Fax: +64-3-325-3840, e-mail: <shrewsbh@lincoln.ac.nz>, Website: <http://www.lincoln.ac.nz/icpp2003/>

Arbeitskreis Integrierter Pflanzenschutz ; Projektgruppe Getreideschädlinge;

August:

09.08.-13.08. American Phytopathological Society Annual Meeting, Charlotte, NC, USA. Info: APS, 3340 Pilot Knob Road, St. Paul, MN 55121-2097, USA, e-mail: <aps@scisoc.org>, Fax: +1-612-454-0766, Website: <www.scisoc.org>

Oktober:

26.10.-30.10. Entomological Society of America Annual Meeting, Cincinnati, OH, USA. Info: ESA, 9301 Annapolis Rd., Lanham, MD 20706-3115, USA, e-mail: <esa@entsoc.org>, Fax: +1-301-731-4538, Website: <www.entsoc.org>, Tel.: +1-301-731-4535.

November:

Brighton Crop Protection Conference 2003, Brighton, UK. Info: The Event Organization, 8 Cotswold Mews, Battersea Square, London SW11 3RA, UK, e-mail: <eventorg@event-org.com>, Fax: +44-171-924-1790, Website: <www.BCPC.org>

Persönliche Terminnotizen:

Mitteilungen aus der Geschäftsstelle

Bitte beachten Sie die veränderten Preise für das Abonnement der Zeitschrift für Pflanzenkrankheiten und Pflanzenschutz. Ab Januar 2001 beträgt der neue Heftpreis **DM 12,55** zuzügl. Porto in Höhe von **DM 1,80**. Der neue Jahresbezugspreis für Mitglieder der DPG beträgt somit **DM 86,10**.

Alle Mitglieder, die der DPG keine Einzugsermächtigung erteilt haben, werden gebeten, ihren eventuell noch ausstehenden Mitgliedsbeitrag 2000 und 2001, sowie den Jahresbezugspreis der „Zeitschrift für Pflanzenkrankheiten und Pflanzenschutz“ in den nächsten Tagen auf das Konto der DPG, Deutsche Bank, Filiale Hoechst, BLZ 500 700 10 Konto-Nr. 3518487 zu überweisen.

Der Mitgliedsbeitrag ist laut Satzung bis zum 31. März des Kalenderjahres fällig.
Mahnaktionen sind mit erheblichem Kosten- und Zeitaufwand verbunden.
Leider hat ein großer Teil der selbst überweisenden Mitglieder ihren Beitrag für 2000 und 2001 noch nicht entrichtet !
Mitglieder die am Lastschrifteneinzugsverfahren teilnehmen werden gebeten Änderungen ihrer Bankverbindung rechtzeitig bekannt zu geben. Eine Lastschriftrückrechnung verursacht zur Zeit 9,50 Euro Bankgebühren!

Bitte beachten Sie die neuen Mitgliedsbeiträge, die ab 01. 01. 2001 in EURO abgebucht resp. zu überweisen sind.

Ordentliche und außerordentliche Mitglieder	Euro 45,--
Bei gleichzeitiger Mitgliedschaft im VDL/VDBiol/BDGL	Euro 40,--
Vorläufige Mitglieder (Stud.,Diplomanden, Doktoranden)	Euro 15,--
Mitglieder im Ruhestand	Euro 20,--

Informationsmaterial zum VDL-Veranstaltungs-Service

Der VDL bietet seit einigen Jahren Seminarveranstaltungen zu den verschiedensten Themengebieten wie z.B. Gestaltung und Organisation der Arbeit, berufliche Kommunikation, bis hin zu EDV für Pensionäre, etc. an. Die Teilnahmegebühr für VDL-Mitglieder ist z.T. stark ermäßigt.

Nach einer Vereinbarung zwischen VDL und DPG wird auch den Mitgliedern der DPG diese Ermäßigung der Teilnahmegebühren gewährt. Das **neue Veranstaltungsprogramm 2001** kann bei der Geschäftsstelle der DPG angefordert werden.

AGRIJOB – Servive auch für DPG-Mitglieder (<http://dpg.phytomedizin.org>).

ISPP-Newsletter

Die ISPP-Newsletter sind im Internet unter <http://www.isppweb.org/new1.htm> abrufbar.

Besondere Geburtstage begehen in den nächsten Monaten:

Wir gratulieren unseren Kolleginnen und Kollegen ganz herzlich.

87 Jahre	Münzel, Peter, Dr. rer.nat. ehem. Geschäftsführer Philips-Duphar, Düsseldorf	26.09.
86 Jahre	Pollähne, Erich Meku-Erich Pollähne, Wennigsen	18.07.
	Bartels, Ruprecht, Dr. rer. nat ehem. wiss.Mitarb. BBA Braunschweig	20.09.
85 Jahre	Neumann, Gerhard ehem. Leiter Fachberatung Inland, Celamerck	29.07.
83 Jahre	Stolze, Hans-Heinrich ehem. Berater Ruhr-Stickstoff AG Bonn	10.07.
81 Jahre	Völk, Joseph, Prof. Dr. rer. nat. ehem. Präsident FH Weihenstephan	06.08.
80 Jahre	Sol, Reiner, Dr. sc. agr. ehem. wiss. Mitarb., Pflanzenschutzamt Hamburg	22.07.
	Weil, Berthold, Prof. Dr. agr. habil. ehem. Abt.Vorsteher Inst. f. Pflanzenkrankheiten Univers. Hannover	26.08.
	Haug, Gustav, Dr. rer. nat. ehem. Dir. Leiter PS Anwendungstechnik Bayer AG Leverkusen	13.09.
79 Jahre	Hofmann, Karl, LD ehem. Leiter Bezirkspflanzenschutzamt Neustadt	16.08.
	Krauß, Hans-Diedrich ehem. Leiter Hoechst AG Entwicklungsabteilung	22.08.
	Hanuß, Karl, Dr. agr. ehem. Leiter Pflanzenschutzamt Mainz	24.08.
77 Jahre	Zoebelein, Gerhard Wilhelm, Dr. rer. nat. ehem. Leiter PF-A/BF, Bayer AG Leverkusen	01.07.
	Effland, Hermann, Dr. agr. ehem. Leiter Berat.Stelle Kiel der BASF	19.07.
	Bauers, Christian, Dr. rer. nat. ehem. Dezernent Pflanzenschutzamt Schleswig-Holstein	23.09.

76 Jahre	Rosen, Hans von, Prof. Dr. agr. ehem. Abt.Leiter Inst.f. Pflanzen-u. Forstschutz Universität Uppsala	04.07.
	Kranz, Jürgen, Prof. Dr. agr. ehem. Univ. Giessen, Tropeninst., Phytopathologie und Angew. Entomologie	05.07.
	Schmidt, Joachim, Dr. agr. ehem. Dir. Pflanzenschutzamt der Landw.Kammer Rheinland, Bonn	10.08.
	Stockebrandt, Albrecht, Dr. agr. ehem. Leiter Verkauf Pflanzenschutz Deutschland der Schering AG	30.08.
	Converse, Richard, Prof. Dr. Oregon State University, Agr. Res. Serv. Corvallis, Oregon	18.09.
75 Jahre	Baumert, Dietrich, Dr. rer. nat. ehem. wiss. Mitarb. Schering AG Berlin	14.07.
	Bartels, Wolfgang, Dr. agr. ehem. Abt.bevollm. PF-A-BF Bayer AG Leverkusen	16.07.
	Hopp, Hans, Dr. rer. nat. ehem. wiss. Mitarb. , Pflanzenschutz Urania, Hamburg	06.09.
70 Jahre	Wohlgemuth, Richard, Dr. phil. nat. ehem. Dir. Inst. f. Vorratsschutz, BBA Berlin	07.07.
	Schmidt, Hans, Dr. agr. ehem. Dir. Pflanzenschutzamt Kiel	19.07.
	Schauz, Karl, Prof. Dr. rer. nat. Fachber. Biologie, Universität Bremen	22.07.
	Hack, Helmut, Dr. rer. nat. ehem. Prokurist, PF-A-BE, Bayer AG Leverkusen	14.09.
65 Jahre	Braasch, Helen, Dr. rer. nat. 10.08. Fachgruppenleiterin, BBA Kleinmachnow	
	Rumpfenhorst, Hans-Jürgen, Dr. rer. nat. Wiss. Mitarb., WOR., BBA Münster	23.08.
	Klingauf, Fred, Prof. Dr. rer. nat. Präsident BBA Braunschweig	24.08.

	Wagner, Heinrich Justus, Dr. agr. ehem. Beratungsstellenleiter Köln Hoechst AG	28.08.
	Sturhahn, Dieter, Dr. rer. nat. WD, BBA Münster	30.09.
60 Jahre	Fischer, Horst U., Dr. agr. wiss. Mitarb. GTZ, Honduras	05.07.
	Meinert, Georg, Dr. agr. Dir. Landespflanzenchutzamt Stuttgart	12.07.
	Staub, Theodor, PH.D. Leiter Biol. Forschung, Norvartis Stein	13.07.
	Hänisch, Detlef, Dr. rer. nat. Ref. Landw.Kammer Westf.Lippe, Inst. f. Pflanzenschutz Saatg. Bienenkd. Münster	11.08.
	Krüger, Jutta, Dr. rer. hort. Wiss. Mitarb. Bundesanst. f. Züchtungsf. Ahrensburg	15.08.
	Klose, Andreas, Dr. agr. Leiter Prod.Entw. Insektizide, Bayer AG Milano	03.09.
	Basedow, Thies, Prof. Dr. rer. nat. Inst. f. Phytopath. u. Angew. Zoologie Univ. Gießen	04.09.
	Schlüter, Klemens, Dr. agr. Wiss. Mitarb. Bayer S.A. Frankreich	06.09.
	Mahlstedt, Jürgen, Dr. Leiter Beratung, D-A-CH, Bayer AG Köln	09.09.
	Burgstaller, Heinz, Dr. agr. Projektleiter GTZ Zamalek, Cairo	11.09.
	Götte, Heide, Dr. rer. nat. Krankenpflegeschule St. Marien Krankenh. Berlin	19.09.

Verstorben sind

Am 15. Februar 2001 im Alter von 94 Jahren
Ernst Wöstmann, Dr. rer. nat.
ehem. Referent Pflanzenschutzamt Münster.

Am 13. März 2001 im Alter von 77 Jahren

Gottfried Spicher, Dr. rer. nat.
chem. stellv. Institutsleiter Bundesanstalt f. Getreideverarb. Detmold

Wir gedenken der Verstorbenen in Trauer.

Neue Mitglieder

(soweit nicht anders vermerkt, ordentliche Mitglieder)

Bäßler,	Reinhold, DIa (vorl. Mitglied) Lehrstuhl f. Phytopathol. T.U.München Am Hochanger 2, 85350 Freising-Weihenstephan, E-Mail: r.baessler@flg.tum.de	3427
Beyer,	Peter, DIa Falkertstr. 58, 70176 Stuttgart; Tel.: 0711/293621	3428
Benker,	Marianne, Dr. sc. agr. Inst. f. Pflanzenpathol. u. Pflanzenschutz Universität Göttingen, Grisebachstr. 6, 37077 Göttingen; E-Mail: mbenker@gwdg.de	3416
Conrath,	Uwe, Dr. habil. FB, Biologie, Univ. Kaiserslautern, Postfach 3049, 67653 Kaiserslautern; E-Mail: conrath@rhok.uni-kl.de	3417
Cumagun,	Christian Joseph, M.Sc. Landessaatzuchtanst. Univ. Hohenheim, Fruwirthstr. 21, 70593 Stuttgart; E-Mail: cumangun@sz.uni-hohenheim.de	3412
Eichmann,	Ruth, DIa (vorl. Mitglied) Inst. f. Phytopath. u. Angew. Zoologie, Univ. Giessen, Heinrich-Buff-Ring 26-32, 35392 Giessen; E-Mail: Ruth.Eichmann@agrار.uni-giessen.de	3429
Geldermann,	Uta, DIa (vorl. Mitglied) Inst. f. Phytopath. u. Angew. Zoologie, Univ. Giessen, Heinrich-Buff-Ring 26-32, 35392 Giessen; E-Mail: Uta.Geldermann@agrار.uni-giessen.de	3430
Hauschild,	Rüdiger, Dr. agr. Inst. f. Pflanzenkrankheiten Univ. Bonn, Nußallee 9, 53115 Bonn; E-Mail: r.hauschild@uni-bonn.de	3421
Mensing,	Petra, DIa (vorl. Mitglied) Inst. f. Pflanzenkr. u. Pflzschutz Univ. Hannover, Herrenhauserstr. 2, 30419 Hannover; E-Mail: mensing@ipp.uni-hannover.de	3423

Menzel,	Wulf, DIa. (vorl. Mitglied) Inst. f. Pflanzenkr. u. Pflzschutz Univ. Hannover, Herrenhauserstr. 2, 30419 Hannover, E-Mail: mail@wulf-menzel.de	3424
Olzem,	Bastian, Josef , DIa (vorl.Mitglied) Inst. f. Pflanzenkrankheiten Univ. Bonn, Nußallee 9, 53115 Bonn; E-Mail: uzsvk8@uni-bonn.de	3420
Pinior,	Alexandra, DIa (vorl. Mitglied) Inst. f. Pflanzenkr. u. Pflzschutz, Univ. Hannover, Herrenhausertsr. 2, 30419 Hannover; E-Mail: pinior@ipp.uni-hannover.de	3418
Raabe,	Brigitte, (außerord. Mitglied) Gartenbau Friedrich, Schmalholzstr.11, 88048 Friedrichshafen; E-Mail: gartenbau-friedrich@t-online.de	3413
Richter,	Irina, DB (vorl. Mitglied) Inst. f. Mikrobiologie Univ. Rostock, Gertrudenstr. 11a, 18051 Rostock; E-Mail: richteririna@web.de	3414
Rozynek	Brigitte, Dr. rer. nat. Inst. f. Pflanzenbau u. -züchtung - IFZ, Univ. Gießen, Heinrich-Buff-Ring 26-32, 35392 Gießen; E-Mail: Brigitte.Rozynek@agrار.uni-giessen.de	3422
Sattler,	Ulf, DBA, SYNGENTA AGRO GmbH, Liebigstr. 51-53, 60323 Frankfurt; E-Mail: ulf.sattler@syngenta.com	3415
Schröer	Rebecca, DIA (vorl. Mitglied) Fritz-Reuter-Allee 25, 12359 Berlin E-Mail: rebe.schroers@t-online.de	3419
Schultheiß,	Holger, DB (vorl. Mitglied) Inst. f. Phytopath. u. Angew. Zoologie, Univ. Gießen, Heinrich Buff-Ring 26-32, 35392 Gießen; E-Mail:holger.schultheiss@agrار.uni-giessen.de	3425
Schütz,	Sylvia, DB Pflanzenschutzdienst Hessen, Schanzenfeldstr. 8, 35578 Wetzlar; E-Mail: psd@wetzlar.hlrl.de	3426
Treutter,	Dieter, Prof. Dr. habil. Lehrst. f. Obstbau, TU München; Alte Akademie 16,	3409

85350 Freising- Weihenstephan;
E-Mail: d.treutter@lrz.tum.de

Zühlke,	Thomas, DIa (FH)	3410
	BASF AG, Oskar-Rieß-Str. 27, 42699 Solingen; E-Mail: thomas.zuehlke@central-europe.basf.org	
Zimmermann,	Olaf, DB (vorl. Mitglied)	3408
	BBA, Inst.f. biol. Pflanzenschutz, Heinrichstr. 243, 64287 Darmstadt; E-Mail: beneficials.biocontrol.bba@t-online.de	

Derzeit unbekannte Anschriften von Mitgliedern, jeweils zuletzt wohnhaft in:

Döring, Martina	Sybelstraße 39, 10629 Berlin 12
Ebing, Winfried, Prof.Dr.	Trautenaustraße 8, 10717 Berlin 31
Fecker, Lothar, Dr.	Emsstraße 16, 38120 Braunschweig
Fritz, Regina	14 Broads Avenue, Shrewsbury, MA 01760
Gohlicke, Holger, Dr.	2521 Agan-an, 6201 Sibulan, Negros Orien
Heimann, Max, Dr.	Sachsenring 4, 35041 Marburg
Korte, Anne-Marie	Messeweg 10 D, 38104 Braunschweig
Krafft, Lutz, Dr.	Geisenheimer Straße 95, 60529 Frankfurt
Kruse, Barbara, Dr.	Am Alten Stadtpark 61, 44791 Bochum
Langbein, Helmut, Dr.	Wooogstraße 43, 67117 Limburgerhof
Lauenstein, Stephanie	Dunckerstr. 73, 10437 Berlin
Olmos, Ernesto	Jungfernstieg 29a, 24116 Kiel
Orober, Miroslav	Graf-Stauffenberg Ring, 61359 Bad Homburg
Oswald, Stefan, Dr.	Albert Schweitzer Str. 58, 67549 Worms
Pohl, Kathrin	Raiffeisenstr.24a, 38122 Braunschweig
Polivka, Harald	Wredestr. 1, 97082 Würzburg
Rangkuty,Edith-Ther.,Dr.	Willi-Brundert-Straße 8, 36199 Rotenburg a.d.Fulda
Schäfer, Christine	Otto-Hahn Str. 108, 40591 Düsseldorf
Schlichting, Karl-Peter,Dr.	3-14-4, Shinmachi, Setagaya-ku, Tokyo 154
Schwarzkopf-Lang,Regina	Brückenstraße 6, 31157 Sarstedt
Selig, Werner	Melanchthonstr. 25, 24114 Kiel
Wahre, Doris	Karlstraße 5, 61231 Bad Nauheim
Werner, Martin	Dorotheenstr. 24, 24113 Kiel

Wir möchten alle Mitglieder bitten, der Geschäftsstelle -falls bekannt- die neue Adresse der oben aufgeführten Mitglieder mitzuteilen, so dass diesen die Ausgabe der Phytomedizin etc. zugesendet werden kann.

Neue Bücher/Publicationen unserer Mitglieder

Ahrens, W., Sneyd, J.: Mohn - Sorten, Abau, Rezepte. 2000, Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart

Betrifft: Lay-out der Kurzfassungen

Die Redaktion der Mitteilungen bittet zur Vereinheitlichung der Kurzfassungen um Beachtung des nachstehenden Vorschlages:

Schrift: Times New Roman, Blocksatz, pt 12, Zeilenabstand einfach

Titel und Autoren der Kurzfassung: (siehe nachstehendes Beispiel)

Translokation von Vydate (a.i. Oxamyl) in der Pflanze und die Wirkung auf Nematoden

Wissing, A.¹, Hallmann, J.², Irving, S.N.¹ ; Sikora, R.A.²; ¹European Research and Development Center, Du Pont de Nemours, Nambesheim, Frankreich (bis 1999); ²Universität Bonn, Institut für Pflanzenkrankheiten, Nußallee 9, 53115 Bonn.

Mit Wegfall von Methylbromid in den nächsten Jahren wird der Nematizidmarkt neu geordnet. Neben der Entwicklung neuer Wirkstoffe könnten „klassische“ Nematizide wieder an Bedeutung gewinnen, wenn aufgrund neu gefundener Wirkprinzipien sowie verbesserter Formulierungs- und Applikationstechniken die Aufwandmenge der toxischen Substanzen deutlich reduziert werden kann. Das Carbamat Vydate (Wirkstoff Oxamyl) zum Beispiel wurde in der Vergangenheit zur Bekämpfung von Nematoden im Boden eingesetzt.

Bestellschein für die „Zeitschrift für Pflanzenkrankheiten und Pflanzenschutz,,

im Rahmen des bestehenden Organschaftsvertrages mit dem Verlag Eugen Ulmer

Hiermit bestelle ich zur Lieferung ab Ausgabe 1/2001 die 6x jährlich erscheinende wissenschaftliche **Zeitschrift für Pflanzenkrankheiten und Pflanzenschutz**. Die Lieferung erfolgt an meine unten angegebene Adresse. Die Berechnung erfolgt über die Deutsche Phytomedizinische Gesellschaft e.V. Der Heftwert beträgt **ab 2001 DM 12,55** zuzügl. Versandporto von **DM 1,80 (Jahresgesamtwert DM 86,10)**. Die Bestellung gilt für ein Jahr und verlängert sich automatisch, Kündigung ist nur zum Jahresende möglich.

Datum / Unterschrift

Ich erteile hiermit der DPG die Erlaubnis, den Jahresgesamtwert bequem und bargeldlos durch Bankeinzug von meinem Konto Nr. _____

bei dem Bankinstitut: _____

BLZ: _____ einzuziehen.

Datum und Unterschrift

Meine Anschrift lautet:

Institut / Firma

Name / Vorname

Straße / Hausnummer

PLZ / Ort

Tel.-Nr. für Rückfragen

Bitte senden Sie diesen Bestellschein an die Deutsche Phytomedizinische Gesellschaft e.V., Am Hochanger 2, 85350 Freising

Schriftenreihe der DPG

Aus der 'Schriftenreihe der DPG' sind folgende Bände lieferbar:

- Band 1:** KÖNIG, R.: Proceedings of the First Symposium of the International Working Group on Plant Viruses with Fungal Vector. - 1990, 186 S., DM 26,-
Band 2: EPPLER, A.: Proceedings of the International Workshop on Hop Virus Diseases. 1988, 212 S., DM 29,-
Band 3: ergänzte Auflage: AUST, H.-J. et al.: Glossar phytomedizinischer Begriffe. 1993, 149 S., (vergriffen) DM 23,-
Band 4: LYR, H. und POLSTER, C.: Proceedings of the 10th International Symposium on Systemic Fungicides and Antifungal Compounds. 1993, 463 S., DM 65,-
Band 5: SCHLISSKE, J.: Gallmilben an Obstgehölzen - Morphologie und Symptomatologie. 1995, 288 S., DM 48,-
Band 6: OERKE, E.-C. und STEINER, U., Ertragsverluste und Pflanzenschutz. - Die Anbausituation für die wirtschaftlich wichtigsten Kulturpflanzen. DM 28,-
Für vorläufige Mitglieder und Studenten kann eine Rabatt von 50% gewährt werden.
Die Lieferung erfolgt nur gegen Vorkasse.
Bitte legen Sie Ihrer Bestellung einen Verrechnungsscheck über den Gesamtbetrag bei oder überweisen Sie den Betrag vorab auf das Konto der DPG:
Konto-Nr.: 351 8487 bei der Deutschen Bank, Frankfurt-Hoechst, BLZ 50070010.

Bestellung

Senden an:
Geschäftsstelle der DPG
Am Hochanger 2
85350 Freising

Bitte senden Sie mir / uns aus der DPG-Schriftenreihe die o.a. Exemplare.

Name: Vorname:

Anschrift:

PLZ, Ort:

(Bitte in Druckbuchstaben schreiben!)

Der Gesamtbetrag wird vorab auf das angegebene Konto überwiesen / liegt als Verrechnungsscheck bei.

.....
Datum

.....
Unterschrift

PHYTOMEDIZIN

Mitteilungen der Deutschen Phytomedizinischen Gesellschaft

Herausgeber: Deutsche Phytomedizinische Gesellschaft e.V.

1. Vorsitzender: Prof. Dr. Volker Zinkernagel
Geschäftsstelle: Lehrstuhl für Phytopathologie
Technische Universität München-Weihenstephan
Dr. Ursula Wurzer-Faßnacht
Am Hochanger 2, 85350 Freising
Tel.: 08161-71 5392 Fax: 08161-71 4194
E-Mail: geschaeftsstelle@dpg.phytomedizin.org

Die „Phytomedizin“ erscheint mit 4 Hefen pro Jahr. Der Redaktionsschluß liegt jeweils am **15. Januar, 15. April, 15. Juli und 15. Oktober**, der Erscheinungstermin etwa sechs Wochen später.

Bitte geben Sie etwaige Termine von Tagungen der Arbeitskreise u.a. Veranstaltungen rechtzeitig bekannt.

Mitgliedsbeiträge:

**Ab 01. 01. 2001 sind alle Beiträge in Euro zu entrichten.
(Umrechnungskurs : 1,95583)**

Ordentliche und außerordentliche Mitglieder	Euro 45 / Jahr
Bei gleichzeitiger Mitgliedschaft im VDL/VDBiol/BDGL	Euro 40 / Jahr
Vorläufige Mitglieder (Studierende, Diplomanden/innen, Doktoranden/innen)	Euro 15 / Jahr
Mitglieder im Ruhestand	Euro 20 / Jahr

Der Bezug der „Phytomedizin,, ist in den Mitgliedsbeiträgen enthalten.

Konto der Gesellschaft

Deutsche Bank AG, Frankfurt-Hoechst, Konto-Nr. 351 8487, BLZ 50070010.
Mitglieder, die am Lastschriftverfahren teilnehmen, werden gebeten, eine Änderung Ihres Kontos baldmöglichst der Geschäftsstelle mitzuteilen.

Anschriftenänderung

Bitte geben Sie bei Umzug umgehend Ihre neue Anschrift bekannt und nennen Sie uns stets Ihre Mitgliedsnummer.

ISSN-Nr. 0944-0933

Gedruckt auf umweltfreundlichem, sauerstoffgebleichtem Papier

